

柳树种质资源研究进展

侯庚 (辽宁省杨树研究所, 辽宁盖州 115213)

摘要 种质资源是品种选育的物质基础。近年来,国内外关于柳树种质资源的研究取得了许多关键性进展。总结了近年来柳树种质资源的收集保存现状、遗传多样性和亲缘关系、遗传图谱构建、核心种质构建方面的主要研究进展,为有效保护和合理利用柳树种质资源,开展柳树遗传育种研究工作提供参考。

关键词 柳树;种质资源;保存现状;遗传多样性;遗传图谱;核心种质

中图分类号 S 792.12 文献标识码 A

文章编号 0517-6611(2020)18-0008-03

doi:10.3969/j.issn.0517-6611.2020.18.003



开放科学(资源服务)标识码(OSID):

Research Progress of Willow Germplasm Resources

HOU Geng (Poplar Research Institute of Liaoning Province, Gaizhou, Liaoning 115213)

Abstract Germplasm resource is a material basis of variety breeding. In recent years, much key progress has been made in the reseraches of willow germplasm resources at home and abroad. In this paper, the present situation of collection and conservation, genetic diversity and relationship, genetic map construction and core collection construction of willow germplasm resources in recent years were summarized to provide references for effective protection and rational utilization, research on genetic breeding of willow germplasm resources.

Key words Willow; Germplasm resources; Current preservation situation; Genetic diversity; Genetic map; Core collection

柳树是杨柳科(Salicaceae)柳属(*Salix*)植物的泛称,落叶乔木或灌木,全球约520余种,具有速生、工艺成熟龄短、容易繁殖等特点。我国是世界上柳树的主要分布区,拥有257个种、122个变种和33个变型^[1]。柳树在自然条件下很容易发生种间或属间杂交,遗传多样性丰富。柳树用途广泛,是可作为防护林、水土保持林、风景林及用材林的重要树种。大力发展柳树栽培,对于缓解我国木材供需矛盾、改善生态环境和城乡景观具有重要意义。植物种质资源是发展农业生产和培育新品种的物质基础,近年来,国内外关于柳树种质资源的研究取得了许多关键性进展,为柳树种质资源的科学保护和创新利用奠定了基础。

1 柳树种质资源收集保存现状

种质资源又称遗传资源,包括植物野生种和栽培种^[2]。欧洲各国很重视植物种质资源的收集和保存,其中英国建立了世界上最大的柳树种质资源圃。我国拥有除美国和英国外的第三大柳树种质资源圃,隶属江苏省林业科学研究院,保存着800余个柳树种质资源,包含了世界上具有经济价值和江苏乡土柳树种质,极大地丰富了我国柳树种质资源^[3]。河北省国营海兴农场是全国企业界最大的柳树种质资源基因库,共种植保存国内外柳树优良种质无性系356个,成为企业界最大最全的柳树资源汇集区,也是柳树新品种研发基地^[4]。2006年,原国家林业局国有林场和林木种苗工作总站于鄂尔多斯市造林总场建立沙柳国家林木种质资源库,建设规模52.5 hm²^[5]。乔玉玲等^[6]对国内外的柳树种质资源进行了收集、保存,分别在山东寿光、沾化、长清和河北海兴建立4处基因库,面积共5.5 hm²,汇集基因材料1282份。新

疆伊犁林木良种繁育中心20世纪80年代从山西、辽宁、江苏等地收集引进苏柳178、旱×白605、爆竹柳等80余个柳树品系并建立种质资源库^[7]。王春荣等^[8]对张家口、承德等地的野生柳树进行了调查,共收集189份种质资源并鉴定,统计出23种树木志记载的柳树植物,另外还发现2个尚未记载的新变种。张少伟等^[9]对河南省内分布的野生柳树种质资源进行了调查,发现35种野生柳树种质资源,主要分布在太行山、伏牛山和大别山等地,补充完善了河南植物志的表述。罗玉松等^[10]在赤峰部分地区共收集44种野生柳树种质材料,通过鉴定统计出14种柳属植物,并对其形态特性、自然生境和应用进行了评价。刘红等^[11]收集山东、河南、江苏等地的杞柳,共收集杞柳种质资源114份,在马陵山林场和沙墩镇分别建立种质资源永久保存基地和种质生产基地,并对种质资源的叶片特征、物候期和适应性进行了观测和评价。于振旭等^[12]对山东境内的滨州、东营、济南等地的旱柳进行了调查,共收集55株优树的种质资源,在济南市长清区建立旱柳无性系对比林。

