

木荷 1 代育种群体遗传多样性分析

辛娜娜^{1,2}, 张蕊^{1*}, 徐肇友³, 肖纪军³, 王帮顺³, 周志春¹

(1. 中国林业科学研究院亚热带林业研究所, 浙江省林木育种技术研究重点实验室, 浙江 杭州 311400;
2. 华中农业大学园艺林学学院, 湖北 武汉 430070; 3. 浙江省龙泉市林业科学研究院, 浙江 龙泉 323700)

摘要:木荷为我国亚热带地区主要的珍贵优质阔叶用材树种和生态防护树种。利用筛选的 14 对多态性强的 SSR 引物, 对木荷 1 代育种群体中来自 15 个产地 133 个亲本进行遗传多样性分析, 为其优异种质资源保存、杂交亲本选配及新种质创制提供科学依据。结果表明: 14 对引物共扩增 86 个位点, 每对引物检测到的等位基因数(N_a)变异范围为 2~11 个, 平均等位基因数(N_a)为 6.14 个, 平均有效等位基因数(N_e)为 3.23 个, 平均观察杂合度(H_o)为 0.572 0, 平均 Shannon 信息指数(I)和平均 Nei's 基因多样性指数(Nei)分别为 1.224 7 和 0.599 0, 说明木荷 1 代育种群体具有丰富的遗传多样性, 其中, 福建建瓯产地遗传多样性最高, 浙江遂昌产地遗传多样性最低。木荷 1 代育种群体中成对亲本间遗传距离为 0.023 3~1.633 8, 平均为 0.606 7。不同产地遗传多样性与纬度呈显著的负相关关系($r = -0.516 2, p = 0.048 9$)。通过 UPGMA 聚类, 可将 133 个育种亲本分成 3 个类群, 其中, 类群 3 又分为 4 个亚类群。木荷亲本选配时, 应充分考虑优树的产地来源。

关键词:木荷; 育种亲本; 遗传多样性; 遗传距离; SSR

中图分类号:S718.46; S722.7

文献标识码:A

Genetic Diversity among Breeding Parents of *Schima superba* Revealed by SSR

XIN Na-na^{1,2}, ZHANG Rui¹, XU Zhao-you³, XIAO Ji-jun³, WANG Bang-shun³, ZHOU Zhi-chun¹

(1. Research Institute of Subtropical Forestry, Chinese Academy of Forestry, Zhejiang Provincial Key Laboratory of Tree Breeding, Hangzhou 311400, Zhejiang, China; 2. Gardening Forestry Institute of Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, Hubei, China; 3. Research Institute of Longquan City, Zhejiang Province, Longquan 323700, Zhejiang, China)

Abstract: *Schima superba* is a representative, widely distributed species of broadleaf tree found in the subtropical forests of southern China. It valued commercially for its timber and ecology using. We used SSR molecular technique to investigate the genetic diversity and structure of *S. superba*, which would formulate the breeding strategy and provide insight for selecting breeding parents. 14 pairs of SSR primers were selected and 133 individuals came from 15 provenances were conducted in this experiment. The results showed that 86 polymorphic loci with alleles ranged from 2 to 11 were detected. The observed number of alleles, number of effect alleles, observed heterozygosity, Shannon information index and Nei's gene diversity were 6.14, 3.23, 0.572 0, 1.224 7 and 0.599 0 respectively. The breeding parents of *S. superba* held higher genetic diversity and the genetic diversity in Jian'ou of Fujian Province was highest, but it was lowest in Suichang of Zhejiang Province. The genetic difference was large among the individuals of the breeding parents of *S. superba*. The genetic distance was ranged from 0.023 3 to 1.633

收稿日期: 2014-10-09

基金项目: “十二·五”国家科技支撑计划课题(2012BAD01B04); 林业公益性行业科研专项重大项目(201104001); 浙江省农业新品种选育重大科技专项竹木育种协作组重点项目(2012C12908-6); 福建省林木种苗科技攻关四期项目木荷课题

作者简介: 辛娜娜(1987—), 女, 安徽阜阳人, 硕士, 主要从事珍贵树种遗传改良研究。

* 通讯作者: 张蕊(1981—), 女, 河北邯郸人, 助理研究员, 博士, 主要从事木荷等珍贵用材树种遗传改良研究。E-mail: zhangruica@caf.ac.cn

8 with the average value of 0.606 7. Shannon's index of breeding parents was significantly negative with the latitudes of the seed sources ($r = -0.516 2$, $p = 0.048 9$). The UPGMA cluster analysis showed that 133 individuals clustered into three groups and the third group could be divided into 4 sub-groups. It is important to consider the origin of the trees when selected the parents for hybridization.

