

引用格式: 李华, 付朴艳, 闫熙, 等. 基于材用云南松表型性状构建核心种质策略研究[J]. 西北植物学报, 2024, 44(2): 0288-0299. [LI H, FU P Y, YAN X, et al. Study on core germplasm construction strategy based on phenotypic traits of wood *Pinus yunnanensis*[J]. Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica, 2024, 44(2): 0288-0299.] DOI:10.7606/j.issn.1000-4025.20230524

基于材用云南松表型性状构建核心种质策略研究

李华¹, 付朴艳¹, 闫熙¹, 曹子林², 王晓丽^{1*}

(1 西南林业大学 林学院, 昆明 650224; 2 西南林业大学 生态与环境学院, 昆明 650224)

摘要 【目的】研究旨在构建可靠的材用云南松核心种质, 加强其种质资源选育、开发利用, 解决其种质资源分布广、保存成本高、保存难度大等问题, 促进云南松种质资源有效利用。【方法】以云南松 26 个天然居群的 780 株样株为原种质, 以 18 个表型性状为原数据, 利用 2 种不同构建策略(利用地理角度与改进的最小距离逐步取样法), 探讨不同构建策略所构建的核心种质对原种质的代表性。【结果】(1) 地理角度构建出的包含 219 株样株的种质子集, 其遗传多样性指数显著低于改进的最小距离逐步取样法构建的 4 个种质子集, 略高于原种质; 该种质子集与原种质的 MD 值为 3.921%, VD 值为 83.333%, CR 值为 82.207%, VR 值为 99.482%; 通过对原种质与该种质子集 18 个性状做主成分分析, 累计贡献率分别为 79.376% 和 82.163%, 其种质子集样株分布相对集中。(2) 改进的最小距离逐步取样法构建的 4 个抽样比例分别为 10%、20%、30% 和 40% 的种质子集中, 其中 20% 抽样比例的种质子集效果最好, 该种质子集的多样性指数极显著大于原种质; 20% 抽样比例种质子集与原种质的 MD 值为 6.363%, VD 值为 83.333%, CR 值为 91.099%, VR 值为 124.448%; 对 20% 抽样比例的种质子集进行主成分分析, 累计贡献率为 83.539%, 且高于原种质, 该种质子集样株分布范围覆盖了整个取样范围。【结论】不同方法构建的核心种质均获得原种质不同程度遗传多样性, 这 2 种构建结果均可代表材用云南松种质资源核心种质; 而地理角度构建的种质子集在种质资源采集、保存和更新方面更具有优势, 可为材用云南松种质资源保存和优良种质选育提供科学方法, 同时为其他种质资源的构建提供一种新的参考方法。

关键词 云南松; 核心种质; 地理角度; Arcgis; 表型性状

中图分类号 S791.257; S722.5; S772.8 **文献标志码** A

Study on core germplasm construction strategy based on phenotypic traits of wood *Pinus yunnanensis*

LI Hua¹, FU Puyan¹, YAN Xi¹, CAO Zilin², WANG Xiaoli^{1*}

(1 College of Forestry, Southwest Forestry University, Kunming 650224, China; 2 College of Ecology and Environment, Southwest Forestry University, Kunming 650224, China)

Abstract [Objective] This study aims to construct a reliable core germplasm of *Pinus yunnanensis* for timber wood, to enhance its breeding, development, and utilization, and to solve the problems of its distribution, high preservation cost, preservation difficulties, and hence promoting its utilization. [Methods] The original germplasm was derived from 780 sample plants of 26 natural *P. yunnanensis* populations, with 18 phenotypic traits serving as the original data. The study employed two distinct construction strate-

收稿日期: 2023-08-14; 修改稿收到日期: 2023-11-20

基金项目: 云南省农业基础研究联合专项(202301BD070001-042); 云南省教育厅科学研究基金项目(2022Y582)

作者简介: 李华(1997-), 男, 在读硕士研究生, 主要从事森林培育研究。E-mail: 2729408730@qq.com

* 通信作者: 王晓丽, 博士, 教授, 主要从事森林培育教学与研究。E-mail: 1144607944@qq.com

gies, geographical perspective and an enhanced minimum distance stepwise sampling method, to assess the representativeness of the core germplasm constructed with different strategies. [Results] (1) The genetic diversity index of the germplasm subset, including 219 samples constructed from a geographical perspective, was significantly lower than that of the four subsets constructed by the enhanced minimum distance stepwise sampling method; however, it was slightly higher than the original germplasm. The germplasm subset and the original germplasm had MD value of 3.921%, VD value of 83.333%, CR value of 82.207%, and VR value of 99.482%. A principal component analysis of the original germplasm quality and the germplasm subset 18 traits revealed cumulative contribution rates of 79.376% and 82.163%, respectively; the germplasm subset distribution was relatively concentrated. (2) The enhanced minimum distance stepwise sampling method was utilized to construct four seed subsets with sampling ratios of 10%, 20%, 30%, and 40%. Among these, the germplasm subset with a 20% sampling ratio proved to be the most effective, with a diversity index significantly higher than the original germplasm. The germplasm subset with 20% sampling proportion and the original germplasm had MD value of 6.363%, VD value of 83.333%, CR value of 91.099%, and VR value of 124.448%. A principal component analysis was conducted on a germplasm subset with a 20% sampling proportion, revealing a cumulative contribution rate of 83.539%, exceeding that of the original germplasm. The germplasm subset distribution range encompassed the entire sampling range. [Conclusion] Construction using different methods yield varying degrees of genetic diversity from the original germplasm, while both construction methods could represent the core collection of *P. yunnanensis* germplasm resources. The germplasm subset derived from the geographical perspective offers more advantages in collection, preservation, and renewal of these resources, which provided a method for the preservation of *P. yunnanensis* germplasm resources and the breeding of superior germplasm, offering a novel reference method for the construction of other germplasm resources.

Key words *Pinus yunnanensis*; core germplasm; geographical factors; Arcgis; phenotypic traits

核心种质(core collection)的概念于1984年由Frankel^[1]首次提出,李永祥等^[2]认为核心种质具有异质性、代表性、实用性、动态性和有效性等特征。核心种质是以尽可能少的种质资源数量最大程度的代表整体种质的遗传多样性,提高森林资源利用效率,促进种质资源的整合开发与利用^[3]。目前,主要基于表型性状^[4-8]、分子标记、或结合分子标记与表型性状^[9-11]方法构建农作物、木本植物等核心种质。研究表明,表型性状反映种质资源表型遗传性状,分子标记则反映种质间遗传差异和亲缘关系^[12],利用表型性状构建核心种质是较为传统的方法,得到广泛学者的认可^[3-10]。有较多学者基于表型性状构建林木核心种质,如灰楸(*Catalpa fargesii* Bur.)^[13]、尾叶桉(*Eucalyptus urophylla* S. T. Blake)^[4]、日本柳杉[*Cryptomeria japonica* (L. f.) D. Don]^[14]、西伯利亚杏(*Armeniaca sibirica*)^[5]、核桃(*Juglans regia* L.)^[15]、水青树(*Tetracentron sinense* Oliv.)^[16]等。

