

DOI: 10.11913/PSJ.2095-0837.2020.10112

姚程程, 王俊臣, 胡继文, 肖遥, 杨桂娟, 王军辉, 翟文继, 麻文俊. 香椿种质生长及叶部表型性状的遗传变异分析[J]. 植物科学学报, 2020, 38(1): 112~122

Yao CC, Wang JC, Hu JW, Xiao Y, Yang GJ, Wang JH, Zhai WJ, Ma WJ. Genetic variation of growth and leaf phenotypic traits of *Toona sinensis* (A. Juss.) Roem. germplasms[J]. *Plant Science Journal*, 2020, 38(1): 112~122

香椿种质生长及叶部表型性状的遗传变异分析

姚程程¹, 王俊臣^{1,3}, 胡继文¹, 肖遥¹, 杨桂娟¹, 王军辉¹, 翟文继², 麻文俊^{1*}

(1. 中国林业科学研究院林业研究所, 国家林业和草原局林木培育重点实验室, 林木遗传育种国家重点实验室, 国家林木种质资源平台, 北京 100091; 2. 南阳市林业技术推广站, 河南南阳 473056; 3. 西北农林科技大学, 陕西杨凌 712100)

摘要: 以 84 个香椿(*Toona sinensis* (A. Juss.) Roem.)种质为材料, 对其 2 个生长性状和 18 个叶部性状(包含 6 个质量性状和 12 个数量性状)进行测定。结果显示, 香椿 6 个叶部质量性状变异类型丰富, 呈现出多态化特点, 单一性状的主要表型多为 1~2 个。苗高、地径及叶部表型等 14 个数量性状在种质间的差异均达到极显著水平, 且除地径外, 其他性状的遗传方差分量均大于环境方差分量, 表明此类性状主要受遗传控制。参试的 14 个数量性状的平均表型变异系数为 20.35%, 平均遗传变异系数为 16.36%; 综合表型和遗传变异系数, 叶柄长度较其他性状变异大, 而叶片夹角稳定性最高, 各数量性状(除地径外)遗传变异系数与表型变异系数之差小于 7%。香椿种质各性状间 Shannon-Weaver 遗传多样性指数相差不大(1.892~2.069), 遗传多样性水平高, 具有良好的遗传改良基础。聚类分析可将 84 个香椿种质分为 5 类, 类群 I 表现为生长旺盛、小比叶重型; 类群 II 生长较快、叶片较大; 类群 III 种质数量最多, 属生长缓慢、大比叶重型; 类群 IV 特征为大叶片、多叶型; 类群 V 为小叶片、稀叶型。研究结果表明参试香椿种质变异丰富, 遗传多样性水平高, 能为良种选育、遗传改良等研究提供丰富的遗传材料。

关键词: 香椿; 表型性状; 遗传变异; 遗传多样性

中图分类号: Q31

文献标识码: A

文章编号: 2095-0837(2020)01-0112-11

Genetic variation of growth and leaf phenotypic traits of *Toona sinensis* (A. Juss.) Roem. germplasms

Yao Cheng-Cheng¹, Wang Jun-Chen^{1,3}, Hu Ji-Wen¹, Xiao Yao¹, Yang Gui-Juan¹, Wang Jun-Hui¹, Zhai Wen-Ji², Ma Wen-Jun^{1*}

(1. State Key Laboratory of Tree Genetics and Breeding, Key Laboratory of Tree Breeding and Cultivation, State Forestry Administration, China Forest Genetic Resource, Research Institute of Forestry, Chinese Academy of Forestry, Beijing 100091, China; 2. Nanyang Forestry Technique Extension Station, Nanyang, Henan 473056, China; 3. Northwest A & F University, Yangling, Shaanxi 712100, China)

Abstract: Using 84 germplasms of *Toona sinensis* (A. Juss.) Roem., two growth traits and 18 leaf traits (including six quality traits and 12 quantitative traits) were determined. Results showed that the six leaf quality traits of the *T. sinensis* germplasms were rich in variability and showed polymorphism, and the main phenotypes of single traits were 1~2. The differences among germplasms in regard to 14 quantitative traits, including height, diameter, and leaf traits, were highly significant at the 0.01 level, and the genetic variance component of the other traits was larger than the environmental variance component, except for diameter,

收稿日期: 2019-06-02, 退修日期: 2019-06-30。

基金项目: “十三五”国家重点研发计划(2016YFD060060604)。

This work was supported by a grant from the National Key R & D Program of China (2016YFD0600604).

作者简介: 姚程程(1996-), 女, 硕士研究生, 研究方向为珍贵树种遗传改良(E-mail: chengchengyao@126.com)。

* 通讯作者(Author for correspondence, E-mail: mwjlx@sina.com)。

indicating that such traits were mainly controlled genetically. The average phenotypic variation coefficient of the 14 quantitative traits was 20.35% and the average genetic variation coefficient was 16.36%. Based on phenotypic and genetic variation coefficients, petiole length showed the greatest variation among traits, whereas leaf angle was the most stable. The difference between the genetic and phenotypic variation coefficients of the traits (except ground diameter) was less than 7%. The Shannon-Weaver genetic diversity index of different traits was similar (1.892 – 2.069), indicating that the *T. sinensis* germplasms exhibited high genetic diversity and a good basis for genetic improvement. The *T. sinensis* germplasms were divided into five groups based on cluster analysis. Group I was characterized by strong growth and low specific leaf weight; group II grew relatively fast and the leaves were relatively large; group III contained the largest number of germplasms, which showed slow growth and large specific leaf weight; group IV was characterized by large leaves and multi-leaf type; and, group V was characterized by small and sparse leaves. Thus, this study showed that the *T. sinensis* germplasm was rich in genetic variation and diversity and could provide abundant materials for genetic breeding and improvement.

Key words: *Toona sinensis*; Phenotypic traits; Genetic variation; Genetic diversity

香椿(*Toona sinensis* (A. Juss.) Roem.)为楝科香椿属(*Toona*)多年生落叶乔木,在我国已有2300多年的栽培历史,以山东、河南、安徽、河北等省为主产区^[1]。香椿不仅具有食用和药用价值,而且因其生长迅速,木材柔韧、具有美丽花纹,也常被用作船舶、家具、建筑等珍贵用材,在国际市场上享有“中国桃花心木”之美称^[2,3]。目前,针对香椿的研究多见于早期遗传变异的评价和选择^[4-6],如刘军等^[6]将来自35个种源的香椿苗期生长性状与原产地生态因子进行相关分析,发现苗期性状地理变异的基本模式是以纬度变异为主。

