

# 植物遗传资源核心种质研究进展

李辛雷\*, 李纪元, 范正琪

(中国林业科学研究院亚热带林业研究所, 富阳 311400)

**摘要:** 核心种质以最少的资源数量和遗传重复, 最大程度地代表了整个遗传资源, 具有异质性、实用性、动态性、多样性和代表性等特征, 在遗传资源的研究方面发挥了重要作用, 对种质资源的保存、评价与利用具有重要意义。核心种质的构建有利于节省资源保存、研究所需的人力、物力, 为育种提供更详细和有用的材料, 提高资源利用及育种效率。本文对植物遗传资源核心种质构建过程中数据搜集整理、数据分析方法、分组方法、取样比例、取样策略及核心种质有效性检验等方面进行了全面系统的综述; 对核心种质构建存在的问题及今后发展方向进行了探讨, 认为遗传资源数据缺乏, 应加强数据搜集整理及核心种质构建, 同时核心种质具动态变化特性, 应加强动态管理及深入评价与应用研究。

**关键词:** 种质资源; 核心种质; 遗传多样性

## Advances in core collection of plant germplasm resources

LI Xin-Lei\*, LI Ji-Yuan, FAN Zheng-Qi

(Research Institute of Subtropical Forestry, Chinese Academy of Forestry, Fuyang 311400, China)

**ABSTRACT:** Core collection was established to represent the maximum of the genetic diversity of the whole resources with the minimum of accessions and redundancy, which had characteristics of heterogeneity, practicality, dynamic, diversity and representativeness. Core collection played an important role in the study of resources, which showed an important significance for the conservation, evaluation and utilization of resources. The construction of core collection was beneficial to save the manpower and material resources for the conservation and study of resources, to provide more detailed and useful material for breeding and to improve the efficiency of resources utilization and breeding. This paper systematically reviewed the procedure of constructing core collection which included collection and arrangement of data, data analysis method, grouping method, sampling ratio, sampling strategy and effectiveness test of core collection. Present problem and some suggestion about the prospects of development were also discussed. Collection and arrangement of the data should be strengthened with the data shortage of resources, at the same time, core collection should also be constructed. Dynamic management of core collection with the characteristics of dynamic change should be enhanced. Further evaluation and application research of core collection still need to be developed.

**KEY WORDS:** germplasm resource; core collection; genetic diversity

基金项目: 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项资金项目(RISF 61250)、浙江省科技计划项目(2013C32075)、国家自然科学基金项目(31470697)

**Fund:** Supported by the Basic Scientific Research Project of the National Institute (RISF61250), the Science and Technology Project of Zhejiang Province (2013C32075), and the National Natural Science Foundation Project (31470697)

\*通讯作者: 李辛雷, 博士, 副研究员, 研究方向为观赏植物遗传育种与应用。E-mail: lixinlei2020@163.com

\*Corresponding author: LI Xin-Lei, Doctor, Associate Professor, Chinese Academy of Forestry, Fuyang 311400, China. E-mail: lixinlei2020@163.com

## 1 引言

植物种质资源的搜集、保存与研究,是人类选育高产、优质、抗逆新品种的基础。目前,各国对种质资源的研究都比较重视,相继建立了不同植物的种质资源库。随着植物种质资源的广泛征集、累积和交换,不断增加的遗传资源又给种质资源的保存、研究与利用带来了很大的困难与压力。面对大量的遗传材料,在取得其详细资料以及开展深入细致的评价鉴定工作之前,育种者往往是无法利用的。但由于资源种类、数量的规模较大,育种者通常只能掌握一些简单的性状,而难以对所有资源进行详细地评价、整理及有效地管理、利用。丰富的种质资源为研究及应用提供了大量的材料,但众多的资源又给保存、评价与鉴定工作带来了困难,造成了种质资源的大量流失。因此,有必要建立一种种质资源分析处理的方法,既能包含种质资源尽可能多的遗传多样性,而材料数量又尽可能少<sup>[1]</sup>,从而有利于种质资源的系统深入及高效利用研究。

