

基于表型性状的丝瓜初级核心种质库的构建

张 婷, 王雪艳, 郭勤卫, 韦 静, 方萍萍, 谢利芬, 赵东风, 李朝森*

衢州市农业林业科学研究院, 浙江衢州 324000

摘 要: 丝瓜为葫芦科丝瓜属作物, 含有丰富的营养物质, 深受消费者喜欢, 是我国主要的瓜类蔬菜之一。随着丝瓜种质资源的数量和类型不断增加, 丝瓜优异材料的筛选、保存难度日益增大。为了构建丝瓜核心种质库, 剔除同质化严重的种质材料, 提高丝瓜育种效率, 本研究以丝瓜极具代表性的 18 个表型性状为指标, 对 244 份丝瓜种质资源的遗传多样性进行研究, 以变异系数变化率、香农指数、表型保留比例等 7 项参数为评价指标, 对比分析 8 种不同抽样比例 (5%~40%)、3 种不同取样方法 (随机聚类取样、分组聚类取样、优先聚类取样) 的丝瓜候选核心种质的代表性。结果发现: 丝瓜种质资源的表型遗传变异较为丰富, 其中香农指数最大的是叶宽, 为 3.0, 最小的是种瓜长, 为 1.8。利用 7 个评价指标综合分析发现最适宜的抽样比例为 20%, 最适宜的取样方式为分组聚类取样。利用该方法进行核心种质库构建, 获得的初级核心种质包含 51 份丝瓜种质资源, 占全部原始种质资源的 20.90%, 与原始种质对比, 18 个农艺性状中有 13 个性状与原种质的极大值、极小值完全一致, 大部分性状的特征值与原种质相同或是差异较小, 经 T 检验发现所有表型性状均值与原种质无显著差异, 表明采用该方法构建的核心种质库具有较好的代表性, 遗传多样性丰富。本研究可为后期丝瓜种质资源的收集、保存和创新利用提供基础支撑, 同时也为提高丝瓜品种改良效率奠定基础。

关键词: 丝瓜; 表型性状; 核心种质

中图分类号: S642.4 文献标志码: A

Construction of Core Germplasm Collection Based on Phenotypic Characters in *Luffa* spp.

ZHANG Ting, WANG Xueyan, GUO Qinwei, WEI Jing, FANG Pingping, XIE Lifan, ZHAO Dongfeng, LI Chaosen*

Quzhou Academy of Agricultural and Forestry Sciences, Quzhou, Zhejiang 324000, China

Abstract: *Luffa*, a major melon vegetables in China, is a crop of gourd family and the silk gourd genus, which is rich in nutrients and favored by consumers. With the increasing number and type of luffa germplasm resources, it is increasingly difficult to screen and preserve the excellent materials of luffa. In order to construct a core germplasm bank of luffa, eliminate germplasm materials with serious homogenization, and improve the efficiency of lucerne breeding, this study investigated the genetic diversity of 244 luffa germplasm resources by using 18 phenotypic traits that are highly representative of luffa as indicators, and compared and analyzed eight different sampling ratios (5%–40%), and three different sampling methods (random cluster sampling, group cluster sampling and preferential cluster sampling) were compared to analyze the representativeness of the core germplasm of luffa candidates. The results showed that the phenotypic genetic variation of lucerne germplasm resources was relatively rich, of which the largest Shannon index was leaf width, 3.0, and the smallest was seed melon length, 1.8. The most suitable sampling ratio was 20% using the comprehensive analysis of the seven evaluation indexes, and the most suitable sampling method was group cluster sampling. Using this method for core germplasm library construction, the primary core germplasm obtained containing 51 lucerne germplasm resources, accounting for 20.90% of all the original germplasm resources, and compared with the original germplasm, 13 of the 18 agronomic traits were in full agreement with the original germplasm in terms of the maximum

收稿日期 2024-08-12; 修回日期 2024-09-03

基金项目 浙江省自然科学基金项目 (No. LGN21C150001); 衢州市科技攻关项目 (No. 2023K083)。

作者简介 张 婷 (1990—), 女, 硕士, 农艺师, 研究方向: 蔬菜育种与技术推广。*通信作者 (Corresponding author): 李朝森 (LI Chaosen), E-mail: 327055733@qq.com。

and minimum values, and the characteristic values of most traits were the same as those of the original germplasm or the differences were relatively small. The T-test showed that the mean values of all phenotypic traits had no significant differences with the original germplasm, indicating that the core germplasm library constructed by the method has good representativeness and rich genetic diversity. This study could provide basic support for the collection, preservation and innovative utilization of lucerne germplasm resources in the later stage, and also lays a foundation for improving the efficiency of lucerne variety improvement.

