

板栗主栽品种的遗传多样性及其亲缘关系分析

暴朝霞 黄宏文*

(中国科学院武汉植物研究所, 武汉 430074)

摘要: 采用 9 个酶系统的 15 个同工酶位点, 对 89 个板栗品种进行了遗传多样性分析, 并以品种间的遗传距离构建 UPGMA 聚类图, 鉴别板栗品种和评价它们之间的遗传关系。结果表明: (1) 我国板栗主要产区遗传多样性较高, 如浙江、山东、湖北和江苏省; (2) 在供试的 89 个板栗品种中, 除 5 个品种外, 其它均可用多位点同工酶对其作专一性鉴定; (3) 基于品种间等位酶遗传距离的 UPGMA 聚类图将山东、湖北、江苏以及河南的大部分板栗品种分别聚在一起, 体现了在遗传构成上同地域的板栗品种具有遗传关系相近的特征。

关键词: 板栗; 同工酶; 遗传多样性; 品种鉴定; 聚类分析

中图分类号: S 664.2 文献标识码: A 文章编号: 0513-353X (2002) 01-0013-07

板栗 (*Castanea mollissima* Blume) 是我国最早栽培利用的果树之一, 分布地域广, 品种资源丰富, 全国约有 300 个栽培品种。随着近代大规模的商业生产, 异地间品种交换频繁, 加之长期以来我国板栗品种缺乏有效的登记管理, 因而造成了品种资源的混乱。同时, 目前国际上基于形态描述的品种登记方法由于本身存在精确性差等问题, 也多以遗传指纹法作为补充。近年来同工酶技术已用于欧洲栗、日本栗、美洲栗及种间杂种的鉴别和地方栗品种的比较研究^[1~5], 我国对栗属植物的野生居群也有较深入的研究^[6], 但对丰富的板栗品种研究甚少。本研究目的是: (1) 研究板栗品种的遗传多样性; (2) 利用同工酶技术鉴别板栗品种; (3) 探明板栗品种间的遗传关系, 为板栗品种资源的保存和利用提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

所有试验材料 (表 1) 于 1999 年 3 月采自湖北省京山县虎爪山林场板栗品种资源圃 (该圃建于 1989 年, 大多数品种引自山东泰安国家板栗种质资源圃)。采集树冠外围具有休眠芽的生长健壮的 1 年生枝条, 用潮湿的报纸包裹, 外面套以塑料膜保湿, 于第 2 天运至武汉植物研究所实验室, 在 4℃ 冰箱中保存, 以休眠芽为试材提取同工酶^[5]。

1.2 电泳和同工酶染色

参照 Huang 等^[5]报道的方法制备提取缓冲液, 同工酶电泳采用 Mulcahy 等^[7]的等电聚焦技术, 并参照 Huang 等^[5]报道的改进方法。同工酶染色采用缩减 1/2 量的 Wendel 等^[8]配方。分析 9 个酶系统: ACP (酸性磷酸酶 E. C. 3. 1. 3. 2)、PRX (过氧化物酶 E. C. 1. 11. 1. 7)、EST (酯酶 E. C. 3. 1. 1. -)、DIA (还原型辅酶 1 心肌黄酶 E. C. 1. 6. 2. 2)、SKD (莽草酸脱氢酶 E. C. 1. 1. 1. 25)、ME (苹果酸酶 E. C. 1. 1. 1. 40)、MDH (苹果酸脱氢酶 E. C. 1. 1. 1. 37)、IDH (异柠檬酸脱氢酶 E. C. 1. 1. 1. 42)、PGM (磷酸葡萄糖变位酶 E. C. 5. 4. 2. 2)。

1.3 同工酶位点和数据分析

同工酶位点确定参照 Huang 等^[5]以及郎萍等^[6]经过遗传分析确定的 15 个同工酶基因位点, 即

收稿日期: 2001-05-09; 修回日期: 2001-07-09

基金项目: 国家重点基础研究发展规划项目 (G2000046806)

* 通讯作者 (Author for correspondence)。

Aqp-2, *Aqp-3*, *Dia-1*, *Dia-2*, *Dia-3*, *Dia-4*, *Est-1*, *Est-2*, *Idh-1*, *Mdh-2*, *Me-1*, *Pgm-1*, *Prx-1*, *Prx-2*, *Skd-4*。用 Biosys-1 软件^[9]计算等位基因平均数 (A)、多态位点比率 (P)、平均观察杂合度 (Ho)、平均预期杂合度 (He) 以及 Nei (1972) 的遗传距离 (D) 和遗传一致度 (I), 对得到的 89 个品种的遗传距离矩阵, 运用 NTSYS 软件^[10]进行 UPGMA 聚类分析。