## 2 核心种质的概念及意义

Frankel<sup>[2]</sup>最早提出核心种质(Core collection)的概念,此后又与 Brown<sup>[3]</sup>将其进一步发展。核心种质通过采用一定的数据分析方法从总体种质资源中抽取部分材料,以最小的资源数量和遗传重复最大程度地代表整个遗传资源的多样性。核心种质具有异质性、多样性和代表性、实用性、动态性等特征。核心种质是种质资源库中一批有限遗传材料,代表总体种质库的遗传范围,核心库中入选的遗传材料包含需优先保存的种质材料,包括尽可能多的遗传多样性<sup>[4]</sup>,未包含于核心种质中的遗传材料通常作为保留种质,从而有利于种质资源的保存、评价与利用。由于核心种质是从大量遗传材料中筛选出的具有代表性的、有研究或应用价值的种质,通过对其进行优先评价,能及时地发现优良种质,从而充分认识和有效利用所收集的种质资源中所包含的优良基因或特异基因,提高种质资源的管理和利用效率。核心种质的构建在遗传资源的研究和利用方面发挥了重要作用,极大地方便了对遗传资源的保存、评价与利用,从而有利于资源的系统深入和高效利用研究,大大节省了人力和物力,为育种提供更详细和有用的材料,极大地提高了资源利用及育种效率。目前,国内外对核心种质的研究与发展比较重视,相继展开了马铃薯<sup>[5]</sup>、水稻<sup>[6]</sup>、大豆<sup>[7]</sup>、小麦<sup>[8]</sup>、玉米<sup>[9]</sup>、棉花<sup>[10]</sup>、豌豆<sup>[11]</sup>、茶<sup>[12]</sup>等多种植物核心种质的构建。

## 3 核心种质构建

研究植物核心种质,首先应获得构建核心种质所需的数据,然后采用适宜的数据分析方法对数据进行处理;

利用标准化的数据进行种质资源分组;通过采用适宜的取样策略、取样比例构建核心种质;建立核心种质繁殖、供应及管理体系,以利于核心种质的有效利用。

### 3.1 数据搜集整理

构建核心种质的数据包括基本数据、特征数据和评价鉴定数据。基本数据是指种质资源收集、起源地的生态地理状况及育种、分类体系等;特征数据包括形态性状、生化、遗传多样性等表征种质特征的数据;评价鉴定数据包括产量、品质及抗耐性等。前期研究者大多利用基本数据如地理起源、生态类型、分类等构建初级核心种质库,然后采用形态和农艺性状构建更具代表性的核心种质,或者综合基本数据与形态、农艺性状等特征数据直接构建核心种质<sup>[13,14]</sup>。Li等<sup>[6]</sup>用分类、形态、农艺性状构建中国云南水稻地方品种核心种质库。

由于形态-农艺性状的表现型值是基因、环境及基因与环境互作的综合表现,因此表现型值会出现差异,表现型数据难以准确地度量个体间遗传差异,其结果存在一定的偏差<sup>[15]</sup>。有鉴于此,Hu等<sup>[16]</sup>提出应用混合线性模型统计分析方法,用调整无偏预测法无偏预测基因型效应值<sup>[17]</sup>,利用基因型效应值,通过多次聚类分析构建了棉花的核心种质。采用基因型值度量作物种质材料间的遗传差异,能有效地排除环境、基因型与环境互作引起的偏差,从而使构建的核心种质更具代表性、科学性。

由于形态、农艺性状仅能反映与这些性状变异相关的遗传物质的差异,而难以度量个体在基因水平上的差异,因此仅利用有限的形态、农艺性状数据构建核心种质存在一定的局限性<sup>[18]</sup>。分子标记技术使生物遗传差异的研究深入到基因水平,有效地促进了核心种质研究<sup>[19,20]</sup>,尤其对于数据缺失较为严重的材料,可以利用分子标记数据构建核心种质。对于已有核心种质,也可以采用分子标记信息去除遗传重复,进一步缩小核心种质库的规模<sup>[21]</sup>。尽管分子标记技术已广泛应用于核心种质研究,然而形态、农艺性状的遗传变异及多样性对核心种质分析仍然非常重要,因为其直接与种质的环境适应性及育种潜力有关<sup>[22]</sup>,因此整合形态、农艺性状与分子标记信息构建核心种质具有重要意义。