Keywords: *Luffa* spp.; phenotypic characters; core germplasm

DOI: 10.3969/j.issn.1000-2561.2025.01.011

丝瓜是葫芦科丝瓜属作物，富含蛋白质、维生素、生物碱类、黄酮类等成分物质，具有重要的食用价值和药用价值^[1-2]，在我国南北广泛种植，已经成为我国主要的瓜类蔬菜之一。目前，国内外对于丝瓜种质资源的研究大多集中在形态特征评价和农艺性状鉴定方面，CHOUDHARY 等^[3]利用 15 个农艺性状对 6 份印度丝瓜地方材料进行鉴定；VARALAKSHMI 等^[4]对 51 份丝瓜种质的产量、品质性状进行了评价，郭勤卫等^[5]、叶新如等^[6]利用 ISSR 标记对丝瓜种质资源进行遗传多样性分析；苏小俊等^[7]对国内部分普通丝瓜种质资源及主栽品种进行农艺性状的鉴定和评价；冯英娜等^[8]对江苏地区的 30 份种质资源的 17 个农艺性状进行遗传多样性分析；钟海丰等^[9]对 43 份丝瓜种质资源的 34 个农艺性状进行遗传多样性分析；陈小央等^[10]对 192 份丝瓜种质进行耐低温弱光鉴定。这些研究都是对部分丝瓜种质资源进行性状鉴定或是遗传多样性分析，并不能全面地评价丝瓜种质资源的遗传特性，难以满足种质资源材料保存和利用的需求。

核心种质的概念是 1984 年提出的，经过多年的研究实践，目前核心种质概念更广，从遗传重复方面，扩展到地理来源和形态特征等方面^[11-14]。在国内外关于蔬菜的核心种质库构建研究日渐增多，全球已构建了 50 余种作物的核心种质库，主要集中在对单一的蔬菜品类进行建库或是对特定区域内的单一品类进行建库。其中常见的茄果类蔬菜作物中辣椒^[15-17]，瓜类作物中甜瓜^[18-19]、黄瓜^[20]、苦瓜^[21]、旱冬瓜^[22]等多种蔬菜的核心种质库已经构建，但遗传多样性丰富的丝瓜还未见其相关核心种质构建的报道。

构建核心种质库的关键在于方法的选择，需要根据样本量选择适宜的取样方法，采用合理的抽样比例和方法来筛选种质。从前人的研究中可发现不同的作物由于样本量和样本间的差异程度不同，建库所选择的取样方法、取样规模大不相

同，同种作物也存在不同的方法。郝晓鹏等^[23]对山西省普通菜豆进行初级核心种质构建研究，发现最适方法为根据地理来源分组、抽样比例为 20%；李秀诗等^[24]发现最适合薏苡初级核心种质库构建的抽样比例为 25%，陈建华等^[25]发现最适合酸枣核心种质库构建的最佳策略为“欧氏距离聚类+优先取样法+25%取样比例”。因此，研究适合丝瓜种质资源的取样方法是构建丝瓜核心种质库的关键步骤。本研究采用不同的取样方法、不同的抽样比例，对本单位从全世界范围内收集、保存的 244 份丝瓜种质资源进行分析，并对所获得的候选样本进行代表性评价，筛选出适宜本研究中丝瓜种质资源的核心种质库构建方法，以提高丝瓜种质资源的收集、保存和利用效率，为今后丝瓜种质保存、品种选育等研究奠定基础。

1 材料与方法

1.1 材料

供试 244 份丝瓜种质材料由衢州市农业林业科学研究院保存，具体地理来源和数量详见表 1。

表 1 材料来源及样本量
Tab. 1 Material sources and sample size

来源 Source	样本量 Sample size	来源 Source	样本量 Sample size	来源 Source	样本量 Sample size
中国浙江	40	中国广东	4	巴基斯坦	4
中国湖南	20	中国福建	3	荷兰	2
中国江苏	16	中国海南	2	哥斯达黎加	1
中国四川	9	中国天津	1	美国	2
中国山东	7	中国山西	1	尼泊尔	1
中国北京	6	中国上海	1	尼日利亚	1
中国湖北	6	中国台湾	1	塞内加尔	1
中国河北	6	未知	22	土耳其	5
中国广西	5	阿富汗	4	印度	69
中国河南	4				

1.2 方法

1.2.1 表型性状鉴定 本试验开展于 2021—2022 年，通过 2 a 的春季种植收集、统计试验所需的表型数据。所有的材料均种植在衢州市农业林业科学研究院东湖科研基地，每份材料种植 10 株，采取吊蔓栽培的方式，单行种植，两边上蔓，行距 1.5 m，株距 0.3 m，每穴种植 1 株。参照《丝瓜种质资源描述规范和数据标准》^[26]对丝瓜种质资源的叶片形状、果实性状、种瓜性状以及坐果等 18 个性状进行性状统计和赋值。

1.2.2 数量性状赋值方法 按平均值 ($\bar{X}$) 和标准差 (δ) 将叶长、叶宽、主茎粗、节间长、瓜长、瓜宽、单瓜重、种瓜长和种瓜宽等 9 个性状的数值性状进行分级，共分为 10 级，各级相差 0.5 δ ，根据分级标准对 9 个性状进行重新赋值；叶色、叶形、近瓜蒂端形状、瓜顶端形状、瓜形、瓜皮色、瓜棱、瓜面特征以及种瓜皮色 9 个描述性状按表 2 赋值。

表 2 丝瓜种质资源 9 个质量性状的分级与赋值
Tab. 2 Grading and assignment of nine quality traits in *Luffa* spp.