遗传多样性体现了种内基因的丰富程度,反映了种内基因的变异^[7]。一般来讲,遗传多样性的高低与物种的进化速度和适应能力呈正相关,但也受到生境片段化和栖息地丧失等因素的影响^[8]。研究和保护林木的遗传多样性,不但可以为林木改良拓宽遗传基础,保证长期稳定的改良效果,也可以为适应人类需求的变化培育新品种^[9]。目前针对香椿种质遗传多样性的报道相对较少,如吴军等^[10]调查了香椿天然群体的9个种实性状,分析了种群的表型多样性,并找到影响香椿表型多样性的主要种实性状;Xing等^[11]使用ISSR和SRAP分子标记评估了我国5个驯化香椿种群的遗传多样性水平和模式,聚类分析将5个种群分为2组;陈倩倩等^[12]利用SRAP和EST-SSR分子标记技术分析了10个香椿居群的遗传多样性和亲缘关系,发

现香椿居群间的遗传距离与地理距离的相关性不显著。然而从叶片性状的角度对香椿种质的遗传变异及遗传多样性进行研究还未见报道。

植物表型性状具有观察直观、调查简便、直接有效等优点,在遗传变异、遗传多样性、良种选育等研究中被广泛应用,植物的表型性状多样性是遗传物质多样性的具体表现^[13],叶片作为植物进行光合作用、养分合成及水分利用的重要器官,与植物碳同化、生长和代谢等过程密切相关。叶片的表型性状、株高和地径相对稳定且易于测定,常被用于品种和无性系间的比较测定,探究群体的遗传多样性指数,提供早期选择的可能性^[14]。本研究以收集于河南省和山西省共8个市的84份香椿种质为材料,调查这些种质资源的2个生长指标及18个叶部指标,对其中的6个叶部质量指标进行赋值统计,对其余14个数量性状进行方差分析和遗传参数估算,分析其遗传多样性水平,并对84份资源进行聚类分析,以期为香椿优异种质的评价及选育提供参考。

1 材料与方法

1.1 研究地自然概况

研究地位于河南省南阳市卧龙区潦河镇潦东村(32°93'N, 112°41'E),地处亚热带向温暖带过渡地带,属于典型的季风型大陆性半湿润气候。年降水量约800 mm,年平均气温14.4 ~ 15.8°C,极端

最高气温42.6℃, 极端最低气温-13.2℃, 年平均日照时数2121 h, 年平均无霜期225~240 d。土壤为灰潮土或黄棕壤, 肥力中等, 土层厚度约3 m。

1.2 试验材料

于2017年10月起, 在对香椿全分布区地理、生态因子等进行整理和分析的基础上, 收集来自山西省和河南省8个市的优良单株共84份种质资源的接穗(表1), 于2018年4月嫁接繁育, 试验采用随机完全区组设计, 4次重复, 9株小区。试验期间根据苗木生长情况适时、适量浇水和施肥, 以保证苗木的正常生长。

1.3 调查方法

于2018年8月, 对84份香椿种质资源进行叶部性状调查, 每个单株共调查12个数量性状和6个质量性状。其中, 数量性状包括: 叶长、叶宽、叶柄长度、二级脉总数量、叶片夹角、单叶叶数等6个单叶性状; 复叶长、复叶宽、复叶叶柄长度、复叶叶柄宽度、复叶数量等5个复叶性状; 比叶重。质量性状包括: 单叶的叶形、叶基、叶尖、叶片褶皱, 以及复叶的叶柄毛、叶柄毛密度。每个

种质选取生长正常、无严重缺陷、无明显病虫害的3株单株作为重复。复叶指标, 选取树冠中间位置不同方向健康、伸展、完整的3片复叶进行测量; 单叶指标, 选取复叶的相同位置健康、伸展、完整的3片单叶进行测量。用直尺测量单/复叶叶长、叶宽、叶柄长度及复叶叶柄宽度, 量角器测量单叶叶片夹角, 计数统计单叶二级脉总数量、单叶叶数、复叶数量^[15]。比叶重取样、计算方法: 每株选取3片复叶, 每片复叶上取3片单叶, 共9片进行拍照, 装袋后于105℃杀青20 min, 70℃烘干至恒重, 利用image J软件处理照片并计算叶面积, 叶片干重与叶面积的比值即为比叶重^[16]。于2019年1月对香椿的苗高、地径2个生长性状进行每木调查, 采用测杆和皮尺测量苗高, 游标卡尺测量各样株的地径。

1.4 数据处理

对84份种质资源叶部质量性状分别进行赋值统计(表2), 有序多态性状按状态的等级依次编码为0、1、2、3、…, 数值化后利用Excel 2010软件计算各个类型出现的频率。

表1 香椿种质资源编号及采集地信息

Table 1 Code number and sampling location of *Toona sinensis* germplasm resources

种质资源编号 Germplasm resource code	样本数量 Sample size	采集地 Sampling locality	经纬度 Latitude and longitude
1~7	7	山西忻州市	38°25'2.12"N, 112°44'3.05"E
8~11	4	山西晋中市	37°42'4.71"N, 112°42'26.86"E
28, 29, 84	3	山西晋城市	35°29'28.74"N, 112°51'4.07"E
18~23	6	山西长治市	36°11'46.97"N, 113°06'59.36"E
30~66	37	山西运城市	34°41'39.36"N, 110°41'29.52"E
12~17	6	河南鹤壁市	35°44'52.52"N, 114°17'50.82"E
24~27	4	河南安阳市	36°05'55.06"N, 114°23'35.16"E
67~83	17	河南三门峡市	34°46'24.76"N, 111°12'1.08"E
合计: 84			

表2 香椿质量性状及其编码

Table 2 Germplasm qualitative traits and coding of *Toona sinensis*

质量性状 Qualitative trait	质量性状编码 Code of qualitative trait					
	0	1	2	3	4	5
叶形 Leaf shape	-	披针形	长披针形	卵圆披针形	长卵圆披针形	阔卵圆披针形
叶基 Leaf base	-	稍偏斜	偏斜	圆钝	圆	楔形
叶尖 Leaf tip	-	尾尖	渐尖	长尾尖		-
叶片褶皱 Leaf folds	-	平滑	较平滑	较褶皱	褶皱	-
复叶叶柄绒毛 Villus of compound leaf petiole	光滑	极细极短绒毛	细短绒毛	上表面有细短绒毛, 下表面光滑		-
复叶叶柄绒毛密度 Density of villus of compound leaf petiole	光滑	小	较小	中	较大	大

对84份种质资源12个叶片表型数量性状和2个生长性状,采用SAS 9.4软件进行单因素方差分析,根据续九如^[17]的方法,估算遗传方差分量和环境方差分量、各个性状的表型变异系数和遗传变异系数。采用R语言软件进行Shannon-Weaver多样性指数计算和聚类分析。聚类分析采用层次聚类法,以欧氏距离为划分标准。方差分析线性模型为 $Y_{ij} = \mu + C_{ij} + \varepsilon_{ij}$,式中 Y_{ij} 为第*i*个单株的第*j*个观测值, μ 为群体平均效应, C_{ij} 为种质效应, ε_{ij} 为随机误差。

