



郑雅璐,李祥羽,孙广全,等.基于表型性状构建黑龙江省菜豆核心种质[J].黑龙江农业科学,2025(2):30-37.

基于表型性状构建黑龙江省菜豆核心种质

郑雅璐,李祥羽,孙广全,李志江,马金丰,董晓杰

(黑龙江省农业科学院 作物资源研究所,黑龙江 哈尔滨 150086)

摘要:为构建黑龙江省普通菜豆种质资源的核心种质,以在黑龙江省收集的 334 份菜豆资源为试验材料,依据 33 个农艺性状的表型数据,采用逐步聚类、欧氏距离结合离差平方和法,以 7 种不同取样规模(10%、15%、20%、25%、30%、35%和 40%),4 种组内取样比例(简单比例、对数比例、平方根比例和多样性比例),构建了 28 个备选核心种质,从中筛选出最佳核心种质,并对构建的核心种质与原始种质进行最大值、最小值、均值、标准差、变异系数、多样性指数等 6 个特征值比较,以均值差异百分率、方差差异百分率、极差符合率、变异系数变化率和表型保留比例 5 个评价参数进行评价,并用主成分分析法进一步验证,研究黑龙江省菜豆资源核心种质构建方法。结果表明,以 35%总体取样规模,组内取样比例为对数比例构建的 116 份核心种质最佳,其均值差异百分率为 9.1%,极差符合率为 99.945%,变异系数变化率为 113.985%,表型保留比例为 100%,主成分 14 个,累计贡献率为 74.568%,能较好地代表原始种质遗传多样性,可作为核心资源加以利用。

关键词:菜豆;表型性状;核心种质;种质资源

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



菜豆(*Phaseolus vulgaris* L.)是豆科蝶形花亚科植物,又称芸豆或四季豆,自花授粉作物,少数能异花授粉,其嫩荚和种子味道鲜美,含有丰富的蛋白质、膳食纤维以及钙、锌、铁等多种微量元素^[1-3],是消耗量仅次于大豆的食用豆类。菜豆起源于美洲大陆,我国为次生多样性中心,在黑龙江省和吉林省菜豆种植面积较大^[4],种类较多,但在自然进化及育种进程中,菜豆的遗传多样性呈现下降趋势,开始出现菜豆品种混杂及退化现象^[5]。因此对菜豆种质资源的收集、保存和利用尤为重要。由于菜豆种质资源种类和数量繁多,给育种家们研究利用带来困难,为了便于了解收集资源遗传多样性的构成特点,促进资源的改良与利用,对收集的种质资源进行核心种质构建具有重要意义。

核心种质(Core Collection)是指以尽可能少的资源数量最大程度地代表原始种质的遗传多样性,可作为有利基因发掘、新技术应用和资源深入研究的优先样品,能够提高种质资源的利用效率^[6]。自 Frankel 等^[7]1984 年提出这一概念后,国内外学者基于表型性状或分子标记性状在各作物上开展了核心种质构建,同时形成了多种构建理论和策略。毛名义等^[8]以 402 份禾种质资源为材料,依据颖尖颜色进行分组,基于 26 个表型性

状获得了由 47 份资源构成的核心种质;吴河饶等^[9]以 118 份榕江茶的 23 个农艺性状为基础,构建了 56 个备选核心种质,最终得到由 38 份榕江茶种质资源组成的初级核心种质;李嘉伟等^[10]将《中国菊花》中记载的 2 249 份菊花资源依据舌状花花色分为 8 组,基于 4 种取样规模和 4 种组内取样比例构建了 16 组备选核心种质,最终获得由 228 份菊花品种构成的核心种质,实现了菊花种质资源库中菊花资源的高效利用;除此之外,在番茄^[11]、酸枣^[12]、桑树^[13]、旱冬瓜^[14]、菜用大豆^[15]、玉米^[16]等作物上也有报道。本研究基于菜豆的 33 个农艺性状,采用 7 种总体取样规模(10%、15%、20%、25%、30%、35%和 40%),4 种取样比例(简单比例、对数比例、平方根比例和多样性比例)构建了 28 个备选核心种质,通过备选核心种质的评价参数评估,初步确定最佳取样策略,并计算核心种质的特征值、评价参数,同时进行 *t* 检验、*F* 检验,并用主成分分析方法进行验证,构建出最佳的核心种质,为菜豆资源的高效保存和有效利用提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