性状 Trait	分级 Classification
叶色	1. 浅绿; 2. 黄绿; 3. 绿; 4. 深绿
叶形	1. 心脏形; 2. 掌状浅裂; 3. 掌状深裂
近瓜蒂端形状	1. 瓶颈形; 2. 溜肩形; 3. 钝圆形
瓜顶端形状	1. 渐尖; 2. 端钝尖; 3. 钝圆
瓜形	1. 长棍状; 2. 短棍状; 3. 长圆筒; 4. 短圆筒; 5. 椭圆形; 6. 纺锤形; 7. 镰刀型; 8. 束腰型; 9. 蛇形
瓜皮色	1. 白; 2. 黄白; 3. 黄绿; 4. 浅绿; 5. 绿; 6. 深绿
瓜棱	0. 无棱; 1. 微棱; 2. 浅棱; 3. 深棱
瓜面特征	1. 平滑; 2. 微皱; 3. 粗糙
种瓜皮色	1. 乳白; 2. 黄; 3. 绿; 4. 灰; 5. 褐

1.2.3 抽样方法 不同取样方法。采用产地来源分组聚类取样、逐步聚类随机取样法和刘遵春等^[27]提出的多次聚类优先取样法进行取样，基于前人研究结果和丝瓜样本量考虑，按照 25% 的比例抽样进行初级核心种质的构建。

不同抽样比例。参照李自超等^[28]的方法，将丝瓜材料按照中国行政区域进行分组，地理来源不明的种质单归为 1 组，组内采用标准化的表型数据进行系统聚类，然后按 5%、10%、15%、20%、25%、30%、35% 和 40% 的抽样比例进行

丝瓜初级核心种质的构建。

1.3 数据处理

采用 SPSS 19.0 软件进行数据标准化处理、T 检验和相关统计分析，7 个指标的检验参数和作图利用 EXCEL 2023 软件完成，采用 SAS 9.2 软件进行聚类。

2 结果与分析

2.1 种质资源表型性状的遗传多样性分析

对丝瓜种质资源的来源进行分析 (图 1)，发现丝瓜种质资源丰富，包含 11 个国家，其中大部分资源都集中在中国，占总数的比例高达 54.10%，其次为印度 28.28%。对丝瓜种质资源的 9 个描述性状进行统计分析，结果发现绝大多数的丝瓜种质的叶色为绿色，占全部材料的 98.36%；叶形主要以掌状深裂和掌状浅裂为主，分别占 38.8% 和 53.6%；近瓜蒂端形状主要以瓶颈形和溜肩形为主，分别占 65.6% 和 38.5%；瓜顶形状主要以钝尖和钝圆为主，分别占 24.8% 和 54.0%；瓜形主要以长棍状和纺锤形为主，分别占总材料的 30.8% 和 24.4%；瓜皮色以绿色和深绿色居多，分别占总材料的 72.3% 和 18.4%；瓜面特征为平滑、粗糙和较皱比例相差不大，均为 33% 左右，分布较均匀；瓜棱数主要以无棱和深棱为主，分别占 48.8% 和 24.4%；种瓜皮色主要以褐色为主，占总材料的 78.4%。

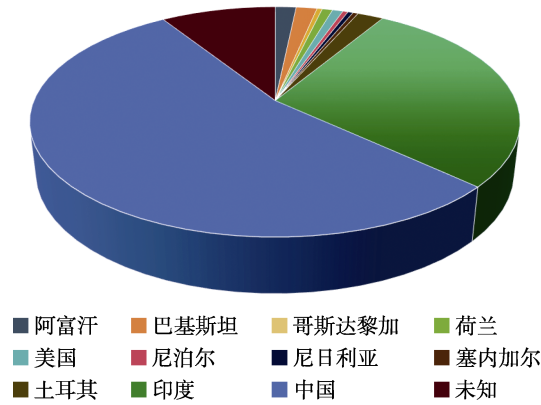


图 1 丝瓜材料来源分布
Fig. 1 Distribution of source of *Luffa* spp.

此外，通过分析丝瓜种质的 9 个数值性状发现，丝瓜种质资源的数值性状变异十分丰富，9 个性状的变异系数 (CV) 均超过 15%，其中单瓜重的变异系数最大为 30.84%，其次是种瓜长和瓜长，说明丝瓜种质资源在瓜的形态和重量上有明

显差异，变异系数大小顺序为单瓜重>种瓜长>瓜长>节间长>种瓜宽>叶宽>叶长>瓜宽>茎粗。变异范围最大为单瓜重，变化范围为 85~498 g，茎秆粗壮的变异范围最小为 3.00~8.15 mm。从 9 个性状的香农指数可看出所有性状的香农指数均较高，表明丝瓜种质资源的表型遗传变异较为丰富，其中香农指数最大的为叶宽，指数值高达 3.0，种瓜长的香农指数最小为 1.8（表 3）。

表 3 丝瓜种质资源数量性状统计分析
Tab. 3 Statistical analysis of quantitative traits of *Luffa* spp.