Key words: *Schima superba*; breeding parents; genetic diversity; genetic identity; simple sequence repeat

林木育种群体遗传多样性的合理维持和遗传背景的清晰了解,是长期遗传改良采用的核心策略之一^[1]。传统育种方法常依据性状表现选择优树作为亲本,但对育种群体遗传多样性高低、育种亲本遗传距离远近等问题不甚了解,不利于高世代遗传改良开展^[2]。SSR (simple sequence repeat) 是一种通过分析遗传物质多态性来鉴别生物体内核苷酸排布顺序及外在性状表现规律的分子标记技术,在遗传图谱构建、遗传多样性和遗传结构分析等方面具有较强的优势^[3-7],已广泛应用于动植物的遗传研究中,大大提高了定向育种的效率和水平。

木荷 (*Schima superba* Gardn. et Champ.) 属山茶科 (Theaceae) 木荷属 (*Schima* Reinw.) 常绿大乔木,为我国亚热带地区主要的珍贵优质阔叶用材树种^[8],也是该地区主栽的生物防火和生态防护阔叶造林树种,用苗量巨大,仅浙江省每年就需优质轻基质容器苗 1 000 万株以上^[9]。自 2001 年开始,本项目组先后开展了木荷育种与培育技术研究计划,在品种选育、容器育苗和定向培育等方面取得了多项技术成果,揭示了木荷地理种源变异、种源/家系材料苗期和幼龄林性状遗传规律等^[10-15],为木荷长期育种奠定了较好基础。除此之外,分子标记技术已用于木荷遗传多样性等方面的研究,例如,张萍等^[16]利用 RAPD 技术对木荷种源遗传多样性进行分析,将木荷区划分为 3 个种源区;王峥峰等^[17]利用 AFLP 标记对广东鼎湖山 3 个不同演替系列木荷群落遗传多样性进行了研究,发现种群内变异性更强;金则新^[18]利用 ISSR 技术对 9 个木荷种群遗传多样性进行研究,发现木荷种群之间出现了一定程度的分化。这些分子标记在群体遗传结构、多样性分析等方面具有一定的优势^[19-20],然而,这些多为显性标记,稳定性差,在杂合基因型区分等方面受到限制^[21]。因此,开发共显性标记应用于木荷分子辅助育种尤为重要^[22],如 Niu 等^[23]分离鉴定了 162 个微卫星序列,筛选了 36 对 SSR 引物,丰富了木荷共显性分子标记的种类和引物数量等。本文以木荷第 1 代育种群体为材料,采用 SSR 分子标记开展木荷

育种亲本的遗传多样性和遗传差异的研究,为优异种质资源保存、杂交亲本选配及新种质创制提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

研究材料为 2008 年在浙江省龙泉市林科院上圩基地建立的木荷第 1 代育种群体,育种群体亲本分别来自浙南、闽北、闽西和赣南,共计 491 份,每个亲本嫁接 6~10 个分株。从来自福建建瓯 (FJJO)、连城 (FJLC)、尤溪 (FJYX)、政和 (FJZH)、顺昌 (FJSHC)、南平 (FJNP) 和永安 (FJYA),浙江庆元 (ZJQY)、龙泉 (ZJLQ) 和遂昌 (ZJSC),江西上犹 (JX-SY)、信丰 (JXXF)、鹰潭 (JXYT)、余江 (JXYJ) 和铜鼓 (JXTG) 15 个产地中,各随机抽取 10 个左右亲本,共 133 个育种亲本。采集幼嫩叶片 3~5 片,用锡箔纸包裹,投入液氮罐中带回实验室, -40℃ 低温冰箱保存,用于 DNA 提取。

1.2 基因组 DNA 提取

采用改良 CTAB 法^[24]提取木荷基因组 DNA, 1.0% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 质量,用 NanoDrop-2000 超微量分光光度计(美国 Thermo 公司)测定 260 nm/280 nm 处的光吸收值来检测其纯度和浓度,最后稀释成 50 ng · μL⁻¹, 4℃ 保存备用。

