

刘子记, 牛 玉, 朱 婕, 等. 苦瓜核心种质资源构建方法的比较[J]. 华南农业大学学报, 2017, 38(1): 31-37.

苦瓜核心种质资源构建方法的比较

刘子记¹, 牛 玉¹, 朱 婕², 刘昭华¹, 杨 衍¹

(1 中国热带农业科学院 热带作物品种资源研究所/农业部华南作物基因资源与种质创制重点开放实验室, 海南 儋州 571737; 2 海南大学 园艺园林学院, 海南 海口 570228)

摘要:【目的】通过比较不同方法构建的苦瓜 *Momordica charantia* 核心种质资源的优劣, 选择能代表原群体遗传多样性的核心种质, 为苦瓜种质资源的高效利用提供依据。【方法】采用混合线性模型对 154 份苦瓜种质的第 1 雌花节位、瓜纵径、瓜横径、瓜肉厚和单瓜质量等 5 个性状的基因型值进行无偏预测; 基于性状的基因型预测值, 采用马氏距离计算苦瓜种质间的遗传距离; 通过 8 种聚类方法和 3 种抽样方法, 按照 30% 的抽样率构建苦瓜核心种质资源, 评价不同聚类方法和抽样方法构建苦瓜核心种质的优劣。【结果】8 种聚类方法构建的核心种质所有 5 个性状的变异系数均高于原群体; 最短距离法构建的苦瓜核心种质 5 个性状的方差和变异系数均高于原群体, 明显优于其他 7 种聚类方法。优先抽样法和偏离度抽样法构建的核心种质的极差与原群体一致, 但偏离度抽样法构建的苦瓜核心种质有 3 个性状的变异系数高于其他 2 种抽样法, 表明偏离度抽样法略优于随机抽样法和优先抽样法; 基于马氏距离、偏离度抽样法及最短距离法获得了 46 份苦瓜核心种质, 其中, Y5、Y87、Y112 和 Y139 为苦瓜骨干材料。【结论】基于马氏距离、偏离度抽样法及最短距离法获取的 46 份苦瓜核心资源能够代表原群体的遗传多样性。本研究进一步证实了来源于印度及东南亚地区的苦瓜种质具有丰富的遗传多样性, 为苦瓜种质资源的收集、评价与高效利用提供了重要依据。

关键词: 苦瓜; 核心种质; 基因型值; 抽样方法; 聚类方法
中图分类号: S642.5 文献标志码: A 文章编号: 1001-411X(2017)01-0031-07

Comparison of different methods to construct core collections
of *Momordica charantia*

LIU Zijī¹, NIU Yū¹, ZHU Jié², LIU Zhaohua¹, YANG Yān¹

(1 Tropical Crops Genetic Resources Institute, Chinese Academy of Tropical Agricultural Sciences/Key Laboratory of Crop Gene Resources and Germplasm Enhancement in Southern China, Ministry of Agriculture, Danzhou 571737, China; 2 College of Horticulture and Landscape Architecture, Hainan University, Haikou 570228, China)

Abstract:【Objective】To construct core collections of bitter gourd (*Momordica charantia*) which can represent the genetic diversity of the initial population by comparing different construction methods, and facilitate the efficient utilization of bitter gourd germplasm. 【Method】We sampled 154 bitter gourd germplasm as materials, predicted the genotypic values of five traits (node bearing first female flower, fruit length, fruit width, flesh thickness and mass per fruit) without bias using mixed linear model analysis, calculated the genetic distances among bitter gourd germplasm based on genotypic values of all five traits using Mahalanobis distance, and constructed core collections with 30% sampling proportion by using eight different clustering methods and three different sampling strategies. The quality of core

收稿日期: 2016-02-25 优先出版时间: 2016-12-28
优先出版网址: <http://www.cnki.net/kcms/detail/44.1110.s.20161228.0937.032.html>
作者简介: 刘子记 (1982—), 男, 副研究员, 博士, E-mail: liuziji1982@163.com; 通信作者: 杨 衍 (1971—), 男, 研究员, 博士, E-mail: catasvegetable@163.com
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 (1630032014019, 1630032015003); 海南省重点研发计划科技合作方向项目 (ZDYF2016225)