特征值 Character index	极小值 Min	极大值 Max	均值 Mean	标准差 SD	变异 系数 CV/%	香农指数 Shannon index
叶长/cm	14.00	44.00	30.25	5.44	17.97	2.96
叶宽/cm	17.00	47.00	31.05	6.04	19.46	3.00
茎粗/mm	3.00	8.15	5.28	0.88	16.70	2.95
节间长/cm	7.00	27.60	14.20	3.98	28.00	2.87
瓜宽/cm	3.11	8.50	4.38	0.78	17.78	2.73
瓜长/cm	11.00	69.00	30.70	9.38	30.55	2.87
单瓜重/g	85.00	498.00	252.20	77.77	30.84	2.89
种瓜长/cm	12.50	95.00	46.56	14.26	30.62	1.80
种瓜宽/cm	4.50	13.00	7.95	1.64	20.63	2.84

2.2 不同取样策略丝瓜候选核心种质比较分析
2.2.1 不同取样方法核心种质评价 采用产地来源分组聚类取样（A）、逐步聚类随机取样（B）、多次聚类优先取样（C）等方法进行取样，以更好地分析丝瓜种质资源的遗传多样性。其中分组聚类采用按照行政区域进行分类的方法，国外的种质资源列为一组，来源不明的列为一组标为未知，具体样本数量见表 4。

表 4 种质资源分组及数量
Tab. 4 Grouping and number of germplasm resources

行政区域 Administrative area	数量 Quantity
中国西南地区	9
中国华东地区	68
中国华南地区	11
中国华中地区	30
中国华北地区	14
国外	90
未知	22

采用 25%的比例抽样，发现利用 A 方法获得 64 份核心种质需要进行 7 次聚类操作，B 方法需要 5 次聚类操作，C 方法需要 6 次聚类分析。从表 5 中发现，3 个候选样本的均值差异百分率（MD）小于 20%，极差符合率（CR）大于 80%，说明 3 个候选样本都保留了大部分原始种质性状的变异幅度；变异系数变化率（VR）大于 95%，说明 3 种方法都保留了原始种质的丰富变异，其中 C 方法最大，A 方法最小；表型保留比例（RPR）大于 90%，其中用 B 方法处理的 RPR 最大，达 98.05%。从 VD 来看，3 种方法处理后 VD 差异明显，其中 C 方法的 VD 最大，A 方法最小，说明从 VD 来看 C 方法最合适；C 方法处理的表型方差（VPV）和 Shannon-Wiener 指数（I）均最大，分别是 2.84 和 2.11。综合分析 7 个检验指标可发现，C 方法处理的候选样本具有丰富变异、表型方差大、方差差异百分率大、香农指数大、遗传多样性高等特点，在 3 个候选样本中综合表现最好。因此，在丝瓜核心种质的构建研究上采用分组聚类的取样方法是最适宜的。

表 5 不同取样方式的候选样本检验参数比较
Tab. 5 Comparison of candidate sample test parameters for different sampling methods

候选样本 Candidate samples/%	变异系数变化率 VR/%	均值差异百分率 MD/%	极差符合率 CR/%	方差差异百分率 VD/%	表型保留比例 RPR/%	表型方差 VPV/%	Shannon-Wiener 指数 I
随机+聚类（A）	95.60	3.60	84.51	6.67	92.50	2.16	2.02
优先+聚类（B）	98.06	3.10	97.84	16.67	98.05	2.65	2.06
分组+聚类（C）	113.61	4.21	97.57	22.22	94.72	2.84	2.11

2.2.2 不同抽样比例的核心种质评价 利用分组聚类法，采用 5%~40%等 8 个不同的抽样比例进行取样，不同取样比例在各地区的具体样本量见表 6。在种质聚类抽样过程中，种质较少的分组至少保留 1 份种质资源，最终获得 8 组初级核心种质资源库，具体样本量分别为 16、27、41、51、

64、76、88 和 100。
从表 7 可以看出，8 个候选核心样本的均值差异百分率都在 10%以下，最大和最小值分别为 8.65%和 3.15%，说明所有候选样本的均值与原始种质差异不大；CR 变化幅度的最大值出现在 40%的抽样比例中为 99.90%，最小值出现在 5%的

表 6 组内不同比例的样本量
Tab. 6 Sampling amounts at various proportions

组别 Group	样本量 Sampling number							
	5%	10%	15%	20%	25%	30%	35%	40%
中国西南地区	1	1	2	2	3	3	4	4
中国华东地区	4	7	11	14	17	21	24	28
中国华南地区	1	2	2	3	3	4	4	5
中国华中地区	2	3	5	6	8	9	11	12
中国华北地区	1	2	3	3	4	5	5	6
国外	5	9	14	18	23	27	32	36
未知	2	3	4	5	6	7	8	9
合计	16	27	41	51	64	76	88	100
实际取样比例/%	6.56	11.07	16.80	20.90	26.23	31.15	36.07	40.98

表 7 不同抽样比例的候选样本检验参数比较
Tab. 7 Comparison of candidate sample test parameters for different sampling ratios

候选样本 Candidate sample/%	变异系数变化率 VR/%	均值差异百分率 MD/%	极差符合率 CR/%	方差差异百分率 VD/%	表型保留比例 RPR/%	表型方差 VPV/%	Shannon-Wiener 指数 <i>I</i>
5	110.03	8.65	79.49	16.67	79.72	2.42	1.95
10	112.54	8.28	87.03	27.78	85.83	2.52	2.00
15	115.07	6.93	92.37	27.78	90.83	2.82	2.10
20	115.98	5.13	96.57	27.78	94.72	2.91	2.12
25	113.61	4.02	97.57	22.22	96.39	2.84	2.11
30	111.77	3.98	97.57	16.67	97.78	2.76	2.11
35	111.36	3.66	99.55	16.67	97.78	2.71	2.10
40	109.07	3.15	99.90	11.11	98.89	2.63	2.10