2 结果与分析

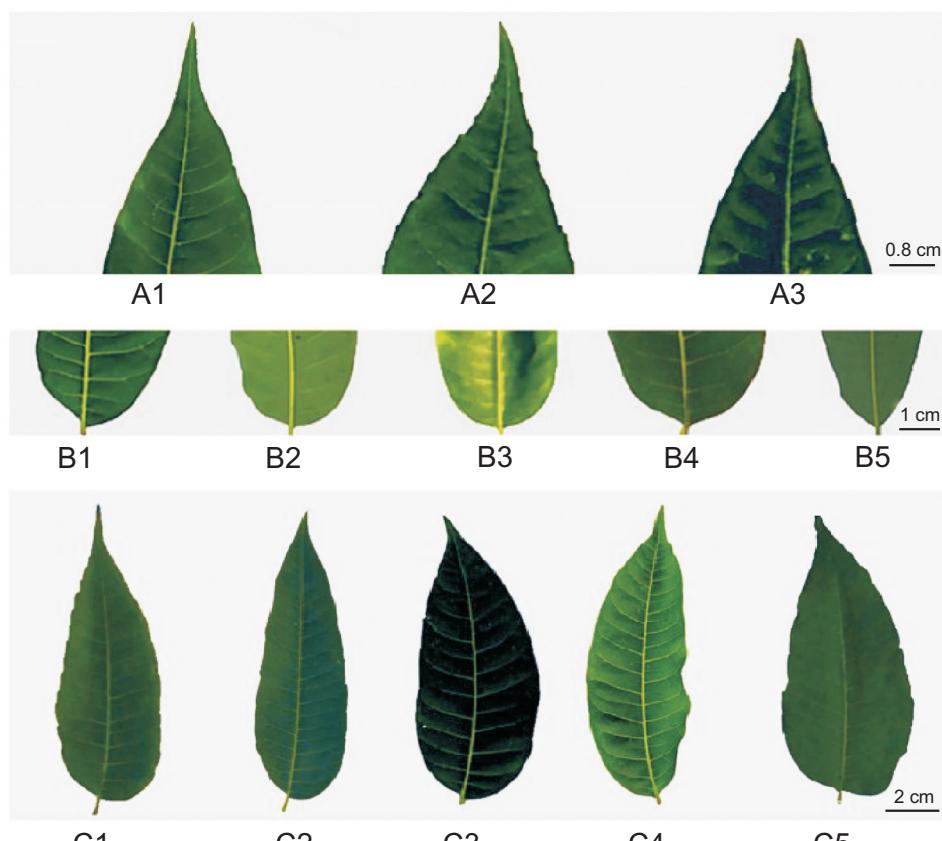
2.1 香椿种质资源叶部质量性状的变异特征

对香椿84份种质单叶的叶尖、叶基和叶形进行扫描并进行形态对比,结果显示,香椿单叶的叶形性状呈现出多态性特征,香椿单叶叶尖形态有3种(图1: A1~A3),分别为长尾尖、尾尖和渐

尖;香椿单叶叶基形态有5种(图1: B1~B5),分别为偏斜、稍偏斜、圆、圆钝和楔形;香椿单叶叶形有5种(图1: C1~C5),分别为披针形、长披针形、卵圆披针形、长卵圆披针形和阔卵圆披针形。此外,按照褶皱程度,叶片可划分为平滑、较平滑、较褶皱、褶皱4种;复叶叶柄被绒毛,可划分为:光滑(即无被毛)、极细极短绒毛、细短绒毛、上表面有细短绒毛、下表面光滑5种;复叶叶柄被绒毛密度可划分为光滑(即无被毛)、小、较小、中等、较大和大6种。

2.2 香椿种质资源生长和叶部性状的方差分析及遗传参数估算

香椿种质生长和叶部数量性状的方差分析结果显示(表3),不同种质资源间各性状的差异均达到极显著水平($P < 0.01$),说明香椿种质资源表型变异显著。



A: 叶尖形态, 1: 长尾尖; 2: 尾尖; 3: 渐尖。B: 叶基形态, 1: 偏斜; 2: 稍偏斜; 3: 圆; 4: 圆钝; 5: 楔形。C: 叶形形态, 1: 披针形; 2: 长披针形; 3: 卵圆披针形; 4: 长卵圆披针形; 5: 阔卵圆披针形。
A: Leaf tip morphology, 1: Long caudate tip; 2: Caudate tip; 3: Taper tip. B: Leaf base morphology, 1: Deflective base; 2: Slightly deflective base; 3: Oblong base; 4: Obtuse base; 5: Cuneate base. C: Leaf shape morphology, 1: Lanceolate; 2: Long lanceolate; 3: Oblong lanceolate; 4: Long oblong lanceolate; 5: Broad oblong lanceolate.

图1 香椿单叶叶尖、叶基、叶形的形态比对

Fig. 1 Comparison of leaf tip, leaf base, and leaf shape of single *Toona sinensis* leaf

表3 香椿种质资源生长性状和叶部表型性状方差分析
Table 3 Variance analysis of growth and leaf phenotypic traits of *Toona sinensis* germplasm

性状 Trait	均值 ± 标准差 Mean ± SD	种质 Germplasm			机误 d.f.	Error 均方 MS
		自由度 d.f.	均方 MS	F value		
苗高 Height (cm)	151.59 ± 52.56	83	39.195.39	48.12 **	1552	814.47
地径 Diameter (mm)	21.99 ± 5.31	83	97.26	3.96 **	1552	24.55
单叶长 Leaf length (cm)	11.97 ± 1.84	83	8.35	8.99 **	168	0.93
单叶宽 Simple leaf width (cm)	3.95 ± 0.65	83	1.03	8.63 **	168	0.12
单叶叶柄长度 Simple leaf petiole length (cm)	0.37 ± 0.14	83	0.05	9.12 **	168	0.01
单叶二级脉总数量 Number of simple leaf secondary veins	43.29 ± 5.22	83	63.22	6.72 **	168	9.41
单叶叶片夹角 Simple leaf angle (°)	2.38 ± 0.24	83	0.15	9.64 **	168	0.02
单叶叶数 Number of simple leaves	22.84 ± 2.91	83	235.95	12.11 **	168	19.49
复叶长 Compound leaf length (cm)	49.4 ± 9.54	83	36.4	7.07 **	168	5.15
复叶宽 Compound leaf width (cm)	23.99 ± 3.93	83	9.22	7.34 **	168	1.26
复叶叶柄长度 Compound leaf petiole length (cm)	10.4 ± 1.97	83	0.06	8.65 **	168	0.01
复叶叶柄宽度 Compound leaf petiole width (cm)	0.78 ± 0.16	83	20.01	7.35 **	168	2.72
复叶数量 Number of compound leaves	35.98 ± 9.59	83	241.74	13.43 **	168	18
比叶重 Specific leaf weight (g/m ²)	68.7 ± 13.56	83	404.69	5.41 **	168	74.76

注: ** 表示差异极显著 ($P < 0.01$)。

Note: ** indicates a statistically significant correlation at $P < 0.01$.