### 3.2 数据分析方法

核心种质构建时要对大量数据进行分析,尤其需要对大量多维数据采用多变量分析,如聚类分析、主成分分析和判别分析等,不同分析目的适用的分析方法不同。在核心种质构建的研究中,应将各种数据分析方法有机结合,相互补充和验证,结果将更加可靠。

聚类分析为常用的主要方法,尤其系统聚类,通常用于材料分类,能有效地将具有相似形状的材料归为一类。李自超等<sup>[23]</sup>对云南地方稻核心种质的研究表明,在相同分

组原则或相同的确定组内取样比例方法时, 聚类取样法均明显优于随机取样法。Li 等<sup>[24]</sup>应用混合线性模型统计分析方法, 在预测基因型值基础上, 采用 6 种聚类方法分别进行系统聚类, 构建了水稻核心种质。徐海明等<sup>[25]</sup>在研究棉花核心种质时, 用混合线性模型分析方法无偏地预测基因型值, 利用得到的基因型值, 分别采用 7 种系统聚类方法构建核心种质, 结果表明, 最短距离法是构建棉花核心种质较好的系统聚类方法。

主成分分析对具有高冗余的群体尤其有效, 可以扩大多样性和减少由于性状间相关而造成的遗传冗余, 同时对聚类结果进行补充和验证。Islam 等<sup>[26]</sup>用数量性状、分子标记数据研究了栽培大豆的遗传多样性, 用主成分分析方法整合数量性状和类性状进行了大豆核心种质的构建。Basigalup 等<sup>[27]</sup>在构建多年生苜蓿核心种质时发现, 用全部数据所选核心种质反而不如用主成分所选核心种质更有效。

判别分析是一种有效的分类方法, 用于验证核心种质分组与原分组的符合情况。Spagnoletti 等<sup>[28]</sup>用判别分析的方法将 3000 份硬粒小麦分为 5 个组, 该分组结果与根据多样性中心分组相符, 表明判别分析能有效应用于种质资源的分组。

### 3.3 分组方法

在构建核心种质时应充分考虑植物的遗传层次结构, 将整个材料分为互不重叠的小组, 在组内选择有代表性的材料。已有研究表明, 对材料分组后取样比完全随机取样所构建的核心种质的代表性更好<sup>[28,29]</sup>。Basigalup 等<sup>[27]</sup>对多年生苜蓿核心种质的研究表明, 以地理区域分组构建核心种质, 能有效代表各性状的遗传变异。目前, 在植物核心种质构建中, 多数研究采用系统分组的取样方法。构建核心种质时数据分组通常按一定的标准把具有相似特点种质材料进行分类, 其标准与方法因种质特性而异。常见分组标准及方法有分类、地理起源、生态分布、育种体系、形态和农艺性状及多数据组合分组等。Upadhyaya 等<sup>[30]</sup>用分类、地理起源等分组后构建花生核心种质, 并用形态、农艺特征评价其表型变异。Diwan 等<sup>[29]</sup>研究一年生苜蓿核心种质时, 按种将材料分组, 在组内按地理来源、表现型聚类或随机取样筛选出核心种质。李自超等<sup>[23]</sup>研究云南地方稻核心种质时, 按丁颖和程王两种分类体系为分组原则, 采用聚类法在组内进行取样构建核心种质。

### 3.4 取样比例

核心种质取样前首先要确定总体取样比例。已有研究认为核心种质通常占种质资源总量的 5%~10%, 或总数不超过 3000 份<sup>[3]</sup>, 而遗传冗余度  $D_r$  值在 0.2~0.9 的种质资源其较适宜的取样比例为 20%~30%<sup>[27]</sup>。核心种质以最小的资源数量最大限度地代表该物种的遗传多样性, 其取样比