云南松(*Pinus yunnanensis* Franch.),又称“飞松”、“青松”、“长毛松”,为松科松属的常绿乔木,其生长迅速、耐干旱、耐瘠薄等优质特点^[17-18],是西南

地区荒山造林的先锋树种^[19],是主要用材造林树种^[17],也是治理水土流失的重要树种^[20],同时具有经济效益、生态效益等重要作用^[17]。云南松林是云南省的主要森林植被类型之一,主要分布在中国西南地区,如云南、贵州、四川以及西藏、广西等地^[21],云南松林占云南省林分总面积的19.63%^[22]。目前,云南松出现林分衰退,林分中低矮、扭曲等不良个体的比例偏高,优良基因资源少^[20,23]。由于云南松种质资源群体分布广泛,这对优良材用云南松种质资源选育与保护具有一定挑战。前人基于表型性状^[23]、SRAP分子标记^[24]构建材用云南松种质资源库,虽然其效果较好,但构建的材用云南松核心种质样株分布较为分散,不利于种质资源更新收集。因此,研究基于地理角度构建材用云南松核心种质的可行性,对于提高材用云南松种质采集、保存及更新的便利性和有效性,具有重要的实用价值。

该研究基于王晓丽等^[23]研究结果基础上,以材用云南松分布区不同地理来源的26个天然居群为原种质,每个天然居群采集干形通直圆满30株样株表型数据,基于材用云南松18个表型性状构建其核

心种质,参考 Miyamoto 等^[14]利用地理角度的核心种质构建方法,以及改进的最小距离逐步取样构建方法,比较 2 种策略构建材用云南松核心种质的效果,以获得优质的材用云南松种质资源,解决材用云南松种质资源来源问题,可为造林提供优良种质。

1 材料和方法

1.1 材料来源及表型数据采集

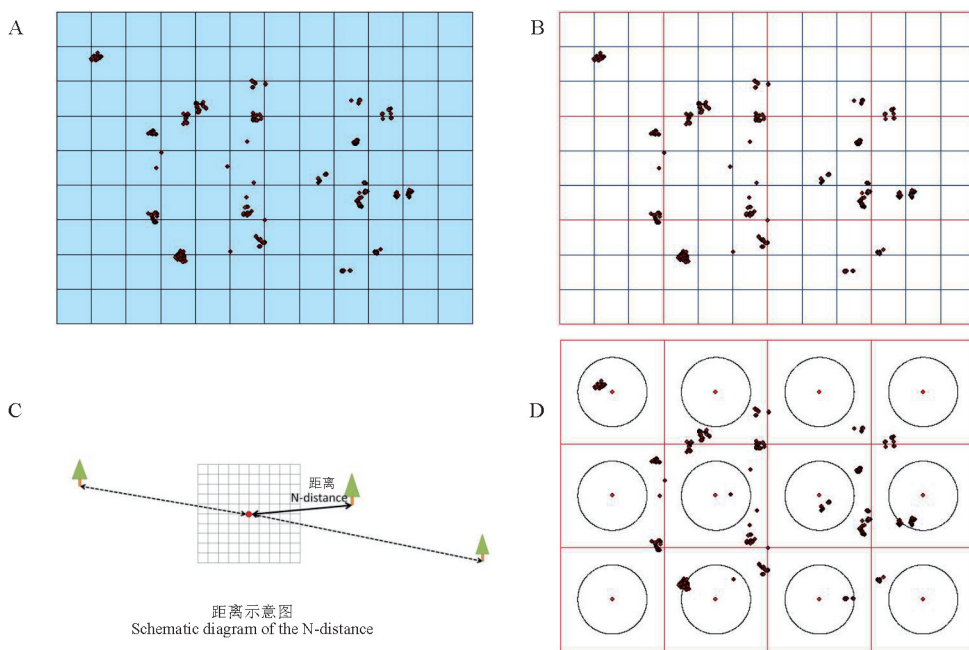
根据各地林业部门和相关研究学者提供的资料,选取 26 个具有材用代表性天然居群云南松种质资源的调查区域。于 2016 年 12 月至 2017 年 2 月完成 26 个居群 780 株云南松样株经纬度和海拔数据的收集(表 1),每个天然居群采集 30 株样株,采集每株长势较为均匀的针叶束、种子、球果等数据。参考刘德浩等^[3]和王晓丽等^[23]关于表型数据标准化方法,对 18 个表型性状做 10 分级,1 级 $\leq \mu - 2\delta$,

10 级 $> \mu + 2\delta$,每级相差 0.5δ , μ 为各性状平均值, δ 为各性状的标准差。

1.2 核心种质构建方法

1.2.1 地理角度构建方法

参考 Miyamoto 等^[14]核心种质构建方法,采集云南松地理信息数据,并利用 Arcgis 做成空间散点图,将数据汇总于标准面积网格内,即第三方格($100\text{ km} \times 100\text{ km}$)(图 1,A)。根据第三方格实际情况变动具体距离值,合成第二方格($300\text{ km} \times 300\text{ km}$)(图 1,B)。计算每个第二方格从中心点到最近样株的距离为 N ($28\ 349.82 \sim 194\ 555.42\text{ m}$)(图 1,C),再计算所有第二方格中的 N ,并取它们的平均值,得到最近距离的平均值为 $100\ 144.61\text{ m}$ 。以最近距离平均值为半径,在每个第二方格中画圆,选取所有在圆内的样株,组成种质子集,即可得到利用地理角度构建的种质子集(图 1,D)。



A. 第三方格; B. 第二方格; C. 中心点到样株距离; D. 第二方格画圆。

图 1 种质子集构建方法

A. The third square. B. The second square. C. Distance from center point to sample plant.

D. Drawing a circle for the second square.

Fig. 1 Construction method of core germplasm

1.2.2 改进的最小距离逐步取样构建方法(ILDSS)

先将原种质按种源分为 4 组,组内按照种源分为 26 个小组(表 1),据此 26 个小组的 780 份样株设定 4 个抽样比例 10%、20%、30%和 40%,对 18 个表型性状标准化并用不加权类平均法(UPGMA)做聚类分

析,遗传距离采用欧式距离,组内取样方法采用系统取样的多样性指数法,即计算 4 个组中各 18 个性状的遗传多样性指数,取此 4 组平均值作为该小组多样性指数,并计算每个小组的多样性指数占所有小组多样性指数的占比,并根据占比确定各小组抽样量。