试验材料是在“第三次全国农作物种质资源

收稿日期:2024-09-25

基金项目:黑龙江省重点研发计划(GA21B009-02);黑龙江省农业科技创新跨越工程优青项目(CX22YQ09)。

第一作者:郑雅璐(1989—),女,硕士,助理研究员,从事种质资源创新利用研究。E-mail:1368937100@qq.com。

通信作者:李祥羽(1978—),男,硕士,副研究员,从事种质资源创新利用和玉米新品种选育研究。E-mail:lixiangyu-yzs@139.com。

普查与收集行动”项目的支持下,在黑龙江省52个县市区收集的334份农家菜豆资源,具体采集地点详见附表1(OSID码)。

1.2 数据整理及赋值标准

调查334份地方菜豆品种的33个农艺性状,对其下胚轴颜色、小叶叶形、叶色、叶柄色、主茎色、结荚部位、荚形、荚喙位置、荚喙方向、荚面、荚面质地、荚面横切面、嫩荚主色、嫩荚次色、嫩荚弯曲度、嫩荚弯曲形式、缝线色、株型、叶片脱落性、荚壁软硬和种荚色21个性状进行赋值(表1);对其小叶叶长、小叶叶宽、叶柄长、叶柄粗、嫩荚长、嫩荚宽、嫩荚喙长、嫩荚肉厚、单荚重、单荚种室数、单荚种子数、种子千粒重12个性状按照均值和标准差进行10级分类。1级 $X_i < X - 2\delta$,10级 $\geq X + 2\delta$,每级差为0.5 δ , X 为各性状的平均值, δ 为各性状的标准差,计算每组各性状的Shannon指数 I , $I = -\sum P_i \ln P_i$, P_i 为该性状第 i 个等级的频率。

表1 菜豆21个性状赋值

性状	赋值
下胚轴颜色	绿=1,紫红=2
小叶叶形	近圆形=1,披针形=2,戟形=3,近菱形=4
叶色	浅绿=1,绿=2,深绿=3
叶柄色	浅绿=1,绿=2,紫=3
主茎色	浅绿=1,绿=2,浅紫=3,紫=4
结荚部位	上部=1,中部=2,下部=3,均匀分布=4
荚形	长扁条=1,短扁条=2,弯扁条=3, 长圆棍=4,短圆棍=5,弯圆棍=6
荚喙位置	边缘延伸=1,中部渐尖=2
荚喙方向	平直=1,腹向弯曲=2,背向弯曲=3
荚面	凸=1,微凸=2,平=3
荚面质地	平滑=1,粗糙=2
荚面横切面	长梨形=1,桃形=2,近圆形=3, “∞”字形=4
嫩荚主色	乳白=1,绿白=2,黄绿=3,浅绿=4,绿=5, 深绿=6,红=7,紫红=8
嫩荚次色	绿=1,浅紫=2,浅红=3,红=4,紫红=5,褐=6
嫩荚弯曲度	直=1,微弯曲=2,中度弯曲=3,重度弯曲=4
嫩荚弯曲形式	腹向弯曲=1,“s”状弯曲=2,背向弯曲=3
缝线色	绿=1,浅紫=2,浅红=3,红=4,紫红=5,褐=6
株型	矮生=1,半蔓生=2,蔓生=3
叶片脱落性	完全脱落=1,部分脱落=2,不脱落=3
荚壁软硬	软=1,硬=2
种荚色	草黄=1,棕黄=2,浅褐=3,浅紫=4, 带紫或红色斑纹=5

1.3 核心种质的构建策略及验证评价

1.3.1 数据分组及聚类分析 334份资源按照荚形分成6类,分别为长扁条、短扁条、弯扁条、长圆棍、短圆棍和弯圆棍(分组依次为I~VI)。用SPSS 19.0软件中欧氏距离结合离差平方和法对每组资源进行逐步聚类,即在遗传距离最小的一组中随机取一份资源进入下一轮聚类,如果该组只有1份资源则直接进入下一轮,直至取到目标数量。

1.3.2 构建策略的选择 在数据分组和逐步聚类基础上,以7种总体取样规模(10%、15%、20%、25%、30%、35%和40%)和4种组内取样比例法(简单比例法、对数比例法、平方根比例法和多样性比例法)计算每种取样策略下的具体取样份数,构建出28组备选核心种质,以变异系数变化率、极差符合率、表型保留比例、多样性指数5个参数对备选核心种质进行综合评价,筛选出最佳核心种质。

1.3.3 核心种质的验证 筛选出最佳核心种质后,通过特征值、评价参数、均值 t 检验、方差 F 检验和主成分分析对核心种质进行综合评价。

(1)特征值:计算构建的核心种质最大值、最小值、均值、标准差、变异系数和多样性指数,与原种质各性状特征值进行比较。

(2)评价参数:计算构建的核心种质极差符合率、变异系数变化率、表型保留比例、最大值变化率、最小值变化率、平均值变化率6项评价参数,与原种质进行比较。

(3) t 检验和 F 检验:对构建的核心种质和原始种质进行均值 t 检验、方差 F 检验,并计算均值差异百分率和方差差异百分率。当均值差异百分率小于20%且极差符合率大于80%时,认为构建的核心种质能代表原始种质。

(4)主成分分析:对构建的核心种质进行主成分分析,分析比较核心种质和原种质的主成分个数、特征值和累计贡献率。

2 结果与分析

2.1 组内取样比例的分析

由表2可知,其中长扁条(I)、短扁条(II)、弯扁条(III)、长圆棍(IV)、短圆棍(V)和弯圆棍(VI)类型的占比分别为17.96%、24.55%、7.78%、10.18%、26.05%和13.47%,弯扁条类型的原始种质组内份数最少,为26份,组内比例为7.78%,短圆棍类型的原始种质组内份数最多,为87份,组内比例为26.05%。从4种不同的组内取样比例方法可以看出,弯扁条类型(III)的备选核心种质