例与种质资源数量相关, 资源数量较少时, 取样比例变化较大, 而当资源数量达到一定程度如 10000 份以上变化则较小, 通常在 10% 左右。植物资源核心种质取样比例通常为 10%~13%, 园艺及观赏植物在 10%~33%。但迄今为止, 适宜的核心种质规模及取样比例尚无定论。这主要由于长期进化及人工选择, 生物体产生了其独特的特性, 因此, 整体取样比例的确定不能简单化处理, 应根据植物种质资源数量及遗传多样性与遗传结构确定。

### 3.5 取样策略

取样策略是从种质资源群体中抽取部分材料作为核心种质的方法, 是构建核心种质的关键环节, 分为随机取样与系统取样, 实践中常把两种方法结合使用, 在有些植物核心种质的构建中, 人为进行核心种质的补充。

随机取样法, 又称 R 策略, 即完全随机取样策略。核心种质代表整个遗传资源多样性, 随机取样法对占比例较小而变异性较大的材料缺乏足够的有效性。已有研究认为随机取样法所构建的核心种质对资源的代表性较差<sup>[29]</sup>。徐海明等<sup>[25]</sup>以棉花种质资源数据为例, 比较了多次聚类随机取样、多次聚类优先取样和偏离度取样的方法, 结果表明, 与随机取样法相比, 优先取样法和偏离度取样法构建的核心种质具有较大的遗传变异。

系统取样法, 鉴于资源遗传多样性并非是均匀分布的, 因此对资源应给予不同权重, 采取系统取样方法。系统取样在分组的基础上确定组内的取样方法, 根据资源的特性主要有 C, P, L, S, G 等取样策略。

C 策略(constand strategy), 恒量法, 从每个组中随机选取相同数量的材料作为代表。只有当各组材料的数量及其遗传多样性均相近时, 此种方法取样才具较好的代表性。因此, 该方法在使用上有很大局限性。

P 策略(proportional strategy), 比例法, 组内取样比例与组内材料占总体材料的比例一致。当资源遗传多样性与其数量成正相关并且各组材料量相差较大时这一策略比较有效。Bisht 等<sup>[31]</sup>选用比例法构建了印度绿豆的核心种质。

L 策略(logarithmic strategy), 对数法, 组内取样比例与该组材料量的对数值占各组材料量对数值之和的比值一致。当掌握数据资料有限时, 对数取比较有效<sup>[32]</sup>。经过对数处理, 占比例大的组取样比例变小, 反之, 比例变大, 从而部分修改核心种质遗传多样性的偏离。

S 策略(square root strategy), 平方根法。组内的取样比例与该组材料量的平方根占整个资源材料量的平方根的比值一致。经过平方根法处理, 该策略部分修改核心种质中遗传多样性的偏离。Huaman 等<sup>[33]</sup>采用平方根法构建了秘鲁甘薯核心种质。

G 策略(genetic diversity-dependent strategy), 遗传多样性法, 分组的取样量由组内多样性占总体资源多样性的比例确定。组内材料多样性较大时, 取样量大; 反之取样

量较少。当拥有资源遗传变异或形态多样性数据时,根据多样性来确定取样比例是较为可靠的方法。Raamsdonk等<sup>[34]</sup>采用P策略和G策略构建了郁金香的核心种质。

#### 4 核心种质有效性检验

核心种质以最小的资源数量和遗传重复最大程度地代表整个遗传资源的多样性,以满足目前与将来的需要。因此,有效性检验是核心种质构建的关键环节,是检验构建方法和效果的有效措施。检验核心种质的有效性既要评价核心种质对遗传资源的代表性,又要对其实用性进行分析。Diwan等<sup>[29]</sup>认为,只有核心种质与全部种质资源存在显著差异的性状的百分率均少于30%,且核心种质各性状变幅占整个资源群体变幅的平均比率高于70%,才可以认为该核心种质基本上代表了原遗传资源群体的多样性。

##### 4.1 核心种质遗传多样性符合性检验

根据数据形式的不同,核心种质遗传多样性的符合性检验分为离散性指标和连续性指标多样性检验,二者既有区别又有交叉。离散性数据包括质量性状、同工酶和分子标记等,主要采用变异的数量、综合多样性指数及等位基因频率、Nei's多样性指数等。连续性数据主要是数量性状,常用表型保留比例、方差、多样性指数、变异系数、极差等。李自超等<sup>[23]</sup>对水稻的研究表明,表型保留比例、表型方差、表型频率方差、遗传多样性指数和变异系数等参数是检验水稻核心种质较为理想的指标。张飞等<sup>[35]</sup>利用5个质量性状的表现型频率和7个数量性状的标准差、变异系数、极值等参数,对菊花初选核心种质进行了有效性评价。

