

基于花序表型性状的 200 份澳洲坚果核心种质构建

李 扬^{1,2}, 宫丽丹^{1,2}, 马 静^{1,2}, 龙青姨¹, 李志强^{1,2}, 耿建建^{1,2}, 吴 超^{1,2},
李婷玉^{1,2}, 罗 勇³, 黄妮娅³, 陶 亮^{1,2*}

1. 云南省热带作物科学研究所, 云南景洪 666100; 2. 云南省澳洲坚果农业工程研究中心, 云南景洪 666100; 3. 景洪市林业和草原局, 云南景洪 666100

摘 要: 以农业农村部景洪澳洲坚果种质资源圃内 200 份国内外澳洲坚果种质的 10 个花序性状, 使用 QGA Station 软件组合筛选不同遗传距离、聚类方法、取样策略和取样比例, 进行核心种质构建探究。澳洲坚果基于花序表型的核心种质最佳构建方法为“马氏距离+多次聚类偏离度取样法+重心法聚类+15%取样比例”, 构建了包含 30 份资源的核心种质。核心种质和原始种质的均值差异百分率、方差差异百分率、极差符合率和变异系数变化率分别为 0.00%、90%、99.31% 和 150.08%。核心种质与原始种质各性状均值 *T* 检验无显著差异, 方差均大于原始种质, 其中 9 个性状的方差达到显著水平; 遗传多样性指数较原始种质有所减小, 但符合率均大于 80%。主成分分析显示, 原始种质和核心种质前 3 个主成分累计方差贡献率分别为 74.118% 和 84.350%, 核心种质的主成分得分图几何结构与原始种质一致。相关性分析显示核心种质各性状相关关系与原始种质较为一致。核心种质由 8 份澳大利亚种质、10 份夏威夷种质、9 份中国云南种质和 3 份特殊种质构成, 存在一定地域性。核心种质的聚类分析和主成分分析显示, 国内和国外种质可依据花序表型进行一定程度的区分。本研究基于花序表型构建的澳洲坚果核心种质能较好代表原始种质, 可为澳洲坚果种质资源研究提供依据。

关键词: 澳洲坚果; 种质资源; 花序性状; 核心种质

中图分类号: S602.4; S664.9 文献标志码: A

Construction of Core Collection for 200 *Macadamia* Germplasms Based on Inflorescence Phenotypic Traits

LI Yang^{1,2}, GONG Lidan^{1,2}, MA Jing^{1,2}, LONG Qingyi¹, LI Zhiqiang^{1,2}, GENG Jianjian^{1,2}, WU Chao^{1,2},
LI Tingyu^{1,2}, LUO Yong³, HUANG Niya³, TAO Liang^{1,2*}

1. Yunnan Institute of Tropical Crops, Jinghong, Yunnan 666100, China; 2. Macadamia Agricultural Engineering Research Center of Yunnan, Jinghong, Yunnan 666100, China; 3. Jinghong City Forestry and Grassland Bureau, Jinghong, Yunnan 666100, China

Abstract: 10 inflorescence traits of 200 domestic and international *Macadamia* germplasms in the Jinghong *Macadamia* Germplasm Repository of the Ministry of Agriculture and Rural Affairs were evaluated using QGA Station combined with different genetic distance metrics, clustering methods, sampling strategies, and sampling proportions to conduct a core macadamia collection construction. The optimal methodology for core collection development was identified as “Mahalanobis distance+multi-clustering deviation sampling+centroid clustering method+15% sampling proportion”, resulting in a core collection comprising 30 accessions. The mean difference percentage, variance difference percentage, range coincidence rate and variation coefficient change of core collection and original collection was 0.00%, 90.00%, 99.31% and 150.08%, respectively. No significant differences in trait means were detected between the core and original collections (*T*-test). The variances of all traits in the core collection exceeded those of the original collection, with 9 traits showing statistically significant differences. While genetic diversity indices slightly decreased, the conformity rate

收稿日期 2025-06-19; 接受日期 2025-07-08

基金项目 云南省第十二批技术创新人才培养对象项目 (No. 202305AD160033); 云南省热带作物科学研究所热带作物科技创新专项资金项目 (No. RF2025)

