

果树核心种质研究进展

卜 海东¹, 张冰冰²

(1. 吉林农业大学 园艺学院 吉林 长春 130118; 2. 吉林省农业科学院 果树研究所, 吉林 公主岭 136100)

摘 要: 对中国果树核心种质构建面临的困难和现状做了总结, 提出了果树核心种质未来的发展方向。

关键词: 果树; 核心种质

中图分类号: S 66.602 **文献标识码:** A **文章编号:** 1001—0009(2010)04—0211—03

中国果树栽培历史悠久, 已有 4 000 多年的历史。全世界拥有的植物遗传资源 610 万份^[1], 如此大的资源总量无疑会给育种工作带来大的选择困难, 同时也增加了资源保存、评价和利用的难度。在这些资源中往往会有同名异物或同物异名的现象产生, 这样就增加了育种工作的难度, 降低了育种工作的效率。为了更有效的进行果树新品种的选育和果树资源的评价、保存和利用, 构建一个能够代表整个种质资源的核心子集(核心种

质)是十分必要的。核心种质可以为遗传育种工作提供便捷的条件, 可以有利的推进育种工作的进展, 提高整个种质资源的管理和利用水平。目前, 核心种质资源的研究已经应用于小麦^[2]、水稻^[3]、豌豆^[4]、大白菜^[5]、胡萝卜^[6]、油菜^[7]、茶树^[8]、蜡梅^[9]、梅花^[10]等领域, 然而果树核心种质的构建研究却较少。为了满足人类不断增长的物质需求, 加速社会物质文明的进步, 要求果树科研工作者尽快构建完善的果树核心种质。

1 果树核心种质建立的意义

1.1 核心种质的概念

1984 年 Frankel^[11] 首先提出了核心种质(Core Collection)的概念, 后来又与 Brown^[12] 等人完善了这个概念, 即认为核心种质是运用科学的分析方法从某种植物的资源库中挑选出一部分材料, 以最少的资源数量和遗传重复性最大限度的代表整个资源的遗传多样性。

第一作者简介: 卜海东(1983-), 男, 在读硕士, 现从事果树种质资源研究工作。E-mail: buhaidong11@126.com。
通讯作者: 张冰冰(1960-), 女, 博士, 研究员, 现主要从事果树种质资源研究工作。E-mail: zhb4005@163.com。
基金项目: 国家科技基础平台资助项目(2005DK21002-25)。
收稿日期: 2009—11—20

[41] 徐磊辉, 黄巧云, 陈雯莉. 环境重金属污染的细菌修复与检测[J]. 应用与环境生物学报, 2004, 10(2): 256-262.
[42] 曹德菊, 程培. 3种微生物对 Cu Cd 生物吸附效应的研究. 农业环境科学学报, 2004, 23(3): 471-474.
[43] 杜立栋, 王有年, 李奕松 等. 微生物对土壤中铅富集作用的研究[J]. 北京农学院学报, 2008, 23(1): 38-41.
[44] 魏甜甜, 叶甜甜, 程国军 等. 1株抗铜细菌的分离、鉴定及其还原特性的研究[J]. 华中农业大学学报, 2008, 27(3): 387-390.
[45] 程国军, 胡光济, 李友国. 抗铬细菌的分离、鉴定及其铬还原能力[J].

中南民族大学学报, 2008, 27(3): 29-31.
[46] 段学军, 闵航. 一株抗铜细菌的分离鉴定及其抗性基因定位的初步研究[J]. 环境科学学报, 2004, 24(1): 154-158.
[47] 李荣林, 李优琴, 沈寿国, 等. 重金属污染的微生物修复技术[J]. 江苏农业科学, 2005(4): 1-3.
[48] 周围, 李友国, 程国军. 等. 1株抗重金属铬细菌的分离、鉴定及抗性基因型的初步研究[J]. 华中农业大学学报, 2008, 27(2): 248-250.
[49] 段学军, 闵航, 吕文平, 等. 真养雷氏菌 DKC1 菌株铜抗性 *czcC* 基因的克隆与表达[J]. 微生物学报, 2004, 44(4): 461-464.