2 结果与分析

2.1 板栗栽培品种的遗传多样性及分布格局

对 89 个板栗品种的遗传多样性分析结果表明, 遗传多样性最高的是山东的郯城 207 和浙江的金华 2 号、金华 3 号, 其等位基因平均数 (A)、多态位点比率 (P)、杂合度 (H) 分别为 1.7、66.7%、0.667; 遗传多样性最低的是江苏的焦扎, 3 个指标分别为 1.2、20%、0.200 (详见表 1)。

表 1 板栗品种的遗传变异
Table 1 Genetic variability of Chinese chestnut cultivars

编号 No.	品 种 Cultivar	引种地 Introduction site	等位基因平均数 Mean number of alleles per locus (A)	多态位点比率 Percentage of polymorphic loci (P)	平均观察杂合度 Mean observed heterozygosity (Ho)
11	郯城 207 Tancheng No. 207	山东郯城 Shandong tancheng	1.7 (0.1)	66.7	0.667 (0.126)
44	金华 2 号 Jinhua No. 2	浙江金华 Zhejiang jinhua	1.7 (0.1)	66.7	0.667 (0.126)
45	金华 3 号 Jinhua No. 3	浙江金华 Zhejiang jinhua	1.7 (0.1)	66.7	0.667 (0.126)
5	后韩庄 20 Houhanzhuang No. 20	河北迁西 Hebei qianxi	1.6 (0.1)	60.0	0.600 (0.131)
31	棧湾栗 Chawanli	江苏吴县 Jiangsu wuxian	1.6 (0.1)	60.0	0.600 (0.131)
35	大底青 Dadiqing	江苏宜兴 Jiangsu yixing	1.6 (0.1)	60.0	0.600 (0.131)
75	广德大红袍 Guangde dahongpao	安徽广德 Anhui guangle	1.6 (0.1)	60.0	0.600 (0.131)
53	铁壳栗 Tiekeli	湖北京山 Hubei jingshan	1.6 (0.1)	60.0	0.600 (0.131)
56	六月暴 Liuyuebao	湖北罗田 Hubei luotian	1.6 (0.1)	60.0	0.600 (0.131)
64	大果中迟栗 Daguo zhongchili	湖北 Hubei	1.6 (0.1)	60.0	0.600 (0.131)
65	罗田早栗 Luotian zaoli	湖北罗田 Hubei luotian	1.6 (0.1)	60.0	0.600 (0.131)
6	3113	河北迁西 Hebei qianxi	1.6 (0.1)	60.0	0.600 (0.131)
3	燕山红栗 Yanshan hongli	北京昌平 Beijing changping	1.5 (0.1)	53.3	0.533 (0.133)
7	玉 丰 Yufeng	山东烟台 Shandong yantai	1.5 (0.1)	53.3	0.533 (0.133)
10	杂- 18 Za No. 18	山东泰安 Shandong taian	1.5 (0.1)	53.3	0.533 (0.133)
12	东 丰 Dongfeng	山东烟台 Shandong yantai	1.5 (0.1)	53.3	0.533 (0.133)
14	红 栗 Hongli	山东泰安 Shandong taian	1.5 (0.1)	53.3	0.533 (0.133)
19	海 丰 Haifeng	山东海阳 Shandong haiyang	1.5 (0.1)	53.3	0.533 (0.133)
67	迟栗子 Chilizhi	安徽广德 Anhui guangle	1.5 (0.1)	53.3	0.533 (0.133)
69	九月寒 Jiuyuehan	安徽 Anhui	1.5 (0.1)	53.3	0.533 (0.133)
43	金华 1 号 Jinhua No. 1	浙江金华 Zhejiang jinhua	1.5 (0.1)	53.3	0.533 (0.133)
46	魁 栗 Zhejiangkuili	浙江 Zhejiang	1.5 (0.1)	53.3	0.533 (0.133)
82	开城早栗 Kaicheng zaoli	朝鲜 Korea	1.5 (0.1)	53.3	0.533 (0.133)
89	AU-Homestead	美国 USA	1.5 (0.1)	53.3	0.533 (0.133)
1	辛庄 2 号 Xinzhuang No. 2	北京昌平 Beijing changping	1.5 (0.1)	46.7	0.467 (0.133)
2	南庄 2 号 Nanzhuang No. 2	北京昌平 Beijing changping	1.5 (0.1)	46.7	0.467 (0.133)
8	红 光 Hongguang	山东莱西 Shandong laixi	1.5 (0.1)	46.7	0.467 (0.133)
13	宋家早 Songjiazao	山东泰安 Shandong taian	1.5 (0.1)	46.7	0.467 (0.133)
16	尖顶油栗 Jianding youli	山东郑县 Shandong zhengxian	1.5 (0.1)	46.7	0.467 (0.133)
17	莱西大油栗 Laixi dayouli	山东莱西 Shandong laixi	1.5 (0.1)	46.7	0.467 (0.133)
18	金 丰 Jinfeng	山东泰安 Shandong taian	1.5 (0.1)	46.7	0.467 (0.133)
21	高店 9 号 Gaodian No. 9	河南罗山 Henan luoshan	1.5 (0.1)	46.7	0.467 (0.133)
22	确山软栗 Queshan ruanli	河南确山 Henan queshan	1.5 (0.1)	46.7	0.467 (0.133)
26	山店大板栗 Shandian dahanli	河南罗山 Henan luoshan	1.5 (0.1)	46.7	0.467 (0.133)
29	大叶软扎 Daye nuanzha	江苏宜兴 Jiangsu yixing	1.5 (0.1)	46.7	0.467 (0.133)
30	九家种 Jiujiazhong	江苏洞庭山 Jiangsu dongtingshan	1.5 (0.1)	46.7	0.467 (0.133)
32	黄毛软扎 Huangmao nuanzha	江苏宜兴 Jiangsu yixing	1.5 (0.1)	46.7	0.467 (0.133)