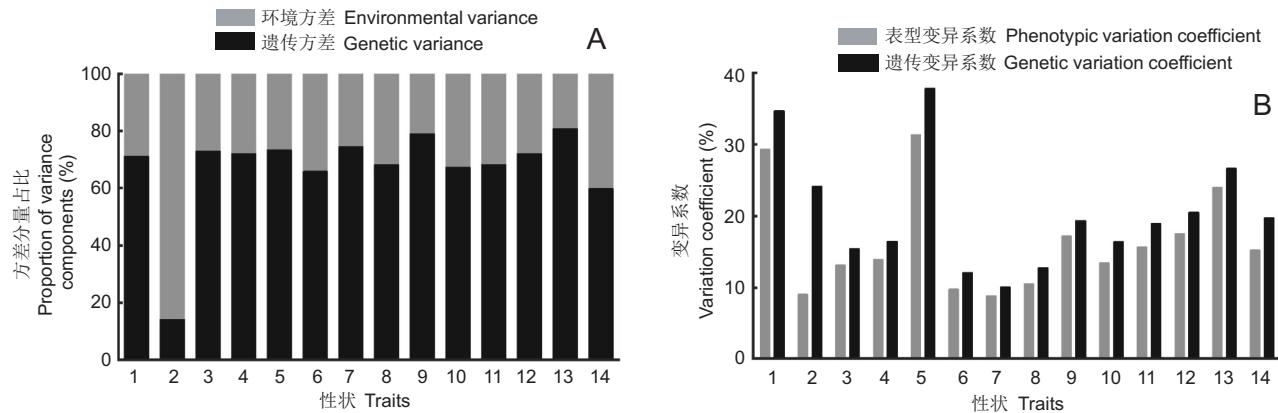
香椿种质生长性状和叶部性状的方差组成分析结果表明(图2: A), 地径遗传方差分量占比仅为13.8%; 其余各性状的变异来源主要为遗传本身, 其中, 复叶数量和复叶长的遗传方差分量占比最大, 分别为80.56%和78.73%。说明香椿种质绝大部分性状主要由遗传效应决定, 复叶数量和复叶长受遗传因素控制的程度较强且稳定性较高, 但地径受环境效应的影响较大。

对香椿种质生长性状和叶部性状的表型变异系数、遗传变异系数进行了分析, 结果显示(图2: B), 14个性状平均表型变异系数为20.35%。其中, 表型变异系数最大的为叶柄长度(37.84%), 最小的为叶片夹角(9.98%), 表明香椿种质表型性状存在广泛变异; 而苗高、地径表型变异系数均高于平均水平, 分别为34.67%和24.15%, 说明生长性状离散程度较大, 稳定性低于叶部性状。14个性状的平均遗传变异系数为16.36%, 变化幅度为8.87%~31.38%, 其中叶柄长度的遗传变异系数最高, 叶片夹角最小。综合表型变异和遗传变

异系数, 叶柄长度较其他性状变异大, 而叶片夹角稳定性最高。除地径外, 其余13个性状的表型变异系数和遗传变异系数相差小于7%, 进一步表明表型变异主要来源于基因型的差异, 而受环境影响较小, 这一结果与方差分量的分析结果一致。

2.3 香椿种质资源生长和叶部性状的遗传多样性分析

对香椿种质6个叶部质量性状进行频率统计, 结果显示(图3): 单叶性状中, 叶形为披针形的占比最多(50.1%), 卵圆披针形次之(36.1%), 其余叶形较为罕见; 叶基中, 偏斜的占比最大(80.9%), 其次是稍偏斜(16.2%); 叶尖中, 尾尖的占绝大部分(96.0%); 叶片褶皱中, 叶片平滑表型的占比超过半数(58.3%), 较平滑表型占29.8%, 极少出现褶皱或较褶皱叶片。复叶性状中, 复叶叶柄被覆极细极短绒毛的占比为45.6%, 被覆细短绒毛的占比43.6%; 复叶叶柄毛的密度处于中等水平(33.4%)的较多。总的来看, 香椿种质叶部质量性状变异类型较丰富, 呈现出多态化



1: 苗高; 2: 地径; 3: 单叶长; 4: 单叶宽; 5: 单叶叶柄长度; 6: 单叶二级脉总数量; 7: 单叶叶片夹角; 8: 单叶叶数; 9: 复叶长; 10: 复叶宽; 11: 复叶叶柄长度; 12: 复叶叶柄宽度; 13: 复叶数量; 14: 比叶重。

1: Height; 2: Diameter; 3: Simple leaf length; 4: Simple leaf width; 5: Simple leaf petiole length; 6: Number of simple leaf secondary veins; 7: Simple leaf angle; 8: Number of simple leaves; 9: Compound leaf length; 10: Compound leaf width; 11: Compound leaf petiole length; 12: Compound leaf petiole width; 13: Number of compound leaves; 14: Specific leaf weight.

图2 香椿种质资源生长性状和叶部表型性状遗传参数

Fig. 2 Genetic parameters for growth and leaf phenotypic traits of *Toona sinensis* germplasm

