

东北地区胡桃楸种质资源评价研究*

张秦徽, 赵曦阳* ...

(吉林农业大学林学与草学院, 长春 130118)

摘 要:本研究以中国东北地区多个群体及家系的胡桃楸为研究材料, 对其种实性状、叶片性状和生长性状等进行了评估, 并应用 EST-SSR 分子标记技术, 对不同胡桃楸群体的遗传多样性及其遗传结构进行了分析, 研究结果可为胡桃楸的种质资源保护和应用提供科学依据。结果表明, 种实表型和脂肪酸性状在不同群体及家系间存在显著差异 ($P < 0.01$); 种实表型和脂肪酸性状遗传变异系数分别为 6.45% ~ 22.71% 和 2.05% ~ 20.86%, 表型变异系数分别为 8.55% ~ 27.99% 和 8.57% ~ 28.45%; 大部分种实表型及脂肪酸性状之间具有显著相关性, 环境因子对种实表型的影响较弱, 但与部分脂肪酸性状显著相关; 聚类分析将 10 个胡桃楸群体分为 3 类; 主成分分析提取 4 个主成分, 累计贡献率分别为 90.36% 和 79.04%; 综合评价筛选出方正群体和辉南群体分别为种实表型和脂肪酸性状优良的群体, 以及 13 个种实表型优良的家系。各叶片性状在不同群体间差异显著 ($P < 0.01$); 遗传变异系数为 2.86% ~ 22.17%, 表型变异系数为 3.23% ~ 39.85%; 叶片性状之间显著相关, 如叶长与叶宽、叶面积显著正相关, 与叶干物质含量显著负相关; 叶片性状与环境因子也显著相关, 如胞间二氧化碳浓度与平均海拔正相关, 与无霜期负相关; 聚类分析将 17 个胡桃楸群体分为 3 类; 主成分分析提取 5 个主成分, 累计贡献率为 85.87%; 综合评价筛选出三岔子群体和方正群体为叶片性状优良的群体。以胡桃楸叶片、树皮和青皮的转录组数据为基础, 筛选出 15 对多态性高的 EST-SSR 引物, 不同位点平均等位基因数、期望杂合度和多态信息含量分别为 18.27、0.670 和 0.797; 15 个群体的等位基因数、期望杂合度和香农信息指数平均值分别为 6.993、0.670 和 1.455, 其中琿春群体的遗传多样性较高, 黑河群体较低; 基于 STRUCTURE 分析、邻接法聚类分析和主坐标分析, 将 343 份胡桃楸个体分为 3 类: 长白山地区、完达山地区和小兴安岭地区; 分子方差分析显示群体内遗传变异占 83.78%, 群体间占 16.22%, 表明群体内遗传分化大于群体间; 群体间遗传分化系数和基因流平均值分别为 0.109 和 4.063, 显示中等程度的遗传分化和基因流水平。在生长性状中, 除分枝角和平均轮枝数外, 其他生长性状在不同群体及家系间差异显著 ($P < 0.01$); 遗传变异系数为 8.29% (分枝角) ~ 20.54% (平均冠幅), 表型变异系数为 13.89% (尖削度) ~ 30.32% (平均冠幅); 除通直度外, 其他性状家系遗传力均超过 0.5; 树高、地径和平均冠幅性状间相关性较强, 相关系数超过 0.7, 其他性状间相关性较弱; 尖削度与年均降雨量显著正相关 ($r = 0.69$), 平均轮枝数与年均日照时数显著负相关 ($r = 0.67$); 聚类分析将 10 个胡桃楸群体分为 3 类, 主成分分析结果用于计算综合评价得分, 筛选出 1 个优良群体和 7 个优良家系。