1.3 SSR 引物的来源与筛选

SSR 引物设计参考 Niu 等^[23]分离和鉴定的 36 对木荷 SSR 引物序列,同时利用本实验室已开发的 45 对可用的 SSR 引物。随机选用 6 个 DNA 样品作为模板进行 SSR 引物筛选,以多态性强、条带清晰且可重复性高为筛选标准。所有引物由上海生工公司合成。

1.4 PCR 扩增和产物检测

25 μL PCR 扩增体系: Taq 酶 (0.13 U)、dNTPs (0.2 mmol · L⁻¹)、MgCl₂ (1.5 mmol · L⁻¹)、引物 (0.4 μmol · L⁻¹)、DNA 模板 (100 ng)。

扩增程序: 95℃ 预变性 5 min; 94℃ 变性 30 s; 53℃ 退火 30 s; 72℃ 延伸 45 s; 35 个循环; 72℃ 延伸

10 min。

PCR产物经0.6%的变性聚丙烯酰胺凝胶电泳(JY-ECP3000电泳仪,北京君意东方电泳设备有限公司),银染后扫描保存。

1.5 数据统计与分析

根据反应产物在凝胶上的位置,以DL1000DNA Marker(日本TaKaRa公司)为参照,估算扩增产物分子量。排除模糊不清和无法准确辨认的条带,得到SSR分析的原始数据矩阵。采用POPGEN32(Version 1.31)软件^[25]分析木荷育种亲本遗传多样性参数:等位基因数(N_a)、有效等位基因数(N_e)、Shannon信息指数(I)、Nei's基因多样性指数(Nei)、观测杂合度(H_o)、期望杂合度(H_e)、遗传分化系数(F_{st})等,通过UPGMA对木荷育种亲本进行聚类。

2 结果与分析

2.1 木荷 SSR 引物多态性与扩增结果

利用筛选的14对SSR引物(表1)对木荷133个育种亲本进行遗传多样性分析。结果(表2)显示:14对引物共检测出86个等位基因,等位基因数(N_a)2~11个不等,平均为6.14个,变异系数为45.15%,其中,引物SS01和SS30等位基因数(N_a)最少(2个),引物SS10和SS18等位基因数(N_a)最多(11个),等位基因数(N_a)在5~9个间的引物有9对;有效等位基因数(N_e)平均为3.2317个,有效等位基因数(N_e)变异范围在1.4121~7.4090个,变异系数为58.17%,其中,引物SS02检测到的平均有效等位基因数(N_e)最少(约1.67个),引物SS18检测到的最多(约7.41个)。

表1 木荷14对SSR引物及其扩增结果

引物	重复序列	引物序列(5'-3')	片段大小/bp	退火温度/℃
SS01	(TA) ₅	F:AGGAGGAAAGTAGTTGTAAGG R:TCAGGGCTTGCTGCTTC	78~184	52
SS02	(TGG) ₅	F:GCACATGCCATGCACACC R:TAAGTAGCAGGTGGAATCAG	62~254	53
SS10	(AG) ₁₂ G(AG) ₂	F:CCAACAAACGGCTTACAT R:CACCGCAACAGAAATCG	168~194	55
SS12	(AG) ₁₉	F:AGTGTGTTTGGAAATCTCCTCAT R:CCTCCTTTACCTGTTGTATTTG	199~251	52
SS13	(AAGG) ₂ GG(GA) ₁₂	F:TTGGAACCGTCCCCACTCTAT R:TTGGGGCAAAGCAGAGGTAT	118~143	52
SS16	AGTC(AG) ₁₄	F:GAAAATAAATGGTCCCTAC R:AGTTAGACTTAGCACTACGGTT	276~322	55
SS18	(CT) ₁₉ (CG) ₂	F:ACCACCAGTAGCAGCCATC R:CAAGCCAACTCCGACAAT	93~220	52
SS19	(AG) ₂ AA(AG) ₉ CG(AG) ₄	F:GATTGATGTTCAAAGGATGG R:GTTATTACTGTTTGGTCTG	240~276	52
SS22	AGCA(CG) ₂ (AG) ₂₁	F:TCAAGCAGGAGTGAAAGC R:AAAGGTTGGGCTGGATAG	285~363	52
SS24	(AG) ₁₃ AATGAT(AG) ₈	F:ATAGCCTCTGGCAAATCC R:ACGAGGACGGTGTGATG	194~204	55
SS26	(AG) ₂₂ AA(CA) ₂	F:CCACTTCACCTTTCATCAT R:CACACTCATCTCCAGACAAT	120~148	49
SS30	(TC) ₅ (AC) ₅	F:TCGGAGGCTTCGTTTAGGGTTT R:TGTTTCCTCTTCTCGTCTCCG	96~230	55
SS32	(AG) ₂₀ AAAG	F:TCCCAAAAACAACCCTCAT R:GGAAGTGTGCTGGTGTG	320~370	52
SS42	(GA) ₉	F:TTCATGGCTCTTCCTTCCTG R:AGTGTGGGAAGACTATGGATGG	65~287	52