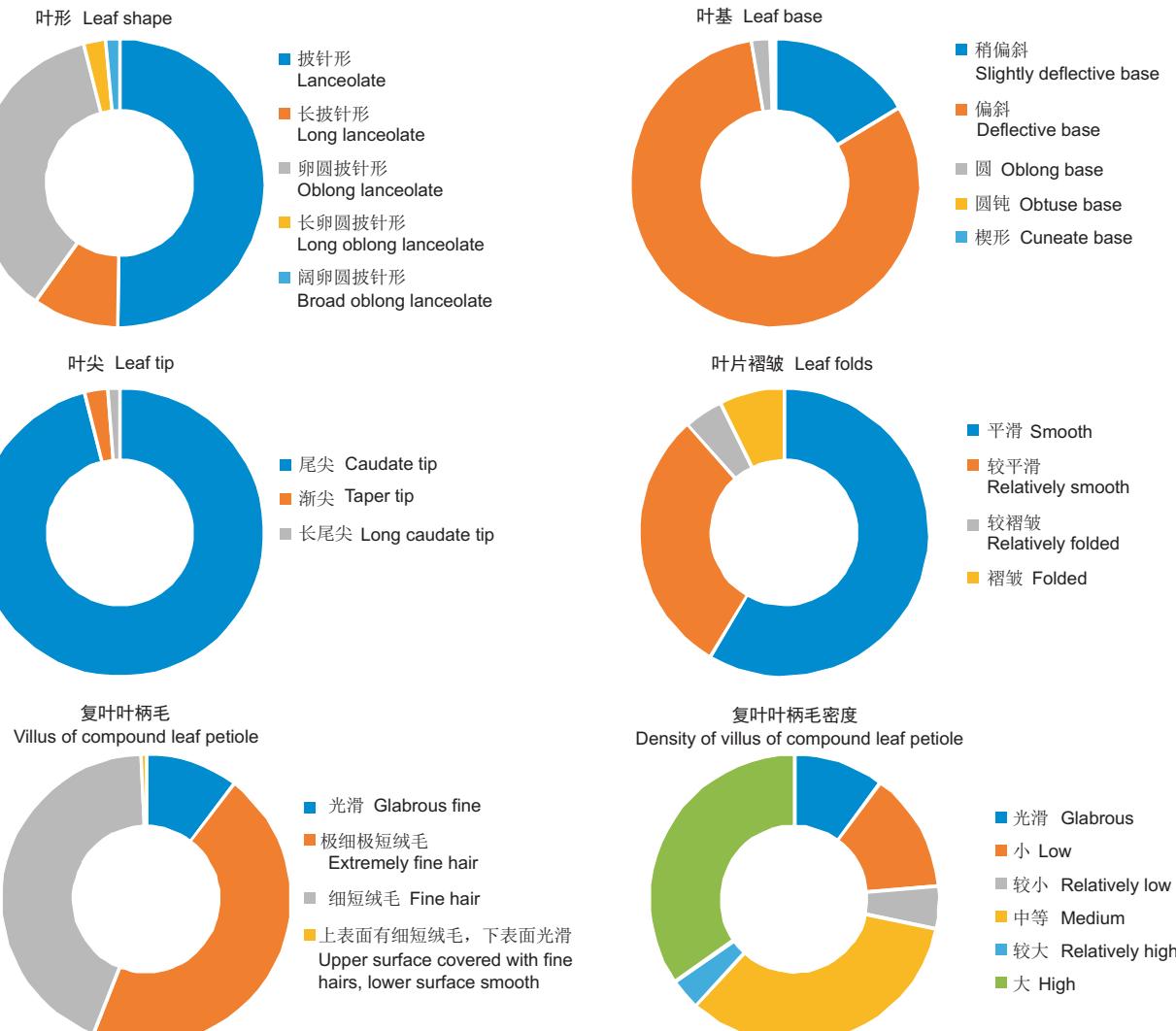


图3 香椿种质资源叶部质量性状不同类型的频率分布

Fig. 3 Frequency distribution of different types of qualitative leaf traits in *Toona sinensis* germplasm

特点；单个质量性状多表现为1~2个主要表型。

Shannon-Weaver 多样性指数是用来描述种的个体出现的紊乱和不确定性，不确定性越高，则多

样性越高。对香椿种质14个表型数量性状进行遗传多样性分析结果表明(图4)，各性状间Shannon-Weaver 遗传多样性指数相差不大，多数性状

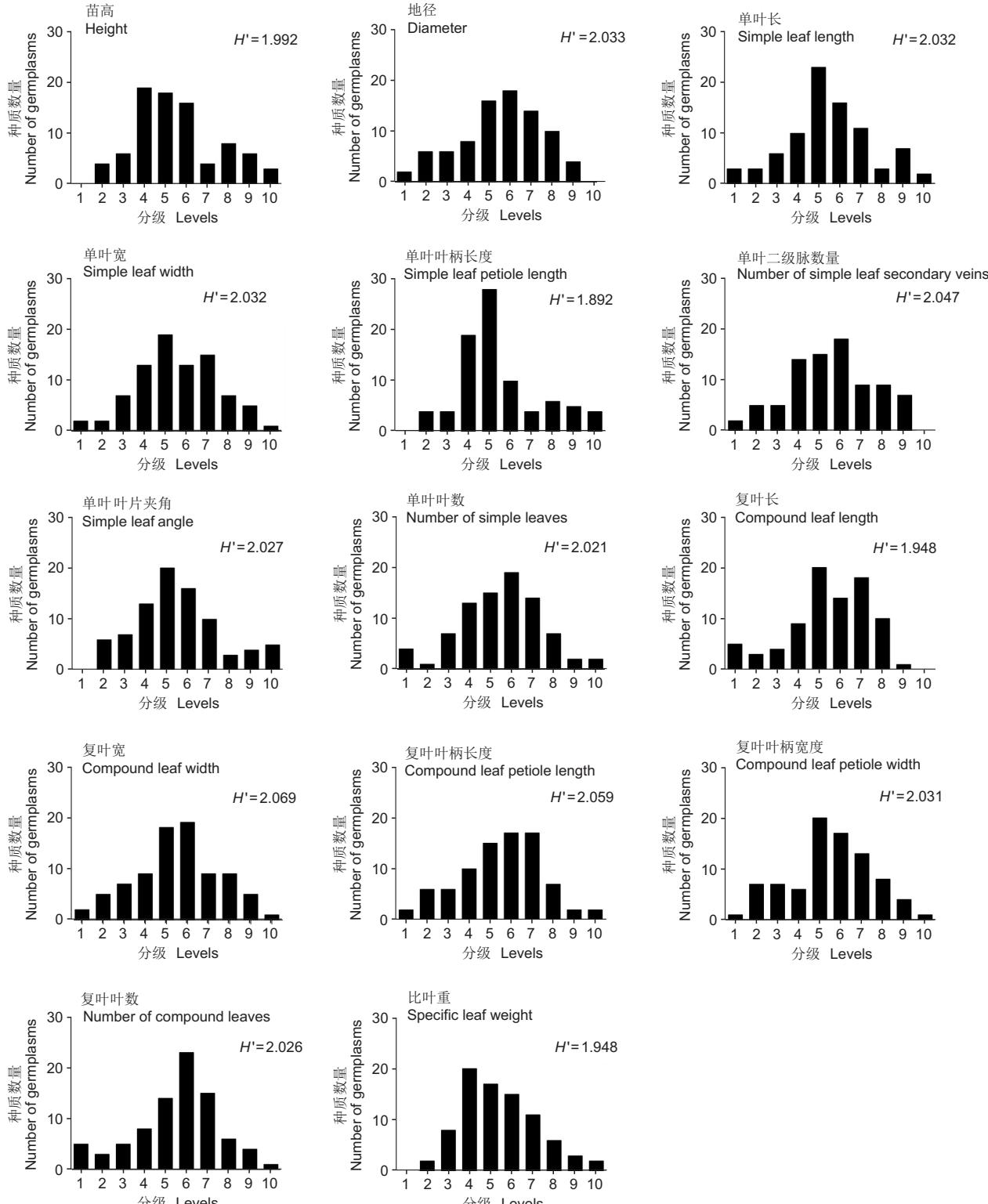


图4 香椿种质资源生长性状和叶部表型性状 Shannon-Weaver 遗传多样性指数

Fig. 4 Shannon-Weaver genetic diversity index of growth traits and leaf phenotypic traits of *Toona sinensis* germplasm