collections constructed using different clustering methods and sampling strategies were evaluated. 【Result】 The variation coefficients of all five traits of the core collections constructed with eight clustering methods were larger than those of the initial population. Single linkage was better compared to the other seven clustering methods by significantly increasing the variances and coefficients of variation for all five traits. The ranges of core collections constructed with preferred sampling and deviation sampling were consistent with those of the initial population. The variation coefficients of three traits of the core collection from deviation sampling were larger compared to the other two sampling methods, indicating that deviation sampling was slightly better than random sampling and preferred sampling. Forty six core collections of bitter melon were obtained based on Mahalanobis distance, deviation sampling and single linkage. Among them, Y5, Y87, Y112 and Y139 were the backbone materials. 【Conclusion】 The 46 core collections of bitter melon, which were obtained based on Mahalanobis distance, deviation sampling and single linkage, can well represent the genetic diversity of the initial population. This study further provides evidence for high genetic diversity in the bitter melon germplasm from India and Southeast Asian. Our results provide an important theoretical basis for the collection, evaluation and efficient utilization of bitter melon genetic resources.

Key words: *Momordica charantia*; core collection; genotypic value; sampling strategy; clustering method

苦瓜 *Momordica charantia* 起源于非洲,属于葫芦科 Cucurbitaceae 苦瓜属 *Momordica* 蔓生草本植物,在亚洲、南美洲和非洲有着悠久的种植历史^[1-2]。苦瓜富含维生素、氨基酸及矿物质,营养成分丰富。此外,苦瓜所含的皂苷、多糖、小分子蛋白及黄酮类物质具有降低血糖含量^[3]、抑制肿瘤细胞增殖^[4]、增强人体免疫力^[5]和消炎^[6]等活性。随着消费者对苦瓜价值的深入认识和接受,也推动了苦瓜研究工作的深入开展。种质资源不仅包括栽培种,还包括近缘种和野生种,是种质创新和新品种选育的物质基础,蕴含着丰富的遗传多样性^[7]。遗传多样性和亲缘关系分析是种质资源评价的主要内容。前人对苦瓜种质资源遗传多样性进行了大量研究。温庆放等^[8]分析了24份苦瓜材料的亲缘关系,将供试材料分为3大类群。张长远等^[9]对国内外的45份苦瓜种质进行了亲缘关系分析,将45份苦瓜种质分为滑身苦瓜和麻点苦瓜,研究表明苦瓜种质存在一定地域性差异。黄如葵等^[10]基于28个形态性状对33份苦瓜种质资源进行聚类分析,发现各组群间存在明显的地域性差异,中国苦瓜种质与印度、东南亚地区的种质资源间遗传距离较大。杨衍等^[11]对36份苦瓜种质资源进行遗传多样性和亲缘关系分析,结果表明供试材料存在广泛的遗传变异。康建坂等^[12]对48份苦瓜种质的遗传多样性进行分析,准确地将形态特征相似、亲缘关系极其密切的种质区分开来。张凤银等^[13]研究表明,苦瓜种质资源的形态学性状和营养成分具有丰富的多样性。陈禅友等^[14]对30份

苦瓜种质进行了遗传多态性分析,发现苦瓜种质间的亲缘关系与地理分布和植物学性状特征等有一定关联。周坤华等^[15]对国内外不同栽培类型和野生资源共48份苦瓜材料进行了聚类分析,结果表明苦瓜种质资源遗传基础丰富,并能有效地区分栽培类群和野生类群。张燕等^[16]评价了51份苦瓜种质资源,明确了不同品系的表型特征和遗传多样性,筛选出了一些特异种质资源。

随着种质资源的不断收集和积累,庞大的数量不仅保存困难,而且筛选特异种质材料的难度不断加大,很难对其进行深入地研究并加以有效利用。因此,筛选具有多样性和代表性的一部分种质资源加以保存和研究,成为一个亟需解决的问题。Frankel等^[17]和Brown^[18]于80年代提出了构建核心种质的理念,即在深入评价与鉴定种质资源的基础上,以最少的种质数量最大限度地保存整个群体的遗传变异。构建核心种质库不仅有利于种质库的管理,也是促进种质资源深入研究和有效利用的关键。以往研究主要基于性状表型值、分子标记、性状基因型值3种方法构建核心种质。性状表型值的测量具有直接、简便、易行的优点,被广泛应用于园艺植物核心种质库构建的研究^[19-24],但表型值受基因型、环境以及环境条件与基因型互作等多重影响,因此单纯依靠表型值来度量种质间的遗传差异具有一定的局限性。近年来,随着分子标记的发展,分子标记技术已被应用于核桃^[25]、甘蔗^[26]、番茄^[27]等作物的核心种质构建。苦瓜基因组研究相对滞后,可以利用