表2 不同SSR位点的遗传参数

位点	等位基因数 (N_a)	有效等位基因数 (N_e)	Shannon 信息指数 (I)	Nei's 基因多样性指数 (N_{ei})	观察杂合度 (H_o)	期望杂合度 (H_e)	F -统计量			基因流 (N_m)
							F_{is}	F_{it}	F_{st}	
SS01	2	1.818 6	0.642 4	0.450 1	0.684 2	0.451 8	-0.632 6	-0.531 2	0.062 1	3.774 2
SS02	5	1.672 4	0.795 4	0.402 1	0.481 2	0.403 6	-0.425 4	-0.167 6	0.108 9	1.131 9
SS10	11	6.756 7	2.120 2	0.852 0	0.646 6	0.855 2	-0.108 6	0.208 8	0.286 3	0.623 2
SS12	9	4.761 5	1.718 5	0.790 0	0.669 2	0.793 0	-0.147 0	0.137 8	0.248 3	0.756 8
SS13	8	2.717 8	1.362 0	0.632 1	0.263 2	0.634 4	0.398 2	0.597 9	0.331 9	0.503 3
SS16	6	1.889 4	0.953 6	0.470 7	0.563 9	0.472 5	-0.456 1	-0.148 9	0.210 9	0.935 1
SS18	11	7.409 0	2.116 8	0.865 0	0.609 0	0.868 3	0.028 7	0.342 4	0.323 0	0.524 1
SS19	6	2.526 3	1.144 4	0.604 2	0.691 7	0.606 4	-0.332 1	-0.166 0	0.124 7	1.754 7
SS22	3	2.324 9	0.942 2	0.569 9	0.195 5	0.572 0	0.294 7	0.658 8	0.516 3	0.234 3
SS24	7	2.379 2	1.206 9	0.579 7	0.533 8	0.581 9	-0.422 6	0.038 0	0.323 8	0.522 1
SS26	6	4.987 7	1.692 6	0.799 5	0.977 4	0.802 5	-0.652 8	-0.244 0	0.247 3	0.760 9
SS30	2	1.761 0	0.623 7	0.432 1	0.631 6	0.433 8	-0.591 4	-0.411 4	0.113 1	1.960 7
SS32	5	2.827 3	1.207 1	0.646 3	0.729 3	0.648 7	-0.656 4	-0.101 7	0.334 9	0.496 5
SS42	5	1.412 1	0.619 2	0.291 8	0.330 8	0.292 9	-0.387 4	-0.120 8	0.192 2	1.050 7
均值	6.14	3.231 7	1.224 7	0.599 0	0.572 0	0.601 2	-0.290 9	0.048 6	0.263 0	0.700 5

2.2 木荷育种亲本的遗传多样性分析

研究发现,木荷1代育种群体遗传多样性较高,Shannon 信息指数 (I) 和 Nei's 基因多样性指数 (N_{ei}) 均值分别为 1.224 7 和 0.599 0,这说明该育种群体的亲本选择合理,具有丰富的遗传基础。育种群体中亲本期望杂合度 (H_e) 和观察杂合度 (H_o) 的均值分别为 0.601 2 和 0.572 0,期望值与观察值基本一致。14 个位点中有 8 个位点的总群体近交系数 F_{it} 值小于 0,其它均大于 0,说明木荷育种亲本间较少近交关系,14 个位点中杂合体占优势。群体遗传分化系数 F_{st} 为 0.263 0,基因流较小 ($N_m = 0.700 5$)。

