

# 苦楝表型区划的研究

程诗明<sup>1</sup>, 顾万春<sup>2\*</sup>

(1. 浙江省林业科学研究院, 浙江 杭州 310023; 2. 中国林业科学研究院林业研究所, 北京 100091)

摘要: 在对苦楝 24 个群体 729 个个体 18 个表型性状指标测定的基础上, 根据主成分分析和聚类分析结果, 将苦楝中国分布区区划为 5 大表型区 10 个亚区。对表型区划结果进行典型判别分析发现, 苦楝各表型区间家系性状分化比较明显, 而各表型区内家系分化不明显。对苦楝 5 大表型区区划的合理性进行了回判预测, 有 93.8% 回判正确。

关键词: 苦楝; 表型区划; 主成分分析; 聚类分析; 典型判别分析

中图分类号: S792.33 文献标识码: A

## Studies on Phenotypic Allocation of *Melia azedarach*

CHENG Shiming<sup>1</sup>, GU Wan-chun<sup>2</sup>

(1. Zhejiang Academy of Forestry, Hangzhou 310023, Zhejiang China; 2. Research Institute of Forestry, CAF, Beijing 100091, China)

**Abstract** Based on the 18 phenotypic characteristics data of 729 trees of 24 populations of *Melia azedarach* in China distribution area, the principal component and cluster analysis have been made. 5 phenotypical districts and 10 sub-phenotypical districts were founded. Canonical discriminant analysis showed significant differentiation among phenotypical districts, but not for within phenotypical districts. In order to interpret whether the 5 phenotypical districts are reasonable, Canonical discriminant analysis has proved 93.8 percent historical data correct. The phenotypic allocation of *Melia azedarach* provides a science foundation for germplasm resources conservation, reasonable sampling, diversity assessment and a guideline for seedling optimal allocation.

**Key words** *Melia azedarach*; phenotypic allocation; principal component analysis; cluster analysis; canonical discriminant analysis

形态结构进化的总趋势是复杂性的提高和多样性的增长<sup>[1]</sup>, 从形态学或表型性状方面来检测植物的遗传变异是最简便而直接的方法。表型性状多样性是基因组 DNA 编码序列与其调控序列多样性的具体表现, 是进行多样性研究最基本、最重要的组成部分<sup>[2]</sup>。对于大多数植物来说, 花部等生殖器官性状相对于营养器官来说是比较保守和稳定的<sup>[3,4]</sup>, 因此, 生殖器官性状受环境控制较小, 是研究性状表型多样性、梯度变异、表型区划的绝好材料。广域分布种不同群体在表型上存在很大的变异, 尤其表现在

物候、繁殖器官等性状上<sup>[3]</sup>。苦楝 (*Melia azedarach* L.) 分布连续广泛, 自南向北横跨热带、亚热带、温带, 分布区地形、地貌等地理生态条件复杂, 经过长期自然选择, 蕴含着丰富的群体/个体或群体/家系/个体的遗传多样性差异, 形成许多具有适合不同气候的地理生态型, 具广泛的遗传基础<sup>[5]</sup>。通过苦楝自然分布区外业调查、种实采集以及主要表型性状的测定、统计和分析, 探讨苦楝群体表型性状的梯度变异, 进行苦楝群体表型多样性评价, 以便为苦楝种质资源的保存、构建核心种质提供科学依据。

收稿日期: 2004-10-11

基金项目: “十五”国家科技攻关课题“林木种质资源保护与创新利用”(2001BA511B10)、国家科技资源条件林木种质资源平台试点建设(2003DEA3N027)

作者简介: 程诗明(1975—), 男, 安徽潜山, 博士。

\* 通讯作者。

# 1 材料与方 法

## 1.1 材 料

本研究在全面收集苦楝分布资料和实地勘察的基础上,将我国苦楝全分布区划分为 11 个物候区的基础上<sup>[6]</sup>,按中国生态梯度图<sup>[7,8]</sup>及苦楝物候区划在保证每个物候区至少 2 个群体的原则下进行随机分组取样,最终在苦楝自然分布区的 11 个物候区内选择了 24 个群体 729 个个体,于 2003 年 11 月—2004 年 1 月分别采集各群体 1 个个体苦楝种子、叶片。采样群体基本覆盖了苦楝自然分布区。

## 1.2 方 法

### 1.2.1 苦楝表型性状的确定、取样及观测

1.2.1.1 苦楝表型性状的确定 主要集中在叶片以及单果、核果、种子等表型可塑性小,主要受遗传控制的 13 个形态性状:叶片长、叶片宽、叶柄长、单果长、单果宽、果柄长、核果长、核果宽、种子长、种子最宽处、种子较宽处(垂直于种子最宽处方向量取)、单果种子数、千粒质量。