##### 4.2 核心种质实用性检验

对核心种质的实用性的检验,要求所构建的核心种质中包括总资源中所有类型的性状(基因),既保留已知性状,又要保留未来生产应用中需要的性状或基因。Corley等<sup>[36]</sup>对相当于花生原资源27%的核心种质开展了叶斑病抗性检测,筛选出约占全部资源54%的抗性材料。Holbrook等<sup>[37]</sup>从7432花生份材料中选出831份,构建了核心种质。目前,研究者已经对核心种质的油份含量、脂肪酸含量等24个性状进行了评价。可见,花生核心种质的构建明显提高了种质评价效率。

#### 5 问题与展望

##### 5.1 遗传资源数据缺乏,应加强数据搜集整理及核心种质构建

种质资源数据是构建核心种质的前提和基础。已有认为,种质资源中仅有35%具完善的基本数据,特征及评价鉴定数据的缺乏尤其严重<sup>[38]</sup>。目前,用来构建核心种质的数据大多是分类、生态类型等基本数据<sup>[39,40]</sup>;特征数据中

主要是表型性状<sup>[40,41]</sup>,而生化及DNA分子标记信息较少<sup>[18,19]</sup>;评价鉴定数据多为产量等农艺性状而缺乏品质、抗性数据<sup>[42]</sup>。因此,种质资源基本信息的缺乏是构建核心种质的主要限制。构建核心种质的目的是为了更好对资源进行评价与利用研究,因此,构建核心种质应在对植物进行深入评价之前<sup>[43]</sup>。徐海明等<sup>[44]</sup>提出了整合质量性状和数量性状评价遗传相似性的统计策略,调整的欧氏距离能有效地度量个体间的差异,并能很好地处理性状数据的缺失。因此,没有必要因缺乏完整的数据而拖延构建核心种质。应积极加强种质资源数据尤其分子标记数据及品质、抗性等评价鉴定数据的搜集整理<sup>[45-47]</sup>,综合应用种质资源的基本数据、特征数据及评价鉴定数据等,尽早构建核心种质<sup>[48-50]</sup>,以利于进一步加强资源的深入评价及应用研究。

##### 5.2 核心种质动态变化,应加强动态管理及深入评价与应用研究

核心种质是以最少的资源数量代表最大的遗传多样性。受各方面因素影响,保留种质的基因组成、数量等会发生变化从而产生新的变异种质,因此,核心种质的大小及内容应随时间而演变,使其即包含当前已知的优质特异性状,又含有未来生产需要的性状。对核心种质应加强动态管理,保留种质、初级核心种质、核心种质、核心应用种质等不同级别间动态变化,并不断补充完善<sup>[51]</sup>。目前,植物核心种质的研究多集中于构建过程中分组、取样策略及有效性评价<sup>[1,4,41,52]</sup>,对核心种质的进一步深入研究及其在生产上的实用性评价还很少,很多评价指标还待发展和完善。因此,应继续加强对所构建核心种质的后续评价研究,挖掘资源特异基因;同时加强资源应用研究,建立各类专项核心种质,满足生产、育种对不同资源类型的需要;建立并完善核心种质的繁育、供种及管理体系,保障核心种质的有效利用。

#### 参考文献

- [1] 胡晋,徐海明,朱军.基因型值多次聚类法构建作物种质资源核心库[J].生物数学学报,2000,15(1):103-109.  
Hu J, Xu HM, Zhu J. Constructing core collection of crop germplasm by multiple clusters based on genotypic values [J]. J Biomathematics, 2000, 15(1): 103-109.
- [2] Frankel OH. Genetic perspectives of germplasm conservation. In: Arber W, Llimense K, Peacock W, et al, eds. Genetic Manipulation: Impact on Man and Society[M]. Cambridge, UK: Cambridge University Press, 1984.
- [3] Brown AHD. The case for core collection. In: Brown A D H, Frankel O H, Marshall R D, et al, eds. The Use of Plant Genetic Resources[M]. Cambridge, England: Cambridge University Press, 1989, 136-156.
- [4] 徐海明,胡晋,朱军.构建作物种质资源核心库的一种有效抽样方法[J].作物学报,2000,26(2):157-162.  
Xu HM, Hu J, Zhu J. An efficient method of sampling core collection from crop germplasm [J]. Acta Agronomica Sinica, 2000, 26(2): 157-162.