作者简介 李 扬 (1997—), 男, 硕士, 研究实习员, 研究方向: 热带木本油料作物选育种。*通信作者 (Corresponding author): 陶 亮 (TAO Liang), E-mail: basanyeyu@vip.sina.com。

for all traits remained above 80%. Principal component analysis (PCA) demonstrated that the cumulative variance contribution rate of the first three principal components was 74.118% and 84.350% for the original and core collections, respectively, with congruent geometric structures in their PCA scatterplots. Correlation analysis further confirmed that trait relationships in the core collection closely mirrored those of the original collection. The core collection comprised 8 Australian accessions, 10 Hawaiian accessions, 9 China Yunnan accessions, and 3 accessions of special types, exhibiting a degree of geographic representativeness. Analyses using both cluster analysis and PCA on the core collection revealed that domestic and foreign accessions were distinguishable to a certain extent based on the inflorescence phenotypes. The *Macadamia* core collection developed in this study, based on inflorescence phenotypic traits, effectively represents the genetic diversity of the original collection and would provide a robust foundation for future research on *Macadamia* genetic resources.

Keywords: *Macadamia*; germplasm resources; inflorescence traits; core collection

DOI: 10.3969/j.issn.1000-2561.2025.11.005

澳洲坚果（*Macadamia* spp.）属山龙眼科（*Proteaceae*）澳洲坚果属（*Macadamia*）常绿乔木果树，又称夏威夷果，食用部分为果仁，富含不饱和脂肪酸、蛋白质和多种矿质元素及维生素^[1]，营养价值丰富。中国为澳洲坚果种植大国，截至 2023 年，我国澳洲坚果种植面积达 35.94 万 hm²，占全球澳洲坚果种植面积的 61.85%^[2]。丰富的种质资源是育种的基础^[3]，目前澳洲坚果种质资源研究多集中于形态特征鉴定评价^[4-7]及亲缘关系鉴定^[8-10]等方面，尚无基于表型性状构建澳洲坚果核心种质的报道。

核心种质指整个种质资源群体中，能够以最小的资源数量和遗传重复保存整个群体遗传多样性的一小部分资源，该概念由 FRANKEL^[11]提出并由 BROWN^[12]进一步完善。核心种质的个体数量少，有利于种质资源的保存利用，并且构成核心种质的个体特异性强，更易找到群体内所需的特殊资源，能有效提高育种效率^[13]。核心种质可基于作物的表型性状及分子标记等进行构建^[14]，其中表型数据直观且容易获得，是种质整体遗传多样性的重要组成部分^[15]。目前核桃^[16]、芝麻^[17]、花生^[18]和大豆^[19]等油料作物已基于表型构建了有效核心种质，能较大程度保留原始群体遗传多样性。在花器官表型中，花的大小往往与传粉者造访传粉的概率密切相关^[20]，澳洲坚果存在自交不亲性，自然授粉条件下座果率为 0.1%~0.3%^[21]，生产中需由虫媒传粉以保证产量^[22]。不同澳洲坚果品种的小花数量和结实率存在显著差异^[23]，花序表型可能与座果率存在一定相关性。进行花序表型性状测定，并构建核心种质，对依据花序性状快速筛选种质具有重要意义。

为探究澳洲坚果核心种质构建策略，本研究

使用 200 份澳洲坚果种质的花序数量性状，通过不同聚类距离、取样策略及取样比例，筛选构建澳洲坚果核心种质的最佳方法，并构建澳洲坚果基于花序表型的核心种质库，以期为澳洲坚果种质资源研究提供参考。

1 材料与方法

1.1 材料

以保存于农业农村部景洪澳洲坚果种质资源圃（22°00′50.40″N，100°46′42.24″E，海拔 550 m）中的 200 份澳洲坚果种质为试验对象，试验分别于 2022、2023 年的 3—4 月在资源圃进行。试验地点属于北热带湿润季风气候，最高温为 38.4℃，最低温为 10.0℃，年均温为 21.9℃，全年无霜，年降雨量为 1196 mm，年日照时数为 2428.1 h，海拔为 550 m。所有试验材料的种植及管理条件一致。按照种质来源，将 200 份种质分为国外育成品种及实生选育优株（国外育成及实选），国内育成品种及实生选育优株（国内育成及实选），果壳粗糙及植株形态与其他种质有异的特殊种质，种质分类见表 1。