的序列资源及标记数量有限, 依靠稳定、可靠、高通量的标记类型进行核心种质构建具有一定的局限性, 国内外有关苦瓜核心种质库构建的研究鲜见报道。准确度量遗传材料间的遗传差异及理想的聚类 and 抽样方法是有效构建核心种质的关键所在。本研究利用 MLM (Mixed linear model) 模型无偏预测苦瓜性状的基因型值, 通过不同聚类法和抽样方法构建苦瓜核心种质, 以期为苦瓜种质资源的收集、评价和高效利用提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

供试苦瓜种质资源共 154 份, 20 份来自中国海南, 18 份来自中国福建, 25 份来自中国广东, 10 份来自中国云南, 10 份来自中国广西, 5 份来自中国山东, 8 份来自中国湖南, 8 份来自中国江西, 15 份来自泰国, 20 份来自日本, 5 份来自斯里兰卡, 10 份来自印度 (表 1)。不同种质间第 1 雌花节位、果实大小等性状存在显著差异。

表 1 苦瓜种质资源的来源

Tab. 1 The origin of bitter gourd germplasm

种质编号	来源	种质编号	来源
Y1 ~ Y20	日本	Y94 ~ Y103	中国云南
Y21 ~ Y25	中国山东	Y104 ~ Y111	中国湖南
Y26 ~ Y50	中国广东	Y112 ~ Y121	中国广西
Y51 ~ Y58	中国江西	Y122 ~ Y139	中国福建
Y59 ~ Y78	中国海南	Y140 ~ Y144	斯里兰卡
Y79 ~ Y93	泰国	Y145 ~ Y154	印度

1.2 方法

- 1.2.1 材料种植和性状调查 试验于 2015 年 1 月初在中国热带农业科学院热带作物品种资源研究所试验基地进行育苗, 1 月下旬进行田间移栽, 按随机区组设计种植 154 份苦瓜种质资源, 2 次重复, 每个重复种植 6 株。2015 年 2—4 月参考《苦瓜种质资源描述规范与数据标准》^[28] 调查第 1 雌花节位、瓜纵径、瓜横径、瓜肉厚、单瓜质量。在同一生长季节完成农艺性状表型值的调查, 避免了不同种植季节造成的误差。采用 MLM 模型调整无偏预测法预测性状的基因型效应值^[29]。
- 1.2.2 遗传距离计算与聚类分析 基于性状的基因型值, 采用马氏距离方法计算不同苦瓜遗传材料间的遗传距离^[30]。基于遗传距离分别利用最短距离法、中间距离法、最长距离法、类平均法、重心法、可变类平均法、可变法以及离差平方和法进行聚类分析^[31]。
- 1.2.3 抽样与核心种质遗传变异评价 采用随机

抽样法^[32]、优先抽样法^[33] 和偏离度抽样法^[34] 基于 30% 的抽样率分别构建苦瓜核心种质库。采用极差、方差、变异系数和均值等 4 个指标评价苦瓜核心资源库的优劣。 t 检验分析均值的差异性, F 测验分析方差的差异性。

2 结果与分析

2.1 苦瓜资源主要数量性状变异情况

苦瓜种质资源主要数量性状的变异情况见表 2。各性状变异系数平均值为 0.238。5 个数量性状中, 单瓜质量变异系数最大, 为 0.310, 变异幅度几乎是平均值的 2 倍; 第 1 雌花节位变异系数为 28.93%, 位居第 2 位; 瓜纵径最大值为 49.60 cm, 最小值为 10.60 cm, 变异系数为 0.214, 位居第 3 位; 瓜肉厚变异系数为 0.207; 瓜横径最大值为 10.60 cm, 最小值为 1.40 cm, 变异系数在 5 个性状中最小, 为 0.167。种质 Y5、Y87、Y112、Y139、Y152 性状优良, 为苦瓜骨干材料。Y5 纵径 23.0 ~ 25.0 cm, 横径 6.5 ~ 7.5 cm, 肉厚 1.0 cm 左右, 单瓜质量 0.25 ~ 0.35 kg, 皮色油绿有光泽, 短纺锤型, 中早熟, 强雌性系, 耐寒性较强, 中抗白粉病、枯萎病; Y87 纵径 30.0 ~ 35.0 cm, 横径 6.0 ~ 7.5 cm, 肉厚 1.5 cm 左右, 单瓜质量 0.50 ~ 0.70 kg, 皮色油绿有光泽, 长圆锥形, 中晚熟, 肉质致密, 微苦, 抗枯萎病; Y112 纵径 20.0 ~ 25.0 cm, 横径 8.0 ~ 8.5 cm, 肉厚 1.5 cm 左右, 单瓜质量 0.75 ~ 0.95 kg, 皮色油绿有光泽, 晚熟, 耐热性较强, 中抗白粉病、枯萎病; Y139 纵径 29.0 ~ 32.0 cm, 横径 6.0 ~ 7.0 cm, 肉厚 1.1 cm 左右, 单瓜质量 0.40 ~ 0.50 kg, 果实长圆锥形, 油绿色, 瘤粗长, 肉质脆, 优质, 抗病, 雌性强, 中熟, 分枝性强。Y152 纵径 24.0 ~ 26.0 cm, 横径 5.5 ~ 6.0 cm, 肉厚 1.0 cm 左右, 单瓜质量 0.35 ~ 0.39 kg, 瓜形整齐, 肩部平整, 早熟。