2 柳树遗传学研究

2.1 遗传多样性和亲缘关系 遗传多样性(genetic diversity)一般是指种内不同种群之间或一个种群内不同个体之间的遗传变异,表现在分子、细胞、个体等多个水平,是生物多样性的重要组成部分^[13-14]。遗传多样性能够反映一个物种对环境的适应能力及其生存能力^[15]。对遗传多样性的研究,首先是从形态学开始的,但传统的形态学鉴定方法不能系统地种质资源进行遗传多样性研究和亲缘关系鉴定。随着分子生物学技术的不断发展,分子标记技术不受组织、发育时期、季节环境限制,可较短时间内精确、有效地对大量品种进行鉴定、系统分类和遗传多样性研究^[16-18]。柳树天然杂交容易,自然界中存在许多天然杂种,种内和种间遗传变异明显,遗传多样性丰富,具有较高的遗传学研究价值。于振旭^[19]对旱柳(*Salix matsudana*)野生种质资源进行表型和

基金项目 辽宁省农业科学院学科建设计划“杨树种质资源与育种”(2019DD227334)。

作者简介 侯庚(1985—),女,辽宁营口人,工程师,从事杨树育种研究。

收稿日期 2020-03-15; **修回日期** 2020-04-03

分子水平遗传多样性分析,结果表明,旱柳种质资源群体内存在丰富的表型变异和分子遗传变异,不同无性系枝干颜色、主干和小枝形态差异显著,不同无性系树高、地径、叶长、叶宽、叶面积变异差异极显著,旱柳观测位点的平均多态性比率高达 99.5%,显示出极高的多态性。韩彪等^[20]对不同种源天然单株和杂交无性系柳树的 16 个表型性状遗传多样性研究表明,柳树种源间和种源内变异系数较大,变异区间分别为 9.0%~35.4%、6.4%~57.3%,16 个表型性状存在不同层次的差异,东营柳树资源种源内差异显著,聚类分析表明江苏种源与其他种源差异较大。郝蕾等^[21-22]研究表明,北沙柳(*S.pammophila*)表型性状变异丰富,变异系数为 17.64%~28.79%,表型性状中分枝角度多样性指数最大,地径多样性指数最小,叶面积、叶周长、叶长、叶柄长和叶宽对分组的贡献率较大;北沙柳种质资源在分子水平同样具有丰富的遗传多样性,是其耐旱、耐寒、耐高温、耐沙埋和抗风蚀等适应性较强的分子基础。Beismann 等^[23]对白柳(*S.alba*)和爆竹柳(*S.fragilis*)及其杂交种进行了 AFLP 分析,支持了先前通过形态学特征确定的分布,同时解决了爆竹柳及其杂交种形态上难区分的难题。Trybush 等^[24]对英国涵盖 50 个柳树种的 154 份种质资源利用 AFLP 方法进行聚类分析,对种-组-亚属的分类体系提出了新观点,研究将三蕊柳(*S.triandra*)划分到柳亚属。吕金辉等^[25]以银芽柳(*S.leucopithecica*)和绵毛柳(*S.erioclada*)为材料,基于毛细管电泳技术体系建立并优化了 AFLP 分子标记技术,成功构建了 AFLP-毛细管电泳体系。贾会霞等^[17]利用毛细管电泳-AFLP 对从国内外收集的生产上常用的 37 份柳树种质资源进行了遗传多样性和亲缘关系分析,结果表明柳树种质间遗传多样性较高,将 37 份种质分为两大类,一类是乔木柳,一类除小乔木康定柳外,其余都是灌木柳,分析结果与传统形态分类基本一致。王辉^[26]利用 SSR 标记技术对 20 个柳树品种进行遗传多样性分析,12 对引物共扩增出 96 个位点,其中 91 个多态性位点,多态性比率 94.79%,说明柳树间存在较大的遗传变异。张亮等^[27]利用 SSR 技术对山西省 7 个地区 49 份旱柳古树的遗传多样性进行分析,10 对引物共扩增 26 条多态性条带,多态性比率为 78.79%,等位基因数、有效等位基因数、Nei's 遗传多样性指数和 Shannon 多样性信息指数分别为 1.787 9、1.332 3、0.205 9 和 0.324 2,表明古树间具有较丰富的遗传变异。