组内比例为多样性比例>对数比例>平方根比例>简单比例,短圆棍类型(V)的备选核心种质组内比例为简单比例>平方根比例>对数比例>多样性比例,通过对比可以发现,对数比例法和多样性比例法能更好地增加稀有种质资源的份数,减少常见资源的份数,使每种资源类别均匀分布,起到

较好的修饰作用。平方根比例方法虽然也能起到平均资源数量分布的作用,把弯扁条类型(Ⅲ)的原始种质组内比例由 7.78%提升到 11.65%,短圆棍类型(V)的组内比例由 26.05%调整到 21.31%,但总体来看资源的分布没有对数比例法和多样性比例法取样均匀。

表 2 供试菜豆不同取样规模下的组内取样方案

组内比例法	分组	备选核心种质组内比例/%	总体取样规模/%							原始种质	
			10	15	20	25	30	35	40	组内份数	组内比例/%
简单比例法	I	17.97	6	9	12	15	18	21	24	60	17.96
	Ⅱ	24.51	8	12	16	21	25	29	33	82	24.55
	Ⅲ	8.01	3	4	5	7	8	9	10	26	7.78
	Ⅳ	10.14	3	5	7	9	10	12	14	34	10.18
	V	26.09	9	13	17	22	26	30	35	87	26.05
	Ⅵ	13.39	4	7	9	11	14	16	18	45	13.47
对数比例法	I	17.38	6	9	12	15	17	20	23	60	17.96
	Ⅱ	18.71	6	9	12	16	19	22	25	82	24.55
	Ⅲ	13.83	5	7	9	12	14	16	18	26	7.78
	Ⅳ	14.97	5	7	10	12	15	17	20	34	10.18
	V	18.96	6	9	13	16	19	22	25	87	26.05
	Ⅵ	16.16	5	8	11	13	16	19	22	45	13.47
平方根比例法	I	17.70	6	9	12	15	18	21	24	60	17.96
	Ⅱ	20.69	7	10	14	17	21	24	28	82	24.55
	Ⅲ	11.65	4	6	8	10	12	14	16	26	7.78
	Ⅳ	13.32	4	7	9	11	13	16	18	34	10.18
	V	21.31	7	11	14	18	21	25	28	87	26.05
	Ⅵ	15.33	5	8	10	13	15	18	20	45	13.47
多样性比例法	I	16.36	5	8	11	14	16	19	22	60	17.96
	Ⅱ	16.50	6	8	11	14	17	19	22	82	24.55
	Ⅲ	15.74	5	8	11	13	16	18	21	26	7.78
	Ⅳ	18.29	6	9	12	15	18	21	24	34	10.18
	V	17.07	6	9	11	14	17	20	23	87	26.05
	Ⅵ	16.04	5	8	11	13	16	19	21	45	13.47

2.2 总体取样规模的分析

4 种组内取样比例法中,变异系数变化率均随着总体取样规模的增大而降低,极差符合率和表型保留比例随着总体取样规模的增加而增加(表 3)。在对数比例法中,在取样规模 35%时,极差符合率为 99.945%,大于多样性比例法、简单比例法和平方根比例法;从表型保留比例参数上

看,只有对数比例法在总体取样规模为 35%时达到了 100.00%,其多样性指数为 1.241,与平方根比例法相同,高于简单比例法,略低于多样性比例法,但因对数比例法在该比例下表型保留比例达到 100.00%,远高于多样性比例法,综合对比,采用对数比例法,总体取样规模为 35%时,为核心种质的最佳取样策略。

表 3 供试菜豆备选核心种质评价参数

组内比例法	总体取样规模/%	变异系数变化率/%	极差符合率/%	表型保留比例/%	多样性指数 <i>I</i>
简单比例法	10	127.275	91.874	95.581	1.244
	15	126.165	95.988	96.263	1.247
	20	122.247	98.329	97.273	1.228
	25	117.801	98.935	97.980	1.237
	30	115.259	98.935	99.242	1.234
	35	112.981	98.935	99.242	1.229
	40	111.353	98.935	99.242	1.227

表 3 (续)