(续表 1)

编号 No.	品 种 Cultivar	引种地 Introduction site	等位基因平均数 Mean number of alleles per locus (A)	多态位点比率 Percentage of polymorphic loci (P)	平均观察杂合度 Mean observed heterozygosity (Ho)
40	千 扎 Qianzha	江苏宜兴 Jiangsu yixing	1.5 (0.1)	46.7	0.467 (0.133)
34	青毛软扎 Qingmao nuanzha	江苏宜兴、溧阳 Jiangsu yixing, liyang	1.5 (0.1)	46.7	0.467 (0.133)
66	舒城大红袍 Shucheng dahongpao	安徽舒城 Anhui shucheng	1.5 (0.1)	46.7	0.467 (0.133)
68	蜜蜂球 Mifengqiu	安徽舒城 Anhui shucheng	1.5 (0.1)	46.7	0.467 (0.133)
72	大油栗 Dayouli	安徽广德 Anhui guangde	1.5 (0.1)	46.7	0.467 (0.133)
50	浅刺红毛早 Qianci hongmaozao	湖北京山 Hubei jingshan	1.5 (0.1)	46.7	0.467 (0.133)
54	深刺大板栗 Shenci dabanli	湖北京山 Hubei jingshan	1.5 (0.1)	46.7	0.467 (0.133)
55	深壳油栗 Shenke youli	湖北罗田 Hubei luotian	1.5 (0.1)	46.7	0.467 (0.133)
61	中迟栗 Zhongchili	湖北罗田 Hubei luotian	1.5 (0.1)	46.7	0.467 (0.133)
62	大肚子 Daduzi	湖北京山 Hubei jingshan	1.5 (0.1)	46.7	0.467 (0.133)
79	同安 747 Tongan 747	广西 Guangxi	1.5 (0.1)	46.7	0.467 (0.133)
88	AU-Cropper	美国 USA	1.5 (0.1)	46.7	0.467 (0.133)
4	燕 昌 Yanchang	河北 Hebei	1.4 (0.1)	40.0	0.400 (0.131)
9	枣 林 13 ZaoLin No. 13	山东乳山 Shandong rushan	1.4 (0.1)	40.0	0.400 (0.131)
20	谷堆栗 Guduli	河南林县 Henan linxian	1.4 (0.1)	40.0	0.400 (0.131)
27	处暑红 Chushuhong	江苏 Jiangsu	1.4 (0.1)	40.0	0.400 (0.131)
33	重阳蒲 Chongyangpu	江苏宜兴、溧阳 Jiangsu yixing, liyang	1.4 (0.1)	40.0	0.400 (0.131)
71	二水早 Ershuizao	安徽舒城 Anhui shucheng	1.4 (0.1)	40.0	0.400 (0.131)
73	新杭迟栗 Xinhang chili	安徽新杭 Anhui xinhang	1.4 (0.1)	40.0	0.400 (0.131)
51	白毛早 Baimaozao	湖北京山 Hubei jingshan	1.4 (0.1)	40.0	0.400 (0.131)
52	浅刺大板栗 Qianci dabanli	湖北京山 Hubei jingshan	1.4 (0.1)	40.0	0.400 (0.131)
57	青毛早 Qingmaozao	湖北京山 Hubei jingshan	1.4 (0.1)	40.0	0.400 (0.131)
63	深刺红毛早 Shenci hongmaozao	湖北京山 Hubei jingshan	1.4 (0.1)	40.0	0.400 (0.131)
78	中果红皮栗 Zhongguo hongpili	广西 Guangxi	1.4 (0.1)	40.0	0.400 (0.131)
81	2581	山东 Shandong	1.4 (0.1)	40.0	0.400 (0.131)
80	柞板 11号 Zhaban No. 11	陕西柞水 Shanxi zhashui	1.4 (0.1)	40.0	0.400 (0.131)
86	AU 17	美国 USA	1.4 (0.1)	40.0	0.400 (0.131)
15	石 丰 Shifeng	山东海阳 Shandong haiyang	1.3 (0.1)	33.3	0.333 (0.126)