1.2.1.2 样本性状的采集 为保证样本的充分代表性,尽量选择成年母树,要求样本材料处于亚优势地位,生长正常,无病虫害。在群体内选定的每个单株树冠中部偏南的位置按每个单株采集成熟的苦楝单果(400~500 个);从叶片顶端向下数并采集第三回羽状复叶(不少于 60 片),压制成本,带回实验室后用直尺、游标卡尺对上述表型性状立即进行测量。根据群体样本分析形态性状在群体间、群体内的变异大小,了解苦楝表型性状的遗传基础及其变异模式。

1.2.1.3 观测方法 叶片的测量用直尺测定,测量精度为 0.1 mm,千粒质量用电子天平测定,测量精度为 0.001 g。单果种子数是计算每个核果的出籽粒数,计数单位为个;其它各性状用游标卡尺测定,测量精度为 0.1 mm,分别测量性状的最长与最宽处。共观测了 24 个群体 729 个个体,每群体每个家系的每个观测性状随机测定 60 次(不重复抽样),每性状(13 个表型性状)共计测定  $729 \times 60 = 43\,740$  次。

### 1.2.2 分析方 法

1.2.2.1 主成分分析与聚类分析 用主成分分析法,将错综复杂的苦楝 18 个表型性状简化成少数几个综合因子,通过排序确定大致趋势。

用聚类分析法先对表型性状数据进行标准化,计算类平均距离  $E_{ij}$ :

$$E_{ij} = \sqrt{\sum_{k=1}^n \frac{1}{n_k} (X_{ki} - X_{kj})^2}$$

再用 Interval data 模块计算遗传距离,获得遗传距离相似矩阵;用 SAHN 模块进行 UPGMA (Unweighted Pair Group Method Arithmetic Averages 不加权重组算术平均数法)聚类,并通过 Treepbt 模块生成聚类图。按苦楝表型性状聚类结果进行苦楝表型区划。

1.2.2.2 苦楝表型区划 在主成分分析与 UPGMA 聚类分析的基础上进行苦楝组群划分。区划的原则:

(1) 尽量体现苦楝表型性状的遗传变异性,将表型性状特征相似的群体/家系尽可能的归为一类,而将表型性状差异较大的尽量划分开来。

(2) 要考虑该种群在地理空间上分布的连续性,将各群体进行客观的归类。

(3) 采用多级控制。对划出的同一表型区,采取划分亚区的方法,按苦楝表型性状相似性与否和生态遗传学的一般知识按山系、水系与地势条件,并参考中国林木育种区<sup>[6]</sup>进一步划分,充分体现区划的合理性。

1.2.2.3 典则判别分析 对表型区划的结果用典则判别分析法做判别分析,检验表型区划的合理性。将苦楝 24 个群体 729 个个体各性状的平均数按组群归类,运用典则判别分析法用少量典则变量代替各家系表型性状,用散点图直观地展示各类群的关系,建立标准化的典则判别函数系数,并运用建立的判别函数对各家系表型性状平均数重新进行分类,与原始分类的各家系表型性状平均数值进行比较得出错判概率。

本文所用统计分析软件: SAS7.0, Excel5.0, SPSS11.5, NTSYSpc2.11; 做图软件: Erdas8.7, PC19.0, Photoshop7.0 等。

## 2 结果与分析

### 2.1 主成分分析与聚类分析结果

从表 1 可知,前 4 个主成分累计贡献率达 90.947%,主成分 1 与主成分 2 特征根的差值很大,主成分 2、3、4 之间的差值也较大,因此可以初步得出保留 4 个主成分将能概括绝大部分信息。通过排序确定大致趋势。

表 1 苦楝表型性状主成分分析结果

主成分	特征根	贡献率 %	累计贡献率 %
1	4.243	47.144	47.144
2	2.289	25.432	72.576
3	0.949	10.540	83.116
4	0.705	7.831	90.947
5	0.520	5.779	96.726

在主成分分析的基础上进行聚类分析。根据苦楝群体叶片长等 18 个表型性状进行 UPGMA 聚类分析, 结果见图 1。将整个供试群体 (样点) 明显地划分为 4 大组群 (当取阈值 1.54 时), 各群体按地理空间分布基本聚在一起, 保山群体除外, 这可能与保山群体特定的环境条件有关。