组内比例法	总体取样规模/%	变异系数变化率/%	极差符合率/%	表型保留比例/%	多样性指数 <i>I</i>
对数比例法	10	127.944	92.337	93.611	1.228
	15	126.140	96.977	97.071	1.219
	20	122.322	97.650	97.374	1.249
	25	119.416	98.329	97.879	1.247
	30	116.316	98.329	97.879	1.239
	35	113.985	99.945	100.000	1.241
	40	112.184	99.945	100.000	1.241
平方根比例法	10	127.792	94.653	95.278	1.219
	15	125.991	96.977	96.667	1.236
	20	122.084	97.650	97.374	1.245
	25	119.014	98.329	97.879	1.248
	30	115.829	98.329	97.879	1.237
	35	113.530	98.935	99.242	1.241
	40	111.872	99.945	100.000	1.236
多样性比例法	10	127.600	91.688	93.232	1.230
	15	124.394	97.238	97.373	1.234
	20	122.075	97.650	97.373	1.249
	25	120.078	97.650	97.879	1.256
	30	116.813	99.339	98.636	1.251
	35	114.433	99.339	98.636	1.247
	40	112.533	99.956	100.000	1.244

2.3 核心种质的特征值评价

核心种质与原始种质的各性状特征值比较(表 4),参试菜豆 33 个性状中核心种质叶柄长、荚形、嫩荚主色、嫩荚次色和缝线色的变异系数低于原种质,其余 28 个性状变异系数均大于原始种质。除嫩荚宽和嫩荚肉厚最小值有差异,其余性状的最大值和最小值完全一致。均值、标准差和遗传多样性指数基本保持一致。说明构建的核心种质和原始种质一样具备较好的丰度和均度,各特征值相等或差异较小,能代表原始种质。

由表 5 可知,核心种质与原种质各性状评价参数进行比较,构建的核心种质均值差异百分率为 9.1%,方差差异百分率为 27.3%,极差符合率为 99.945%,变异系数变化率为 113.985%,表型保留比例 100%。均值差异百分率小于 20%,极差符合率大于 80%,符合核心种质构建的基本条件,可以代表原始种质。且各性状均值的 *t* 检验结果表明,下胚轴颜色、叶柄长和嫩荚主色差异显著,其余 30 个性状差异不显著,这主要是因为将资源按荚形进行分类各类型数量差异大,弯扁条类型的数量最少(26 份),组内比例仅有 7.78%,短圆棍类型数量最多(87 份),占比 26.05%。而对数比例法能起到较好的修正作用,提升了稀有荚形的数量。方差齐性检验结果表明,下胚轴颜

色、叶柄粗、种子千粒重、叶色、叶柄色、主茎色、荚面质地、缝线色、株型差异显著,表明构建的核心种质这 11 个性状遗传冗余度小,保留了更多的遗传变异且分布均匀。

核心种质和原始种质的主成分分析结果表明,在前 11 个主成分中,构建的核心种质的特征值和贡献率都大于原始种质,且核心种质的第 11 个主成分累计贡献率为 65.712%,大于原始种质。原始种质在第 14 个主成分时累计贡献率已超过 70%,而核心种质在第 13 个主成分时累计贡献率已超过 70%,且在第 14 个主成分时,核心种质的累计贡献率为 74.568%,高于原始种质。说明核心种质的贡献率高于原始种质,有效地去除了冗余(表 6)。

综上,在黑龙江省收集的 334 份菜豆农家种构建的核心种质包含 116 份资源,总体取样规模为 35%,组内取样比例为对数比例,均值差异百分率为 9.1%,方差差异百分率为 27.3%,极差符合率为 99.945%,变异系数变化率为 113.985%,表型保留比例为 100%,主成分个数为 14 个,核心种质的累计贡献率为 74.568%。均值差异百分率小于 20%,极差符合率大于 80%,可以代表原始种质。