抽样比例中为 79.49%，小于 80%，表明抽样比例中除 5%外的其余候选样本均保留了原种质性状的变异幅度；VR 均在 100%以上，且 VR 和 VPV 呈现出先升后降的趋势，这说明抽样比例增大会使候选样本的性状变异明显增加，但抽样比例过大时又会同时导致样本数量过多，种质重复；从 VR 来看，抽样比例为 20%时 VR 最大。表型保留比例(RPR)随抽样比例的增加而变大，40%抽样比例的候选样本最高(98.89%)，5%抽样比例的候选样本最低，其中 15%~40%采样比例的候选样本均超过 90%，表明抽样比例越大的原始种质的差异性状都能得到较好的保留；VD 的变化趋势与 VR 趋势一致，随抽样比例的升高呈先升后降的趋势，其中 10%、15%和 20%的抽样比例下，VD 最大，最小的为 40%抽样比例，表明样本量过小或是过大方差差异率越小；各候选核心样本中香农指数(*I*)的变化相对较小，说明不同比例下样本的遗传多样性差异不大，核心样本 *I* 最大(2.12)取样比例为 20%，核心样本 *I* 最小(1.95)取样比例为 5%。综合分析发现，在

8 个候选核心样本中，多样性水平高、变异丰富、表型方差大、香农指数大、与原始种质表型差异小、综合绩效最佳的候选核心样本占 20%的比例。因此构建丝瓜核心种质，以 20%的采样比例最为合适。

2.3 丝瓜初级核心种质评价

根据上述分析发现丝瓜最适宜的取样方法是分组聚类，最适宜的抽样比例是 20%。依据该方法获得丝瓜初级核心种质，为进一步评价丝瓜初级核心种质的代表性，对原始种质和初级核心种质的 18 个农艺性状的最大值、变异系数、表型保留比例等参数进行分析。从表 8 可以看出，所有的 18 个农艺性状中有 13 个性状与原种质的极大值、极小值完全一致，其中叶片长、主茎粗、节间长、瓜长和种瓜宽 5 个性状的极大值或极小值与原种质存在差异，但差异并不明显。核心种质的均值与原种质有微小差异，但经 T 检验发现差异并不显著。从变异系数和香农指数分析发现，除了瓜棱和瓜面特征 2 个性状外，其余性状的变异系数值均高于原始种质；叶宽、主茎粗、瓜顶形状和瓜面特

征 4 个性状的香农指数低于原始种质，说明丝瓜初级核心种质的遗传多样性较好。在 RPR 检验指标上，11 个表型保留了原始种质的全部性状等级（RPR=1.0），其中茎粗、节间长、瓜长等 7 个性状的某一性状等级出现缺失。综合以上分析发现，筛选获得的初级核心种质的大部分性状的特征值与原种质相同或是差异较小，且最大限度地保留了原始种质绝大部分性状，具有很好的代表性。

表 8 原始种质和核心种质特征值比较
Tab. 8 Comparison of characteristic parameters of initial germplasm and core germplasm

性状 Character	原始种质 Initial germplasm						核心种质 Core germplasm								表型保 留比例 RPR
	极小值 Min	极大值 Max	均值 Mean	标准差 SD	变异 系数 CV/%	Shannon Wiener 指数 <i>I</i>	极小值 Min	极大值 Max	均值 Mean	<i>t</i> 值 <i>t</i> value	标准差 SD	变异 系数 CV/%	Shannon Wiener 指数 <i>I</i>		
叶片长	14.00	44.00	30.25	5.44	17.97	2.96	14.00	43.00	30.43	0.48	5.84	19.19	2.96	1.00	
叶片宽	17.00	47.00	31.05	6.04	19.46	3.00	17.00	47.00	31.53	0.54	6.41	20.34	2.97	1.00	
主茎粗	3.00	8.15	5.28	0.88	16.70	2.95	3.60	8.15	5.33	0.17	1.00	18.72	2.87	0.90	
节间长	7.00	27.60	14.20	3.98	28.00	2.87	8.30	26.90	14.97	1.59	4.38	29.27	2.88	0.80	
瓜宽/cm	3.11	8.50	4.38	0.78	17.78	2.73	3.11	8.50	4.60	1.55	1.12	24.27	3.11	0.90	
瓜长/cm	11.00	69.00	30.70	9.38	30.55	2.87	11.00	56.00	30.82	0.68	10.39	33.72	3.07	1.00	
单果重/g	85.00	498.00	252.20	77.77	30.84	2.89	85.00	498.00	271.05	1.45	90.01	33.21	2.94	0.90	
种瓜长/cm	12.50	95.00	46.56	14.26	30.62	1.80	12.50	95.00	44.70	1.02	16.83	37.65	2.44	0.90	
种瓜宽/cm	4.50	13.00	7.95	1.64	20.63	2.84	5.50	13.00	8.19	1.39	1.93	23.62	2.83	0.90	
叶色	3	4	3.0	0.1	4.17	0.12	3	4	3.06	1.82	0.24	7.77	0.32	1.00	
叶形	3	1	2.5	0.6	23.83	1.23	3	1	2.49	-0.06	0.64	25.87	1.28	1.00	
近瓜蒂形状	1	2	1.7	0.5	28.08	0.91	1	2	1.63	-0.61	0.49	30.03	0.95	1.00	
瓜顶形状	1	3	2.4	0.8	33.06	1.43	1	3	2.41	0.43	0.76	31.22	1.39	1.00	
瓜形	1	8	3.3	2.1	64.20	2.37	1	8	3.78	1.56	2.30	60.79	2.39	1.00	
瓜皮色	3	6	5.1	0.6	10.98	1.10	3	6	5.10	0.05	0.70	13.73	1.22	1.00	
瓜棱	0	3	1.0	1.2	123.80	1.53	0	3	1.27	1.41	1.34	105.36	1.53	0.75	
瓜面特征	1	3	2.0	0.8	40.82	1.58	1	3	2.16	1.24	0.83	38.65	1.55	1.00	
种瓜色	2	6	4.8	0.5	11.13	0.89	2	6	4.46	-3.11	0.87	19.61	1.52	1.00	