遗传多样性指数超过平均水平 ($H' = 2.011$)，说明此类性状在遗传中的不确定性较高；而苗高、比叶重、复叶长、叶柄宽度低于平均水平， H' 分别为 1.992、1.948、1.948 和 1.892，说明这 4 个性状在遗传中较为稳定。

2.4 香椿种质资源的聚类分析

以欧式距离为衡量单位，对香椿种质进行聚类分析，结果显示，84 个香椿种质可分为 5 类(图 5)，5 个类群各表型性状均值见表 4。第 I 类群包含 12 个种质，其中苗高、地径和叶片夹角均值相对最

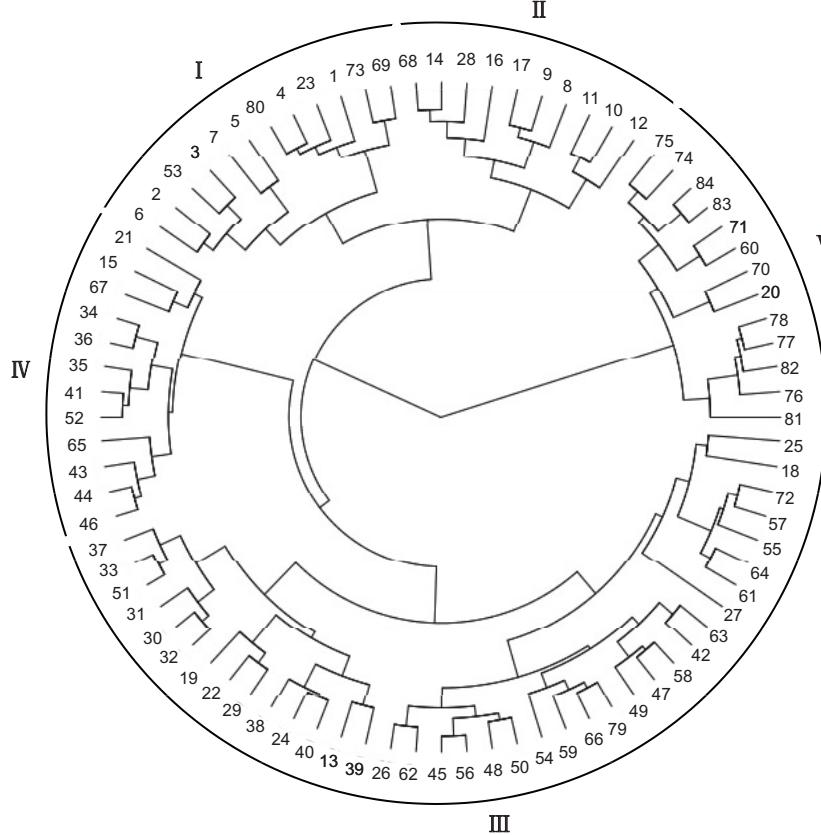


图 5 香椿种质资源的表型性状聚类分析

Fig. 5 Clustering results of phenotypic traits of *Toona sinensis* germplasm

表 4 香椿种质资源各类群表型性状均值

Table 4 Mean phenotypic traits of *Toona sinensis* germplasm in each group

性状 Trait	类群 Group				
	I	II	III	IV	V
苗高 Height (cm)	194.41	175.53	121.61	138.53	160.75
地径 Diameter (mm)	23.62	22.30	20.63	22.65	21.69
单叶长 Leaf length (cm)	11.48	12.5	12	14.58	9.50
单叶宽 Simple leaf width (cm)	3.94	4.26	3.94	4.62	3.15
单叶叶柄长度 Simple leaf petiole length (cm)	0.31	0.58	0.37	0.31	0.32
单叶二级脉总数量 Number of simple leaf secondary veins	40.63	39.80	44.37	48.61	40.44
单叶叶片夹角 Simple leaf angle (°)	2.58	2.55	2.26	2.33	2.46
单叶叶数 Number of simple leaves	22.15	23.72	23.59	24.32	19.31
复叶长 Compound leaf length (cm)	49.24	56.19	49.89	59.11	33.98
复叶宽 Compound leaf width (cm)	23.08	25.69	24.16	28.83	18.56
复叶叶柄长度 Compound leaf petiole length (cm)	10.72	11.20	10.53	11.73	7.92
复叶叶柄宽度 Compound leaf petiole width (cm)	0.76	0.92	0.78	0.89	0.55
复叶数量 Number of compound leaves	35.44	40.90	37.72	43.83	20.51
比叶重 Specific leaf weight (g/m ²)	61.39	63.73	73.27	70.74	64.35

大, 叶柄长度和比叶重均值最小, 可见该类群生长旺盛、单位叶面积含水量最大; 第Ⅱ类群包含10个种质, 该类群叶柄长度和复叶叶柄宽度均值最大, 苗高、地径均值仅次于第Ⅰ类群, 单叶长/宽、复叶长/宽、单/复叶数量仅次于第Ⅳ类群; 第Ⅲ类群包含种质数量最多(37个), 苗高、地径和叶片夹角的均值最小, 比叶重均值最大, 可见该类群生长缓慢, 而单位叶面积干物质含量积累最多; 第Ⅳ类群包含12个种质, 单叶长/宽、复叶长/宽、单/复叶数量、二级脉总数量和复叶叶柄长度均最大, 可见该类群叶片发育最好; 第Ⅴ类群包含13个种质, 单叶长/宽、复叶长/宽、复叶叶柄长/宽、单/复叶数量相较其他类群最小, 表明该类群叶片性状最差。

3 讨论

林木在进化和演变中, 会在长期的压力选择中发生不可逆的变化, 积累大量的变异经稳定遗传后产生新表型, 因此表型变异往往在适应和进化上具有重要意义^[18]。变异是物种多样性产生的原因, 遗传多样性的产生与遗传变异规律密切相关^[15]。种质资源遗传变异与遗传多样性的研究能够为亲本选择、杂交组合配制以及遗传改良提供有效的信息^[19]。而林木的生长性状和叶部性状是用材林开发利用的重要经济性状, 在林木良种选育和遗传改良中具有重要作用。

本研究对84份香椿种质资源的苗高、地径及主要叶部性状进行遗传变异分析, 结果显示种质间的表型性状均存在广泛变异, 平均表型变异系数为20.35%, 平均遗传变异系数为16.36%, 各性状的种质间差异均达极显著水平。除地径外, 其他各性状的遗传方差在表型方差中所占比例均大于环境方差, 表明香椿种质具有丰富的遗传变异, 其苗高及叶部数量性状主要受遗传控制。除地径外, 各参试数量性状的表型变异和遗传变异系数相差很小, 说明香椿种质变异的主要来源是基因型。本研究中苗高和地径的表型变异系数分别为34.67%和24.15%, 其中苗高表型变异系数与刘军等^[6]的研究结果(38.58%)相似, 而地径表型系数高于刘军等^[6]的结果(14.19%); 此外, 刘军等^[6]的研究中, 香椿地径的广义遗传力估算结果为0.782, 说明地径受遗传控制的程度高, 本研究结果与之不