表 1 材用云南松分布
Table 1 Distribution of *P. yunnanensis* for timber wood

编号 Numbers	种源区 Provenance areas	采集地 Sampling places	经度 Longitudes(E)	纬度 Latitudes(N)	海拔 Altitudes/m	年平均气温 Average annual temperature/°C	年平均降雨量 Average annual rainfalls/mm
1		贵州册亨 Ceheng of Guizhou	105.553 53°—105.556 10°	24.502 70°—24.507 18°	792.4	19.2	1 340.7
2		贵州大方 Dafang of Guizhou	105.449 84°—105.460 01°	26.568 24°—26.575 00°	1 248.0	16.8	1 155.0
3		贵州兴义 Xingyi of Guizhou	104.458 78°—104.589 10°	25.031 05°—25.041 59°	1 296.5	16.0	1 400.0
4	中部 Middle	贵州水城 Shuicheng of Guizhou	104.415 81°—104.459 52°	26.134 69°—26.138 09°	1 634.4	12.4	1 100.0
5		四川西昌 Xichang of Sichuan	102.000 09°—102.127 54°	27.515 41°—27.552 53°	2 109.1	17.2	1 004.3
6		四川米易 Miyi of Sichuan	101.588 42°—102.012 10°	26.576 88°—27.007 17°	1 905.9	19.7	1 100.0
7		云南镇雄 Zhenxiong of Yunnan	104.524 80°—104.530 24°	27.220 91°—27.223 94°	1 696.5	13.0	914.6
8		云南龙陵 Longling of Yunnan	98.564 60°—98.570 40°	24.240 90°—24.257 80°	1 367.4	16.9	1 075.0
9		云南勐峨 Meng'e of Yunnan	99.430 40°—99.474 60°	23.234 00°—23.284 60°	1 244.8	20.2	1 100.0
10		云南芒安 Mang'an of yunnan	99.454 20°—99.467 70°	23.205 00°—23.268 00°	1 047.2	20.2	1 100.0
11		云南马关 Maguan of Yunnan	104.231 96°—104.242 43°	23.020 46°—23.021 31°	1 445.6	16.9	1 345.0
12		云南元江 Yuanjiang of Yunnan	104.458 78°—104.589 11°	23.450 06°—23.459 89°	1 564.7	27.0	950.0
13	南部 South	云南富宁 Funing of Yunnan	105.204 17°—105.212 54°	23.252 17°—23.255 89°	1 315.7	19.8	1 103.5
14		广西乐业-1 Leye-1 of Guangxi	106.192 02°—106.193 49°	24.511 67°—24.514 06°	1 018.4	21.0	1 300.0
15		广西乐业-2 Leye-2 of Guangxi	106.174 14°—106.177 43°	24.525 00°—24.527 64°	852.1	21.0	1 300.0
16		广西隆林 Longlin of Guangxi	104.533 07°—105.460 04°	24.406 91°—24.423 34°	1 123.7	19.1	1 157.9
17		云南香格里拉 Shangri-La of Yunnan	99.583 83°—99.595 67°	26.589 72°—26.598 97°	2 178.0	15.1	1 531.0
18		云南福贡 Fugong of Yunnan	98.553 08°—98.566 39°	26.328 39°—26.329 91°	2 397.0	16.9	1 073.0
19		云南丽江 Lijiang of Yunnan	100.181 71°—100.240 43°	27.150 97°—27.197 57°	2 867.8	16.0	1 000.0
20		云南新平 Xiping of Yunnan	101.160 30°—102.160 50°	23.380 15°—24.260 05°	2 179.0	18.1	869.0
21	西北部 Northwest	云南曲靖 Qujing of Yunnan	103.488 12°—103.492 38°	25.208 75°—25.215 09°	2 121.6	18.0	1 089.0
22		云南双柏 Shuangbai of Yunnan	101.376 69°—101.397 46°	24.322 10°—23.338 91°	1 785.7	16.0	927.0
23		云南永仁 Yongren of Yunnan	101.140 00°—101.490 14°	25.510 00°—26.300 14°	1 615.0	17.8	840.0
24		云南云龙 Yunlong of Yunnan	99.110 36°—99.200 34°	26.140 16°—25.490 48°	2 452.5	16.1	781.4
25		云南禄丰 Lufeng of Yunnan	101.460 44°—101.590 55°	25.020 50°—25.250 50°	2 017.5	16.2	940.0
26	西藏 Tibet	西藏察隅 Chayu of Tibet	97.124 79°—97.260 81°	28.361 08°—28.386 97°	2 071.0	17.0	801.0

然后计算原种质所有样株间的遗传距离,再根据遗传距离进行聚类,依据聚类结果找出遗传距离最小的一组,定向删除该组的1个样株,保留另1个样株进入下一轮聚类,如此循环直至保留样株达到固定抽样比例为止。

1.3 核心种质的评价及确认

利用4个评价指标(均值差异百分率、方差差异百分率、极差符合率和变异系数变化率)结合各性状的均值 t 检验、方差 F 检验、Shannon-Weaver 遗传多样性指数、主成分分析方法综合考察构建的核心种质。Shannon-Weaver 遗传多样性指数(H')的计算参考郑福顺等^[4]与陈存等^[25]的方法,各表型性状频率的计算公式参考陈存等^[25]的方法;按照 Hu 等^[26]的计算方法,计算均值差异百分率(MD)、方差差异百分率(VD)、极差符合率(CR)和变异系数变化率(VR)4个指标评价核心种质的代表性,再根据 Hu 等^[26]等提出初级核心种质的极差符合率(CR)大于80%和均值差异百分率(MD)小于20%这2个要求,当初步筛选的结果完全满足这2个指标,可认为对核心种质筛选出的样株能够较好地代表原种质^[12-13,15]。

2 结果与分析

2.1 种质子集样株信息

2.1.1 地理角度抽样

种质子集筛选结果(图1,D),少部分样株在圆内,大部分样株散落在圆外(参考日本柳杉核心种质的确认方法),圆内为核心种质样株,经过筛选,从780株样株构成的原种质中选出219株样株组成种质子集,抽样比例为28%,种质子集样株具体来源为丽江30株,察隅30株,勐峨11株,忙安23株,马关30株,乐业-1有30株,乐业-2有30株,册亨5株,曲靖30株。

2.1.2 改进的最小距离逐步取样法

按照原种质10%、20%、30%、40%抽样比例进行核心种质筛选,样株数分别为78(每个小组有3株样株被选入种质子集)、156(每个小组有6株样株被选入种质子集)、234(每个小组有9株样株被选入种质子集)、312株(每个小组有12株样株被选入种质子集)。

2.2 种质子集代表性分析

2.2.1 不同构建方法获得的种质子集均值 t 检验、方差 F 检验

对原种质与种质子集各性状进行均值 t 检验、

方差 F 检验,可知所构建的种质子集是否具有代表性,对不同构建方法及不同抽样比例所构建5个种质子集的18个数量性状均值 t 检验结果(表2)表明,2种构建方法所构建的种质子集与原种质均值间均无显著差异,从 t 检验结果来看,这5个种质子集均可代表原种质。