表 2 苦瓜资源主要数量性状的变异情况

Tab. 2 Genetic variations of main quantitative traits in bitter gourd germplasm

性状	第 1 雌花节位	瓜纵径/ cm	瓜横径/ cm	瓜肉厚/ cm	单瓜质量/ kg
最小值	4	10.6	1.4	0.6	0.1
最大值	31	49.6	10.6	2.3	1.1
平均值	14	30.7	7.2	1.2	0.6
极差	27	39.0	9.2	1.7	1.0
标准差	4.1	6.6	1.2	0.2	0.2
变异系数	0.289	0.214	0.167	0.207	0.310

2.2 不同聚类方法构建的苦瓜核心种质比较

采用优先抽样法、马氏距离和 30% 的抽样比率, 分别基于 8 种聚类方法 (最短距离法、中间距离法、<http://xuebao.scau.edu.cn>

最长距离法、类平均法、重心法、可变法、可变类平均法和离差平方和法)构建苦瓜核心种质。由表 3 可知,8 种聚类方法构建的核心种质的均值与原群体的差异不显著 ($P>0.05$),5 个性状的方差与原群体相比均得到不同程度地提高,极差与原群体一致。利用最短距离法构建的核心种质,5 个性状的方差均大于其他 7 种聚类方法,与原群体方差相比差异均达极显著水平 ($P<0.01$)。采用最长距离法和可变法构建的核心种质均有 4 个性状的方差与原群体相比差异达极显著水平。采用离差平方和法构建的苦瓜核心种质有 3 个性状的方差与原群体方差相比差异达极显著水平。采用中间距离法、重心法、可变类平均法构建的核心种质,分别有 2 个性状的方差与原

群体的差异达极显著水平,采用类平均法构建的核心种质有 1 个性状的方差与原群体的差异达极显著水平。第 1 雌花节位、瓜纵径、瓜横径、瓜肉厚和单瓜质量 5 个性状原群体的极差分别为 27、39.0 cm、9.2 cm、1.7 cm 和 1.0 kg,各性状 8 种聚类方法构建的核心种质的极差与原群体的完全一致。8 种聚类方法构建的核心种质所有 5 个性状的变异系数均高于原群体;采用最短距离法构建的苦瓜核心种质所有 5 个性状的变异系数均高于其他 7 种聚类方法。综合以上分析结果,采用最短距离法构建的苦瓜核心种质与其他聚类方法相比具有较大的遗传差异,5 个性状的变异系数均最大,明显优于其他 7 种聚类方法。

表 3 不同聚类方法构建的苦瓜核心种质与原群体间遗传差异比较¹⁾

Tab.3 Comparisons of genetic variations between core collections constructed using eight clustering methods and the initial population of bitter gourd