同。究其原因, 可能是: (1)实验材料的基因型不同、采集地环境不同, 导致材料生物学特征的差异; (2)本研究实验材料为一年生幼苗, 地径测量可能存在较为粗泛情况。今后应针对该批种质资源进行持续观测, 做进一步研究。

本研究遗传多样性研究的结果显示, 在叶部质量性状中, 香椿种质间叶形、叶基、叶尖、叶片褶皱及复叶叶柄毛等性状呈现出多态性, 具有丰富的遗传多样性, 这些形态指标的差异可为今后香椿种质资源的分类提供简单、便捷的途径; 生长性状与叶部数量性状的Shannon-Weaver遗传多样性指数相差不大, 平均遗传多样性指数为2.011。陈倩倩等^[12]利用SRAP和EST-SSR标记技术分析了香椿居群的遗传多样性, 结果显示所选香椿居群的等位基因数和期望杂合度(EST-SSR, $N_a = 2.3506$, $H_e = 0.4632$)及Shannon's信息指数(SRAP, $I = 0.6140$; EST-SSR, $I = 0.6752$)较高, 表明中国香椿资源具有较高的遗传多样性, 本研究结果与之一致。Xing等^[11]使用ISSR和SRAP标记评估中国5个驯化香椿种群的遗传多样性水平和模式, 结果表明在物种水平上($H_s = 0.1662, 0.2098$)和种群水平上($H_s = 0.0978, 0.1145$), 遗传多样性水平都相对较低, 其研究材料为香椿驯化种群, 这可能是遗传多样性水平较低的原因。本研究从生长和叶部表型方面研究香椿的遗传多样性, 能直观识别香椿的外部形态特征变异, 可作为分子标记遗传多样性研究方法的有效补充。与其他树种的遗传多样性研究比较, 香椿的平均遗传多样性指数与火力楠(*Michelia macclurei* Dandy) ($H' = 2.065$)^[20]接近, 而高于楸(*Catalpa bungei* C. A. Mey.) ($H' = 1.85$)^[21]、茶(*Camellia sinensis* (L.) O. Kuntze.) ($H' = 0.973$)^[22]、红椿(*Toona ciliata* Roem.) ($H' = 0.1748 \sim 0.4482$)^[23, 24]等树种, 其原因可能是楸、茶、红椿等树种的人工栽培历史长, 经过长期的人为选择, 具有特色的地方品种或群体逐步被优质高产的品种取代, 其遗传多样性面临着逐步丧失的危险^[25-27]; 说明充分挖掘香椿种质表型变异能为良种选育、遗传改良等工作提供丰富遗传材料, 但在选育和推广中应注重遗传多样性的保护。

本研究中, 聚类分析结果将香椿种质分成了5类, 结果发现, 叶部性状表现较好的种质不一定生

长性状最优越, 叶部性状相对较小的类群生长不一定缓慢, 表明叶部性状和生长性状间并不是简单的线性关系。此外, 根据育种目的不同可选择不同类群香椿种质应用, 若选择速生种质可将类群I和类群II作为杂交亲本, 若培育大叶观赏型香椿品种可选择类群II和类群IV进行杂交育种。

参考文献:

- [1] 周祥斌, 周玮, 林玮, 周鹏, 陈晓阳. 14个香椿种源生长节律的观测与分析[J]. 华南农业大学学报, 2016, 37(5): 84-90.
Zhou XB, Zhou W, Lin W, Zhou P, Chen XY. Observation and analysis on growth rhythms of *Toona sinensis* of 14 provenances[J]. *Journal of South China Agricultural University*, 2016, 37(5): 84-90.
- [2] 胡继文, 肖遥, 翟文继, 卢楠, 沈元勤, 等. 香椿花粉离体萌发与花粉生活力研究[J]. 林业科学研究, 2019, 32(2): 160-165.
Hu JW, Xiao Y, Zhai WJ, Lu N, Shen YQ, et al. Research on pollen germination and vigour of *Toona sinensis* [J]. *Forest Research*, 2019, 32(2): 160-165.
- [3] 杨超臣, 张婷, 朱天然, 曹丽仙, 李建安. 香椿种子无菌苗再生体系的建立[J]. 经济林研究, 2018, 36(3): 114-119.
Yang CC, Zhang T, Zhu TR, Cao LX, Li JA. Establishment of rapid propagation for sterile seedlings of *Toona sinensis* by tissue culture[J]. *Nonwood Forest Research*, 2018, 36(3): 114-119.
- [4] 张海燕. 香椿种源生长差异性分析及早期评价[J]. 中南林业科技大学学报, 2017, 37(1): 38-42.
Zhang HY. Analysis and evaluation of growth difference of different *Toona sinensis* provenances [J]. *Journal of Central South University of Forestry & Technology*, 2017, 37(1): 38-42.
- [5] 陈建, 袁伟刚, 肖兴翠, 杨勇智, 郭洪英, 等. 香椿优树半同胞家系苗期测定及家系选择[J]. 四川林业科技, 2017, 38(5): 8-12.
Chen J, Yuan WG, Xiao XC, Yang YZ, Guo HY, et al. Seedling testing and family selection of *Toona ciliata* elite half-sib family [J]. *Journal of Sichuan Forestry Science and Technology*, 2017, 38(5): 8-12.
- [6] 刘军, 陈益泰, 姜景民, 姜荣波, 张海燕, 等. 香椿种源苗期性状变异与原产地生态因子典型相关分析[J]. 东北林业大学学报, 2010, 38(11): 27-29.
Liu J, Chen YT, Jiang JM, Jiang RB, Zhang HY, et al. Canonical correlation analysis between trait variation of *Toona sinensis* seedlings from different provenances and ecological factors in their original regions [J]. *Journal of Northeast Forestry University*, 2010, 38(11): 27-29.
- [7] 李洪果, 陈达镇, 许靖诗, 刘光金, 庞晓东, 等. 濒危植物格木天然种群的表型多样性及变异[J]. 林业科学, 2019, 55(4): 69-83.
Li HG, Chen DZ, Xu JS, Liu GJ, Pang XD, et al. Phenotypic diversity and variation in natural populations of *Erythrophleum fordii*, an endangered plant species [J]. *Scientia Silvae Sinicae*, 2019, 55(4): 69-83.
- [8] 李峰卿, 周志春, 楚秀丽, 陈焕伟, 邓章文. 红豆树优树子代遗传多样性及与生长相关性分析[J]. 林业科学研究, 2018, 31(1): 42-50.
Li FQ, Zhou ZC, Chu XL, Chen HW, Deng ZW. Analysis of genetic diversity among progenies from plus trees of *Ormosia hosiei* and its correlation with growth [J]. *Forest Research*, 2018, 31(1): 42-50.
- [9] 王明麻. 林木遗传育种学[M]. 北京: 中国林业出版社, 2001.
- [10] 吴军, 钟志真, 楼君, 余峰, 余裕龙, 等. 香椿天然群体种实性状表型多样性研究[J]. 江西农业大学学报, 2018, 40(2): 248-256.
Wu J, Zhong ZZ, Lou J, Yu YL, Fu GL, et al. A study on phenotypic diversity of cone and seed in natural populations of *Toona sinensis* [J]. *Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis*, 2018, 40(2): 248-256.
- [11] Xing PY, Liu T, Song ZQ, Li XF. Genetic diversity of *Toona sinensis* Roem. in China revealed by ISSR and SRAP markers[J]. *Genet Mol Res*, 2016, 15(3): 15038387.
- [12] 陈倩倩, 荣丽媛, 邵紫君, 刘甜, 魏蕾, 宋振巧. 利用SRAP和EST-SSR分析香椿资源的遗传多样性[J]. 园艺学报, 2018, 45(5): 967-976.
Chen QQ, Rong LY, Shao ZJ, Liu T, Wei L, Song ZQ. Genetic diversity analysis of *Toona sinensis* germplasms based on SRAP and EST-SSR markers [J]. *Acta Horticulturae Sinica*, 2018, 45(5): 967-976.
- [13] 万继锋, 杨为海, 曾辉, 邹明宏, 张汉周, 陆超忠. 澳洲坚果种质资源叶片表型多样性分析及其数量分类研究[J]. 热带作物学报, 2017, 38(6): 990-997.
Wan JF, Yang WH, Zhen H, Zou MH, Zhang HZ, Lu CZ. Leaf character diversity analysis and numerical classification of *Macadamia* spp. germplasm resources [J]. *Chinese Journal of Tropical Crops*, 2017, 38(6): 990-997.
- [14] 汪洋, 陈文学, 明安党, 雍军, 宋从文, 付秋生. 湖北红椿天然种群小叶表型性状变异研究[J]. 植物资源与环境学报, 2019, 28(2): 96-105.
Wang Y, Chen WX, Ming AJ, Yong J, Song CW, Fu QS. Study on variation of leaflet phenotypic traits of natural populations of *Toona ciliata* in Hubei Province [J]. *Journal of Plant Resources and Environment*, 2019, 28(2): 96-105.
- [15] 徐斌, 彭莉霞, 杨会肖, 潘文, 张方秋. 杜鹃红山茶叶片主要性状的遗传多样性分析[J]. 植物研究, 2015, 35(5): 730-734.