2.3 不同产地亲本间的遗传结构分析

来自不同产地的木荷育种亲本多态位点百分比

存在较大差异,其中,来自福建建瓯、连城,江西上犹、信丰和鹰潭产地的多态位点百分比为 100%,而浙江遂昌仅为 57.14%。不同产地木荷亲本有效等位基因数 (N_e) 为 1.581 5 ~ 2.785 6,其中,福建建瓯最高(2.789 6 个),而浙江遂昌最低(1.581 5 个)(表 3)。Shannon 信息指数 (I) 和 Nei's 基因多样性指数 (N_{ei}) 结果显示:同样来自福建建瓯的木荷亲本遗传多样性最高,遗传基础丰富,而浙江遂昌亲本遗传多样性最低。通过不同产地木荷亲本 Nei's 基因多样性指数 (N_{ei}) 与产地纬度相关分析发现,不同产地木荷亲本遗传多样性与产地纬度间呈显著负相关 ($r = -0.516 2, p = 0.048 9$),这为今后亲本选配提供了理论参考。

表3 木荷不同产地亲本的遗传多样性

产地	等位基因数 (N_a)	有效等位基因数 (N_e)	多态位点百分比/%	Shannon 信息指数 (I)	Nei's 基因多样性指数 (N_{ei})	观察杂合度 (H_o)	期望杂合度 (H_e)
FJJO	3.571 4	2.789 6	100.00	1.019 9	0.586 8	0.754 5	0.605 7
FJLC	3.500 0	2.333 1	100.00	0.936 3	0.527 5	0.592 9	0.555 3
FJYX	2.857 1	2.342 7	92.86	0.864 2	0.519 0	0.714 3	0.549 5
FJZH	3.500 0	2.391 4	92.86	0.852 5	0.448 2	0.521 4	0.471 8
FJSHC	3.428 6	2.167 0	92.86	0.783 6	0.408 7	0.404 8	0.422 8
FJNP	2.928 6	2.090 8	92.86	0.777 7	0.453 3	0.571 4	0.479 9
FJYA	1.857 1	1.690 5	78.57	0.522 7	0.357 1	0.571 4	0.476 2
JXSY	3.428 6	2.410 1	100.00	0.973 6	0.554 1	0.660 7	0.591 1
JXXF	2.785 7	2.125 4	100.00	0.792 3	0.478 9	0.550 0	0.504 1
JXYT	2.857 1	2.133 7	100.00	0.792 3	0.474 4	0.571 4	0.502 3
JXYJ	2.500 0	1.853 9	85.71	0.645 9	0.392 3	0.508 9	0.418 5
JXTG	2.071 4	1.738 7	71.43	0.549 8	0.354 3	0.500 0	0.393 7
ZJQY	2.500 0	1.907 1	92.86	0.674 3	0.415 2	0.589 3	0.442 9
ZJLQ	3.142 9	1.999 1	92.86	0.720 2	0.407 6	0.519 5	0.427 0
ZJSC	1.785 7	1.581 5	57.14	0.421 5	0.269 8	0.381 0	0.323 8
均值	2.847 6	2.103 6	90.00	0.755 1	0.443 1	0.560 8	0.477 6

2.4 不同产地亲本的遗传差异和聚类分析

木荷1代育种群体中133个亲本间的遗传差异较大,遗传距离为0.023 3~1.633 8,平均为0.606 7,其中,FJNP36与FJNP43,FJYX14与FJYX15,FJZH19与FJZH20,JXTG3与JXTG5间的遗传距离较近,均小于0.05,而FJLC31与FJSHC9,ZJLQ7与FJLC24,JXTG2与FJLC47等育种亲本间的遗传距离较远,超过1.40。当以产地为单位进行遗传距离分析时,产地间遗传距离则为0.069 2~0.627 2,其中,福建南平和福建永安产地的木荷亲本遗传距离较近,福建连城和浙江遂昌产地的木荷亲本遗传距离较远,但相关分析显示,产地间遗传距离和产地间实际距离并不显著相关。

UPGMA聚类结果(图1)显示:在遗传距离为0.32时,木荷133个育种亲本无性系被划分为3个类群,类群1包含25个亲本,主要为福建连城产地的9个无性系(除FJLC51)和福建建瓯产地的16个无性系;类群2包括23个亲本,主要来自福建产地,分别为福建尤溪(9个)、顺昌(6个)、连城(1个)和政和(7个)。余下的85个亲本聚为一类,该类群中包括4个亚类群,其中,第1个亚类以浙江产地为主,包括浙江龙泉、遂昌、庆元全部亲本和江西余江、铜鼓和鹰潭等产地的部分亲本;第2个亚类以福建南平、永安、顺昌、政和产地为主,另外包括部分江西余江和鹰潭产地部分亲本;第3个亚类为部分江西信丰和鹰潭产地亲本;最后1个亚类主要包括江西信丰、上犹和福建南平产地的亲本。从聚类结果可以看出:木荷亲本以不同产区(中心区、中心次产区和北部区)和产地较易进行聚类,但仍有例外,如位于中心区的福建南平、顺昌等地的亲本未和福建建瓯的聚在一起,说明产区内亲本遗传差异仍有较大差异,这为今后的杂交亲本选配提供了更多选择。