### 2.2 苦楝表型区划

考虑地理空间上的连续性, 结合各群体的地理位置对各群体进行客观地归并, 将苦楝全分布区按表型性状特征划分为 5 个大区, 10 个亚区 (取阈值 0.59), 如图 2。各大区内不同苦楝群体的表型性状特征基本相似 (表 2)。

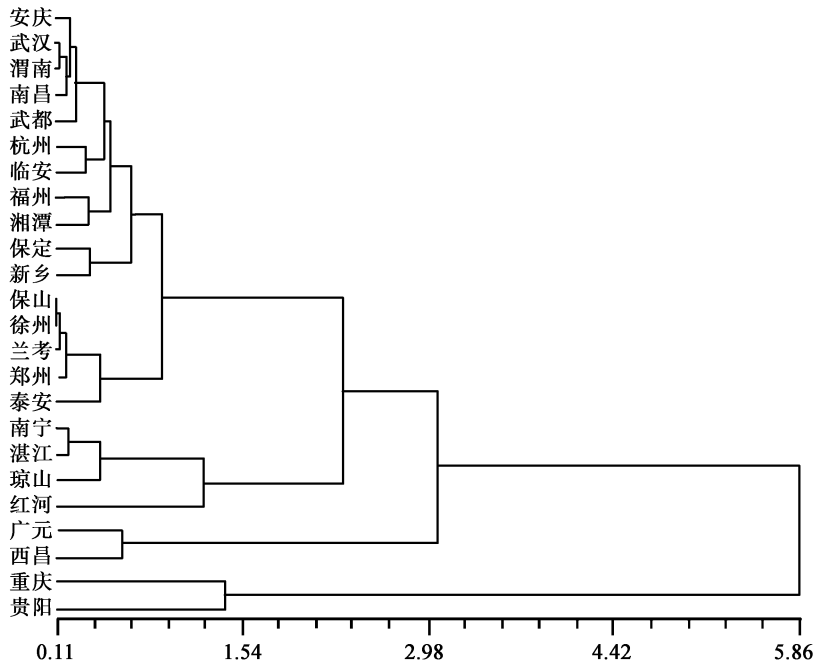


图 1 苦楝表型性状聚类图

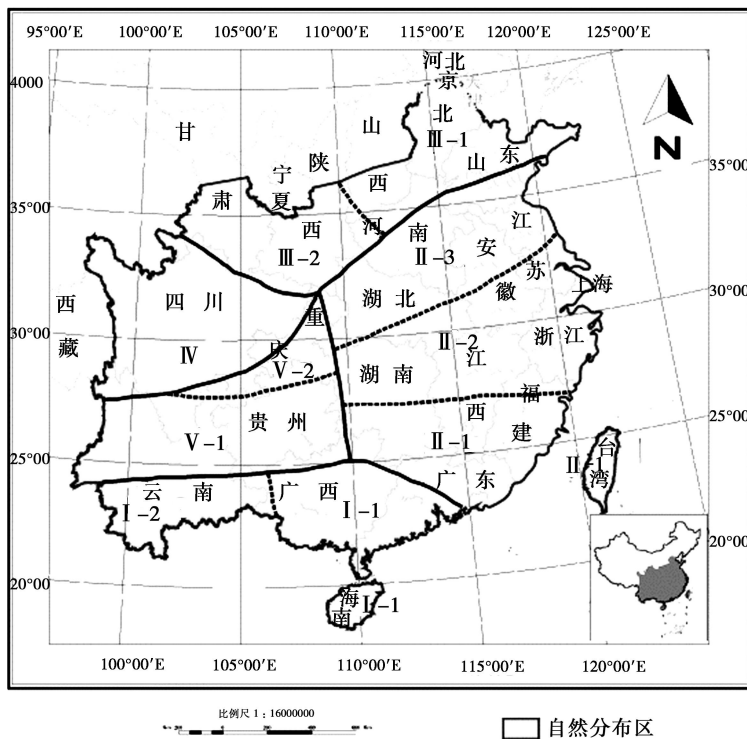


图 2 苦楝表型区划图

表 2 苦楝各表型区—亚区表型特征平均数

大区号	亚区号	叶片长/cm	叶片宽/cm	叶柄长/cm	单果长/cm	单果宽/cm	果柄长/cm	核果长/cm	核果宽/cm	种子长/cm	种子最宽/cm	种子较宽/cm	单果种子数/个	千粒质量/g
I	I-1	4.17	1.77	0.34	1.50	1.18	0.50	1.42	0.92	0.83	0.20	0.26	3.45	13.46
	I-2	4.17	1.77	0.34	1.38	1.07	0.46	1.19	0.78	0.72	0.20	0.26	2.77	9.23
	II-1	3.96	1.75	0.33	1.57	1.24	0.47	1.57	1.24	0.88	0.24	0.32	2.94	21.98
II	II-2	3.99	1.76	0.34	1.58	1.23	0.45	1.35	0.89	0.89	0.25	0.32	4.08	20.97
	II-3	3.91	1.74	0.33	1.56	1.25	0.46	1.27	0.89	0.83	0.25	0.33	4.18	19.12
III	III-1	4.64	1.82	0.34	1.58	1.35	0.44	1.47	1.09	0.87	0.24	0.32	3.68	19.23
	III-2	4.75	1.81	0.37	1.52	1.28	0.46	1.28	0.95	0.88	0.25	0.32	3.98	20.63
IV	IV	4.17	1.77	0.34	1.84	1.54	0.46	2.00	2.24	0.97	0.28	0.37	3.05	28.96
V	V-1	4.17	1.77	0.34	2.12	1.99	0.46	1.72	1.42	1.10	0.29	0.42	3.10	41.43
	V-2	4.17	1.77	0.34	2.12	1.99	0.46	1.66	1.42	1.05	0.30	0.42	4.21	35.70

2.3 典则判别分析

对表型区划结果进行了判别分析。4个典则变量统计差异显著 ( $P \leq 0.001$ ), 能很好地体现分类特征, 但前两个典则函数的特征值占总变量的 78.4% (表 3)。第 1 典则变量总方差的 50.09% ( $0.950^2 \times 0.555 \times 100\%$ ) 来自苦楝各表型性状间; 第 2 典则变量总方差的 18.18% ( $0.891^2 \times 0.229 \times 100\%$ ) 来自苦楝各表型性状间。