3 讨论

近年来，随着我国丝瓜种质资源的数量和类型不断增加，优异丝瓜种质的筛选和保存成了目前急需解决的难题。丝瓜核心种质构建是提高丝瓜种质保存和利用效率的有效途径，但是目前关于丝瓜的核心种质构建尚无报道。

构建核心种质最重要的就是选择合适的取样方法和抽样比例，但取样方法和抽样比例在不同作物中的差异相对较大，因此要探索建立适宜本研究的适宜方法。本研究以 244 份丝瓜种质资源作为原始材料进行建库,通过对比 3 种取样方法和 8 种抽样比例对丝瓜核心候选种质进行研究，以期筛选最适合丝瓜核心种质库构建的方法。与其他瓜类作物种质库构建，如冬瓜^[22]、甜瓜^[19]等瓜类作物相比，本研究的种质资源数量较少，因此本研究增加组内取样比例的梯度（5%~40%），通过对比 8 个候选样本的变异系数、表型保留比例等

指标，最终发现最适的抽样比例为 20%，其 MD 值为 5.13，CR 为 96.57%，表型保留比例为 94.72%，能较好地反映原始丝瓜资源的表型变异情况。该样本中包含 51 份丝瓜资源，样本量占原始种质比例为 20.90%，用较少的资源数量保证表型数据的有效性，为后期丝瓜种质资源的开发和利用奠定基础。

核心种质库的大部分性状的香农指数和变异系数均略高于原始种质，说明核心种质库的种质资源的多样性更丰富、冗余程度低，这与郝晓鹏等^[23]、赵欣蕊等^[29]的研究结果一致。

通过对随机聚类抽样、分组聚类抽样和优先聚类抽样 3 种方法的比较，发现分组聚类抽样是最合适的方法，所获取的候选核心种质表现为多样性水平高，具有丰富的变异、较大的表型方差和较大的香农指数特征。该方法在已有的优先采样、随机采样和分组采样上进行升级，在保证核

心样本多样性的基础上, 叠加聚类, 同时结合人工部分选择的权利, 筛选出更多具有代表性的核心种质, 使原有种质的多样性得到充分保留。

本研究以丝瓜极具代表性的 18 个表型性状为指标, 以 244 份丝瓜种质资源为材料, 分析了 8 种不同的抽样比例和 3 种不同的抽样方法获得的候选样本的差异性, 并对核心样本的代表性进行检验和评价。最终发现最适合的抽样比例为 20%, 最适合的取样方法为分组聚类, 并根据该方法构建丝瓜初级核心种质库, 该种质库中包含 51 份丝瓜种质, 保留了原始种质 20.90% 的样本, 其变异系数变化率指标为 115.98%, 均值差异百分率、极差符合率、方差差异百分率、表型保留比例、表型频率方差和 Shannon-Wiener 指数的检验指标分别为 5.13%、96.57%、27.78%、94.72%、2.91 和 2.12; T 检测结果显示初级核心种质的所有性状均值与原始种质无显著性差异, 表型性状保留比例为 94.72%。