2.2 遗传图谱构建 遗传连锁图谱(genetic linkage map)是指基因在染色体上相对位置的排列分布图,是遗传育种工作的重要技术平台,是基因定位克隆及基因组学研究的基础和依据^[28-29]。Tsarouhas 等^[30]利用 AFLP 和 RFLP 技术,以 87 个柳树杂交子代作为材料,首次构建了柳树遗传图谱,包含 325 个 AFLP 标记和 38 个 RFLP 标记。Hanley 等^[31]采用双点拟测交法,对蒿柳(*S.viminalis*)1 个全同胞家系的 66 个个体构建亲本遗传图谱并整合到 1 张蒿柳遗传连锁图谱,包含 291 个 AFLP 标记和 39 个 SSR 标记,图谱总距离为 1 256.5 cM,标记间平均间隔 4.4 cM。刘恩英等^[32]以簸箕柳 295×棉毛柳

716 的亲本及 F1 代群体为材料,构建一张柳树遗传图谱,包含 56 个 SSR 标记、54 个 SRAP 标记、5 个 SCAR 标记和 2 个性别标记,图谱总距离为 1 631.4 cM,标记间平均距离 14.1 cM。Berlin 等^[33]构建了蒿柳×(蒿柳×*S.schwerinii*)遗传图谱,包含 307 个 SNP 标记和 45 个 SSR 标记,总图距 2 477 cM,平均距离 5.0 cM。贾会霞^[34]以棉毛柳 P718×P719 杂交的 F1 代 280 个个体为材料,采用 JoinMap 4.0 软件对符合孟德尔分离定律的 902 个标记构建遗传图谱,共获得 19 个主要连锁群,包含 609 个 AFLP 标记和 8 个 SSR 标记,图距在 47.32~225.30 cM,总图距为 2 481.75 cM。吕金辉^[35]选取银芽柳(*S.leucopithecica*)×棉毛柳的 243 个 F1 单株为材料,采用拟测交策略构建了 2 个亲本的遗传框架图谱。

3 柳树核心种质构建

丰富多样性的遗传资源为遗传育种提供了物质基础,同时也给种质资源的保存、研究和利用带来了困难。核心种质(core collection)是指采用一定方法将原群体种质资源中能够代表整个群体的遗传范围的种质挑选出来,尽量以最少的种质材料来保存种质资源库的遗传多样性和遗传结构^[36]。核心种质具有代表性、实用性、动态性和有效性,其目的是去除种质中的遗传重复,能够解决上述难题,提高了种质资源的研究和利用效率^[37]。DNA 标记技术能够在较短时间内获得大量的遗传信息,能够很好地分析种质资源的遗传多样性和遗传关系,目前,在物种核心种质构建上已得到广泛应用,但柳树种质资源核心种质构建方面研究报道较少。郝蕾^[38]利用 SSR 分子标记采用改进的最小距离逐步取样法和分组最小距离逐步取样法构建了北沙柳核心种质库,共 53 个无性系,核心库方差差异百分率(VD)为 14.29%,变异系数变化率(VR)为 100.47%,极差符合率(CR)为 66.39%,具有很好的代表性、异质性和多样性。台秀国^[39]对从山东省内外收集的 119 份种质资源,利用 AFLP 分子标记技术,采用分组后组内简单比例法和聚类抽样法的策略,并结合地理分布和生长指标构建柳树核心种质,核心种质共 41 份,保留了原始种质的 34.45%,多态带数和多态带比例保留率分别达到 93.25%和 99.34%,观测等位基因数、有效等位基因数、Nei's 基因多样性、Shannon's 信息指数保留率分别为 99.81%、100.92%、106.42%、107.83%,核心种质库能够代表原始种质的遗传多样性。

