

中国野生大豆核心收集品构建*

董英山 庄炳昌 赵丽梅 孙寰 张明

(吉林省农科院大豆所, 公主岭 136100)

随着植物种质资源收集数量的迅速增加, 给资源的管理和完整系统研究带来了困难。为此, Frankel 于 1984 年首次提出了“核心收集品”(Core collection)的概念, 引起了资源工作者的广泛关注。到目前为止, 在世界范围内, 已相继在小麦、大麦、花生、菜豆及多年生野生大豆等种质资源上开展了这方面的研究。中国油料所最近与 IPGRI 合作构建了芝麻核心收集品。

本研究采用遗传多样性策略(Genetic diversity dependent strategy)与分组分类和多元聚类分析相结合方法, 首先按来源把中国野生大豆分成野外收集和杂交创新两部分; 然后把野外收集部分按 7 个光温生态区(徐豹, 1989)分组, 杂交创新部分另列 1 组; 组内材料按花色、泥膜、子叶色、粒色、茸毛色、脐色、叶形、主茎 8 个质量性状划分类型。同一组内同一类型材料少于基础收集品 0.5% 的随机取 1 份, 合成 1 个库(C1), 其余合成另一个库(C2), 计算 C1 的群体遗传变异系数。对 C2 进行多元聚类分析, 聚类时同一组内随机取 1 份, 当聚类剩余材料的群体遗传变异系数与 C1 接近时, 将其与 C1 合并为预选核心收集品。对预选核心收集品进行进一步聚类, 当剩余部分为基础收集品的 10% 左右时, 停止聚类, 比较补充并进行验证, 形成核心收集品。

此方法把中国野生大豆分成 2 部分、8 个组、379 个类型, 形成 2 个库。库 C1 包含 2 363 份材料, 占总体的 38.8%。从中选取 623 份材料, 取样比例为 26.4%, 其群体综合变异系数为 29.9%。库 C2 包含 3 809 份材料, 占总体的 61.7%。对其聚类分析筛选, 当剩余 240 份材料时, 其群体综合变异系数为 28.9%, 与 C1 最为接近。合并 2 个库, 并比较补充, 形成 880 份材料的预选核心收集品。对预选核心收集品进一步聚类分析, 决选出 634 份材料, 将其与基础收集品比较, 补充极端及特殊类型, 最终确定 652 份材料为中国野生大豆核心收集品, 取样比例为 10.56%。该核心收集品来自中国 7 个光温生态区, 北自黑龙江的塔河, 南到广西的象州, 东起黑龙江饶河, 西至西藏察隅, 包括所有中国野生大豆分布区及所有已收集的野生大豆类型。用 21 个性状, 按分类级别比较, 其符合度为 100%。用 15 个性状的群体结构遗传变异系数比较表明, 核心收集品的群体变异系数为 38.6%, 而基础收集品的为 36.5%, 符合度为 97.9%。进一步的遗传多样性比较表明: 核心收集品的遗传多样性指数(Simpson 指数)为 0.985, 基础收集品的遗传多样性指数为 0.927, 符合度为 94.2%。以上结果表明, 所构建的核心收集品很好地代表了我国野生大豆基础收集品。

中国是大豆的起源地, 有极为丰富的野生大豆资源。到目前为止, 我国已收集入库野生大豆资源 6 000 余份。核心收集品的建立为完整保存这些野生大豆资源遗传多样性及充分利用这些野生大豆资源有极为重要的意义。在此基础上, 我们将进一步从分子水平、结构植物学等方面进行分析研究, 逐步调整完善中国野生大豆核心收集品。

* 国家自然科学基金资助项目。