表 1 200 份澳洲坚果种质来源类别
Tab. 1 Origin categories of 200 *Macadamia* accessions

种质来源 Germplasm source	国家/地区 Country/Region	数量 Number
国外育成及实选	澳大利亚	32
	夏威夷	54
	以色列	1
国内育成及实选	中国云南	106
	中国广西	3
	中国广东	1
特殊种质	澳大利亚	2
	夏威夷	1

1.2 方法

1.2.1 花序表型测定及赋值 每份种质随机调查 3 株,选择树冠内膛不同部位至少共 10 个花序进行观测。参考《澳洲坚果种质资源描述规范和数据标准》^[24]测定花序梗长。花序梗柄长、花序梗粗度、花序宽度、小花梗长度、小花长度、小花粗度、花冠径、雌蕊长度及花序密集度测量方法见表 2。数量性状的等距离分级参考王业社等^[25]的方法(表 3)。

表 2 数量性状测量方法
Tab. 2 Quantitative characters measurement methods

花序性状 Inflorescence trait	测量方法 Measurement method
花序梗柄长/cm	花序基部至第 1 朵小花直线长度
花序梗粗度/mm	花序基部着生第 1 朵小花处直径
花序宽度/mm	花序最宽处直径
小花梗长度/mm	着生小花的花梗直线长度
小花长度/mm	花梗基部至小花最顶端的直线长度
小花粗度/mm	花冠基部直径
花冠径/mm	花冠最宽处直径
雌蕊长度/mm	柱头至子房基部的直线长度
花序密集度/(Flower·cm ⁻¹)	中部一段花序全部小花数/该段花序长

表 3 数量性状分级赋值标准
Tab. 3 Assignment criteria of quantitative characteristics

性状测量值 Trait measurement value	赋值 Assignment	性状测量值 Trait measurement value	赋值 Assignment
$x_i < X - 2\sigma$	1	$X \leq x_i < X + 0.5\sigma$	6
$X - 2\sigma \leq x_i < X - 1.5\sigma$	2	$X + 0.5\sigma \leq x_i < X + \sigma$	7
$X - 1.5\sigma \leq x_i < X - \sigma$	3	$X + \sigma \leq x_i < X + 1.5\sigma$	8
$X - \sigma \leq x_i < X - 0.5\sigma$	4	$X + 1.5\sigma \leq x_i < X + 2\sigma$	9
$X - 0.5\sigma \leq x_i < X$	5	$x_i \geq X + 2\sigma$	10

注: x_i 表示指标第 i 个值, X 表示指标的平均值, σ 表示性状的标准差。
Note: x_i represents the i^{th} value of the indicator, X represents the mean value of the indicator, σ represents the SD of the trait.

1.2.2 核心种质构建及筛选 使用 QGA Station 软件抽取核心种质。先在 25% 取样比例下,选择欧氏距离和马氏距离,对多次聚类随机取样法、优先取样法和偏离度取样法 3 种取样策略,以及最短距离法、最长距离法、中间距离法、重心法、非加权类平均法、可变类平均法及离差平方和法 7 种聚类方法进行组合对比,筛选较优的聚类取样方法组合,再以 5%、10%、15%、20%、25%、30%、40% 和 50% 的取样比例进行取样,筛选最

佳取样比例,最终基于核心种质评价参数、核心种质与原始种质各性状 T 和 F 检验,选出基于花序表型构建澳洲坚果核心种质的最佳策略^[26]。

核心种质评价参数为均值差异百分率 (mean difference percentage, MD)、方差差异百分率 (variance difference percentage, VD)、极差符合率 (coincidence rate of range, CR) 和变异系数变化率 (changeable rate of coefficient of variation, VR),参考 HU 等^[27]的方法进行计算。核心种质需满足 $MD < 20\%$ 且 $CR > 80\%$,并且 MD 越小,VD、CR 和 VR 越大,核心种质越具代表性^[27]。使用主成分分析评价核心种质对原始种质遗传变异的保留程度,主成分得分图可视化核心种质在总群体的分布情况。相关性分析判断核心种质性状相关关系保留情况。