表 4 供试菜豆原始种质与核心种质性状特征值比较

性状	原始种质						核心种质					
	最小值	最大值	均值	标准差	变异系数/%	多样性指数 <i>I</i>	最小值	最大值	均值	标准差	变异系数/%	多样性指数 <i>I</i>
下胚轴颜色	1.00	2.00	1.15	0.35	30.90	0.42	1.00	2.00	1.22	0.42	34.21	0.53
小叶叶长/cm	7.10	19.60	11.98	1.79	14.95	2.06	7.10	19.60	12.25	2.08	17.01	2.06
小叶叶宽/cm	5.60	17.50	10.01	1.76	17.57	2.05	5.60	17.50	10.11	2.03	20.12	1.99
叶柄长/cm	5.50	23.10	13.50	3.13	23.20	2.08	5.50	23.10	14.25	3.30	23.15	2.06
叶柄粗/mm	1.35	4.49	2.67	0.56	20.92	2.05	1.35	4.49	2.72	0.64	23.66	2.08
嫩荚长/cm	7.10	32.10	13.90	3.33	23.97	1.88	7.10	32.10	14.28	3.98	27.91	1.83
嫩荚宽/mm	7.22	37.70	16.60	4.71	28.37	1.99	7.33	37.70	16.88	5.41	32.07	1.96
嫩荚喙长/cm	0.40	3.20	1.51	0.46	30.63	2.01	0.40	3.20	1.57	0.52	33.25	1.88
嫩荚肉厚/mm	0.71	5.52	2.02	0.70	34.74	1.99	0.78	5.52	2.13	0.79	36.83	2.00
单荚重/g	5.00	73.00	13.01	5.78	44.43	1.78	5.00	73.00	14.14	7.82	55.34	1.69
单荚种室数	3.00	16.00	5.91	1.30	22.07	1.56	3.00	16.00	5.84	1.61	27.58	1.66
单荚种子数	3.00	16.00	5.89	1.30	22.01	1.56	3.00	16.00	5.82	1.60	27.53	1.68
种子千粒重/g	139.00	1350.00	489.65	126.05	25.74	1.89	139.00	1350.00	496.39	174.17	35.09	1.75
小叶叶形	1.00	4.00	3.78	0.78	20.59	0.29	1.00	4.00	3.72	0.85	22.84	0.38
叶色	1.00	3.00	2.09	0.53	25.25	0.78	1.00	3.00	2.16	0.62	28.55	0.92
叶柄色	1.00	3.00	1.98	0.35	17.70	0.46	1.00	3.00	1.96	0.48	24.66	0.70
主茎色	1.00	4.00	2.01	0.47	23.22	0.54	1.00	4.00	2.01	0.63	31.14	0.82
结荚部位	1.00	4.00	2.66	1.46	55.04	0.87	1.00	4.00	2.61	1.44	55.25	0.95
荚形	1.00	6.00	3.42	1.78	51.88	1.70	1.00	6.00	3.48	1.75	50.16	1.78
荚喙位置	1.00	2.00	1.61	0.49	30.31	0.67	1.00	2.00	1.61	0.49	30.36	0.67
荚喙方向	1.00	4.00	1.69	0.62	36.71	0.92	1.00	4.00	1.74	0.65	37.19	0.95
荚面	1.00	3.00	1.87	0.57	30.38	0.85	1.00	3.00	1.98	0.66	33.24	0.98
荚面质地	1.00	2.00	1.02	0.15	14.95	0.11	1.00	2.00	1.07	0.25	23.81	0.25
荚面横切面	1.00	4.00	1.97	0.85	43.04	1.18	1.00	4.00	1.97	0.92	46.93	1.23
嫩荚主色	2.00	8.00	4.31	1.36	31.43	1.57	2.00	8.00	4.59	1.37	29.82	1.57
嫩荚次色	1.00	6.00	2.22	2.02	90.85	0.97	1.00	6.00	2.30	2.09	90.81	0.96
嫩荚弯曲度	1.00	4.00	2.19	0.67	30.76	1.01	1.00	4.00	2.17	0.76	35.02	1.12
嫩荚弯曲形式	1.00	3.00	1.36	0.75	55.49	0.55	1.00	3.00	1.42	0.80	56.51	0.61
缝线色	1.00	6.00	2.34	1.65	70.34	1.23	1.00	6.00	2.61	1.78	68.07	1.24
株型	1.00	3.00	2.94	0.34	11.61	0.13	1.00	3.00	2.86	0.51	17.78	0.25
叶片脱落性	1.00	3.00	1.95	0.32	16.18	0.39	1.00	3.00	1.96	0.36	18.32	0.47
荚壁软硬	1.00	2.00	1.62	0.49	30.02	0.66	1.00	2.00	1.59	0.49	31.18	0.68
种荚色	1.00	5.00	2.85	1.78	62.35	1.28	1.00	5.00	2.77	1.79	64.53	1.24

表 5 供试菜豆核心种质与原种质各性状评价参数和 *t* 检验、*F* 检验

性状	极差符合率/ %	变异系数变化率/ %	表型保留比例/ %	最大值变化率/ %	最小值变化率/ %	平均值变化率/ %	<i>P_t</i>	<i>P_F</i>
下胚轴颜色	100.000	110.720	100	100	100.000	106.752	0.049 *	0.000 *
小叶叶长	100.000	113.774	100	100	100.000	102.192	0.177	0.057
小叶叶宽	100.000	114.509	100	100	100.000	100.961	0.611	0.163
叶柄长	100.000	99.803	100	100	100.000	105.583	0.015 *	0.527
叶柄粗	100.000	113.075	100	100	100.000	102.012	0.371	0.039 *
嫩荚长	100.000	116.420	100	100	100.000	102.727	0.308	0.108

表 5 (续)