Bioremediation Effect of Microorganisms in Contaminated Soils

WANG Wei-xia¹, LI Fu-hou¹, WANG Wen-feng²

(1. Key Lab of Marine Biotechnology of Jiangsu Province School of Marine Science, Huaihai Institute of Technology, Lianyungang, Jiangsu 222005; 2. Department of Life Sciences, Xinxiang Medical College, Xinxiang, Henan 453003)

Abstract: Bioremediation effect of microorganisms in contaminated soils was summarized in this text, and the developing trends were discussed.

Key words: microorganism; soil; contamination; bioremediation

1.2 果树核心种质构建的意义

随着全球气候、各地地理环境的变化和人为破坏现象的产生,全球面临着植物资源大量流失的严峻问题。目前,我国果树育种工作进展缓慢,主栽的苹果和大多数的葡萄都是引进品种。构建核心种质不仅能为育种工作者培育新品种提供高效亲本,还可以降低资源保存的难度,以更小的空间和更少的时间最大限度的保存所有果树资源的遗传多样性,并且更少的种质资源将有利于优异基因的发掘。

1.3 果树核心种质的研究现状

目前,我国果树核心种质的构建大多数处于初级核心种质构建阶段,如板栗^[13]、梨^[14]、苹果^[15]和石榴^[6]等果树,只有少部分树种运用多种方法相结合的方式进入了更高的核心种质构建阶段,如果梅^[17]、柚^[18]、山葡萄^[19,20]等。果树的核心种质资源构建需要更加丰富的形态特性、农艺性状、同工酶和分子标记等方面的数据。

2 果树核心种质资源构建的方法

2.1 数据的收集

核心种质构建依靠的数据:一类是农艺、形态、抗性等性状数据,如石榴^[16]、桃^[21]、枣^[22]等果树。另一类是同工酶、蛋白质与分子标记信息的数据,如板栗^[13]、果梅^[17]、核桃^[23]、梨^[14]、苹果^[15]、桃^[21]、柚^[18]等。两类数据都可以用于果树核心种质资源的构建^[24,25]。随着研究的进一步深入,果树科研工作者运用了多种构建方法相结合的方式,如高志红^[26]等运用形态特征、农艺性状并参考同工酶、RAPD和SSR的结果,构建了果梅的核心种质。

2.2 数据的分组与完全随机

数据的分组是把要进行研究的实验材料按相近的特点划分到一起,各组之间互不重叠。比如按来源地、栽培区划、生态型、品种类群等原则分组。与数据分组相对的是全部材料不分组的完全随机选择^[13,27]。

2.3 核心样品的选择

对分组数据运用软件进行聚类分析。在各分组或者完全随机数据中选出有代表性的个体构建核心种质,一般取样比例在5%~30%^[1,27,28]。根据果树属的不同,具体选择取样比例,比如桃的最终取样比例为10%最好^[29]。

2.4 核心种质的检验

核心种质的检验是对新建立的核心种质评价的第一要务,运用科学的数据分析新建立的核心种质,将更加有说服力。核心种质的检验是运用各种性状的方差、变异系数、变异幅度、均值、标准差、最大值和最小值来检验并进行评价的一种方法。Diwan^[30]认为,如果性状均值和变异幅度小于30%与原种质资源的均值和变异幅度存在显著性差异,且核心种质与原种质资源各性状