- [5] Chandra S, Huaman Z, Krishna SH, *et al.* Optimal sampling strategy and core collection size of Andean tetraploid potato based on isozyme data-a simulation study [J]. *Theor Appl Genet*, 2002, 104: 1325–1334.
- [6] Li ZC, Zhang HL, Zeng YW, *et al.* Studies on sampling schemes for the establishment of core collection of rice landraces in Yunnan, China [J]. *Genet Resour Crop Evol*, 2002, 49: 67–74.
- [7] Zhao L, Dong Y, Liu B, *et al.* Establishment of a core collection for Chinese annual wild soybean (*Glycine soja*) [J]. *Chin Sci Bull*, 2005, 50(10): 989–996.
- [8] Balfourier F, Roussel V, Strelchenko P, *et al.* A worldwide bread wheat core collection arrayed in a 384-well plate [J]. *Theor Appl Genet*, 2007, 114(7): 1265–1275.
- [9] Malvar RA, Butron RA, Alvarez A, *et al.* Yield performance of the European Union maize landrace core collection under multiple corn borer infestations [J]. *Crop Prot*, 2007, 26: 775–781.
- [10] Xu H, Mei Y, Hu J, *et al.* Sampling a core collection of island cotton (*Gossypium barbadense* L.) based on the genotypic values of fiber traits [J]. *Genet Resour Crop Evol*, 2007, 53(3): 515–521.
- [11] Porter LD, Hoheisel G, Coffman VA. Resistance of peas to *Sclerotinia sclerotiorum* in the *Pisum* core collection [J]. *Plant Pathol*, 2009, 58: 52–60.
- [12] Wang XC, Chen L, Yang YJ. Establishment of core collection for Chinese tea germplasm based on cultivated region grouping and phenotypic data [J]. *Front Agric China*, 2011, 5(3):344–350.
- [13] Mahalakshmi V, Ng Q, Lawson M, *et al.* Cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp) core collection defined by geographical, agronomical and botanical descriptors [J]. *Plant Genet Resour: Characterization Util*, 2007, 5(3): 113–119.
- [14] Ylahaalakshmi V, Ng Q, Atalobhor J, *et al.* Development of a West African yam *Dioscorea* spp. core collection [J]. *Genet Resour Crop Evol*, 2007, 54(8): 1817–1825.
- [15] Upadhyaya HD, Ortiz R, Bramel PJ, *et al.* Phenotypic diversity for morphological and agronomic characteristic in chickpea core collection [J]. *Euphytica*, 2002, 123: 333–342.
- [16] Hu J, Zhu J, Xu HM. Methods of constructing core collection by stepwise cluster with three sampling strategies based on genotypic values of crops [J]. *Theor Appl Genet*, 2000, 101: 264–268.
- [17] Zhu J, Weir BS. Diallel analysis for sex-linked and maternal effects [J]. *Theor Appl Genet*, 1996, 92(1): 1–9.
- [18] Ude G, Pillay, Oguniwin A. Tenkouano. Genetic diversity in an African plantain core collection using AFLP and RAPD markers [J]. *Theor Appl Genet*, 2003, 107: 248–255.
- [19] Che KP, Xu Y, Liang CY, *et al.* AFLP fingerprint and SCAR Marker of watermelon core collection [J]. *Acta Botanica Sinica*, 2003, 45(6): 731–73.
- [20] Zhao LP, Liu Z, Chen L, *et al.* Generation and characterization of 24 novel EST derived microsatellites from tea plant (*Camellia sinensis*) and cross-species amplification in its closely related species and varieties [J]. *Conserv Genet*, 2008, 9 (5): 1327–1331.
- [21] Treuren R, Magda A, Hoekstra R, *et al.* Genetic and economic aspects of marker-assisted reduction of redundancy from a wild potato germplasm collection [J]. *Genet Resour and Crop Evol*, 2004, 51: 277–290.