23	晚薄壳 Wanboke	山东泰安 Shandong taian	1.3 (0.1)	33.3	0.333 (0.126)
28	陈果 1号 Chenguo No. 1	江苏 Jiangsu	1.3 (0.1)	33.3	0.333 (0.126)
38	铁粒头 Tielitou	江苏宜兴 Jiangsu yixing	1.3 (0.1)	33.3	0.333 (0.126)
39	宜兴大红袍 Yixing dahongpao	江苏宜兴 Jiangsu yixing	1.3 (0.1)	33.3	0.333 (0.126)
48	小迟栗 Xiaochili	湖北罗田 Hubei luotian	1.3 (0.1)	33.3	0.333 (0.126)
49	桂花香 Guihuaxiang	湖北罗田 Hubei luotian	1.3 (0.1)	33.3	0.333 (0.126)
59	重阳栗 Chongyangli	湖北京山 Hubei jingshan	1.3 (0.1)	33.3	0.333 (0.126)
77	九 佳 Jiujia	江西峡江 Jiangxi xiajiang	1.3 (0.1)	33.3	0.333 (0.126)
47	大红栗 Dahongli	浙江金华 Zhejiang jinhua	1.3 (0.1)	33.3	0.333 (0.126)
83	兔山 60号 Tushan No. 60	朝鲜 Korea	1.3 (0.1)	33.3	0.333 (0.126)
87	AU 60	美国 USA	1.3 (0.1)	33.3	0.333 (0.126)
42	魁 栗 Jiansukuili	江苏宜兴 Jiangsu yixing	1.3 (0.1)	33.3	0.333 (0.126)
24	豫罗红 Yuluohong	河南罗山 Henan luoshan	1.3 (0.1)	26.7	0.267 (0.118)
25	689	河南罗山 Henan luoshan	1.3 (0.1)	26.7	0.267 (0.118)
36	短 扎 Duanzha	江苏宜兴、溧阳 Jiangsu yixing, liyang	1.3 (0.1)	26.7	0.267 (0.118)
41	毛板红 Maobanhong	江苏宜兴 Jiangsu yixing	1.3 (0.1)	26.7	0.267 (0.118)
74	粘底版 Nian diba	安徽舒城 Anhui shucheng	1.3 (0.1)	26.7	0.267 (0.118)
70	叶里藏 Yelican	安徽舒城 Anhui shucheng	1.3 (0.1)	26.7	0.267 (0.118)
58	闭口红 Bikouhong	湖北京山 Hubei jingshan	1.3 (0.1)	26.7	0.267 (0.118)
60	羊毛栗 Yangmaoli	湖北罗田 Hubei luotian	1.3 (0.1)	26.7	0.267 (0.118)
76	金坪矮垂栗 Jinping aichuili	江西峡县 Jiangxi xiaxian	1.3 (0.1)	26.7	0.267 (0.118)
84	兔山 9号 Tushan No. 9	朝鲜 Korea	1.3 (0.1)	26.7	0.267 (0.118)
85	仁新早栗 Renxin zaoli	朝鲜 Korea	1.3 (0.1)	26.7	0.267 (0.118)
37	焦 扎 Jiaozha	江苏宜兴、溧阳 Jiangsu yixing, liyang	1.2 (0.1)	20.0	0.200 (0.107)

注：括号内是标准差。Note: Standard errors in parentheses.

©1994-2010 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net

对我国板栗主要生产省份主栽品种群体进行遗传多样性分析结果表明 (表 2), 浙江板栗遗传多样性最高, 其等位基因平均数、多态位点比率、平均预期杂合度分别为 1.9、86.7%、0.390; 其次为山东、湖北、江苏, 反映出这些地区丰富的品种资源中蕴涵着广泛的遗传变异。

板栗栽培品种群与野生居群相比 (表 3), 平均每个位点的等位基因数及多态位点比率均比野生居群低, 是品种选育过程中导致的某些稀有基因丢失和遗传多样性下降的客观反映^[11]。但是, 栽培品种群的遗传杂合度则比野生居群高, 这与栽培品种选育过程中的定向高度选择有关, 因为对品种产量、品质、抗逆性等方面的高度选择往往在总体遗传水平上体现出综合杂合度高。