F 检验结果(表2)表明:与原种质的18个性状相比,40%抽样比例构建的种质子集有11个性状与原种质具有显著性,30%抽样比例构建的种质子集有14个性状与原种质具有显著性,20%抽样比例构建的种质子集有15个性状与原种质具有显著性,10%抽样比例构建的种质子集有12个性状与原种质具有显著性。地理角度抽样构建的种质子集 F 检验结果(表2)表明,有15个性状与原种质具有显著性,其种质子集性状显著性与原种质相比,呈现性状显著性数量越多,则说明其构建的种质获得了更大的变异,即构建的种质子集更具有代表性、异质性。因此,从均值 t 检验和方差 F 检验结果角度来看,从原种质中筛选出这5个种质子集均能够代表原种质。

2.2.2 原种质及不同构建策略种质子集的遗传多样性指数比较

原种质与不同构建策略构建的5个种质子集的18个性状遗传多样性指数分析结果(表3)表明,利用不同方法构建的5个种质子集中,20%抽样比例构建的种质子集多样性指数平均值最高,且总体多样性指数均优于其余4个种质子集多样性指数,远高于原种质。

地理角度构建的种质子集的多样性指数总体略高于原种质,有8个性状多样性指数低于原种质(针叶长、针叶宽、叶鞘长、球果重量、球果长/球果直径、种翅长、千粒重、长冠径),总体多样性指数均低于其余4个种质子集。

对原种质与5个种质子集多样性指数进行方差分析和多重比较(表3)表明,原种质与5个种质子集均存在不同程度的差异,其中20%抽样比例的种质子集多样性指数极显著大于原种质,地理角度构建的种质子集多样性指数与原种质无显著差异。

综上所述,从多样性指数分析结果来看,地理角度构建的种质子集多样性指数低于20%抽样比例构建的种质子集,这2种构建策略构建的种质子集均能代表原种质,但20%抽样比例构建的种质子集能更好代表原种质的遗传多样性。

表 2 不同构建策略种质集的均值 t 检验、方差 F 检验Table 2 Mean t test and variance F test of germplasm subsets with different construction strategies

性状 Characters	原种质 Original germplasms			40%抽样 40% sampling			30%抽样 30% sampling			20%抽样 20% sampling			10%抽样 10% sampling			地理角度抽样 Geographical perspective sampling		
	$M \pm SD$	t	F	$M \pm SD$	t	F	$M \pm SD$	t	F	$M \pm SD$	t	F	$M \pm SD$	t	F	$M \pm SD$	t	F
L_N/cm	23.76±3.35	NS	NS	23.76±3.65	NS	NS	23.91±3.87	NS	*	23.88±4.10	NS	*	23.76±3.72	NS	NS	23.39±3.94	NS	*
W_N/mm	0.65±0.11	NS	*	0.65±0.13	NS	*	0.66±0.14	NS	*	0.66±0.14	NS	*	0.66±0.15	NS	*	0.61±0.12	NS	*
L_{is}/mm	18.34±3.65	NS	NS	18.48±3.90	NS	*	18.40±4.09	NS	*	18.43±4.26	NS	*	18.86±4.10	NS	NS	17.16±4.10	NS	*
W_F/mm	1.42±0.24	NS	*	1.43±0.28	NS	*	1.43±0.29	NS	*	1.44±0.30	NS	*	1.45±0.31	NS	*	1.31±0.28	NS	*
L_N/W_N	376.17±68.98	NS	*	378.59±77.36	NS	*	379.39±79.96	NS	*	380.83±85.49	NS	*	382.19±89.70	NS	*	393.91±79.16	NS	*
L_N/L_{is}	13.48±2.60	NS	*	13.45±2.85	NS	*	13.63±2.94	NS	*	13.60±2.91	NS	*	13.21±2.75	NS	NS	14.20±3.30	NS	*
W_F/W_N	2.20±0.23	NS	*	2.22±0.27	NS	*	2.21±0.28	NS	NS	2.23±0.29	NS	NS	2.26±0.35	NS	*	2.17±0.37	NS	*
M_C/g	41.04±14.08	NS	NS	41.21±15.40	NS	NS	41.04±16.28	NS	*	41.24±15.99	NS	*	40.64±17.19	NS	*	37.80±15.48	NS	*
L_C/mm	68.65±9.97	NS	NS	68.64±10.80	NS	NS	68.48±11.31	NS	*	68.84±11.63	NS	*	68.32±13.28	NS	*	67.34±10.69	NS	*
D_C/mm	38.07±4.45	NS	NS	38.09±4.89	NS	NS	38.01±5.17	NS	*	38.06±5.20	NS	*	37.64±5.47	NS	*	37.20±4.52	NS	*
L_C/D_C	1.81±0.18	NS	*	1.80±0.19	NS	NS	1.80±0.19	NS	NS	1.81±0.20	NS	*	1.81±0.20	NS	NS	1.81±0.21	NS	NS
L_{sw}/cm	2.16±0.28	NS	*	2.19±0.30	NS	*	2.18±0.32	NS	*	2.19±0.31	NS	*	2.17±0.36	NS	*	2.18±0.24	NS	*
W_{sw}/cm	0.66±0.07	NS	*	0.66±0.08	NS	*	0.65±0.09	NS	*	0.66±0.09	NS	*	0.66±0.11	NS	*	0.65±0.08	NS	*
L_{sw}/W_{sw}	3.34±0.37	NS	*	3.38±0.42	NS	*	3.39±0.45	NS	*	3.40±0.47	NS	*	3.37±0.50	NS	*	3.41±0.45	NS	*
W_{TS}/g	16.30±3.60	NS	NS	16.13±3.65	NS	NS	16.10±3.73	NS	NS	16.17±3.91	NS	NS	16.52±3.85	NS	NS	16.12±3.55	NS	NS
H_{UB}/m	4.74±2.15	NS	NS	4.74±2.33	NS	NS	4.64±2.32	NS	NS	4.48±2.22	NS	NS	4.43±2.13	NS	NS	5.03±1.86	NS	NS
D_{LC}/m	5.23±1.55	NS	*	5.33±1.76	NS	*	5.29±1.78	NS	*	5.41±1.83	NS	*	5.44±2.04	NS	*	4.99±1.58	NS	*
D_{SC}/m	4.77±1.36	NS	*	4.98±1.58	NS	*	4.98±4.59	NS	*	5.07±1.67	NS	*	5.04±1.80	NS	*	4.50±1.32	NS	*

注: L_N ·针叶长; W_N ·针叶宽; L_{is} ·叶鞘长; W_F ·针叶束宽; L_N/W_N ·针叶长/针叶宽; L_N/L_{is} ·针叶长/叶鞘长; W_F/W_N ·针叶束宽/针叶宽; M_C ·球果质量; L_C ·球果长; D_C ·球果直径; L_C/D_C ·球果长/球果直径; L_{sw} ·种翅长; W_{sw} ·种翅宽; W_{TS} ·千粒重; H_{UB} ·枝下高; D_{LC} ·长冠径; D_{SC} ·短冠径; M 表示平均值;SD表示标准差;*表示0.05水平差异显著;NS表示0.05水平差异不显著。下同。

Note: L_N , needle length, W_N , needle width, L_{is} , leaf sheath length, W_F , needle fascicle width, L_N/W_N , needle length/needle width, L_N/L_{is} , needle length/leaf sheath length, W_F/W_N , needle fascicle width/needle width, M_C , cone mass, L_C , cone length, D_C , cone diameter, L_C/D_C , cone length/cone diameter, L_{sw} , seed wing length, W_{sw} , seed wing width, L_{sw}/W_{sw} , seed wing length/seed wing width, W_{TS} , thousand seed weight, H_{UB} , under branch height, D_{LC} , long crown diameter, D_{SC} , short crown diameter, M indicates mean, SD indicates standard deviation, * indicates significant difference at the 0.05 level, NS indicates non-significant difference at the 0.05 level. The same as below.