- [22] Rodinol AP, Santallal M, Ronl AM, *et al.* A core collection of common bean from the Iberian peninsula [J]. *Euphytica*, 2003, 131: 165–175.
- [23] 李自超, 张洪亮, 曾亚文, 等. 云南地方稻种资源核心种质取样方案研究[J]. *中国农业科学*, 2000, 33(5): 1–7.  
Li ZC, Zhang HL, Zeng YW, *et al.* Study on sampling schemes of core collection of local varieties of rice in Yunnan, China [J]. *Scientia Agric Sinica*, 2000, 33(5): 1–7.
- [24] Li CT, Shi CH, Wu JG, *et al.* Methods of developing core collections based on the predicted genotypic value of rice (*Oryza sativa* L.) [J]. *Theor Appl Genet*, 2004, 108(6): 1172–1176.
- [25] 徐海明, 邱英雄, 胡晋, 等. 不同遗传距离聚类 and 抽样方法构建作物核心种质的比较[J]. *作物学报*, 2004, 30(9):932–936.  
Xu HM, Qiu YX, Hu J, *et al.* Methods of constructing core collection of crop germplasm by comparing different genetic distances, cluster methods and sampling strategies [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2004, 30(9): 932–936.
- [26] Islam RMA, Basford KE, Redden RJ, *et al.* Genetic variability in cultivated common bean beyond the two major gene pools [J]. *Genet Resour Crop Evol*, 2002, 49: 271–283.
- [27] Basigalup DH, Barnes DK, Stueker RE. Development of a core collection for perennial *Medicago* plant introductions [J]. *Crop Sci*, 1995, 35: 1163–1168.
- [28] Spagnoletti ZPL, Qualset CO. Evaluation of five strategies for obtaining a core subset from a large genetic resources collection of durum wheat [J]. *Theor Appl Genet*, 1993, 87: 295–304.
- [29] Diwan N, McIntosh MS, Bauchan GR. Methods of developing a core collection of annual *Medicago* species [J]. *Theor Appl Genet*, 1995, 90(6): 755–761.
- [30] Upadhyaya HD, Ortiz R, Bramel PJ, *et al.* Development of a groundnut core collection using taxonomical, geographical and morphological descriptors [J]. *Genet Resour Crop Evol*, 2003, 50: 139–148.
- [31] Bisht IS, Mahajan RK, Patel PP. The use of characterization data to establish the Indian mungbean core collection and assessment of genetic diversity [J]. *Genet Resour Crop Evol*, 1998, 45: 127–133.
- [32] Brown AHD. Core collections: A practical approach to genetic resources management [J]. *Genome*, 1989, 31(5): 818–824.
- [33] Huaman Z, Aguilar C, Ortiz R. Selecting a Peruvian sweet potato core collection on the basis of morphological, eco-geographical, and disease and pest reaction data [J]. *Theor Appl Genet*, 1999, 98: 840–844.
- [34] Raamsdonk LWD, Wijnker J. The development of a new approach for establishing a core collection using multivariate analyses with tulip as case [J]. *Genet Resour and Crop Evol*, 2000, 47: 403–416.
- [35] 张飞, 谢伟, 陈发棣, 等. 中国菊花品种初选核心种质的代表性检验[J]. *南京农业大学学报*, 2009, 32(2): 47–50.  
Zhang F, Xie W, Chen FD, *et al.* Representativeness test for candidate core collection of chrysanthemum (*Dendranthema grandiflorum*) in China [J]. *J Nanjing Agric Univ*, 2009, 32(2): 47–50.
- [36] Corley HC, William FA. Evaluation of a core collection to identify resistance to late leaf spot in peanut [J]. *Crop Sci*, 1995, 35: 1700–1702.
- [37] Holbrook CC, Patricia T, Xue HQ. Evaluation of the core collection approach for identifying resistance to meloidogyne arenaria in Peanut [J]. *Crop Sci*, 2000, 40: 1172–1175.
- [38] Plucknett DL. Gene banks and the world's food [M]. Princeton, New Jersey, USA: Princeton University Press, 1987.
- [39] Martynor SP, Dobrotvorskaya TV, Dotlaci L, *et al.* Genealogical approach