表 3 典则判别分析特征值

典则函数	特征值	贡献率 %	累计贡献率 %	典型相关
1	9.321	55.5	55.5	0.950
2	3.852	22.9	78.4	0.891
3	2.613	15.5	93.9	0.850
4	1.022	6.1	100.0	0.711

从标准化后的典则判别函数系数 (表 4) 可以看出, 对第 1、第 2 典则变量贡献最大的是单果性状 (单果宽、单果长宽比与单果长); 对第 3 典则变量贡献最大的是叶片性状 (叶片长宽比、叶片宽); 对第 4 典则变量贡献最大的是种子性状 (种子长最宽比、种子长较宽比、种子长) 与单果性状 (单果宽、单果长与单果长宽比)。尽管其余各表型性状占的比例较小, 但各典则变量也有不同大小的贡献。考虑前两个典则变量, 各表型区的分化从各性状典则判别函数系数的正负号可以看出, 单果宽、果长宽比等性状为积极的, 而单果长等性状为消极的。根据标准化后的典则判别函数的系数可以写出各典则判别函数。

图 3 示, 各表型区间家系基本不交叉 (呈负相关), 家系内显著相关, 这说明各表型区间苦楝家系各性状分化比较明显, 而各表型区内家系间分化不明显, 间接说明苦楝表型区划为 5 大区的合理性, 这为苦楝群体合理取样、种质资源保存与评价提供了科学依据。

表 4 标准化后的典则判别函数系数

表型性状	第 1 典则变量	第 2 典则变量	第 3 典则变量	第 4 典则变量
种子长 (SL)	0.516	0.065	0.251	-2.904
种子最宽 (SW 1)	0.030	0.079	-0.260	-0.382
种子长最宽比 (SLW 1)	-0.038	0.339	-0.129	-0.126
种子较宽 (SW 2)	-0.646	-0.073	-0.048	3.443
种子长较宽比 (SLW 2)	-0.813	0.049	0.047	3.904
千粒质量 (W)	0.196	0.350	-0.235	-0.261
核果长 (CL)	-0.250	-0.321	0.097	0.123
核果宽 (CW)	0.703	-0.784	-0.039	0.053
核果长宽比 (CLW)	-0.009	-0.551	-0.044	0.158
单果长 (FL)	-1.741	-1.764	0.119	-1.523
单果宽 (FW)	2.669	2.382	-0.113	1.766
单果长宽比 (FLW)	2.161	1.832	-0.494	1.105
种子数 (SN)	0.062	-0.189	0.022	-0.246
果柄长 (FB)	-0.191	0.149	-0.092	0.215
叶片长 (LL)	0.220	0.078	-0.054	0.460
叶片宽 (LW)	-0.341	-0.193	0.563	-0.532
叶片长宽比 (LLW)	-0.107	-0.135	1.085	-0.438
叶柄长 (LB)	0.020	0.030	0.213	-0.023