- Xu B, Peng LX, Yang HX, Pan W, Zhang FQ. Genetic diversity analysis for leaf main traits of *Camellia azalea* [J]. *Bulletin of Botanical Research*, 2015, 35(5): 730–734.
- [16] 李世娟, 诸叶平, 张红英, 刘升平, 刘海龙, 杜鸣竹. 整株干物质量分配指数模型模拟冬小麦各器官形态参数[J]. 农业工程学报, 2019, 35(9): 155–164.
- Li SJ, Zhu YP, Zhang HY, Liu SP, Liu HL, Du MZ. Simulating winter wheat geometrical parameters of each organ using whole plant dry matter weight distribution index model[J]. *Transactions of the Chinese Society of Agricultural Engineering*, 2019, 35(9): 155–164.
- [17] 续九如. 林木数量遗传学 [M]. 北京: 高等教育出版社, 2006.
- [18] Pigliucci M, Murren CJ, Schlichting CD. Phenotypic plasticity and evolution by genetic assimilation[J]. *J Exp Biol*, 2006, 209(12): 2362–2367.
- [19] 肖遥, 麻文俊, 易飞, 杨桂娟, 王秋霞, 等. 滇楸种质生长性状遗传变异及表型性状遗传多样性分析[J]. 植物研究, 2018, 38(6): 843–851.
- Xiao Y, Ma WJ, Yi F, Yang GJ, Wang QX, et al. Genetic variation of growth traits and genetic diversity of phenotypic traits in *Catalpa fargesii* f. *duclouxii* germplasm [J]. *Bulletin of Botanical Research*, 2018, 38(6): 843–851.
- [20] 李清莹. 火力楠种质资源遗传多样性研究 [M]. 北京: 中国林业科学研究院, 2018.
- [21] 梅芳, 王军辉, 贾继文, 赵鲲, 焦云德. 楸树种质生长和叶部性状的遗传多样性[J]. 植物遗传资源学报, 2014, 15(1): 206–210.
- Mei F, Wang JH, Jia JW, Zhao K, Jiao YD. Genetic diversity of growth and leaf traits of *Catalpa bungei* [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2014, 15(1): 206–210.
- [22] 班秋艳, 纪晓明, 余有本, 闫满朝, 胡歆, 等. 陕西茶树种质资源表型性状的遗传多样性研究[J]. 安徽农业大学学报, 2018, 45(4): 575–579.
- Ban QY, Ji XM, Yu YB, Yan MZ, Hu X, et al. Genetic diversity of leaf phenotypic traits of tea germplasm resources in Shaanxi [J]. *Journal of Anhui Agricultural University*, 2018, 45(4): 575–579.
- [23] Li P, Zhang X, Que QM, Qu WT, Liu MQ, et al. Genetic diversity and population structure of *Toona ciliata* Roem. based on sequence-related amplified polymorphism (SRAP) markers[J]. *Forests*, 2015, 6(12): 1094–1106.
- [24] Zhan X, Li P, Hui W, Deng YW, Gan SM, et al. Genetic diversity and population structure of *Toona ciliata* revealed by simple sequence repeat markers[J]. *Biotechnol Biotech Eq*, 2019(5): 1–9.
- [25] 贾继文, 王军辉, 张金凤, 张守攻, 张建国, 赵鲲. 楸树与滇楸种间杂交的初步研究[J]. 林业科学研究, 2010, 23(3): 382–386.
- Jia JW, Wang JH, Zhang JF, Zhang SG, Zhang JG, Zhao K. Interspecific hybridization of *Catalpa bungei* and *Catalpa fargesii* f. *duclouxii* [J]. *Forest Research*, 2010, 23(3): 382–386.
- [26] 方乐成, 夏慧敏, 麻文俊, 张新叶. 基于 SSR 标记的楸树遗传多样性及核心种质构建[J]. 东北林业大学学报, 2017, 45(8): 1–5.
- Fang LC, Xia HM, Ma WJ, Zhang XY. Genetic diversity analysis and primary core collection of *Catalpa bungei* germplasm with SSR markers [J]. *Journal of Northeast Forestry University*, 2017, 45(8): 1–5.
- [27] 蒋会兵, 田易萍, 陈林波, 梁名志. 云南茶树地方品种农艺性状与品质性状遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2013, 14(4): 634–640.
- Jiang HB, Tian YP, Chen LB, Liang MZ. Diversity of tea landraces based on agronomic and quality traits in Yunnan Province [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2013, 14(4): 634–640.

(责任编辑: 周媛)