3 结论与讨论

本文在Niu等^[23]开发的36对木荷SSR引物的基础上,又设计新增了45对SSR引物序列,从中筛选获得14对条带清晰、重复性强的引物用于木荷1代育种群体的亲本遗传多样性和遗传结构分析,为今后木荷分子辅助育种提供重要技术支持。

本研究中,14对木荷SSR引物共扩增出86个等位基因,每对引物检测到的等位基因数(N_a)变异范围为2~11个,平均等位基因数(N_a)为6.14个,平均有效等位基因数(N_e)为3.231 7个,平均观察

杂合度(H_o)为0.572 0,平均Nei's基因多样性指数(N_ei)为0.599 0,平均Shannon信息指数(I)为1.224 7。木荷1代育种群体遗传多样性参数分析结果表明,该育种群体遗传多样性高,亲本间存在较大的遗传变异,具有较为广泛的遗传基础。与张萍等^[16]利用RAPD标记对木荷种源遗传多样性研究结果相比,本研究中木荷1代育种群体的遗传多样性参数高,这不仅与育种群体中育种亲本来源丰富,其间较少近交关系有关,而且可能与SSR标记位点的多态性信息量更大,结果更稳定可靠有关^[26-27]。木荷育种群体中产地间亲本无性系的遗传多样性与产地纬度呈负相关关系,与木荷种源遗传多样性的研究结果相似^[16],即来自纬度较高产地的遗传多样性较低,低纬度产地的遗传多样性较高,这可能与低纬度地区水热资源条件好,植物群落多样性和物种丰富度高有关,这为今后育种亲本选配提供了理论参考。

木荷1代育种群体无性系聚类表明,亲本无性系具有明显的地理亲缘关系。本文聚类结果与木荷种源区划分相似^[10],说明不同产地的生态条件对木荷群体遗传结构影响较大,如产区南部和产区北部的亲本间遗传相似度较低,遗传差异较远,可选择这两个产地间的亲本进行杂交,其子代既可以具有中心产区亲本无性系速生质优的品质,同时又具有产区北部亲本抗寒的优势,得到更丰富的杂交新品系。另外,相关分析结果显示,产地间遗传距离和产地间实际距离并不显著相关,产地距离近的有可能遗传距离较大,亲缘关系较远,因此,在亲本选配时不能人为将产地实际距离作为亲本选配依据。

育种群体联系着基础群体和生产群体,因此,育种群体中收集和保存的亲本材料越多,可供选择的资源就越丰富,这对林木新品种选育及高世代育种工作均具有重要意义。在此基础上,摸清亲本无性系之间的遗传差异,通过分子辅助育种明晰亲本材料的遗传背景,是杂交育种工作的基础,将有利于创制杂交新品种,获得更多的优良新品系。木荷遗传多样性参数的估算也为解决育种亲本的选择策略及最优组合等方面的问题提供了依据,同时也避免了育种群体遗传基础过于窄化的危险以及由此衍生的衰退等问题。此外,在本研究的基础上,运用合理的取样方法,寻求最小的样本数量以最大限度地代表整个种质资源的多样性^[28-30]来构建木荷核心种质,这不仅可以有效降低对庞大种质资源保存的工作量