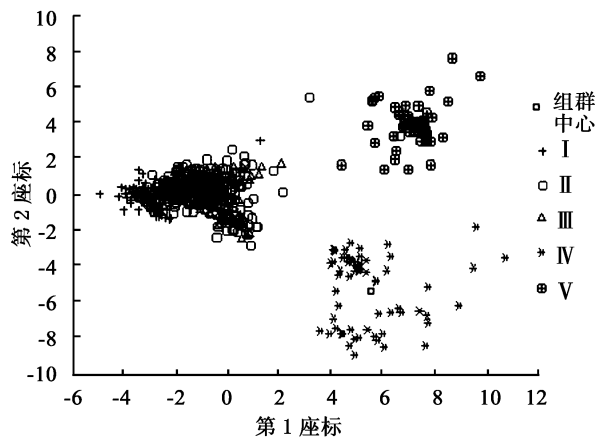


图 3 苦楝表型区划前 2 个典则判别函数散点图

为了说明苦楝 5 大表型区划的合理性, 本文对各表型区进行了回判预测。建立各表型区的判别

函数, 对各表型数据重新进行分类, 与原始表型性状数据归类进行比较得出错判概率。从表 5 可以看出, 利用判别函数回代的结果, 第 1 表型区错判率为 5%; 第 2 表型区错判率为 7.4%; 第 3 第 4 表型区

错判率为 0 第 5 表型区错判率为 13.8%。回代结果表明, 有 93.8% 判别正确, 说明苦楝 5 大表型区的划分是合理的。

表 5 苦楝家系预测分类结果

表型区	家系所属组别预测					总计
	I	II	III	IV	V	
I	325(95%)	9(2.6%)	2(0.6%)	0(0)	6(1.8%)	342(100%)
II	9(7.4%)	112(92.6%)	0(0)	0(0)	0(0)	121(100%)
III	0(0)	0(0)	67(100%)	0(0)	0(0)	67(100%)
IV	0(0)	0(0)	0(0)	61(100%)	0(0)	61(100%)
V	17(12.3%)	2(1.4%)	0(0)	0(0)	119(86.2%)	138(100%)

### 3 结论与讨论

(1) 自然存在的表型变异是研究遗传变异的先导, 虽然表型变异是遗传型与环境因子共同作用的结果, 但表型变异必然蕴藏着遗传变异<sup>[9]</sup>。本文在苦楝物候区划的基础上选取 24 个采种点(群体), 测定计算了苦楝 729 个家系 18 个表型性状指标(每个性状每个家系测定 60 次重复), 在充分体现苦楝表型变异的基础上进行苦楝表型区划是可行的。

(2) 根据苦楝表型性状主成分分析和聚类分析结果, 将苦楝全国分布区划分为 5 大表型区 10 个亚区, 表型区划结果典则判别有 93.8% 回判正确, 表明苦楝 5 大表型区的划分是合理的。

(3) 苦楝表型区的划分为我国苦楝种质资源的保存、合理取样与遗传多样性评价指明了方向和途径; 同时可以在无苦楝种源区划的情况下进行苦楝种苗的合理调拨提供参考。

### 参考文献:

- [1] 沈银柱. 进化生物学[M]. 北京: 高等教育出版社, 2002
- [2] 葛颂, 洪德元. 遗传多样性及其检测方法[A]. 见: 中国科学院生物多样性委员会. 生物多样性研究的原理与方法[M]. 中国科学技术出版社, 1994 123~140
- [3] Stebbins G L. Variation and Evolution in Plants[M]. New York: Columbia Univ Press 1950
- [4] Davis P H, Heywood V H. Principles of Angiosperm Taxonomy[M]. Edinburgh and London Oliver & Boyd, 1963
- [5] 杨吉安, 马玉花, 苏印泉, 等. 苦楝研究现状及发展前景[J]. 西北林学院学报, 2004 19(1): 115~118
- [6] 程诗明, 顾万春. 苦楝中国分布区的物候区划. 林业科学, 2005, 41(3): 186~191
- [7] 顾万春. 统计遗传学[M]. 北京: 科学技术出版社, 2004
- [8] 顾万春. 中国林木育种区[M]. 北京: 中国林业出版社, 1995: 35~127
- [9] 陈益泰, 李桂英, 王惠雄. 桉木自然分布区内表型变异的研究[J]. 林业科学研究, 1999 12(4): 379~385