表 2 板栗不同省份品种群体的遗传多样性
Table 2 Genetic variability of cultivar groups in different provinces

省 份 Province	品 种 数 Cultivar number (N)	等位基因平均数 Mean number of alleles per locus (A)	多态位点比率 Percentage of polymorphic loci (P)	平均观察杂合度 Mean observed heterozygosity (Ho)	平均预期杂合度 Mean expected heterozygosity (He)
浙江 Zhejiang	5	1.9 (0.1)	86.7	0.547 (0.090)	0.390 (0.051)
山东 Shandong	14	1.9 (0.1)	86.7	0.486 (0.091)	0.326 (0.051)
湖北 Hubei	18	1.9 (0.1)	86.7	0.437 (0.080)	0.305 (0.047)
江苏 Jiangsu	16	1.9 (0.1)	86.7	0.396 (0.079)	0.297 (0.048)
河北 Hebei	6	1.8 (0.1)	80.0	0.511 (0.088)	0.356 (0.053)
河南 Henan	7	1.7 (0.1)	73.3	0.381 (0.091)	0.290 (0.054)
安徽 Anhui	10	1.7 (0.1)	66.7	0.440 (0.104)	0.289 (0.062)
美国 USA	4	1.5 (0.1)	53.3	0.433 (0.121)	0.271 (0.071)

注: 括号内是标准差。Note: Standard errors in parentheses.

表 3 板栗的遗传变异
Table 3 Genetic variability in *C. mollissima*

种 群 Population	品 种 数 Cultivar number (N)	等位基因平均数 Mean number of alleles per locus (A)	多态位点比率 Percentage of polymorphic loci (P)	平均观察杂合度 Mean observed heterozygosity (Ho)	平均预期杂合度 Mean expected heterozygosity (He)
栽培品种群 Cultivated population	89	1.9 (0.1)	86.7	0.437 (0.068)	0.325 (0.047)
野生居群 ^[6] Wild population	417	2.2 (0.2)	90.0	0.284 (0.028)	0.311 (0.028)

注: 括号内是标准差。Note: Standard errors in parentheses.

2.2 聚类分析

板栗品种的 UPGMA 聚类图分析结果表明 (图 1), 除朝鲜的兔山 9 号和仁新早栗; 湖北的六月暴、大果中迟栗和罗田早栗无法在聚类图上分开外, 其它品种均可得到专一性鉴别。

兔山 9 号和仁新早栗是湖北省农科院果茶研究所 1988 年从朝鲜引进的, 从嫁接后的形态特征观察资料^[12]来看, 二者极为相似, 可能为引种中品种混淆造成的同物异名所致。罗田早栗、六月暴和大果中迟栗的原产地均为湖北罗田^[13], 其中罗田早栗与六月暴为大果型早熟品种, 其形态特征相近, 在引种及栽培上容易混淆, 但大果中迟栗在形态特征上与二者有较大差异, 造成它们不能区分的原因有待进一步研究。

采用徐克学的结合线法^[14]进行聚组分析, 遗传距离 $D=0.133$ 临界线将所有参试品种分为七个组 (图 1)。第 I 组除所有供试安徽板栗外, 还包括一些其它地方的板栗; 第 II 组为杂合组; 第 II 组绝大部分为湖北板栗; 第 IV 组除湖北的中迟栗外, 均为山东板栗; 第 V 组大部分为江苏板栗; 第 V 组均为江苏板栗; 第 VI 组绝大部分为河南板栗。由此可见, 在参试的 89 个品种中有三分之二的品种按原产地聚类, 说明板栗品种间的亲缘关系与原产地有很大的相关性。由于板栗为雌雄异花风媒传粉植物, 同一地区中相互间授粉的机会多, 基因交换频繁, 品种的遗传基础趋于相似, 因而品种间具有较近的亲缘关系, 品种间遗传一致性较高。这与以前的研究结果^[15,16]一致。

另有约占总数三分之一的板栗品种没有按原产地聚类, 造成这种现象可能有以下原因: (1) 引种过程中混淆了原产地和引种地, 如九月寒。刘庆忠等^[17]提到九月寒为湖北罗田品种, 而肖正东等^[18]

则认为九月寒为安徽板栗资源。本研究的UPGMA 聚类图表明，本研究试材九月寒应归入安徽。（2）各地在引种过程中造成了同物异名、同名异物及错名现象，如九家种和魁栗。本研究中试材 42 号和 46 号均为魁栗，其中 42 号魁栗记录的原产地为江苏宜兴，46 号魁栗记录的原产地为浙江，二者在酶谱上有显著区别，遗传距离也较大，应是同名异物，并且浙江上虞魁栗在当地是传统主栽品种。有资料提到^[19]，在江苏，九家种也有被称为魁栗的。但从聚类图（图 1）来看，九家种和江苏魁栗之间的遗传距离为 0.135，不应该是同物异名。另外，据当地介绍，江苏洞庭西山的九家种有可能在起初并非出自一个株系，因此后来江苏又重新标定了石公九家为标准种。（3）对板栗资源研究不够，许多品种未进行过准确鉴定。