性状	项目	原群体	核心种质							
			H1	H2	H3	H4	H5	H6	H7	H8
第 1 雌花节位	平均值	13.66	13.78	14.33	14.07	13.80	14.41	14.15	14.22	13.93
	方差	16.436	30.618 **	30.402 **	28.773 **	29.183 **	27.314 *	28.799 **	29.063 **	29.129 **
	变异系数	0.297	0.401	0.385	0.381	0.391	0.363	0.379	0.379	0.387
瓜纵径/cm	平均值	30.69	29.69	29.83	29.70	28.76	30.01	30.00	30.18	30.15
	方差	43.074	78.911 **	74.871 **	61.356	65.589 *	68.444 *	67.415 *	70.856 *	68.566 *
	变异系数	0.214	0.299	0.290	0.264	0.282	0.276	0.274	0.279	0.275
瓜横径/cm	平均值	7.23	7.27	7.19	7.23	7.11	7.29	7.27	7.13	7.17
	方差	1.468	2.929 **	2.648 **	2.699 **	2.685 **	2.744 **	2.544 **	2.652 **	2.604 **
	变异系数	0.168	0.235	0.226	0.227	0.230	0.227	0.220	0.228	0.225
瓜肉厚/cm	平均值	1.16	1.19	1.18	1.21	1.17	1.18	1.17	1.18	1.19
	方差	0.058	0.109 **	0.101 **	0.091 *	0.091 *	0.096 *	0.097 *	0.100 **	0.103 **
	变异系数	0.207	0.277	0.270	0.250	0.257	0.262	0.265	0.266	0.269
单瓜质量/kg	平均值	0.58	0.59	0.57	0.57	0.55	0.59	0.58	0.57	0.57
	方差	0.034	0.068 **	0.055 *	0.056 *	0.052 *	0.054 *	0.052 *	0.058 **	0.055 *
	变异系数	0.315	0.447	0.412	0.413	0.415	0.395	0.390	0.424	0.412

1) H1~H8 分别表示基于最短距离法、最长距离法、中间距离法、重心法、类平均法、可变类平均法、可变法以及离差平方和法构建的核心种质;相同性状的核 心种质与原群体的均值差异均不显著($P>0.05$, t 检验); * 或 ** 分别代表相同性状的核 心种质与原群体的方差差异达到显著($P<0.05$)或极显著水平($P<0.01$, F 测验)。

2.3 不同抽样方法构建的苦瓜核心种质比较

采用最短距离法、马氏距离和 30% 的抽样率,分别基于随机抽样、优先抽样和偏离度抽样方法构建苦瓜核心种质库,结果见表 4。由表 4 可知,利用这 3 种抽样方法构建的苦瓜核心种质的均值与原群体均值相比没有显著性差异。基于 3 种抽样方法构建的苦瓜核心种质,5 个性状的方差与原群体相比均得到不同程度地提高。采用优先抽样与偏离度抽样 2 种方法构建的苦瓜核心种质,所有 5 个性状的方差均

极显著地高于原群体 ($P<0.01$)。采用偏离度抽样法构建的苦瓜核心种质,有 3 个性状(瓜横径、瓜肉厚和单瓜质量)的方差高于其他 2 种抽样法。采用优先抽样与偏离度抽样构建的核心种质的极差与原群体一致,采用随机抽样法构建的核心种质瓜纵径的极差低于原群体。与原群体相比,采用 3 种抽样方法构建的苦瓜核心种质 5 个性状的变异系数均有不同程度地提高,基于偏离度抽样法构建的苦瓜核 心种质,其中 3 个性状(第 1 雌花节位、瓜横径和瓜

肉厚)的变异系数高于其他 2 种抽样法。综合以上,与优先抽样和随机抽样相比,采用偏离度抽样法构建的苦瓜核心种质具有相对较大的遗传差异。

表 4 不同抽样方法构建的苦瓜核心种质与原群体间遗传变异比较¹⁾

Tab. 4 Comparisons of genetic variations between core collections constructed using three sampling methods and the initial population of bitter melon

性状	项目	原群体	核心种质		
			F1	F2	F3
第 1 雌花节位	平均值	13.66	13.61	13.78	12.91
	极差	27.0	27.0	27.0	27.0
	方差	16.436	30.688 **	30.618 **	29.948 **
	变异系数	0.297	0.407	0.401	0.424
瓜纵径/cm	平均值	30.69	29.41	29.69	30.08
	极差	39.0	32.6	39.0	39.0
	方差	43.074	67.341 *	78.911 **	76.956 **
	变异系数	0.214	0.279	0.299	0.292
瓜横径/cm	平均值	7.23	7.22	7.27	7.36
	极差	9.2	9.2	9.2	9.2
	方差	1.468	2.990 **	2.929 **	3.215 **
	变异系数	0.168	0.240	0.235	0.244
瓜肉厚/cm	平均值	1.16	1.18	1.19	1.22
	极差	1.7	1.7	1.7	1.7
	方差	0.058	0.110 **	0.109 **	0.119 **
	变异系数	0.207	0.281	0.277	0.284
单瓜质量/kg	平均值	0.58	0.57	0.59	0.60
	极差	1.0	1.0	1.0	1.0
	方差	0.034	0.066 **	0.068 **	0.070 **
	变异系数	0.315	0.454	0.447	0.442