的变异幅度之比都不低于70%,则可以认为该核心种质代表了原种质资源的遗传变异。

3 果树核心种质的发展方向

3.1 多种方式结合构建果树的核心种质

目前,果树核心种质大多数都处于用一种方法构建的阶段,如板栗、核桃、梨、苹果等。虽然Brown^[31]提出构建核心种质是为了对种质资源进行更深入的评价,没有必要因缺乏完整的数据而拖延构建核心种质,但是运用多种方法相结合的方式能够提高核心种质构建的准确性。比如运用多种分子标记技术、运用形态学特征与分子标记相结合的方式、运用农艺性状与分子标记相结合、运用基因型值与分子标记信息构建核心种质的方法等。如王建成^[32]等提出了整合基因型值和分子标记信息构建核心种质的方法,以一个生态区内包含8个数量性状基因型值和60个分子标记信息值的水稻群体为材料,在核心子集水平上研究基因型值和分子标记信息的整合方法,并用不同的核心种质构建方法和评价参数对其进行评价。研究表明,采用基因型值和分子标记信息结合构建核心种质比采用单一的基因型值更可靠。高志红等^[17]根据种质的形态特征及农艺性状等27个基本数据和特征数据进行聚类分析和排序,并参考同工酶、RAPD和SSR结果构建果梅的核心种质。

3.2 动态的核心种质

核心种质的大小和内容不应该是固定一成不变的,而应是动态的,应该随时间而变化^[33]。核心种质建成以后,在保留核心种质的同时,还要将未列入核心种质的种质进行保存,因为目前建立的核心种质并不一定完整,随时可能有新发现的个体加入。

3.3 建立专用的各地果树资源核心种质基地

将各地筛选出的核心种质的资源单独取出,建立集中的核心种质基地,对这些核心种质进行单独育种利用。因为核心种质的多态性高,所以运用核心种质育种可提高育种的效率。

3.4 果树核心种质集合,更全面进行核心种质的构建

现在各个省的科研机构都在对本地的果树资源进行研究,相信不久的将来各地果树的核心种质库将全部建成。为了更有力的进行果树科学研究,建立一个整合的果树核心种质资源库是必要的,这样的种质资源库的建成,将会对中国果树科学的发展起到前所未有的推动作用。

3.5 注重核心种质中优异基因的发掘

对构建的核心种质进行分子标记研究,发现特异性条带及时回收细致分析,并对其进行测序,发掘优异基因,为分子育种提供条件。

参考文献

[1] 贾继增,张启发.为第二次“绿色革命”发掘基因资源[J].中国基础科

学, 2001(7): 4-8.

[2] 郝晨阳, 董玉琛, 王兰芬, 等. 我国普通小麦核心种质的构建及遗传多样性分析[J]. 科学通报, 2008, 53(8): 908-915.

[3] 李晓玲, 李金泉, 卢永根. 水稻核心种质的构建策略研究[J]. 沈阳农业大学学报, 2007, 38(5): 681-687.

[4] 宗绪晓, 关建平, 王述民, 等. 国外栽培豌豆遗传多样性分析及核心种质构建[J]. 作物学报, 2008, 34(9): 1518-1528.

[5] 李丽, 何伟明, 马连平, 等. 用 EST-SSR 分子标记技术构建大白菜核心种质及其指纹图谱库[J]. 基因组学与应用生物学, 2009, 28(1): 76-86.

[6] 庄飞云, 赵志伟, 李锡香. 中国地方胡萝卜品种资源的核心样品构建[J]. 园艺学报, 2006, 33(1): 46-51.

[7] 何余堂, 涂金星, 傅廷栋, 等. 陕西省白菜型油菜核心种质的初步构建[J]. 中国油料作物学报, 2002, 24(1): 6-9.

[8] 李娟, 江昌俊. 中国茶树核心种质的初步构建[J]. 安徽农业大学学报, 2004, 31(3): 282-287.

[9] 赵冰, 张启翔. 中国蜡梅种质资源核心种质的初步构建[J]. 北京林业大学学报, 2007, 29(增刊): 16-21.

[10] 明军, 张启翔, 等. 梅花品种资源核心种质构建[J]. 北京林业大学学报, 2005, 27(2): 65-69.

[11] Frankel O H. Genetic perspective of germplasm conservation [C] // Arber W K, Limensee K, Peacock W J et al. Genetic manipulation: Impact on Man and society. Cambridge: University Press, 1984: 161-170.

[12] Brown A H D. Collections: a practical approach to genetic resources management [J]. Genome, 1989, 31(5): 818-824.

[13] 程丽莉, 苏淑钗, 秦岭. 燕山板栗实生居群遗传多样性研究与核心种质初选[D]. 北京: 北京林业大学, 2005.