性状	极差符合率/ %	变异系数变化率/ %	表型保留比例/ %	最大值变化率/ %	最小值变化率/ %	平均值变化率/ %	P_t	P_F
嫩荚宽	99.639	113.049	100	100	101.524	101.706	0.574	0.230
嫩荚喙长	100.000	108.569	100	100	100.000	103.598	0.263	0.133
嫩荚肉厚	98.545	106.025	100	100	109.859	105.558	0.126	0.133
单荚重	100.000	124.552	100	100	100.000	108.706	0.122	0.064
单荚种室数	100.000	124.938	100	100	100.000	98.798	0.636	0.082
单荚种子数	100.000	125.090	100	100	100.000	98.757	0.623	0.076
种子千粒重	100.000	136.300	100	100	100.000	101.376	0.678	0.023 *
小叶叶形	100.000	110.892	100	100	100.000	98.563	0.493	0.234
叶色	100.000	113.054	100	100	100.000	103.688	0.182	0.002 *
叶柄色	100.000	139.344	100	100	100.000	98.881	0.623	0.001 *
主茎色	100.000	134.082	100	100	100.000	99.685	0.913	0.009 *
结荚部位	100.000	100.386	100	100	100.000	98.247	0.728	0.244
荚形	100.000	96.693	100	100	100.000	101.771	0.710	0.285
荚喙位置	100.000	100.142	100	100	100.000	100.080	0.978	0.961
荚喙方向	100.000	101.325	100	100	100.000	102.760	0.438	0.911
荚面	100.000	109.425	100	100	100.000	106.299	0.057	0.489
荚面质地	100.000	159.198	100	100	100.000	104.396	0.060	0.000 *
荚面横切面	100.000	109.057	100	100	100.000	99.921	0.985	0.196
嫩荚主色	100.000	94.878	100	100	100.000	106.574	0.028 *	0.425
嫩荚次色	100.000	99.956	100	100	100.000	103.469	0.692	0.430
嫩荚弯曲度	100.000	113.850	100	100	100.000	99.395	0.852	0.068
嫩荚弯曲形式	100.000	101.842	100	100	100.000	104.876	0.378	0.132
缝线色	100.000	96.774	100	100	100.000	111.422	0.108	0.035 *
株型	100.000	153.175	100	100	100.000	97.345	0.101	0.000 *
叶片脱落性	100.000	113.220	100	100	100.000	100.246	0.886	0.475
荚壁软硬	100.000	103.895	100	100	100.000	97.928	0.466	0.241
种荚色	100.000	103.504	100	100	100.000	96.984	0.605	0.953
平均	99.945	113.985	100	100	100.345	102.159	0.491	0.317

表 6 供试菜豆核心种质与原种质主成分分析

主成分	原种质原始种质			核心种质		
	特征值	贡献率/%	累计贡献率/%	特征值	贡献率/%	累计贡献率/%
1	3.720	11.272	11.272	3.755	11.380	11.380
2	2.757	8.354	19.626	2.958	8.964	20.344
3	2.304	6.981	26.607	2.575	7.803	28.147
4	1.829	5.541	32.148	2.160	6.545	34.692
5	1.740	5.271	37.419	1.908	5.782	40.474
6	1.587	4.809	42.229	1.622	4.916	45.390
7	1.498	4.540	46.769	1.529	4.634	50.024
8	1.355	4.107	50.875	1.472	4.461	54.485
9	1.279	3.876	54.752	1.360	4.122	58.606
10	1.175	3.560	58.312	1.190	3.607	62.213
11	1.119	3.391	61.703	1.154	3.498	65.712
12	1.035	3.137	64.839	1.027	3.112	68.824
13	0.967	2.930	67.769	0.961	2.912	71.736
14	0.904	2.741	70.510	0.935	2.833	74.568

3 讨论

3.1 基于表型性状构建核心种质的分组及取样策略

种质资源的分组和组内取样比例对核心种质构建的代表性有直接影响,是构建策略选择的重要组成部分。每种作物的分组依据都不同,原则是能够反映不同条件下的代表性和遗传多样性,还得尽可能消除环境因素的影响。菊花是按照舌状花花色分组^[10],辣椒是按照瓣型或果型分组^[17],禾是按照颖尖颜色分组^[8],甘蔗是按照地理来源分组^[18],但通常按照农艺性状进行分组比按地理来源分组更好,李自超等^[19]在水稻核心种质构建中和刘长友等^[20]在绿豆的核心种质构建中都得出了这一结论。本研究是按荚形进行的分组,因为菜豆是食荚类蔬菜,荚形不同,口感和肉厚也不同,且根据荚形进行分组,各组数量成正态分布趋势,可以确保取样的均匀度。在分组的基础上,确定适合的组内取样比例也至关重要,通常的组内取样比例有简单比例、对数比例、平方根比例和多样性比例,本研究结果显示在对数比例法和多样性比例法都可以增加稀有荚形的比例,使取样均匀,但从评价参数来看,对数比例法取样更适合本研究,这也和李慧峰等^[21]、毛名义等^[8]、吴河饶等^[9]在甘薯、禾和榕江茶核心种质构建研究中的取样方法一致,说明上述方法具有很好的修正能力,最大限度的保留表型性状、降低遗传冗余度。

3.2 基于表型性状构建核心种质的取样规模

取样规模的确定对构建核心种质至关重要,选取比例太低,会导致构建的核心种质代表性不强,选取比例太高,又不能有效地去除冗余,达到高效保存利用的目的^[22]。陈存等^[23]认为取样规模在10%~45%之间较适宜,也有学者认为取样规模在10%~30%效果较好^[24-27]。杨世丽等^[28]结果表明15%的取样规模即可保证遗传多样性最大化,赵欣蕊等^[29]构建马铃薯核心种质,结果表明20%为最佳取样规模。张武君等^[30]构建福建省山药核心种质,取样规模占原种质的43.6%。取样规模的大小和构建核心种质的原始种质数量相关性较大,如刘遵春等^[31]在构建新疆野苹果核心种质时以300份材料为基础,构建的核心种质取样比例为20%,吴河饶等^[9]以118份榕江茶为材料构建核心种质,最终取样规模为30%,而李嘉伟等^[10]以2249份菊花品种为材料构建核心种质时取样规模仅占原始种质的10.14%。本研究利用黑龙江省菜豆资源构建核心种质,最终构建的由116份资源构成的核心种质占原始种质的