第Ⅱ组虽为杂合组，但在该组内进一步划分可看出，品种之间的亲缘关系聚类也有明显的地域趋势，如湖北的六月暴、大果中迟栗、罗田早栗和深刺大板栗聚在一起；美国的 AU-Homestead、AU-17 和 AU-Cropper 聚在一起；朝鲜的兔山 9 号、仁新早栗和兔山 60 号聚在一起；江苏的短扎、焦扎和宜兴大红袍也聚在一起。山东的红光栗、海丰、莱西大油栗，均源自莱西的实生单株，并且在聚类图上也显示了较近的亲缘关系。

3 讨论

3.1 板栗栽培品种间的关系

由于我国板栗品质优良，抗逆性强，因而世界各地都有从我国引种板栗的经历^[19]。朝鲜栗从形态来看是日本栗或中日栗的杂交种。在本研究中，供试朝鲜栗和板栗没有在种级水平聚类，而在种下与板栗品种聚在一起，表明其和板栗亲缘关系较近。朝鲜也确实有从我国引种板栗的历史。朝鲜的平壤栗就是在高丽朝时代从我国山东东部引种的板栗品种^[19]。因此朝鲜的兔山 9 号、仁新早栗、兔山 60 号和开城早栗有可能起源于中国，并且兔山 9 号、仁新早栗和兔山 60 号与山东石丰、江苏铁粒头遗传距离很小，可能它们具有共同的杂交起源。但它们究竟是板栗引种后选育出的品种还是中日杂交品种，有待继续研究。AU-Cropper、AU-Homestead、AU-17 和 AU-60 是 1935 年美国农业部（USDA）开展板栗抗疫病育种计划时，从中国引进的板栗种子经实生选择出的优良抗栗疫病品种及品系^[20]，AU-Cropper、AU-17 和 AU-Homestead 紧密聚在一起，并与河北迁西的 3113 表现出很近的亲缘关系，说明这几个品种的种源来自于当时我国同一地区，而且引

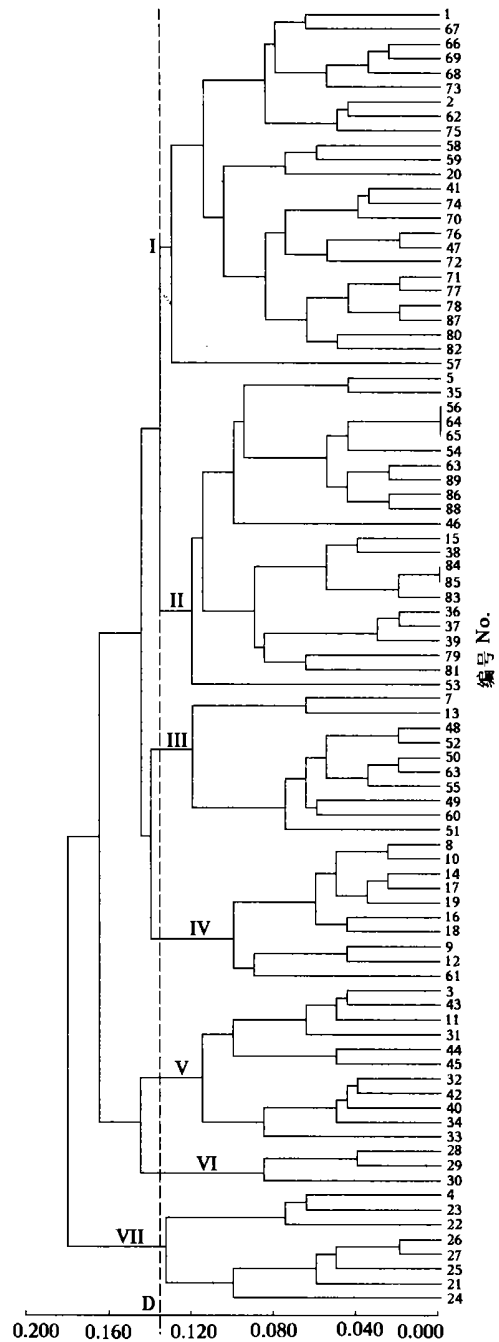


图1 基于 Nei (1972) 遗传距离的板栗 89 个品种 UPGMA 聚类 (编号品种名称见表 1)