表 3 不同构建策略种质子集遗传多样性指数比较

Table 3 Comparison of genetic diversity index of germplasm subsets with different construction strategies

性状 Characters	10% 抽样 10% sampling	20% 抽样 20% sampling	30% 抽样 30% sampling	40% 抽样 40% sampling	地理角度抽样 Geographical perspective sampling	原种质 Original germplasms
L_N/cm	2.071	2.180	2.173	2.133	2.065	2.081
W_N/mm	2.231	2.191	2.184	2.136	2.019	2.051
L_{1s}/mm	2.113	2.198	2.180	2.145	2.083	2.094
W_F/mm	2.208	2.199	2.175	2.151	2.067	2.046
L_N/W_N	2.082	2.129	2.116	2.109	2.047	2.047
L_N/L_{1s}	2.119	2.099	2.087	2.064	2.078	2.008
W_F/W_N	1.963	1.943	1.925	1.952	1.914	1.886
M_C/g	2.181	2.172	2.153	2.107	2.043	2.068
L_C/mm	2.218	2.152	2.156	2.123	2.060	2.054
D_C/mm	2.209	2.156	2.144	2.126	2.118	2.049
L_C/D_C	2.104	2.177	2.137	2.149	1.994	2.080
L_{SW}/cm	2.221	2.141	2.143	2.140	2.028	2.056
W_{SW}/cm	2.125	2.117	2.127	2.122	2.170	2.024
L_{SW}/W_{SW}	2.089	2.144	2.128	2.097	2.083	2.042
W_{TS}/g	2.138	2.104	2.072	2.082	2.019	2.084
H_{UB}/m	1.776	1.901	1.972	1.977	1.925	1.910
D_{LC}/m	2.093	2.089	2.061	2.056	1.927	1.983
D_{SC}/m	2.136	2.176	2.147	2.132	2.071	2.048
$M \pm SD$	2.115 \pm 0.109a	2.126 \pm 0.082a	2.116 \pm 0.071a	2.100 \pm 0.056ab	2.040 \pm 0.065b	2.034 \pm 0.057b

注:不同小写字母表示 0.05 水平上的差异显著性。

Note: Different lowercase letters indicate significant difference at the 0.05 level.

2.2.3 不同构建策略种质子集的评价指标分析

原种质与不同构建策略构建的 5 个种质子集的评价指标分析结果(表 4)表明,5 个种质子集均值差异百分率均小于 20%,极差符合率均大于 80%,这表明 5 个种质子集均符合构建要求。地理角度抽样的种质子集均值差异百分率最小,但变异系数变化率和极差符合率均低于其余 4 个抽样的种质子集,而方差差异百分率与 20%抽样的种质子集相同且高于其余 3 个种质子集。改进的最小距离逐步取样

法的 4 个种质子集中,20%抽样比例的种质子集均值差异百分率较小,变异系数变化率、方差差异百分率最大,极差符合率较大,且种质子集样株较少,这利于核心资源保存,表明 20%抽样比例构建的种质子集比其余 3 个抽样比的种质更具有效性、实用性和代表性。

综合分析表明 20%抽样比例与地理角度抽样构建的核心种质存在不同程度的优势,均可代表原种质。

表 4 不同构建策略种质子集评价指标比较

Table 4 Comparison of evaluation indexes of germplasm subset with different construction strategies

抽样比例 Sampling ratios	均值差异百分率(MD) Percentages of mean difference/%	变异系数变化率(VR) Changeable rates of coefficient of variation/%	极差符合率(CR) Coincidence rates of range/%	方差差异百分率(VD) Percentages of variance difference/%	核心种质样株数 Number of core germplasm sample plants
40%	6.082	110.308	94.142	61.111	312
30%	6.378	115.327	93.674	77.778	234
20%	6.363	124.448	91.099	83.333	156
10%	6.576	117.364	85.804	66.667	78
地理角度抽样 Geographical perspective sampling	3.921	99.482	82.207	83.333	219

2.3 核心种质的确认

2.3.1 原种质与核心种质生长指标主成分分析

分别对原种质及不同方法构建的 2 个核心种质的 18 个表型性状进行主成分分析(表 5),原种质、20%抽样与地理角度抽样均提取 7 个特征值大于 1 的主成分,原种质、20%抽样比例与地理角度抽样 7 个主成分累计贡献率分别为 79.376%、83.539%、

82.163%。20%抽样比例与地理角度抽样的核心种质主成分累计贡献率大于原种质,且接近 85%,表明 20%抽样比例与地理角度抽样的核心种质能够解释的表型遗传信息大于原种质,去除了原种质中大量重复性的种质资源,减少了遗传冗余,因此可以认为 20%抽样比例与地理角度抽样的核心种质具有较强的代表性和实用性。

表 5 原种质与核心种质主成分分析

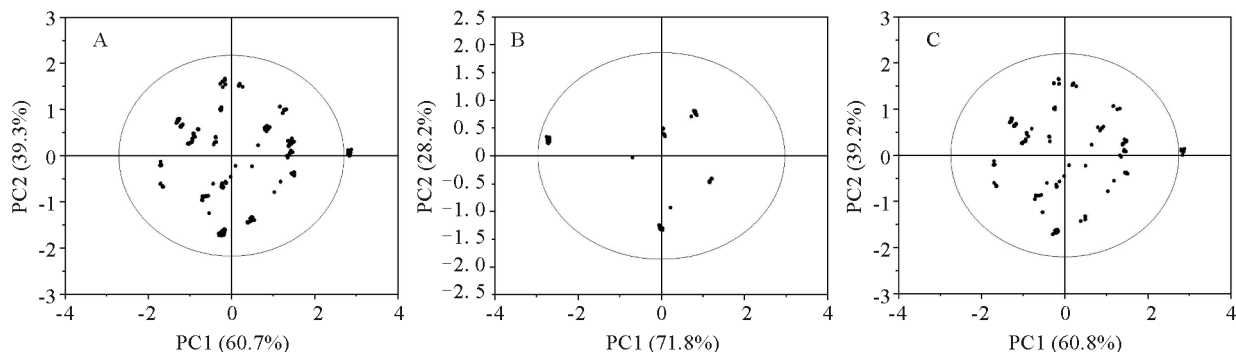
Table 5 Principal component analysis of original germplasm and core germplasm