35%,符合大多数学者认可的取样比例。

3.3 基于表型性状构建核心种质的验证评价

核心种质能否代表原始种质是检验构建成败的关键因素,对核心种质的验证评价要选择合适的的评价参数^[25]。仅以单一评价参数验证具有局限性,采用多个评价参数和主成分分析进行综合评价效果较好。本研究借鉴大部分学者常用的均值差异百分率、方差差异百分率、极差符合率、变异系数变化率和表型保留比例5个评价参数,结合各性状均值的 t 检验和方差的 F 检验以及主成分分析对构建的菜豆核心种质进行评价,结果表明构建的核心种质均值差异百分率为9.1%,极差符合率99.945%,符合核心种质构建的条件,可以代表原始种质。方差差异百分率、变异系数变化率、表型保留比例越大越能代表原始种质的遗传信息^[8],本研究构建的核心种质方差差异百分率为27.3%、变异系数变化率为113.985%、表型保留比例为100%,与前人研究的参数范围一致^[25,33-34],具有较好代表性且规模适宜、冗余度小,可作为核心资源加以利用。

4 结论

本研究以在黑龙江省收集的334份菜豆资源为试验材料,依据荚形的不同将原始种质分为6个组,通过不同取样策略的比较,构建出由116份菜豆资源构成的核心种质。结果显示,最合适的总体取样规模为35%,最优的组内取样比例为对数比例法,构建的核心种质均值差异百分率9.1%,方差差异百分率27.3%,极差符合率99.945%,变异系数变化率113.985%,表型保留比例100%,主成分个数为14个,核心种质的累计贡献率为74.568%,高于原始种质。说明核心种质具有较好的均度和丰度,可以代表原始种质。

参考文献:

- [1] 王兰芬, 武晶, 王昭礼, 等. 普通菜豆种质资源表型鉴定及多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2016, 17(6): 976-983.
- [2] 郑卓杰. 中国食用豆类学[M]. 北京: 中国农业出版社, 1997.
- [3] 程须珍, 王述民. 中国食用豆类品种志[M]. 北京: 中国农业科学技术出版社, 2009.
- [4] 王洪远, 陈树良, 杨桐珩, 等. 吉林省油豆角种质资源鲜荚性状的评价与筛选[J/OL]. 分子植物育种, 2023[2024-10-08]. <https://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20231207.1359.014.html>.
- [5] 赵洪利. 黑龙江省芸豆种质资源产量性状相关性分析及应用[D]. 哈尔滨: 东北农业大学, 2021.
- [6] 李锡香, 方智远. 从核心种质的研究入手开展农作物优异基因的挖掘利用[J]. 中国蔬菜, 2005(S1): 1-7.
- [7] FRANKEL O H, BROWN A H D. Plant genetic resources today: a critical appraisal[M]// HODEN H W, WILLIAMS J T. Crop genetic resources: conservation and evaluation. London, UK: Geoge Allen and Unwin Ltd., 1984: 249-257.
- [8] 毛名义, 杨文芸, 管艳伟, 等. 基于表型性状构建禾初级核心