[14] 王庆芬, 刘洪章, 张冰冰. 抗寒梨种质资源 RAPD 的分子标记及其核心种质初步构建[D]. 长春: 吉林农业大学, 2007.

[15] 田彬彬, 刘洪章, 张冰冰. 寒地苹果种质资源 RAPD 分子标记及其核心种质初步构建[D]. 长春: 吉林农业大学, 2007.

[16] 沈进, 朱立武, 张水明, 等. 中国石榴核心种质的初步构建[J]. 中国农学通报, 2008, 24(5): 265-271.

[17] 高志红, 韩振海, 章镇. 果梅核心种质的构建与分子标记的研究[D]. 北京: 中国农业大学, 2003.

[18] 刘勇, 孙中海, 刘德春, 等. 利用分子标记技术选择柚类核心种质资

源[J]. 果树学报, 2006, 23(3): 339-345.

[19] 刘闯萍, 王军, 沈育杰, 等. 山葡萄资源核心种质的初步构建[J]. 植物遗传学报, 2008, 36(3): 372-374.

[20] 吴子龙, 王军. 山葡萄种质遗传多样性的 SSR 分析及核心种质初步构建[D]. 哈尔滨: 东北林业大学, 2007.

[21] 李银霞, 安丽君, 姜全, 等. 桃(*Prunus persica*(L.) Batsch.) 品种核心种质的构建与评价[J]. 中国农业大学学报, 2007, 12(5): 22-28.

[22] 董玉慧, 刘孟军, 彭建营. 枣树农艺性状遗传多样性评价与核心种质的构建[D]. 保定: 河北农业大学, 2008.

[23] 王红霞, 张志华. 核桃遗传多样性分析及核心种质的构建[D]. 保定: 河北农业大学, 2006.

[24] Diwan N, Bauman G R, McIntosh M S. A core collection for the United States annual Medicago germplasm collection[J]. Crop Science, 1994, 34(1): 279-285.

[25] 崔艳华, 邱丽娟, 常汝镇, 等. 植物核心种质研究进展[J]. 植物遗传资源学报, 2003, 3(4): 279-284.

[26] 高志红, 韩振海, 章镇. 果梅核心种质的构建与分子标记的研究[D]. 北京: 中国农业大学, 2003.

[27] 范传珠, 刘旭, 马缘生, 等. 小麦特殊遗传材料核心样品的建立[J]. 作物品种资源, 1994(增刊): 7-10.

[28] Shashidhara G, Hema M V, Koshy B et al. Assessment of genetic diversity and identification of core collection in sandalwood germplasm using RAPDs[J]. The Journal of Horticultural Science & Biotechnology, 2003, 78(4): 528-536.

[29] 李银霞, 高其洁, 李天红. 基于果实相关性状的桃品种初级核心种质取样策略研究[J]. 果树学报, 2006, 23(3): 359-364.

[30] Diwan N, McIntosh M S, Bauman G R. Methods of developing a core collection of annual Medicago species[J]. Theor Appl Genet, 1995, 90(6): 755-761.

[31] Brown A H D. The core collection at the crossroad. Core collection or plant Genetic Resources (IPGRD) [J]. A Wiley-Sayce Publication, 1995: 3-19.

[32] 王建成, 胡晋. 构建植物遗传资源核心种质新方法的研究[D]. 杭州: 浙江大学, 2006.

[33] 李自超, 张洪亮, 孙传青, 等. 植物遗传资源核心种质研究现状与展望[J]. 中国农业大学学报, 1999, 5(4): 51-60.

Advances in Research on Core Collection of Fruit Tree Germplasm Resources

BU Hai-dong¹, ZHANG Bing-bing²

(1. College of Horticulture, Jilin Agricultural University, Changchun, Jilin 130118; 2. Research Institute of Pomology, Jilin Academy of Agricultural Sciences, Changchun, Jilin 130083)

Abstract: By difficulty and actuality about construction of core germplasm of the fruit trees in china were summarized, put forward development direction of core germplasm of the fruit trees.

Key words: fruit tree; core collection