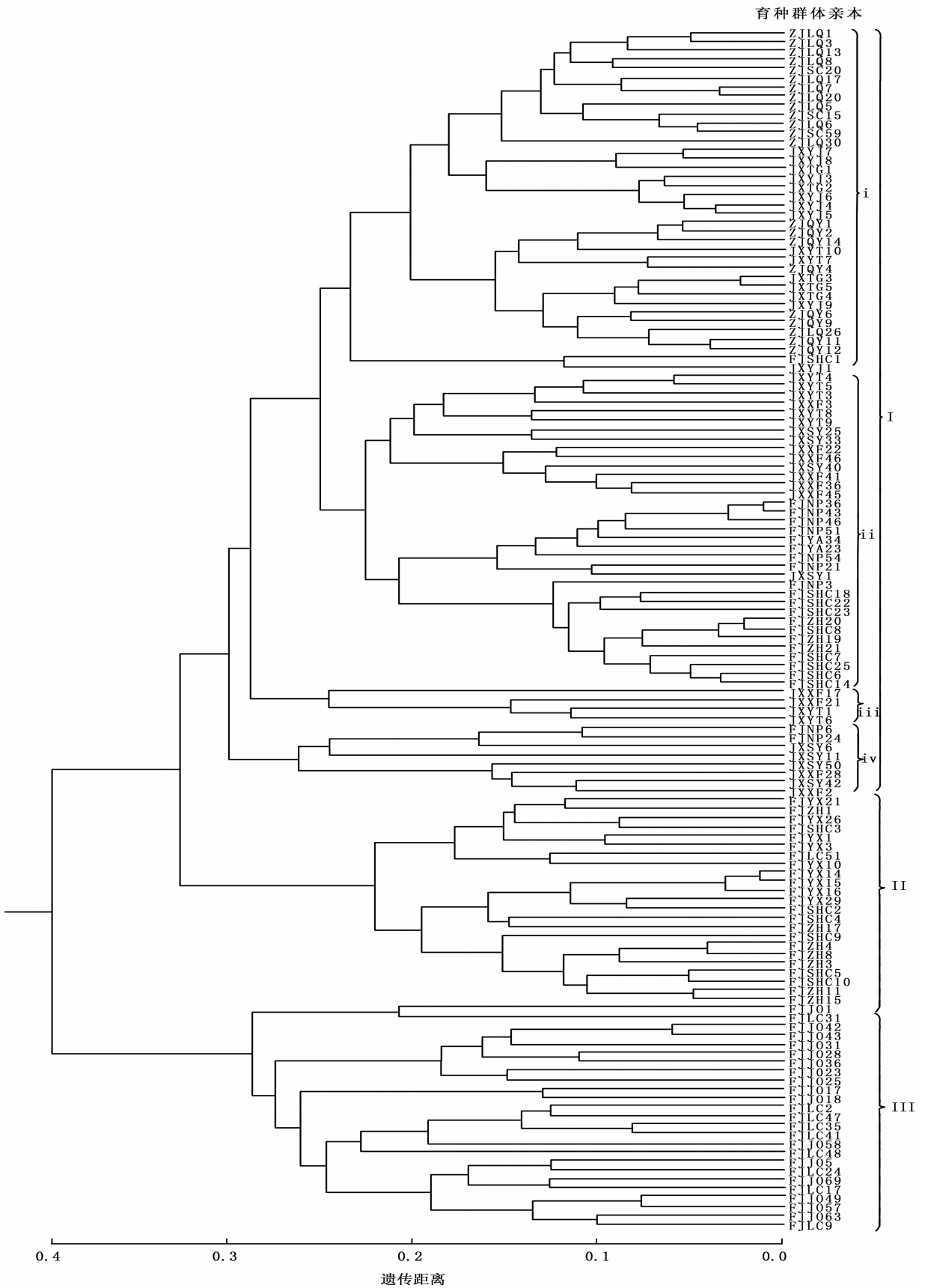


图1 木荷育种群体遗传距离聚类

问题,同时为育种亲本选配提高精度,这是林木育种研究的一个新的思路,也是作者今后的工作重点。

参考文献:

- [1] 欧阳磊,陈金慧,郑仁华,等. 杉木育种群体 SSR 分子标记遗传多样性分析[J]. 南京林业大学学报:自然科学版,2014,38(1):21-26.
- [2] 陈晓阳,沈熙环. 林木育种学[M]. 北京:高等教育出版社,2005.
- [3] Agrama H A, George T L, Salah S F, et al. Construction of genome map for *Eucalyptus camaldulensis* Dehn [J]. *Silvae Genetica*, 2002, 51(5-6):201-206.
- [4] 谭月萍. 茶树 SSR 分子标记技术体系的建立与应用[D]. 长沙:湖南农业大学,2007.
- [5] Kaundun S S, Matsumoto S. Heterologous nuclear and chloroplast microsatellite amplification and variation in tea, *Camellia sinensis* [J]. *Genome*, 2002, 45(6):1041-1048.
- [6] Morishima H, Barbier P. Mating system and genetic structure of natural populations in wild rice *Oryza rufipogon*[J]. *Plant Species Biology*, 1990, 5(1):31-39.
- [7] 杨丽芳,王芝学,梁海永. 利用 SSR 技术对部分核桃品种(系)亲缘关系分析研究[J]. 安徽农业科学,2013,41(1):49-51.
- [8] 倪健. 中国木荷及木荷林的地理分布与气候的关系[J]. 植物资源与环境,1996,5(3):28-34.
- [9] 袁冬明,林磊,眼春风,等. 木荷轻基质网袋容器育苗技术研究[J]. 南京林业大学学报:自然科学版,2011,3(6):53-58.
- [10] 张萍,金国庆,周志春,等. 木荷苗木性状的种源变异和地理模式[J]. 林业科学研究,2004,17(2):192-198.
- [11] 余琳,张萍,周志春,等. 木荷种源苗期干物质积累和分配差异[J]. 林业科学研究,2005,18(1):91-94.
- [12] 周志春,范辉华,金国庆,等. 木荷地理遗传变异和优良种源初选[J]. 林业科学研究,2006,19(6):718-724.
- [13] 林磊,周志春,范辉华,等. 木荷优树子代苗期生长遗传和变异研究[J]. 林业科学研究,2009,22(2):155-160.
- [14] 王秀花,陈柳英,马丽珍,等. 7年生木荷生长和木材基本密度地理遗传变异及种源选择[J]. 林业科学研究,2011,24(3):307-313.
- [15] 楚秀丽,王艺,金国庆,等. 不同生境、初植密度及林龄木荷人工林生长、材性变异及林分分化[J]. 林业科学,2014,50(6):152-159.
- [16] 张萍,周志春,金国庆,等. 木荷种源遗传多样性和种源区初步划分[J]. 林业科学,2006,42(2):38-42.
- [17] 王峥峰,王伯荪,李鸣光,等. 南亚热带森林优势种源荷木和锥栗在演替系列群落中的分子生态研究[J]. 植物学报,2001,42(10):1082-1088.
- [18] 金则新,李钧敏,李建辉,等. 木荷种群遗传多样性的 ISSR 分析[J]. 浙江大学学报:农业与生命科学版,2007,33(3):271-276.
- [19] 甘四明,施季森,白嘉雨,等. 林木分子标记研究进展[J]. 林业科学研究,1998,11(4):428-434.
- [20] 李春丽. 应用分子标记差异性预测作物杂种优势的研究进展[J]. 遗传,1997,19(1):46-48.
- [21] 汪伟,赵卫国,张林,等. DNA 分子标记在植物上的应用进展[J]. 安徽农学通报,2006,12(7):39-41.
- [22] 罗冉,吴委林,张旸,等. SSR 分子标记在作物遗传育种中的应用[J]. 基因组学与应用生物学,2010,29(1):137-143.
- [23] Niu H Y, Li X Y, Ye W H, et al. Isolation and characterization of 36 polymorphic microsatellite markers in *Schima superba* (Theaceae)[J]. *American Journal of Botany*, 2012,99(3):e123-126.
- [24] Doyle J J, Doyle J L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf material[J]. *Phytochemical Bulletin*, 1987, 19:11-15.
- [25] 张富明,葛頌. 群体遗传学研究中的数据处理方法 I. RAPD 数据的 AMOVA 分析[J]. 生物多样性,2002,10(4):438-444.
- [26] 陈劲枫,庄飞云,逯明辉,等. 采用 SSR 和 RAPD 标记研究黄瓜属(葫芦科)的系统发育关系[J]. 植物分类学报,2003,1(5):427-435.
- [27] 袁力行,傅骏骅,Warburton W,等. 利用 RFLP、SSR、AFLP 和 RAPD 标记分析玉米自交系遗传多样性的比较研究[J]. 遗传学报,2000,27(8):725-733.
- [28] Belaj A, García M D, Atienza S, et al. Developing a core collection of olive (*Olea europaea* L.) based on molecular markers (DARTs, SSRs, SNPs) and agronomic traits[J]. *Tree Genetics & Genomes*, 2012, 8(2):365-378.
- [29] Zhang H L, Zhang D L, Wang M X, et al. A core collection and mini core collection of *Oryza sativa* L. in China[J]. *Theor Appl Genet*, 2010, doi: 10.1007/s00122-010-1421-7.
- [30] Frankel O H, Brown A H D. Plant genetic resources today: a critical appraisal[M]// Holden J H W, Williams J T. Crop genetic resources: conservation and evaluation. London: Allen & Unwin, 1984:249-257.