主成分 Principal components	原种质 Original germplasm			20%抽样 20% sampling			地理角度抽样 Geographical perspective sampling		
	特征值 Eigenvalues	贡献率 Contribution rates/%	累计贡献率 Cumulative contributive rates/%	特征值 Eigenvalues	贡献率 Contribution rates/%	累计贡献率 Cumulative contributive rates/%	特征值 Eigenvalues	贡献率 Contribution rates/%	累计贡献率 Cumulative contributive rates/%
1	4.375	24.303	24.303	4.949	27.497	27.497	4.860	27.001	27.001
2	2.316	12.868	37.171	2.490	13.831	41.328	2.543	14.127	41.128
3	1.838	10.209	47.381	1.973	10.960	52.288	1.886	10.477	51.606
4	1.625	9.029	56.410	1.797	9.983	62.271	1.699	9.437	61.042
5	1.467	8.148	64.558	1.465	8.140	70.411	1.528	8.486	69.529
6	1.430	7.945	72.503	1.320	7.331	77.742	1.182	6.568	76.096
7	1.237	6.873	79.376	1.043	5.797	83.539	1.092	6.067	82.163

2.3.2 原种质与核心种质样株分布主成分分析

将 780 株原种质样株与核心种质样株的经纬度利用工具转化为度的数字格式后分别做散点图进行分析,横纵坐标分别为 PC1 和 PC2(图 2)。20%抽样比例筛选的 156 株的核心种质散点图显示,云南松核心种质的分布包含原种质的整个分布范围及外

围具有特异性征的样株;同时,具有较高遗传相似性的样株得以有效保留,确保核心种质的代表性、实用性,从而更有效地保留核心种质与原种质的表型遗传和变异。地理角度抽样筛选的 219 株核心种质分布比较集中,基本包含了不同气候、海拔条件下云南松种质资源,同时方便收集核心种质资源。



A. 原种质样株分布散点图; B. 地理角度样株分布散点图; C. 20%抽样比例样株分布散点图。

图 2 原种质与核心种质样株分布主成分分析

A. Scatter plot of original germplasm. B. Scatter plot of sample plant distribution from geographical perspective. C. Scatter plot of 20% sampling proportion.

Fig. 2 Principal component analysis of the distribution of the original and core germplasm samples

3 讨论

3.1 基于表型性状构建林木核心种质的抽样策略

取样策略是利用地理角度构建核心种质的重要步骤。因此,选择合适的核心种质构建策略尤为重要。部分学者提出利用 GIS 系统构建核心种质,如 Jarvis 等^[27]研究表明 GIS 系统分析的信息有助于高效地保护和利用遗传多样性;随后 Gepts 等^[28]提出利用 GIS 系统与植物的遗传多样性促进种质资源的保护和利用;Miyamoto 等^[14]利用基于地理、遗传和环境空间 3 个角度构建柳杉核心种质,该研究表明以平均值为半径的圆中构建核心种质资源的方法是可取的。因此,本研究参考 Miyamoto 等^[14]构建方法,探究基于表型性状利用地理角度抽样构建材用云南松核心种质的合理性,利用遗传多样性指数、评价指标及主成分分析等常规核心种质评价方法。结果表明,该核心种质与 Miyamoto 等^[14]研究结果相似,样株分布较为集中,能够代表原种质的表型遗传多样性,其各项分析均符合核心种质构建要求。

郑福顺等^[4]和于晓池等^[13]表明核心种质构建方法的重点是对种质合理分组及取样策略,不同遗传距离也会影响聚类结果。因此,利用改进的最小距离逐步取样法中首要问题是种质资源的分组及抽样策略。前人研究表明,地理分组是常见的分组方法,如孙永强等^[5]和陈存等^[25]表明基于种源地理信息结合种质表型遗传特征对原始种质进行分组构建的核心种质更具代表性。通常采用不同聚类方法结合不同取样方法^[3-6,23],前人研究^[3,23,29]表明,改进的最小距离逐步取样是聚类结束后,删除该组内遗传距离最小的样株,故改进的最小距离逐步取样法比最小距离逐步取样、随机取样的方法效果更佳。彭枫等^[8]和于晓池等^[13]研究表明遗传距离是度量样本间遗传相似性的综合数量指标,常用遗传距离为欧式距离和马氏距离^[5],而欧式距离是基于表型数量性状,不受量纲影响,故多项研究表明欧式距离优于马氏距离^[5,8,13]。本研究在汪磊等^[7]和王晓丽等^[23]研究结果上,依据材用云南松地理种群特征进行种质分组,组内取样量采用多样性指数法,遗传距离采用欧式距离,采用不加权类平均法进行聚类分析,利用改进的最小距离逐步取样法筛选种质子集样株,结果显示,该方法最佳抽样为 20% 的种质子集,该种质子集优于其余 4 个种质子集,更符合核心种质构建的要求,还提高了原种质的变异系数,且种

质子集样株较少,这与刘德浩等^[3]、汪磊等^[7]、王晓丽等^[23]和章秋平等^[29]的研究结果一致。

3.2 基于表型性状构建林木核心种质的取样规模

大多学者认为抽样规模是核心种质构建重要的一部分,如果取样规模较少,这会导致构建的种质集缺乏异质性、代表性;如果取样规模过多,又不能较好地去除遗传冗余^[15]。陈存等^[25]认为木本植物的取样比例则在 10%~45% 之间,而大部分学者认为 10%~30% 取样比例效果比较好^[30-32]。彭枫等^[8]结果表明以菠菜原种质 15% 取样比例最佳,侯志强等^[6]采用 20% 取样比例菊芋构建核心种质最优,张欢等^[16]确定 45% 取样比例适宜水青树核心构建,曾钦滕等^[15]以 50% 抽样比例构建贵州核桃核心种质资源。本研究利用地理角度抽样与改进的最小距离逐步取样法构建不同抽样比例种质子集,其构建的种质子集抽样占比分别为 28% 和 20%,本研究构建的材用云南松核心种质取样比例均符合大多数学者的取样比例。

3.3 基于表型性状构建林木核心种质的代表性评价

对原种质与构建的种质子集进行均值 t 检验、方差 F 检验能初步了解构建的种质子集是否具有异质性、代表性。 t 检验结果表明,2 种构建策略所构建的种质子集与原种质均值间均无显著差异,说明两者在表型性状上频率相近,故从 t 检验结果角度看,这 5 个种质子集均可代表原种质,这与孙永强等^[5]、曾钦滕等^[15]和赵立民等^[31]构建核心种质结果相似。方差 F 检验结果表明,改进的最小距离逐步取样法选取 10%、20%、30%、40% 抽样,分别有 12,15,14,11 个性状与原种质 18 个性状有显著差异;地理角度抽样有 15 个性状与原种质 18 个性状有显著差异。因此,这 5 个抽样比例均能够更好地代表原种质的表型遗传多样性,也具有较强异质性,不同构建策略的 F 检验结果与孙永强等^[5]和章秋平等^[29]的研究结果相似,而与赵立民等^[31]研究结果表明,对 13 个性状进行 F 检验仅 3 个性状呈差异显著,这说明本研究构建的种质子集更具有异质性。