4 小结

优良新品种的培育需要丰富的种质资源作为物质基础,因此,对种质资源的收集、保存及遗传学研究应予以高度重视。目前,我国学者对柳树种质资源的遗传学研究相对较少,仅对部分柳树种进行了遗传多样性及遗传图谱构建等方面的研究,还存在许多不足之处。我国拥有丰富的柳树种质资源,自然界中存在许多天然杂种,种内和种间遗传变异明显,遗传多样性丰富,因此,要加强乡土柳树种质资源的表型及分子遗传学研究,在此基础上构建核心种质库,促进乡土柳树种质资源的深入研究,为优异基因挖掘提供核心材料,为种质资源长期科学保存、评价提供理论依据,为种质创新

利用提供物质基础,加之我国有良好的柳树遗传改良基础,力争选育出更多的满足各种用途的新品种。

参考文献

- [1] 中国科学院《中国植物志》编辑委员会.中国植物志:第20卷第2分册[M].北京:科学出版社,1984.
- [2] 胡雪华.矮杨梅种质资源评价及繁殖技术研究[D].贵阳:贵州师范大学,2007.
- [3] 潘建明.柳树的遗传改良及栽培技术[J].林业科技开发,2004,18(3):3-7.
- [4] 陈建建.柳树种质资源收集及抗盐碱性评价[D].泰安:山东农业大学,2015.
- [5] 吕广林.沙柳国家林木种质资源库建设技术[J].内蒙古林业,2019(9):20-22.
- [6] 乔玉玲,秦光华,宋玉民,等.柳树基因资源收集与优树选择研究[J].山东林业科技,2016(6):8-11.
- [7] 李斌,史开奇,陈勇,等.柳树种质资源的收集保存及品种对比试验[J].防护林科技,2017(11):44-48.
- [8] 王春荣,梁海永,刘晶芳,等.张承地区柳树野生资源调查报告[J].河北林业科技,2017(3):35-38.
- [9] 张少伟,韩爱兰,张丹,等.河南野生柳树种质资源调查及园林应用研究[J].河南农业,2017(24):47-49.
- [10] 罗玉松,宋志强,刘俊,等.赤峰市部分地区柳树野生柳树资源调查及评价[J].北方农业学报,2016,44(2):29-35.
- [11] 刘红,殷瑞雪,田雨林.杞柳种质资源的收集与保存[J].山东林业科技,2014(4):41-43.
- [12] 于振旭,秦光华,宋玉民,等.旱柳野生种质资源收集及多样性分析[J].北京林业大学学报,2018,40(10):67-76.
- [13] 黄春琼.狗牙根种质资源遗传多样性分析及评价[D].海口:海南大学,2010.
- [14] 钱迎倩.生物多样性的保护和永续利用[J].广西科学院学报,1994,10(1):4-7.
- [15] 王洪新,胡志昂.植物的繁育系统、遗传结构和遗传多样性保护[J].生物多样性,1996,4(2):32-36.
- [16] RAHMAN M H, RAJORA O P. Microsatellite DNA fingerprinting, differentiation, and genetic relationships of clones, cultivars, and varieties of six poplar species from three sections of the genus *Populus* [J]. Genome, 2002, 45(6): 1083-1094.
- [17] 贾会霞,吴立栓,胡建军,等.柳树种质资源遗传多样性和亲缘关系的CE-AFLP分析[J].林业科学,2013,49(6):37-44.
- [18] RAJORA O P, RAHMAN M H. Microsatellite DNA and RAPD fingerprinting, identification and genetic relationships of hybrid poplar (*Populus × canadensis*) cultivars [J]. Theor Appl Genet, 2003, 106: 470-477.
- [19] 于振旭.旱柳种质资源遗传多样性评价与利用特性研究[D].泰安:山东农业大学,2017.
- [20] 韩彪,穆艳娟,韩庆军,等.柳树表型遗传多样性研究[J].山东林业科技,2016(1):5-9.
- [21] 郝蕾,张国盛,穆喜云,等.北沙柳种质资源居群表型多样性[J].西北植物学报,2017,37(5):1012-1021.
- [22] 郝蕾,张磊,张国盛,等.北沙柳群体遗传多样性和遗传结构分析[J].西北植物学报,2017,37(8):1507-1516.