1.3 数据处理

使用公式 $H' = -\sum P_i \ln P_i$ 计算 Shannon-Weaver 多样性指数 (H'),公式中 P_i 为某性状第 i 个代码值的分布频率。使用 Excel 软件对数据进行处理,用 SPSS 26.0 软件进行 T 检验和 F 检验,用 OriginPro 2024 软件进行相关性分析、主成分分析及绘图。

2 结果与分析

2.1 核心种质构建策略筛选

在 25% 取样比例下,使用 2 种遗传距离,3 种取样策略及 7 种聚类方法组合进行核心种质抽取。结果显示(表 4 和表 5),所有取样方法的 MD 均为 0,CR 均大于 80%,VR 均大于 100%,所有组合均符合核心种质选择条件。根据 VD、CR 及 VR 越大越具代表性的原则对不同组合方法筛选,发现在多次聚类偏离度取样策略下,出现 VD 和 VR 的最大值,马氏距离较欧氏距离的 CR 更大。在马氏距离+多次聚类偏离度取样策略下,最短距离法的 VD 最高,重心法的 CR 及 VR 最高,二者各参数值较为接近,故选出马氏距离+多次聚类偏离度取样策略+最短距离法及重心法 2 种取样方法,进行下一步取样比例筛选。

2.2 核心种质取样比例确定

以马氏距离为遗传距离,使用最短距离法及重心法进行聚类,取样策略为多次聚类偏离度取样,选择 5%、10%、15%、20%、25%、30%、40% 和 50% 共 8 个取样比例进行核心种质抽取。同样以 MD 越小,VD、CR 及 VR 越大越具代表性

表 4 25%取样比例和欧氏距离下不同取样方法比较

Tab. 4 Comparative analysis of sampling strategies under 25% sampling ratio and Euclidean distance

取样策略 Sampling strategy	聚类方法 Cluster method	均值差异百分率 MD/%	方差差异百分率 VD/%	极差符合率 CR/%	变异系数变化率 VR/%
多次聚类随机取样	类平均法	0	10	91.94	115.73
	离差平方和法	0	10	94.49	112.91
	最短距离法	0	70	99.36	125.25
	最长距离法	0	20	93.77	115.02
	中间距离法	0	20	97.31	114.93
	重心法	0	10	95.31	114.92
	可变类平均法	0	20	96.56	115.18
	可变法	0	50	98.24	120.14
多次聚类优先取样	类平均法	0	50	100.00	122.92
	离差平方和	0	60	100.00	121.28
	最短距离	0	70	100.00	127.63
	最长距离	0	40	100.00	120.32
	中间距离	0	40	100.00	119.87
	重心法	0	40	100.00	120.86
	可变类平均法	0	40	100.00	120.19
	可变法	0	50	100.00	120.96
多次聚类偏离度取样	类平均法	0	60	97.17	124.91
	离差平方和	0	50	96.54	125.05
	最短距离	0	80	98.82	128.59
	中间距离	0	50	96.51	121.73
	重心法	0	50	96.70	121.41
	可变类平均法	0	30	96.54	124.74
	可变法	0	30	96.54	124.18
	最长距离	0	50	96.60	125.86

表 5 25%取样比例和马氏距离下不同取样方法比较

Tab. 5 Comparative analysis of sampling strategies under 25% sampling ratio and Mahalanobis distance

取样策略 Sampling strategy	聚类方法 Cluster method	均值差异百分率 MD/%	方差差异百分率 VD/%	极差符合率 CR/%	变异系数变化率 VR/%
多次聚类随机取样	类平均法	0	30	94.32	115.84
	离差平方和	0	10	96.70	118.49
	最短距离	0	40	95.74	117.64
	最长距离	0	10	97.00	114.88
	中间距离	0	10	94.99	114.62
	重心法	0	30	93.68	117.00
	可变类平均法	0	20	92.32	115.78
	可变法	0	10	89.35	112.55
多次聚类优先取样	类平均法	0	50	100.00	122.95
	离差平方和	0	70	100.00	124.60
	最短距离	0	50	100.00	121.84
	最长距离	0	60	100.00	121.93
	中间距离	0	50	100.00	122.14
	重心法	0	50	100.00	120.22
	可变类平均法	0	40	100.00	121.37
	可变法	0	40	100.00	121.38