参考文献

- [1] SHEN Z J, MA R J, YU M L, CAI Z X, XU J L. Establishment of peach primary core collection based on accessions conserved in national fruit germplasm repository of Nanjing[J]. *Acta Horticulturae Sinica*, 2013, 40(1): 125-134.
- [2] SINGH Y P, SINGH V B, SINGH P K, KUMAR V, PANDEY M K. Studies on mean performance for yield and its contributing traits of sponge gourd [*Luffa cylindrica* (Roem.) L.][J]. *Microbiology and Applied Sciences*, 2017, 6(8): 1170-1179.
- [3] CHOUDHARY B R, KUMAR S, SHARMA S K. Evaluation and correlation for growth, yield and quality traits of ridge gourd (*Luffa acutangula*) under arid conditions[J]. *Indian Journal of Agricultural Sciences*, 2014, 84(4): 498-502.
- [4] VARALAKSHMI B, SUCHITHA Y, MANJUNATH K S. Characterization and evaluation of ridge gourd [*Luffa acutangula* (Roxb.) L.] germplasm[J]. *Indian Journal of Plant Genetic Resources*, 2016, 2(1): 66-70.
- [5] 郭勤卫, 张婷, 刘慧琴, 章心惠, 李朝森, 项小敏, 赵东风, 万红建. 应用 ISSR 分子标记评价我国丝瓜种质资源遗传多样性[J]. *浙江农业学报*, 2020, 32(4): 616-623.
GUO Q W, ZHANG T, LIU H Q, ZHANG X H, LI C S, XINAG X M, ZHAO D F, WAN H J. Evaluation of genetic diversity in *Luffa* germplasm resources in China based on ISSR molecular marker[J]. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*, 2020, 32(4): 616-623. (in Chinese)
- [6] 叶新如, 朱海生, 温庆放, 刘建汀, 王彬, 陈敏敏, 张前荣. 丝瓜种质资源遗传多样性的 ISSR 分析[J]. *分子植物育种*, 2017, 15(6): 2450-2456.
YE X R, ZHU H S, WEN Q F, LIU J T, WANG B, CHEN M D, ZHANG Q R. Genetic diversity analysis of *Luffa* accessions of ISSR[J]. *Molecular Plant Breeding*, 2017, 15(6): 2450-2456. (in Chinese)
- [7] 苏小俊, 陈劲枫, 袁希汉, 徐海. 普通丝瓜种质资源部分质量性状的鉴定和评价[J]. *江苏农业科学*, 2007(4): 110-112.
SU X J, CHEN J F, YUAN X H, XU H. Identification and evaluation of partial quantitative traits of common *Luffa* (*Luffa cylindrica* L.) genetic resources[J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2007(4): 110-112. (in Chinese)
- [8] 冯英娜, 高帅, 刘叶琼, 姚璇, 郭卫东, 王媛花, 苏小俊, 颜志明. 江苏地区 30 个丝瓜种质资源评价[J]. *江西农业学报*, 2022, 34(1): 22-28.
FENG Y N, GAO S, LIU Y Q, YAO X, GUO W D, WANG Y H, SU X J, YAN Z M. Germplasm resources evaluation of 30 *Luffa* varieties in Jiangsu[J]. *Acta Agriculturae Jiangxi*, 2022, 34(1): 22-28. (in Chinese)
- [9] 钟海丰, 陈剑锋, 陈宇华, 钟声远, 刘中华, 张芸, 邱思鑫, 黄敏玲. 基于 DUS 测试的丝瓜种质资源形态多样性分析[J]. *东南园艺*, 2021, 9(6): 9-18.
ZHONG H F, CHEN J F, CHEN Y H, ZHONG S Y, LIU Z H, ZHANG H, QIU S X, HUANG M L. Morphological diversity of *Luffa* germplasm based on DUS test[J]. *Southeast Horticulture*, 2021, 9(6): 9-18. (in Chinese)
- [10] 陈小央, 柴亚倩, 董文其, 许文飞, 邱文敬, 孙玉燕. 丝瓜种质资源耐低温弱光性鉴定评价及筛选[J]. *浙江农业科学*, 2024, 65(5): 1019-1024.
CHEN X Y, CHAI Y Q, DONG W Q, XU W F, QIU W J, SUN Y Y. Identification, evaluation and screening for low temperature and low light tolerance in germplasm resources of sponge gourd[J]. *Journal of Zhejiang Agricultural Sciences*, 2024, 65(5): 1019-1024. (in Chinese)
- [11] FRANKEL O H, BROWN A H D. Plant genetic resources today: a critical appraisal[M]//Crop genetic resources: conservation and evaluation. London: George Allan and Unwin, 1984.
- [12] BROWN A H D. Core collections: a practical approach to genetic resources management[J]. *Genome*, 1989, 31(2): 818-824.
- [13] 徐海明, 胡晋, 朱军. 构建作物种质资源核心库的一种有效抽样方法[J]. *作物学报*, 2000, 26(2): 157-162.
XIU H M, HU J, ZHU J. An efficient method of sampling core collection from crop germplasm[J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2000, 26(2): 157-162. (in Chinese)
- [14] HINTUM, THOBEL J L, BROWN A H D, SPILLANE C, HODGKINET. Core collections of plant genetic resources[J]