Fig. 1 UPGMA dendrogram of allozyme genetic distance based on Nei's (1972) genetic distance among 89 Chinese chestnut cultivars (The cultivar No. and name see table 1)

自我国华北品种群中某个地方品种群体的可能性较大。

本研究中,大部分品种按照原产地聚类,还有一部分品种聚类较复杂,如湖北、河南、江苏、江西等地的部分品种聚在以安徽板栗为主的聚组中,这可能与安徽的地理位置有关,安徽与湖北、河南、江苏、江西相接壤,周边地区相似的自然条件、便利的品种交换条件以及历史上相似的社会经济条件和栽培耕种史,都会造成这些地区的品种在遗传组成上趋同。聚类图中的第Ⅱ组也较复杂,共涉及9个省的22个品种,各品种原产地差别较大,但大部分属于长江流域品种群,可能因为长江流域地区,品种最多,形态及生理特征变异最大,因而该区域的一些板栗品种遗传变异也较大;另外,该聚组的部分品种如后韩庄20、大底青、铁壳栗、六月暴、大果中迟栗等遗传多样性都较高,也可能是该聚组聚类较特殊的另外一个原因,有待进一步探究;同时该聚组可能还包括了一些区域间由天然杂交经人为选育出的品种。

3.2 板栗栽培品种的遗传多样性

我国板栗主要产区遗传多样性较高,如山东、江苏、湖北和浙江省。在遗传多样性的分布格局上,栽培品种群和野生居群既有相同又有不同的地方,郎萍等^[6]研究表明长江流域地区野生板栗的遗传多样性较高。本研究表明,长江流域的湖北、江苏板栗品种群遗传多样性较高,另外,山东、浙江板栗品种群的遗传多样性也较高,这些地区共同的特点就是板栗生产量大,品种资源丰富。湖北、江苏板栗品种群较高的遗传多样性除了与湖北、江苏丰富的栽培品种资源有关外,还可能来自该地区野生板栗丰富的遗传多样性。山东板栗品种群遗传多样性较高是因为山东板栗栽培历史悠久,过去长期采用实生繁殖,群体庞大,单株性状纷杂多样^[19];其次,品种类型变异较大,该品种群中大量为实生单株人工选优的产物,归根结底是性状各异的天然杂种^[21],还有极少数人工杂种^[22,23]造成了其遗传多样性。浙江板栗遗传多样性高可能还与浙江的生态地域有关,浙江板栗由浙西、浙中和浙南三大产区组成,各地自然条件、繁殖方式和品种资源各有特点,另外,浙江除板栗外,还有锥栗栽培,并且有板栗和锥栗的自然杂种^[19]。

我国板栗栽培历史悠久,品种繁多,分布广,本研究中的89个板栗品种只是其中的一部分,涉及的范围也有限,后续研究应增加试验的样品数,采集的样品应尽可能覆盖板栗的分布区域,同时,适当增加同工酶位点数,并且将同工酶技术与形态性状以及RAPD、RFLP、SSR等DNA标记相结合,进一步全面深入了解板栗品种的资源状况,为充分发掘和合理利用我国丰富而宝贵的板栗遗传资源提供依据。

参考文献:

- 1 Swano M, Ichii T, Nakanish T, et al. Study on identification of chestnut species and varieties by isozyme analysis. Sci. Rpt. Fac. Agr. Kobe. Univ., 1984, 16: 67~71
- 2 Pereir Lorenz S, Fernandes-Lopez J, Moreno Gonzalez J. Variability and grouping of northwestern Spanish chestnut cultivars, II isoenzyme traits. J. Amer. Soc. Hort. Sci., 1996, 121: 190~197
- 3 Fineschi S, Malvolti M E, Morgante M, et al. Allozyme variation within and among cultivated varieties of sweet chestnut (*Castanea sativa*). Can. J. For. Res., 1994, 24: 1160~1165
- 4 Muller-Stark G, Conedera M, Fineschi S. Genetic characterization of cultivated varieties of European chestnut (*Castanea sativa* Mill.) in Southern Switzerland (Abstracts). International Congress on Chestnut, Spoleto, Italy. 1993.
- 5 Huang H, Dane F, Norton J D. Genetic analysis of 11 polymorphic isozyme loci in chestnut species and characterization of chestnut cultivars by multilocus allozyme genotype. J. Amer. Soc. Hort. Sci., 1994, 119 (4): 840~849
- 6 郎 萍, 黄宏文. 栗属中国特有种居群的遗传多样性及地域差异. 植物学报, 1999, 41 (6): 651~657
- 7 Mulcahy D L, Robinson R W, Ihara M, et al. Gametophytic transcription for acid phosphate in pollen of *Cucurbita* species hybrids. J. Hered., 1981, 72 (5): 353~354
- 8 Wendel J F, Weeden N F. Visualization and interpretation of plant isozymes. In: Soltis D E, Soltis P S eds. Isozymes in plant biology. Oregon: Dioscorides Press, 1989. 9~63
- 9 Swofford D L, Selander R B. Biosys 1. University of Illinois, Urbana-Champaign, 1989. 66