续表 5 25%取样比例和马氏距离下不同取样方法比较

Tab. 5 Comparative analysis of sampling strategies under 25% sampling ratio and Mahalanobis distance (continued)

取样策略 Sampling strategy	聚类方法 Cluster method	均值差异百分率 MD/%	方差差异百分率 VD/%	极差符合率 CR/%	变异系数变化率 VR/%
多次聚类偏离度取样	类平均法	0	80	99.23	130.52
	离差平方和	0	80	99.95	132.18
	最短距离	0	90	99.31	131.33
	最长距离	0	70	97.22	131.70
	中间距离	0	70	97.76	131.90
	重心法	0	80	99.95	132.99
	可变类平均法	0	70	97.94	130.83
	可变法	0	70	97.39	128.90

的原则进行筛选，并尽可能平衡各参数水平。结果显示（表 6），最短距离法以 25%取样比例取样，VD 最大，CR>99%，VR 为 131.33%；重心法选择以 15%取样比例取样，VD 最大，CR>99%，VR 为 150.08%。2 种方法在 5%取样比例下 MD 已等于 0，推测原始种质存在一定遗传冗余，故以核心种质取样比例偏小为佳，最终选择马氏距离+重心法+多次聚类偏离度取样+15%取样比例构建核心种质。构成的核心种质包含全部特殊种质、国外和国内育成及实选的部分种质，占原始种质比例分别为 100%、20.69%和 7.50%。

表 6 不同取样方法的取样比例筛选

Tab. 6 Selection of sampling ratios based on different sampling methods

取样比例 Sampling ratio/%	最短距离法聚类 Single linkage cluster method				重心法聚类 Centroid cluster method			
	均值差异百分率 MD/%	方差差异百分率 VD/%	极差符合率 CR/%	变异系数变化率 VR/%	均值差异百分率 MD/%	方差差异百分率 VD/%	极差符合率 CR/%	变异系数变化率 VR/%
5	0	90	96.51	188.76	0	80	92.35	180.01
10	0	90	97.41	163.31	0	90	98.24	161.79
15	0	90	98.50	146.02	0	90	99.31	150.08
20	0	90	98.77	137.19	0	90	99.31	140.59
25	0	90	99.31	131.33	0	80	99.95	132.99
30	0	70	99.31	126.60	0	80	99.95	127.34
40	0	70	99.95	119.71	0	50	99.95	119.23
50	0	40	100.00	114.56	0	40	99.95	115.07

2.3 核心种质检验

使用 *T* 检验比较核心种质与原始种质性状均值是否存在显著差异，*F* 检验比较性状方差同质性。结果显示（表 7），核心种质中 10 个花序性状与原始种质均值无显著差异；所有性状方差均大于原始种质，其中 9 个性状的方差显著大于原始种质；多样性指数较原始种质有所减小，但符合率均大于 80%，原始种质性状的遗传多样性得到较好保留。

2.4 核心种质确认

分别对原始种质和核心种质进行主成分分析，结果显示，原始种质前 3 个主成分累计方差

贡献率为 74.118%，而核心种质的为 84.350%（表 8），核心种质累计方差贡献率较原始种质更高，有效减少了遗传冗余度。使用群体内各样本的主成分得分绘制得分图，观察核心种质在原始种质的分布情况（图 1），核心种质在几何平面上的分布与原始种质类似，种质重叠分布的情况较少（图 1A 和图 1B）；使用随机数从原始种质中抽取样本数为 30 的随机群体，分析显示随机群体分布在原始种质内部，置信椭圆未包含全部种质，而核心种质的置信椭圆包含全部种质（图 1C、图 1D），表明核心种质较好地保留了原始种质的遗传结构及遗传多样性。