1) F1~F3 分别表示基于随机抽样、优先抽样和偏离度抽样方法构建的核心种质;相同性状的核心种质与原群体的均值差异均不显著($P>0.05$, t 检验); * 或 ** 分别代表相同性状的核心种质与原群体的方差差异达到显著($P<0.05$)或极显著水平($P<0.01$, F 测验)。

2.4 苦瓜核心种质构建的结果

采用最短距离法、马氏距离、30% 的抽样率和偏离度抽样法构建苦瓜核心种质,获取了 46 份核心种质,编号为: Y5、Y7、Y16、Y39、Y43、Y47、Y48、Y50、Y58、Y60、Y66、Y69、Y72、Y74、Y77、Y83、Y85、Y86、Y87、Y90、Y96、Y100、Y101、Y102、Y108、Y112、Y113、Y115、Y119、Y120、Y121、Y122、Y124、Y125、Y131、Y134、Y139、Y140、Y141、Y142、Y144、Y146、Y147、Y149、Y150、Y153。核心种质 5 个性状的均值与原群体相比没有显著差异,5 个性状的方差均极显著地高于原群体,保存了原群体的极差。与原群体

相比,苦瓜核心种质所有 5 个性状的变异系数均有不同程度地提高,获取的 46 份核心种质能够代表苦瓜原群体的遗传多样性。入选的核心种质 Y5、Y87、Y112 和 Y139 为苦瓜骨干材料,表明构建的苦瓜核心种质是有效的。入选的核心种质 Y153 与骨干材料 Y152 来源于同一地区,农艺性状十分相似,Y153 与其他种质的遗传差异大于 Y152,因此利用 Y153 取代骨干材料 Y152 配制杂交组合,能够更好地利用杂种优势,推动苦瓜种质资源的高效利用。另外,来自中国云南、中国广西、印度、斯里兰卡的苦瓜种质入选核心种质的比例较高(表 5),说明来源于这些地区的苦瓜资源具有丰富的遗传多样性。

表 5 不同来源地苦瓜种质入选核心种质所占比例
Tab.5 The proportions of selected core germplasms from different origins

来源地	收集种质总数	入选核心种质数量	占比/%
日本	20	3	15.0
中国山东	5	0	0
中国广东	25	5	20.0
中国江西	8	1	12.5
中国海南	20	6	30.0
泰国	15	5	33.3
中国云南	10	4	40.0
中国湖南	8	1	12.5
中国广西	10	6	60.0
中国福建	18	6	33.3
斯里兰卡	5	4	80.0
印度	10	5	50.0
合计	154	46	29.9

3 讨论与结论

作物种质资源内蕴含着丰富的遗传变异,是农业生产和新品种选育的物质基础^[35]。构建核心种质库对新种质收集、种质繁殖更新及种质资源的高效利用具有重要意义。表型值不仅受基因型控制,还受环境条件的影响,基于农艺性状表型值进行遗传分类不能够准确度量种质间的遗传差异,种质资源固有的遗传结构不能够被真实地反映^[36]。采用统计模型进行性状的基因型值预测,可以有效排除环境效应、基因型与环境的互作效应及试验误差。李长涛等^[37]以 992 份水稻品种为材料,基于 13 个农艺性状表型数据,采用调整无偏预测法预测水稻性状的基因型值,成功构建了水稻核心种质。马洪文等^[38]以 250 份粳稻为研究材料,基于 7 个数量性状的基因型预测值,有效构建了粳稻核心种质。本研究采用 MLM 无偏预测苦瓜 5 个性状的基因型效应值并

计算种质间的遗传距离,从而进行聚类分析,结果更准确可靠。

为确保核心资源尽可能多地保存原种质群体的遗传结构,首先需要对原群体进行遗传分类。聚类分析常应用于种质资源的分类、亲缘关系及遗传多样性分析^[39]。聚类方法主要包括最长距离法、最短距离法、中间距离法、可变类平均法、类平均法、重心法、离差平方和法和可变量法等。本研究比较了 8 种聚类方法和 3 种抽样方法构建的苦瓜核心种质的优劣。研究结果表明,8 种聚类方法中,采用最短距离法构建的苦瓜核心种质具有相对较大的遗传变异,能使 5 个农艺性状的方差和变异系数最大化,明显优于其他 7 种聚类方法,这与刘遵春等^[22]、李慧峰等^[24]、马洪文等^[40]的研究结果一致;3 种抽样方法中,偏离度抽样法构建的苦瓜核心种质所有 5 个性状的方差均大于其他 2 种抽样方法,并且核心种质的极差与原群体一致,优于随机抽样法和优先抽样法,这与李长涛等^[37]和马洪文等^[38]的研究结果一致。

