

香椿核心种质构建及表型综合评价

戴健华^{1,2}, 范艳如¹, 刁姝¹, 殷恒福¹, 韩小娇¹, 刘军^{1*}

1 亚热带林业研究所, 中国林业科学研究院, 杭州, 311400, 中国

2 风景园林学院, 南京林业大学, 南京, 210037, 中国

*通讯作者: ywliu2005@163.com

摘要: 香椿是重要的“菜材”两用树种, 广泛分布于东亚和东南亚地区。建立有效的种质资源保存和利用机制, 对于加快香椿遗传改良进程至关重要。本研究共收集了 1040 份来自中国、英国、新西兰的香椿种质资源。通过总共 27040 个 SSR 分子标记, 我们分析了这些资源材料的遗传多样性和遗传结构, 并在此基础上构建了核心种质。此外, 利用主成分分析 (PCA) 和逼近理想解排序法 (TOPSIS) 建立了香椿表型的综合评价方法。我们最终获得了三个主要结果: 首先, 育种群体共有 1040 个单株, 有着丰富的遗传多样性, 可以分为两个遗传簇。其次, 基于 CoreHunter 3 软件, 本研究采用平均 entry-to-nearest-entry (E-NE) 算法进行筛选, 从候选群体中获得最佳的核心种质, 其包含 208 个单株, 占育种种群的 20%。最后, 根据入选核心种质的 8 个农艺性状, 我们建立了香椿表型综合评价方法。这种方法使我们能够筛选核心种质中表现最好的单株植物, 如 N0237、N0972 和 N0409。总体而言, 我们的研究成果将有助于更好地保存和利用香椿种质资源, 并加快香椿品种的改良。