表 7 原始种质与核心种质差异比较
Tab. 7 Comparative analysis of differences between original and core collections

性状 Trait	均值 Mean			方差 Variance			多样性指数 H'		
	原始种质 Original collection	核心种质 Core collection	P 值 P -value	原始种质 Original collection	核心种质 Core col- lection	P 值 P -value	原始种质 Original collection	核心种质 Core collection	符合率 Coincidence rate/%
花序梗长度/cm	18.53	18.85	0.7739	14.88	34.30	0.0004	2.016	2.006	99.53
花序梗柄长/cm	2.48	2.39	0.5370	0.21	0.49	0.0004	2.003	1.728	86.29
花序梗粗度/mm	1.43	1.45	0.6592	0.03	0.06	0.0048	2.074	1.933	93.19
花序宽度/mm	28.17	27.79	0.7210	11.62	31.08	>0.0001	2.034	1.997	98.17
小花梗长度/mm	3.21	3.32	0.6132	0.51	1.29	0.0001	2.021	2.006	99.29
小花长度/mm	12.59	12.28	0.6033	4.97	9.85	0.0035	2.084	2.064	99.03
小花粗度/mm	1.43	1.44	0.9151	0.04	0.08	0.0015	2.081	1.867	89.69
花冠径/mm	5.04	4.88	0.5807	1.99	2.75	0.1040	1.986	1.931	97.26
雌蕊长度/mm	9.89	9.66	0.5909	2.14	4.82	0.0006	2.052	2.012	98.02
花序密集度/(Flower·cm ⁻¹)	16.15	16.68	0.6095	9.58	30.83	>0.0001	1.921	1.579	82.17

表 8 原始种质及核心种质主成分分析
Tab. 8 Principal component analysis of original and core collections

主成分 Component	原始种质 Original collection			核心种质 Core collection		
	特征值 Eigenvalue	方差贡献率 Contribution rate/%	累计方差贡献率 Cumulative contribution rate/%	特征值 Eigenvalue	方差贡献率 Contribution rate/%	累计方差贡献率 Cumulative contribution rate/%
1	4.613	46.132	46.132	5.979	59.791	59.791
2	1.484	14.837	60.969	1.547	15.467	75.258
3	1.315	13.149	74.118	0.909	9.092	84.350

分别对原始种质、核心种质和随机群体的性状进行相关性分析,结果显示(图 2),与随机群体相比,核心种质性状间相关性与原始种质更为相似,并保留了相关系数的大小趋势,仅花序梗柄长与花序梗粗度和小花梗长度,花序梗粗度与花序宽度和雌蕊长度,花冠径与小花梗长度和花序密集度的相关显著性未在核心种质中检测到,可能是原始种质中其相关系数较小所致。