- Scientia Horticulturae, 1997, 3: 1-4.
- [15] 雷刚, 周坤华, 方荣, 陈学军. 基于表型数据的辣椒核心种质构建研究[J]. 西北植物学报, 2016, 36(4): 804-810.
LEI G, ZHOU K H, FANG R, CHEN X J. Studies on the constructing of pepper core collection based on phenotypic data[J]. Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica, 2016, 36(4): 804-810. (in Chinese)
- [16] 何建文, 韩世玉. 基于 SSR 标记不同距离聚类与抽样方法构建辣椒核心种质库[J]. 西南农业学报, 2015, 28(5): 2199-2204.
HE J W, HAN S Y. Construction of core capsicum germplasm bank based on different distance clustering and sampling method of SSR marker[J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2015, 28(5): 2199-2204. (in Chinese)
- [17] 董文堂, 邓昌蓉, 侯全刚, 李江, 邵登魁. 辣椒种质资源遗传多样性分析及核心种质构建研究进展[J]. 青海农林科技, 2023(3): 46-49, 83.
DONG W T, DENG C R, HOU Q G, LI J, SHAO D K. Research progress on genetic diversity analysis and core collection construction of pepper germplasm resources[J]. Science and Technology of Qinghai Agriculture and Forestry, 2023(3): 46-49, 83. (in Chinese)
- [18] 张永兵, 伊鸿平, 马新力, 李霖华, 吴明珠. 新疆甜瓜地方品种资源核心种质构建[J]. 植物遗传资源学报, 2013, 14(1): 52-57.
ZHANG Y B, YIN H P, MA X L, LI M H, WU M Z. Construction of core collection of melon landraces in Xinjiang[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2013, 14(1): 52-57. (in Chinese)
- [19] 苏艳. 甜瓜种质遗传多样性分析及核心种质构建[D]. 郑州: 河南农业大学, 2015.
SU Y. Estimation of genetic diversity for melon (*Cucumis melo* L.) germplasm and construction of a core collection[D]. Zhengzhou: Henan Agricultural University, 2015. (in Chinese)
- [20] 王俐翔. 基于表型性状的黄瓜种质资源遗传多样性分析及初级核心种质构建[D]. 南京: 南京农业大学, 2020.
WANG L X. Analysis of genetic resources and germplasm presented to diversity of cucumber construction of germplasm primary based on phenotype core traits[D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2020. (in Chinese)
- [21] 刘子记, 牛玉, 朱婕, 刘昭华, 杨衍. 苦瓜核心种质资源构建方法的比较[J]. 华南农业大学学报, 2017, 38(1): 31-37.
LIU Z J, NIU Y, ZHU J, LIU Z H, YANG Y. Comparison of different methods to construct core collections of *Momordica charantia*[J]. Journal of South China Agricultural University, 2017, 38 (1): 31-37. (in Chinese)
- [22] 邹广权, 王晓丽, 李艳, 曹现富, 李华, 付朴艳, 唐君培, 李妹, 曹子林. 基于表现型值构建旱冬瓜核心种质研究[J]. 西南农业学报, 2023, 36(8): 1644-1652.
ZOU G Q, WANG X L, LI Y, CAO X F, LI H, FU P Y, TANG J P, LI S, CAO Z L. Constructing core collection of *Alnus nepalensis* based on phenotype data[J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2023, 36(8): 1644-1652. (in Chinese)
- [23] 郝晓鹏, 王燕, 田翔, 郜欣, 畅建武. 基于农艺性状的山西普通菜豆初级核心种质构建[J]. 植物遗传资源学报, 2016, 17(5): 815-823.
HAO X P, WANG Y, TIAN X, GAO X, CHANG J W. Construction of primary core collection of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) based on agronomic traits in Shanxi province[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2016, 17(5): 815-823. (in Chinese)
- [24] 李秀诗, 付瑜华, 周祥, 黎青, 刘凡值, 杨成龙, 周明强. 基于表型性状的薏苡初级核心种质库构建[J]. 热带作物学报, 2020, 41(4): 669-675.
LI X S, FU Y H, ZHOU X, LI Q, LIU F Z, YANG C L, ZHOU M Q. Establishment of *Coix lacryma-jobi* L. core germplasm collection based on phenotypic characters[J]. Chinese Journal of Tropical Crops, 2020, 41(4): 669-675. (in Chinese)
- [25] 陈建华, 曲凯伦, 张云程, 孙永强, 李彪, 康莹, 董胜君. 基于表型性状的酸枣核心种质构建[J]. 沈阳农业大学学报, 2024, 55(2): 176-186.
CHEN J H, QU K L, ZHANG Y C, SUN Y Q, LI B, KANG Y, DONG S J. Construction of *Ziziphus jujuba* var. *spinosa* core collection based on phenotypic traits[J]. Journal of Shenyang Agricultural University, 2024, 55(2): 176-186. (in Chinese)
- [26] 李国景, 汪宝根. 丝瓜种质资源描述规范和数据标准[M]. 北京: 中国农业出版社, 2007.
LI G J, WANG B G. Descriptors and data standard for vegetable sponge (*Luffa* spp.)[M]. Beijing: China Agriculture Press, 2007. (in Chinese)
- [27] 刘遵春, 刘大亮, 崔美, 李敏, 焦其庆, 高利平, 陈学森. 整合农艺性状和分子标记数据构建新疆野苹果核心种质[J]. 园艺学报, 2012, 39(6): 1045-1054.
LIU Z C, LIU D L, CUI M, LI M, JIAO Q Q, GAO L P, CHEN X S. Combining agronomic traits and molecular marker data for constructing *Malus sieversii* core collection[J]. Acta Horticulturae Sinica, 2012, 39(6): 1045-1054. (in Chinese)
- [28] 李自超, 张洪亮, 曹永生, 裴宗恩, 魏兴华, 汤圣祥, 余萍, 王象坤. 中国地方稻种资源初级核心种质取样策略研究[J]. 作物学报, 2003(1): 20-24.

- LI Z C, ZHANG H L, CAO Y S, QIU Z E, WEI X H, TANG S X, YU P, WANG X K. Studies on the sampling strategy for primary core collection of chinese ingenious rice[J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2003(1): 20-24. (in Chinese)
- [29] 赵欣蕊, 陈啸天, 薛薇, 汪磊, 蔡心汝, 林柏松, 刘晓静, 崔江慧. 基于表型性状分析构建冀北地区马铃薯核心种质[J]. *核农学报*, 2024, 38(5): 805-818.
- ZHAO X R, CHEN X T, XUE W, WANG L, CAI X R, LIN B S, LIU X J, CUI J H. Construction of core potato germplasm resources in north Hebei based on phenotypic traits[J]. *Journal of Nuclear Agricultural Sciences*, 2024, 38(5): 805-818. (in Chinese)