通常采用分析性状的方差、均值、变异系数、极差等参数对核心种质的遗传变异进行评价。有效的核心种质各性状的均值与极差应与原群体无显著性差异,方差和变异系数应大于原群体^[41]。本研究采用马氏距离、最短距离法聚类、30% 的抽样率和偏离度抽样法构建了苦瓜核心种质,核心种质的均值与原群体没有显著差异,所有 5 个性状的方差和变异系数均比原群体有不同程度地提高,且变异幅度与原群体一致,获取的 46 份苦瓜核心资源保持了原群体的遗传多样性。其中来自中国云南、中国广西、印度、斯里兰卡的苦瓜种质入选核心种质的比例较高,具有丰富的遗传多样性,也进一步说明了苦瓜可能起源于印度及东南亚热带地区。在前期研究中培育的 5 份骨干材料中有 4 份材料入选核心种质。利用优良种质材料 Y5、Y87、Y112、Y139 配制了一系列杂交组合,其中,Y5 × Y87、Y112 × Y87、Y112 × Y139 组合综合性状表现良好。在今后的研究过程中,会进一步选取亲缘关系较远的核心材料配制杂交组合,培育优良苦瓜新品种。

参考文献:

[1] FANG E F, NG T B. Bitter gourd (*Momordica charantia*) is a cornucopia of health: A review of its credited antidiabetic, anti-HIV, and antitumor properties[J]. *Curr Mol Med*, 2011, 11 (5): 417-436.

[2] SCHAEFER H, RENNER S S. A three-genome phylogeny <http://xuebao.scau.edu.cn>

of *Momordica* (Cucurbitaceae) suggests seven returns from dioecy to monoecy and recent long-distance dispersal to Asia[J]. *Mol Phylogenet Evol*, 2010, 54 (2): 553-560.

[3] YANG S J, CHOI J M, PARK S E, et al. Preventive effects of bitter melon (*Momordica charantia*) against insulin resistance and diabetes are associated with the inhibition of NF- κ B and JNK pathways in high-fat-fed OLETF rats[J]. *J Nutr Biochem*, 2015, 26 (3): 234-240.

[4] CAO D, SUN Y, WANG L, et al. Alpha-momorcharin (α -MMC) exerts effective anti-human breast tumor activities but has a narrow therapeutic window *in vivo*[J]. *Fitoterapia*, 2015, 100: 139-149.

[5] PANDA B C, MONDAL S, DEVI K S, et al. Pectic polysaccharide from the green fruits of *Momordica charantia* (Karela): Structural characterization and study of immunoenhancing and antioxidant properties [J]. *Carbohydr Res*, 2015, 401: 24-31.

[6] LIAW C C, HUANG H C, HSIAO P C, et al. 5 β , 19-epoxycucurbitane triterpenoids from *Momordica charantia* and their anti-inflammatory and cytotoxic activity [J]. *Planta Med*, 2015, 81(1): 62-70.

[7] 陈世儒. 蔬菜育种学[M]. 北京:农业出版社, 1980.

[8] 温庆放,李大忠,朱海生,等. 不同来源苦瓜遗传亲缘关系 RAPD 分析[J]. *福建农业学报*, 2005, 20(3): 185-188.

[9] 张长远,孙妮,胡开林. 苦瓜品种亲缘关系的 RAPD 分析[J]. *分子植物育种*, 2005, 3(4): 515-519.

[10] 黄如葵,孙德利,张曼,等. 苦瓜遗传多样性的形态学性状聚类分析[J]. *广西农业科学*, 2008, 39(3): 351-356.

[11] 杨衍,刘昭华,詹园凤,等. 苦瓜种质资源遗传多样性的 AFLP 分析[J]. *热带作物学报*, 2009, 30(3): 299-303.

[12] 康建坂,朱海生,李大忠,等. 应用 ISSR 技术分析苦瓜种质资源的多态性[J]. *福建农业学报*, 2010, 25(5): 597-601.

[13] 张凤银,陈禅友,胡志辉,等. 苦瓜种质资源的形态学性状和营养成分的多样性分析[J]. *中国农学通报*, 2011, 27(4): 183-188.

[14] 陈禅友,兰红,李亚木,等. 苦瓜种质资源 ISSR 遗传多态性分析[J]. *长江蔬菜*, 2012(12): 19-22.