- to the formation of the winter wheat core collection [J]. *Russian J Gene*, 2003, 39: 917–923.
- [40] Li Y, Shi Y, Cao Y, *et al*. Establishment of a core collection for maize germplasm preserved in Chinese National Gene bank using geographic distribution and characterization data [J]. *Genet Resour Crop Evol*, 2004, 51: 845–852.
- [41] Marcos M, Tabare A. Sampling strategy to develop a core collection of Uruguyan maize landraces based on morphological traits [J]. *Genet Resour Crop Evol*, 2001, 48: 381–390.
- [42] Upadhyaya HD, Dwivedi SL, Gowda CLL, *et al*. Identification of diverse germplasm lines for agronomic traits in a chickpea (*Cicer arietinum* L.) core collection for use in crop improvement [J]. *Field Crops Res*, 2007, 100: 320–326.
- [43] Brown AHD. The core collection at the crossroad .In: Hodgkin T, Brown AHD, Hintum van T H L, Morales E A V, eds. *Core Collections of Plant Genetic Resources* [M]. International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI): A Wiley-Sayce Publication, 1995, 3–19.
- [44] 徐海明, 李晓玲, 李金泉, 等. 整合质量数量性状构建作物核心种质的策略研究[J]. *浙江大学学报*, 2005, 31(4): 362–367.  
Xu HM, Li XL, Li JQ, *et al*. Study on the strategies of integrating qualitative and quantitative traits for constructing core collection [J]. *J Zhejiang Univ*, 2005, 31(4): 362–367.
- [45] Wachira FN, Tanaka J, Takeda Y. Genetic variation and differentiation in tea (*Camellia sinensis*) germplasm revealed by RAPD and AFLP variation [J]. *J Hort Sci Biotechnol*, 2001, 76(5): 557–563.
- [46] 李辛雷, 孙振元, 李纪元, 等. 气相色谱 - 质谱联用分析杜鹃红茶挥发性成分[J]. *食品科学*, 2012, 33(16): 130–136.  
Li XL, Sun ZY, LI JY, *et al*. Analysis of volatile components of *Camellia azalea* Wei by GC-MS [J]. *Food Sci*, 2012, 33(16): 130–136.
- [47] Lin L, Ni S, Li JY, *et al*. Genetic diversity of *Camellia japonica* (Theaceae), a species endangered to East Asia, detected by inter-simple sequence repeat (ISSR) [J]. *Biochem Syst Ecol*, 2013, 50: 199–206.
- [48] Ronfort J, Bataillon T, Santoni S, *et al*. Microsatellite diversity and broad scale geographic structure in a model legume: building a set of nested core collection for studying naturally occurring variation in *Medicago truncatula*[J]. *BMC Plant Biology*, 2006, 6: 28.
- [49] Anderson WF. Development of a forage Bermuda grass (*Cynodon* sp.) core collection [J]. *Grassland Science*, 2005, 51: 305–308.
- [50] Hintum TJL. Comparison of marker systems and construction of a core collection in a pedigree of European spring barley [J]. *Theor Appl Genet*, 1994, 89: 991–997.
- [51] Upadhyaya HD, Oritz R. A mini core subset for capturing diversity and promoting utilization of chickpea genetic resources in crop improvement [J]. *Theor Appl Genet*, 2001, 102, 1292–1298.
- [52] Zewdie Y, Tong NK, Bosland P. Establishing a core collection of *Capsicum* using a cluster analysis with enlightened selection of accessions [J]. *Genet Resour Crop Evol*, 2004, 51: 147–151.

(责任编辑: 白洪健)

## 作者简介



李辛雷, 博士, 副研究员, 研究方向为观赏植物遗传育种与应用。  
E-mail: lixinlei2020@163.com