- 种质[J]. 中国稻米, 2024, 30(1): 18-25.
- [9] 吴河饶, 任青艳, 陈莹, 等. 基于农艺性状的榕江茶核心种质构建[J]. 西北植物学报, 2023, 43(11): 1931-1941.
- [10] 李嘉伟, 苏江硕, 张飞, 等. 基于表型性状构建传统菊花核心种质[J]. 中国农业科学, 2021, 54(16): 3514-3526.
- [11] 唐莹. 番茄“传家宝”资源表型和品质鉴定评价及核心种质构建[D]. 上海: 上海师范大学, 2024.
- [12] 陈建华, 曲凯伦, 张云程, 等. 基于表型性状的酸枣核心种质构建[J]. 沈阳农业大学学报, 2024, 55(2): 176-186.
- [13] 万永辉, 阿不都赛买提·艾买提, 龚明, 等. 基于表型性状构建桑树初级核心种质研究[J]. 北方蚕业, 2023, 44(3): 12-19, 40.
- [14] 邹广权, 王晓丽, 李艳, 等. 基于表现型值构建旱冬瓜核心种质研究[J]. 西南农业学报, 2023, 36(8): 1644-1652.
- [15] 卜远鹏, 刘娜, 张古文, 等. 菜用大豆种质资源的农艺性状多样性评价及核心种质与食味品质评价体系的构建[J]. 浙江农业学报, 2023, 35(6): 1307-1314.
- [16] 李永祥, 李会勇, 扈光辉, 等. 玉米应用核心种质的构建与应用[J]. 植物遗传资源学报, 2023, 24(4): 911-916.
- [17] 雷刚, 周坤华, 方荣, 等. 基于表型数据的辣椒核心种质构建研究[J]. 西北植物学报, 2016, 36(4): 804-810.
- [18] 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.
- [19] 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.
- [20] 刘长友, 王素华, 王丽侠, 等. 中国绿豆种质资源初选核心种质构建[J]. 作物学报, 2008, 34(4): 700-705.
- [21] 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.
- [22] 曾钦滕, 曾亚军, 陈胜群, 等. 贵州核桃核心种质筛选与构建研究[J]. 西北植物学报, 2022, 42(5): 865-873.
- [23] 陈存, 丁昌俊, 黄秦军, 等. 美洲黑杨表型核心种质库构建[J]. 林业科学研究, 2021, 34(2): 1-11.
- [24] 彭婵, 樊孝萍, 苏晓华, 等. 基于 SSR 分子标记构建南方型美洲黑杨初级核心种质[J]. 西北植物学报, 2019, 39(2): 250-257.
- [25] 赵立民, 李嘉伟, 张飞, 等. 基于表型数据构建切花小菊核心种质[J]. 园艺学报, 2022, 49(10): 2273-2284.
- [26] 曾宪君, 李丹, 胡彦鹏, 等. 欧洲黑杨优质核心种质库的初步构建[J]. 林业科学, 2014, 50(9): 51-58.
- [27] 贺澍, 杨衍, 牛玉, 等. 基于基因型值大果番茄核心种质的构建策略[J]. 北方园艺, 2020(15): 8-14.
- [28] 杨世丽, 杨胜海, 李涛, 等. 基于 SNP 芯片的贵州香禾糯遗传多样性分析及核心种质构建[J]. 种子, 2024, 43(7): 9-16.
- [29] 赵欣蕊, 陈啸天, 薛薇, 等. 基于表型性状分析构建冀北地区马铃薯核心种质[J]. 核农学报, 2024, 38(5): 805-818.
- [30] 张武君, 陈晋英, 刘保财, 等. 福建省山药初级核心种质的构建[J]. 福建农业学报, 2023, 38(11): 1267-1276.
- [31] 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.
- [32] NAYAK S N, SONG J, VILLA A, et al. Promoting utilization of *Saccharum* spp. genetic resources through genetic diversity analysis and core collection construction [J]. PLoS One, 2014, 9(10): e110856.
- [33] 陈伊航, 唐朝臣, 张雄坚, 等. 基于表型性状和 SSR 分子标记构建甘薯核心种质[J]. 作物学报, 2023, 49(5): 1249-1261.
- [34] 李萌, 秦慧彬, 王宇楠, 等. 基于农艺性状指标的山西高粱地方品种核心种质构建[J]. 植物遗传资源学报, 2021, 22(1): 174-182.

Construction of Core Collection of Kidney Bean in Heilongjiang Province Based on Phenotypic Characters

ZHENG Yalu, LI Xiangyu, SUN Guangquan, LI Zhijiang, MA Jinfeng, DONG Xiaojie

(Institute of Crop Resources, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin 150086, China)

Abstract: In order to construct the core germplasm of *Phaseolus vulgaris* germplasm resources in Heilongjiang Province, 334 accessions of *Phaseolus vulgaris* resources collected in Heilongjiang Province were used as experimental materials. Based on the phenotypic data of 33 agronomic traits, 28 candidate core germplasms were constructed by stepwise clustering and Euclidean distance combined with the sum of squares of deviations method, at 7 different sampling scales (10%, 15%, 20%, 25%, 30%, 35% and 40%) and 4 intra-group sampling ratios (simple ratio, logarithmic ratio, square root ratio and diversity ratio). Then, the best core germplasm was selected from the 28 candidate core germplasms, and this constructed core germplasm was compared with the original germplasms in terms of six metrics as including maximum value, minimum value, mean value, standard deviation, coefficient of variation and diversity index. In addition, the core germplasm was evaluated in terms of five metrics such as mean difference percentage, variance difference percentage, range conformity rate, coefficient of variation change rate and phenotypic retention ratio. The principal component analysis method was used to further verify that the core germplasm of *Phaseolus vulgaris* resources in Heilongjiang Province was reasonable. The results showed that the constructed core germplasm of 116 pieces of resources were the best, when the overall sampling scale was 35% and the sampling ratio within the group was logarithmic. The best core germplasm had a mean difference percentage of 9.1%, a range agreement rate of 99.945%, a coefficient of variation change rate of 113.985%, a phenotypic retention rate of 100%, 14 principal components, and a cumulative contribution rate of 74.568%. These values mean that the core germplasm with 116 resources can represent the genetic diversity of the original germplasm better and can be used as core resources.

Keywords: kidney bean; phenotypic characters; core collection; germplasm resources