- [23] BEISMANN H, BARKER J H A, KARP A, et al. AFLP analysis sheds light on distribution of two *Salix* species and their hybrid along a natural gradient [J]. Molecular ecology, 1997, 6(10): 989-993.
- [24] TRYBUSH S, JAHODOVÁ Š, MACALPINE W, et al. A genetic study of a *Salix* germplasm resource reveals new insights into relationships among subgenera, sections and species [J]. Bioenergy research, 2008, 1(1): 67-79.
- [25] 吕金辉,胡建军,卢孟柱.基于毛细管电泳的柳树 AFLP 分子标记研究[J].北京林业大学学报,2012,34(1):51-57.
- [26] 王辉.杨柳树 SSR 遗传多样性分析及 4 种柳树耐盐性比较研究[D].保定:河北农业大学,2008.
- [27] 张亮,王振龙,高志文,等.山西省旱柳古树资源遗传多样性的 SSR 分析[J].山西林业科技,2018,47(1):6-9.
- [28] 韩国辉,向素琼,洪棋斌,等.柑橘分子遗传连锁图谱的构建与比较[J].园艺学报,2013,40(S):2620.
- [29] 藕丹.美洲黑杨×青杨派杂种无性系 SSR 和 SCoT 指纹图谱的构建与遗传关系分析[D].杨凌:西北农林科技大学,2017.
- [30] TSAROUHAS V, GULLBERY U, LAGERCRANTZ U. An AFLP and RFLP linkage map and quantitative trait locus (QTL) analysis of growth traits in *Salix* [J]. Theor Appl Genet, 2002, 105(2/3): 277-288.
- [31] HANLEY S, BARKER J H A, VAN OOIJEN J W, et al. A genetic linkage map of willow (*Salix viminalis*) based on AFLP and microsatellite markers [J]. Theor Appl Genet, 2002, 105: 1087-1096.
- [32] 刘恩英,王源秀,徐立安,等.基于 SSR 和 SRAP 标记的簸箕柳×绵毛柳遗传框架图[J].林业科学,2011,47(5):23-30.
- [33] BERLIN S, LAGERCRANTZ U, VON ARNOLD S, et al. High-density linkage mapping and evolution of paralogs and orthologs in *Salix* and *Populus* [J]. BMC Genomics, 2010, 11(1): 1-14.
- [34] 贾会霞.绵毛柳遗传图谱构建及生物能源性状的 QTLs 定位[D].北京:中国林业科学研究院,2013.
- [35] 吕金辉.银芽柳×绵毛柳遗传图谱构建[D].北京:中国林业科学研究院,2011.
- [36] FRANKEL O H. Genetic perspective of germplasm conservation [M]// ARBER W, LLIENSEE K, PEACOCK W J, et al. Genetic manipulations: Impact on man and society. Cambridge, UK: Cambridge University Press, 1984: 161-170.
- [37] 崔艳华,邱丽娟,常汝镇,等.植物核心种质研究进展[J].植物遗传资源学报,2003,4(3):279-284.
- [38] 郝蕾.北沙柳种质资源评价、鉴定及核心库构建[D].呼和浩特:内蒙古农业大学,2018.
- [39] 台秀国.柳树抗旱性研究和核心种质的构建[D].泰安:山东农业大学,2016.