2.5 核心种质分析

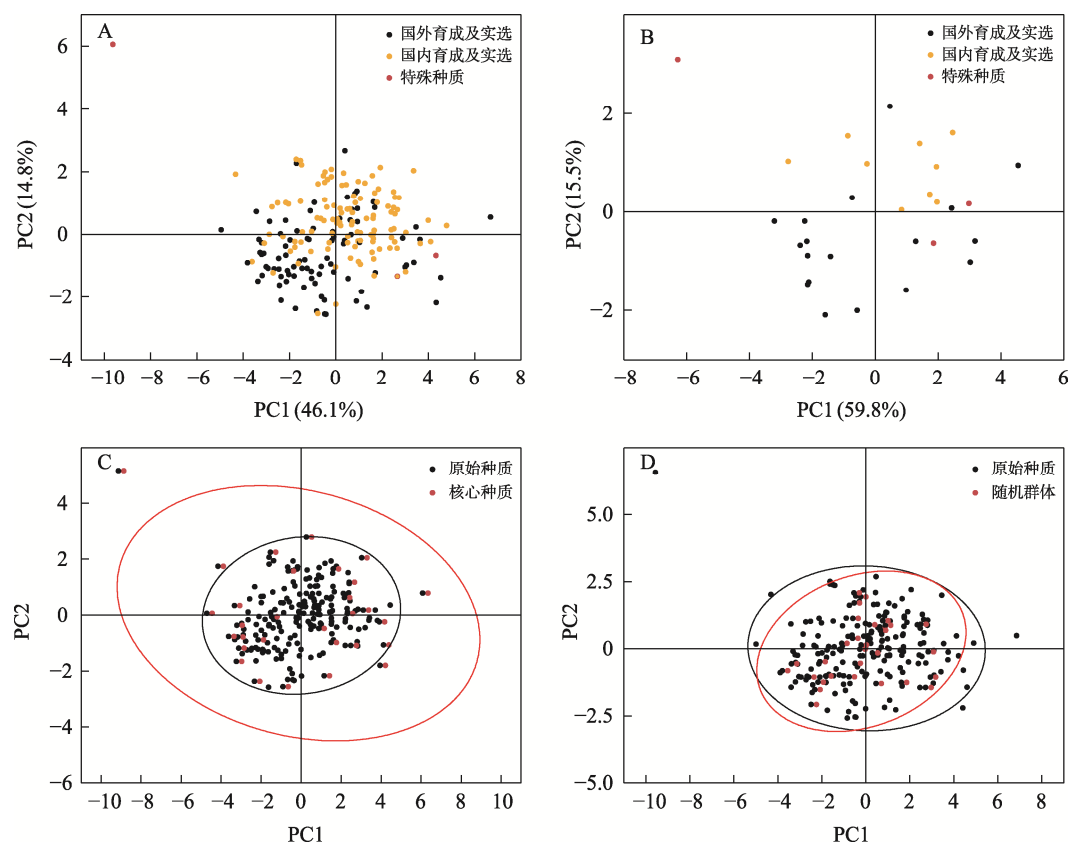
构建的核心种质包含了来自澳大利亚、夏威夷、中国云南和特殊种质,占原始种质的比例分别为 25.00%、18.52%、8.49%和 100.00%(表 9),但未包含以色列、中国广东和中国广西种质。使用花序表型对核心种质进行聚类分析,结果显示,30 份种质分为 3 类(图 3),Ⅰ类群仅有 72 号特殊种质,其特征为花序密集度最大;Ⅱ类群包含 13 份种质,除 97 号为中国云南种质外,其余均为澳大利亚和夏威夷种质;Ⅲ类群共 16 份种质,8 份中国云南种质及 2 份粗壳种质均被包含其

中,其余分别为 3 份澳大利亚种质及 3 份夏威夷种质。

使用聚类分组信息进行主成分得分图绘制,结果显示Ⅲ类群整体主成分 1(principal component 1, PC1)和 PC2 得分较高(图 4A),结合载荷图(图 4B)和聚类热图(图 3)可知,Ⅲ类群除花序密集度外,其他花序性状整体优于Ⅱ类群。基于核心种质的分析显示,可在一定程度上依据花序表型性状区分澳洲坚果国内和国外种质。

3 讨论

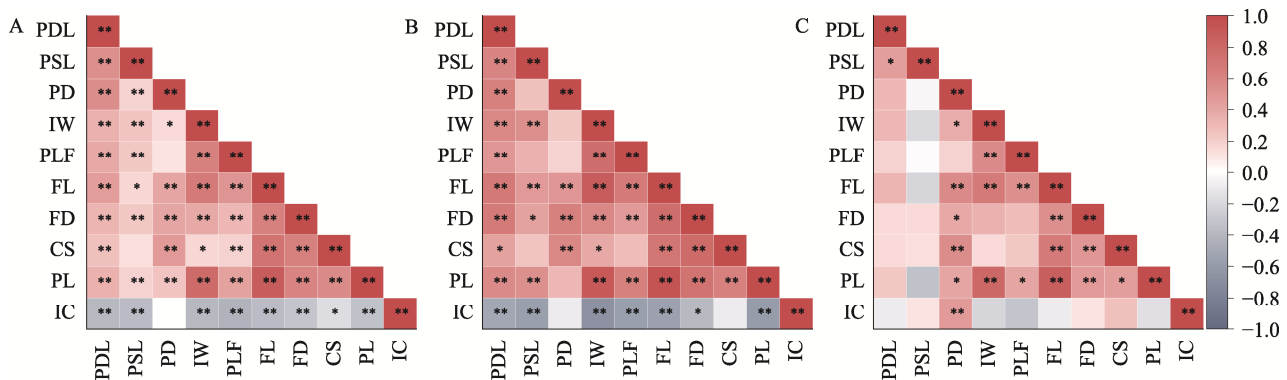
核心种质是以最小资源数量和遗传重复,代表整个种质群体的遗传多样性的核心子集。核心种质的构建多基于聚类取样进行,构建时需对聚类遗传距离、聚类方法、聚类取样方法及取样比例进行筛选^[14],最终获得具代表性、遗传异质性和多样性的核心种质^[28]。对使用不同策略构建的核心种质,以均值差异百分率、方差差异百分率、极差符合率和变异系数变化率对其进行遗传差