- 10 Rohlf F J. NTSYS pc, numerical taxonomy and multivariate analysis system. New York: Exter Publishers, 1994. 7- 1~ 7- 15; 8- 1~ 8- 27
- 11 葛 颂. 遗传多样性. 见: 蒋志刚, 马克平, 韩兴国主编. 保护生物学. 浙江: 科学技术出版社, 1997. 11~ 19
- 12 张祥万, 刘先琴, 蒋迎春. 朝鲜早果板栗引种观测初报. 湖北林业科技, 1995, (92): 30~ 32
- 13 杨 剑, 卢德炳, 李建强. 湖北罗田县板栗品种的初步研究. 武汉植物学研究, 1993, 11 (1): 83~ 90
- 14 徐克学, 李德中. 我国人参属数量分类研究初试. 植物分类学报, 1983, 21 (1): 14~ 42
- 15 张 辉, 柳 鑒. 板栗贮存蛋白多样性的研究. 园艺学报, 1997, 24 (4): 319~ 324
- 16 张 辉, 柳 鑒. 板栗群体的遗传多样性及人工选择的影响. 云南植物研究, 1998, 20 (1): 81~ 88
- 17 刘庆忠, 王凤才. 适宜我国栽培的菜栗型良种. 落叶果树, 1994, (4): 19~ 20
- 18 肖正东, 宣善平. 安徽大别山区板栗品种资源及其利用. 果树科学, 1994, 11 (1): 53~ 55
- 19 柳 鑒, 蔡剑华, 张宇和. 板栗. 第二版. 北京: 科学出版社, 1988. 187
- 20 Hubert H, Norton J D, Moore J C, et al. 'Air Cropper', 'Air leader', and 'Air Homestead' Chinese chestnuts. HortScience, 15 (5): 665 ~ 666
- 21 马元考, 王云尊, 许传宝, 等. 板栗新品种—沂蒙短枝. 中国果树, 1998, (1): 35~ 36
- 22 明桂冬, 张玉英. 板栗优良新品种 '华丰'. 中国果树, 1995, (3): 1~ 2
- 23 赵永孝, 张玉英, 明桂冬. 杂交板栗优良新品种—华光. 落叶果树, 1993, (1): 19~ 20

Analysis of Genetic Diversity and Genetic Relationships of Chinese Chestnut

Bao Zhaoxia and Huang Hongwen

(Wuhan Institute of Botany, the Chinese Academy of Sciences, Wuhan 430074)

Abstract: Eighty nine traditional cultivars of Chinese chestnut were investigated in present study for genetic diversity, cultivar identification and genetic relationships. Fifteen isozyme loci of 9 enzymes were examined using isoelectric focusing in thir layer polyacrylamide gels. The parameters of genetic diversity and genetic distance were calculated by Biosys 1 and phenogram was constructed by UPGMA clustering analysis with NTSYS software. A high genetic diversity was observed in major chestnut production provinces, such as Zhejiang, Shandong, Hubei and Jiangsu. Eighty-four out of total 89 cultivars examined can be uniquely identified by 15 multi-locus isozymes. The UPGMA phenogram showed that the majority of cultivar of Shandong, Hubei, Jiangsu and Henan province was clustered together. The traditional cultivars of Chinese chestnut were inclined to clustering of provincial groups.

Key words: Chinese chestnut; Isozyme; Genetic diversity; Cultivar identification; Cluster analysis

新书推荐

《中国木本植物种子》

全书共收集 492 属、1276 个种 (含变种和亚种)。按属或种简要记述生长习性、分布、用途和开花结实特点; 着重描述果实的采收、种子调制、种子储藏、发芽前的种子处理、发芽测定、播种等主要生产环节的要点。参与撰稿的多达 70 余人, 都是国内知名学者专家。本书融集体智慧之大成, 汇科学研究之精华, 既总结生产实践的先进经验, 又验之于撰稿人的直接知识; 记载翔实, 描述准确, 数据来于实际。每个属或种均配有种子外观图和剖视图, 种子发芽进程图。具有先进性、科学性和实用性, 可供植物工作者、园林工作者、院校师生以及基层技术人员、行政管理人员参考。

定价: 200.00 元 (含邮费)

购书者请通过邮局汇款至北京中关村南大街 12 号中国农科院蔬菜花卉所《园艺学报》编辑部, 邮编 100081。