遗传多样性指数反映种质表型多样性特征,表现原种质与核心种质各表型性状频率分布特点^[12]。多样性指数越小,反映构建的种质子集中有个别性状占比较大,即核心种质表型性状间等级分布不均匀;反之,多样性指数越大,则表明构建的种质子集的表型性状等级分布均匀。因此,地理角度构建的种质子集中性状等级主要分布于平均值附近,其遗

传多样性指数总体略高于原种质,保留原种质基本表型性状变异,与原种质无明显差异;而基于改进的最小距离逐步取样法构建的4个种质子集中性状等级分布均匀,其中20%抽样比例的多样性指数高于其余3个种质,且高于地理角度的多样性指数,显著大于原种质,获得了表型性状更均匀的种质子集。

大多数学者对核心种质评价常采用Hu等^[26]提出的4个评价指标,即均值差异百分率(MD)、方差差异百分率(VD)、极差符合率(CR)和变异系数变化率(VR);核心种质满足CR大于80%和MD小于20%这2个要求时,当MD越小,VD、CR和VR越大,表明其代表性和多样性越好^[12,25,32]。本研究利用改进的最小距离逐步取样法选取的4个抽样中,20%抽样比例MD较小,为6.363%,VR最大,为124.448%,VD最大,为83.333%,CR为91.099%,种质子集样株相比其余3个种质而言,能够更好地代表原种质的表型遗传多样性。而地理角度抽样MD最小,为3.921%,VR最小,为99.482%,CR最小,为82.207%,VD最大,为83.333%,符合构建要求,但该种质子集在构建效果上劣于20%抽样比例构建的种质子集。综合分析不同构建策略构建的种质子集,20%抽样较地理角度抽样获得更大的变异,均符合核心种质构建的要求,这与刘德浩等^[3]、彭枫等^[8]、陈存等^[25]的研究结果相似,且符合Hu等^[26]提出的评价指标要求。

主成分分析用于比较原种质于核心种质的表型性状的分布特征^[12]。对原种质、20%抽样比例和地理角度抽样种质子集的表型性状均提取了特征值大于1的7个主成分,其累计贡献率分别为79.376%、83.539%、82.163%,这表明不同策略构建的2个核心种质均能够解释表型遗传信息大于原种质。20%

抽样比例的156株材用云南松核心种质样株分布散点图显示,该核心种质包含了原种质的整个分布范围,降低了原种质重叠部分,从而去除了遗传冗余,这与孙永强等^[5]、曾钦滕等^[15]和陈存等^[25]的研究结果一致;而地理角度构建219株材用云南松核心种质样株较为集中的分布在不同经度、纬度的气候性地带,基本包含了不同气候、海拔条件下云南松种质资源。

4 结 论

研究基于780份材用云南松18个表型性状,利用地理角度以抽样比例为28%筛选219株材用云南松核心种质;改进的最小距离逐步取样法筛选出最佳抽样为20%的156株样株。*t*检验表明,这2种构建策略筛选的核心种质与原种质无显著差异;*F*检验结果表明,2个核心种质均有15个性状呈显著差异,具有较好异质性;20%抽样比例的遗传多样性指数高于地理角度的多样性指数,显著大于原种质,获得了表型性状更均匀的种质子集,而地理角度多样性指数与原种质无显著差异,这2个核心种质解释的表型遗传信息大于原种质,20%抽样比例的核心种质样株包含原种质的整个分布范围,而地理角度抽样核心种质分布比较集中。因此,对这2种构建效果综合评价与验证表明,2种策略构建结果均可代表材用云南松原种质的表型遗传多样性,但地理角度构建的种质子集更便于收集种质资源,在种质资源保存和更新方面更具有优势,减少了成本,可为材用云南松种质资源保存和优良种质选育提供科学方法,同时也为其他种质资源构建提供一种思路。

参考文献:

[1] 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: George Allen and Unwin, 1984: 161-170.

[2] 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.

LI Y X, LI H Y, HU G H, et al. Construction and utilization of applied core collection in maize[J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2023, 24(4): 911-916.

[3] 刘德浩, 张方秋, 张卫华. 基于地理种源分组和表型数据构建尾叶桉核心种质[J]. 西南林业大学学报, 2013, 33(5): 1-8.

LIU D H, ZHANG F Q, ZHANG W H. Establishment of *Eucalyptus urophylla* core collection based on geographical distribution and phenotypic data[J]. *Journal of Southwest Forestry University*, 2013, 33(5): 1-8.

[4] 郑福顺, 王晓敏, 李国花, 等. 基于表型性状的宁夏番茄种质资源核心种质构建[J]. 浙江大学学报(农业与生命科学版), 2021, 47(2): 171-181.