[15] 周坤华,张长远,罗剑宁,等. 苦瓜种质资源遗传多样性的 SRAP 分析[J]. *广东农业科学*, 2013(21): 136-140.

[16] 张燕,杨衍,田丽波,等. 基于表型性状的苦瓜种质资源评价和遗传多样性的分析[J]. *分子植物育种*, 2016, 14(1): 239-250.

[17] FRANKEL O H, BROWN A H D. Current plant genetic resources: A critical appraisal. *Genetics: New Frontiers Vol. IV* [M]. New Delhi: Oxford and IBH Publishing

- Co., 1984.
- [18] BROWN A H D. Core collection: A practical approach to genetic resources management [J]. *Genome*, 1989, 31(2): 818-824.
- [19] 李国强,李锡香,沈镐,等. 基于形态数据的大白菜核心种质构建方法的研究[J]. *园艺学报*, 2008, 35(12): 1759-1766.
- [20] MAO W H, YI J X, SIHACHAKR D. Development of core subset for the collection of Chinese cultivated eggplants using morphological-based passport data [J]. *Plant Genetic Res*, 2008, 6(1): 33-40.
- [21] 刘娟,廖康,曹倩,等. 利用表型性状构建新疆野杏种质资源核心种质[J]. *果树学报*, 2015, 32(5): 787-796.
- [22] 刘遵春,张春雨,张艳敏,等. 利用数量性状构建新疆野苹果核心种质的方法[J]. *中国农业科学*, 2010, 43(2): 358-370.
- [23] 胡建斌,马双武,王吉明,等. 基于表型性状的甜瓜核心种质构建[J]. *果树学报*, 2013, 30(3): 404-411.
- [24] 李慧峰,陈天渊,黄咏梅,等. 基于形态性状的甘薯核心种质取样策略研究[J]. *植物遗传资源学报*, 2013, 14(1): 91-96.
- [25] 王红霞,赵书岗,高仪,等. 基于 AFLP 分子标记的核桃核心种质的构建[J]. *中国农业科学*, 2013, 46(23): 4985-4995.
- [26] 齐永文,樊丽娜,罗青文,等. 甘蔗细茎野生种核心种质构建[J]. *作物学报*, 2013, 39(4): 649-656.
- [27] 邓学斌,刘磊,闫喆,等. 加工番茄核心种质构建及其遗传背景分析[J]. *园艺学报*, 2015, 42(7): 1299-1312.
- [28] 沈镐,李锡香. 苦瓜种质资源描述规范和数据标准 [M]. 北京:中国农业出版社, 2008.
- [29] 朱军. 作物杂种后代基因型值和杂种优势的预测方法 [J]. *生物数学学报*, 1993, 8(1): 32-44.
- [30] MAHALANOBIS P C. On the generalized distance in statistics [J]. *Proc Natl Inst Sci India*, 1936, 2(1): 49-55.
- [31] 裴鑫德. 多元统计分析及其应用 [M]. 北京:中国农业大学出版社, 1991.
- [32] 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.
- [33] 胡晋,徐海明,朱军. 保留特殊种质材料的核心库构建方法 [J]. *生物数学学报*, 2001, 16(3): 348-352.
- [34] 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.
- [35] 朱岩芳,祝水金,李永平,等. ISSR 分子标记技术在植物种质资源研究中的应用 [J]. *种子*, 2010, 29(2): 55-59.
- [36] TANKSLEY S D, MCCOUCH S R. Seed banks and molecular maps: Unlocking genetic potential from the wild [J]. *Science*, 1997, 277(5329): 1063-1066.
- [37] 李长涛,石春海,吴建国,等. 利用基因型值构建水稻核心种质的方法研究 [J]. *中国水稻科学*, 2004, 18(3): 218-222.
- [38] 马洪文,殷延勃,王昕,等. 利用数量性状构建粳稻核心种质的方法比较 [J]. *西北农业学报*, 2013, 22(11): 7-14.
- [39] PEETERS J P, MARTINELLI J A. Hierarchical cluster analysis as a tool to manage variation in germplasm collections [J]. *Theor Appl Genet*, 1989, 78(1): 42-48.
- [40] 马洪文,陈晓军,殷延勃,等. 利用基因型值构建宁夏粳稻核心种质的方法 [J]. *种子*, 2012, 31(5): 43-49.
- [41] DIWAN N, MCINTOSH M S, BAUCHAN G R. Methods of developing a core collection of annual *Medicago* species [J]. *Theor Appl Genet*, 1995, 90(6): 755-761.

【责任编辑 庄 延】