ZHENG F S, WANG X M, LI G H, et al. Core collection

- construction of Ningxia tomato germplasm resources based on phenotypic traits[J]. *Journal of Zhejiang University (Agriculture and Life Sciences)*, 2021, 47(2): 171-181.
- [5] 孙永强, 陈建华, 张剑, 等. 基于表型性状的西伯利亚杏核心种质构建[J]. 沈阳农业大学学报, 2022, 53(1): 43-54.
SUN Y Q, CHEN J H, ZHANG J, *et al.* Construction a core collection of *Armeniaca sibirica* based on phenotypic traits[J]. *Journal of Shenyang Agricultural University*, 2022, 53(1): 43-54.
- [6] 侯志强, 王丽慧, 赵孟良, 等. 基于表型数据的菊芋核心种质初步构建[J]. 分子植物育种, 2021, 19(10): 3463-3472.
HOU Z Q, WANG L H, ZHAO M L, *et al.* Preliminary construction of core collection of Jerusalem artichoke based on phenotypic data [J]. *Molecular Plant Breeding*, 2021, 19(10): 3463-3472.
- [7] 汪磊, 王姣梅, 汪魏, 等. 基于表型多样性构建向日葵核心种质[J]. 中国油料作物学报, 2021, 43(6): 1052-1060.
WANG L, WANG J M, WANG W, *et al.* Development of a core collection in sunflower (*Helianthus annuus* L.) germplasm using phenotypic diversity[J]. *Chinese Journal of Oil Crop Sciences*, 2021, 43(6): 1052-1060.
- [8] 彭枫, 李阳, 戴雨柔, 等. 基于表型性状的菠菜核心种质构建[J]. 上海师范大学学报(自然科学版), 2022, 51(1): 9-19.
PENG F, LI Y, DAI Y R, *et al.* Construction of spinach's core germplasms based on its phenotypic traits[J]. *Journal of Shanghai Normal University (Natural Sciences)*, 2022, 51(1): 9-19.
- [9] 李金龙, 范昱, 赵梦雨, 等. 基于表型性状和 SSR 分子标记构建甜芥初级核心种质[J]. 植物遗传资源学报, 2021, 22(5): 1240-1247.
LI J L, FAN Y, ZHAO M Y, *et al.* Construction of primary core collection of buckwheat germplasm resources based on phenotypic traits and SSR[J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2021, 22(5): 1240-1247.
- [10] 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.
CHEN Y H, TANG C C, ZHANG X J, *et al.* Construction of core collection of sweetpotato based on phenotypic traits and SSR markers[J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2023, 49(5): 1249-1261.
- [11] 杨汉波, 张蕊, 王帮顺, 等. 基于 SSR 标记的木荷核心种质构建[J]. 林业科学, 2017, 53(6): 37-46.
YANG H B, ZHANG R, WANG B S, *et al.* Construction of core collection of *Schima superba* based on SSR molecular markers[J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2017, 53(6): 37-46.
- [12] 李洪果, 段润梅, 覃坚, 等. 基于表型及经济性状构建蒜头果初选核心种质[J]. 西北植物学报, 2023, 43(8): 1396-1404.
LI H G, DUAN R M, QIN J, *et al.* Construction of primary core collection of *Malania oleifera* based on phenotypic and economic traits[J]. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2023, 43(8): 1396-1404.
- [13] 于晓池, 李凤, 欧阳, 等. 基于表型的灰楸核心种质构建[J]. 林业科学研究, 2021, 34(6): 38-45.
YU X C, LI F, OU Y, *et al.* Construction of core collection of *Catalpa fargesii* Bur. based on phenotype[J]. *Forest Research*, 2021, 34(6): 38-45.
- [14] MIYAMOTO N, ONO M, WATANABE A. Construction of a core collection and evaluation of genetic resources for *Cryptomeria japonica* (Japanese cedar)[J]. *Journal of Forest Research*, 2015, 20(1): 186-196.
- [15] 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.
ZENG Q M, ZENG Y J, CHEN S Q, *et al.* Study on screening and construction of Guizhou walnut core collection[J]. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2022, 42(5): 865-873.
- [16] 张欢, 王东, 段帆, 等. 基于水青树叶表型性状的核心种质资源库构建策略[J]. 林业科学研究, 2019, 32(2): 166-173.
ZHANG H, WANG D, DUAN F, *et al.* Construction strategy of core collection based on leaf phenotypic traits of *Tetracentron sinense*[J]. *Forest Research*, 2019, 32(2): 166-173.
- [17] 王丹, 李江飞, 李亚麒, 等. 不同苗龄云南松异速生长及其表型可塑性[J]. 中南林业科技大学学报, 2022, 42(1): 36-44.
WANG D, LI J F, LI Y Q, *et al.* Allometric growth and phenotypic plasticity of *Pinus yunnanensis* at different seedling ages[J]. *Journal of Central South University of Forestry & Technology*, 2022, 42(1): 36-44.
- [18] 《中国森林》编辑委员会. 中国森林:第 2 卷(针叶林)[M]. 北京: 中国林业出版社, 1999: 971-985.
- [19] 云南森林编写委员会. 云南森林[M]. 昆明: 云南科技出版社, 1986: 125-153.
- [20] 常恩福, 孟广涛, 肖桂英, 等. 22 年生云南松优良家系子代遗传变异分析[J]. 种子, 2020, 39(11): 5-10.
CHANG E F, MENG G T, XIAO G Y, *et al.* Analysis of genetic variation in 22-year-old *Pinus yunnanensis* progenies from superior families[J]. *Seed*, 2020, 39(11): 5-10.
- [21] 陈诗, 陈林, 唐军荣, 等. 云南松不同等级苗木的生物量分配及其异速生长[J]. 四川农业大学学报, 2023, 41(2): 209-216.
CHEN S, CHEN L, TANG J R, *et al.* Biomass allocation and allometric growth of *Pinus yunnanensis* seedlings of different classes[J]. *Journal of Sichuan Agricultural University*, 2023, 41(2): 209-216.

- [22] 邓喜庆, 皇宝林, 温庆忠, 等. 云南松林在云南的分布研究[J]. 云南大学学报(自然科学版), 2013, 35(6): 843-848.
DENG X Q, HUANG B L, WEN Q Z, *et al.* A research on the distribution of *Pinus yunnanensis* forest in Yunnan Province[J]. *Journal of Yunnan University* (Natural Sciences Edition), 2013, 35(6): 843-848.
- [23] 王晓丽, 高成杰, 李昆. 云南松材用种质保存库的构建策略及检验[J]. 植物资源与环境学报, 2019, 28(1): 105-114.
WANG X L, GAO C J, LI K. Construction strategy and verification of timber-used germplasm conservation bank of *Pinus yunnanensis*[J]. *Journal of Plant Resources and Environment*, 2019, 28(1): 105-114.
- [24] 王晓丽, 高成杰, 李昆. 基于 SRAP 分子标记的材用云南松种质保存库构建策略[J]. 植物科学学报, 2019, 37(2): 211-220.
WANG X L, GAO C J, LI K. Strategy for constructing *Pinus yunnanensis* germplasm bank for timber based on the SRAP molecular marker[J]. *Plant Science Journal*, 2019, 37(2): 211-220.
- [25] 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.
CHEN C, DING C J, HUANG Q J, *et al.* Construction of phenotypic core collection of *Populus deltoides* [J]. *Forest Research*, 2021, 34(2): 1-11.
- [26] HU J, ZHU J, XU H M. Methods of constructing core collections by stepwise clustering with three sampling strategies based on the genotypic values of crops[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2000, 101(1): 264-268.
- [27] JARVIS A, WILLIAMS K, WILLIAMS D, *et al.* Use of GIS for optimizing a collecting mission for a rare wild pepper (*Capsicum flexuosum* Sendtn.) in Paraguay[J]. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 2005, 52(6): 671-682.
- [28] GEPTS P. Plant genetic resources conservation and utilization: The accomplishments and future of a societal insurance policy[J]. *Crop Science*, 2006, 46(5): 2278-2292.
- [29] 章秋平, 刘威生, 刘宁, 等. 普通杏(*Prunus armeniaca*)初级核心种质资源的构建及评价[J]. 果树学报, 2009, 26(6): 819-825.
ZHANG Q P, LIU W S, LIU N, *et al.* Establishment and evaluation of primary core collection of apricot (*Armeniaca vulgaris*) germplasm[J]. *Journal of Fruit Science*, 2009, 26(6): 819-825.
- [30] 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.
PENG C, FAN X P, SU X H, *et al.* Construction of core collection in southern type of *Populus deltoides* using SSR markers[J]. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2019, 39(2): 250-257.
- [31] 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.
ZHAO L M, LI J W, ZHANG F, *et al.* Construction of a core collection of spray cut *Chrysanthemum* based on phenotypic data[J]. *Acta Horticulturae Sinica*, 2022, 49(10): 2273-2284.
- [32] 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.
ZENG X J, LI D, HU Y P, *et al.* A preliminary study on construction of high-quality core collection of *Populus nigra* [J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2014, 50(9): 51-58.