A: 原始种质主成分得分图; B: 核心种质主成分得分图; C: 原始种质与核心种质主成分得分图比较;
D: 原始种质与随机群体主成分得分图比较。
A: PCA scores plot of original collection; B: PCA scores plot of core germplasm; C: Comparative PCA scores plots between original and core germplasm; D: Comparative PCA scores plots between original germplasm and random population.

图 1 原始种质、核心种质及随机群体主成分得分图

Fig. 1 PCA scores plots of original collection, core collection, and random population



A: 原始种质; B: 核心种质; C: 随机群体。PDL: 花序梗长度; PSL: 花序梗柄长; PD: 花序梗粗细; IW: 花序宽度;
PLF: 小花梗长度; FL: 小花长度; FD: 小花粗细; CD: 花冠径; PL: 雌蕊长度; IC: 花序密集度。

*表示显著相关 ($P<0.05$); **表示极显著相关 ($P<0.01$)。

A: Original collection; B Core collection; C: Random population. PDL: Peduncle length; PSL: Peduncle stalk length; PD: Peduncle diameter;
IW: Inflorescence width; PLF: Pedicel length of flower; FL: Flower length; FD: Flower diameter; CD: Corolla diameter; PL: Pistil length;
IC: Inflorescence compactness. * indicates significant correlation ($P<0.05$); ** indicates extremely significant correlation ($P<0.01$).

图 2 性状相关性热图

Fig. 2 Phenotypic trait correlation heatmap

异保留程度进行评价^[27]。本研究对 2 种遗传距离、7 种聚类方法和不同比例的取样策略组合比较, 最终确定马氏距离、重心法聚类、多次聚类偏离度 取样和 15%取样比例组合为澳洲坚果花序表型核 心种质库构建的最佳策略, 其 MD、VD、CR 和 VR 分别为 0%、90%、

表 9 核心种质来源比例			
Tab. 9 Geographical composition of core collection			
种质来源 Germplasm source	原始种质 Original collection	核心种质 Core collection	比例 Ratio/%
大利亚	32	8	25.00
夏威夷	54	10	18.52
中国云南	106	9	8.49
澳大利亚	2	2	100.00
夏威夷	1	1	100.00

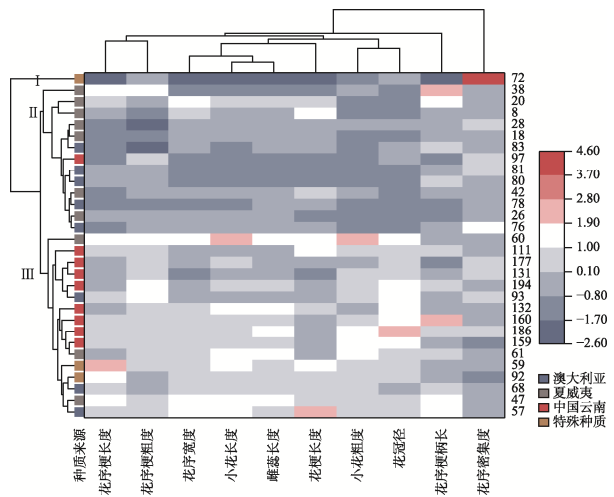
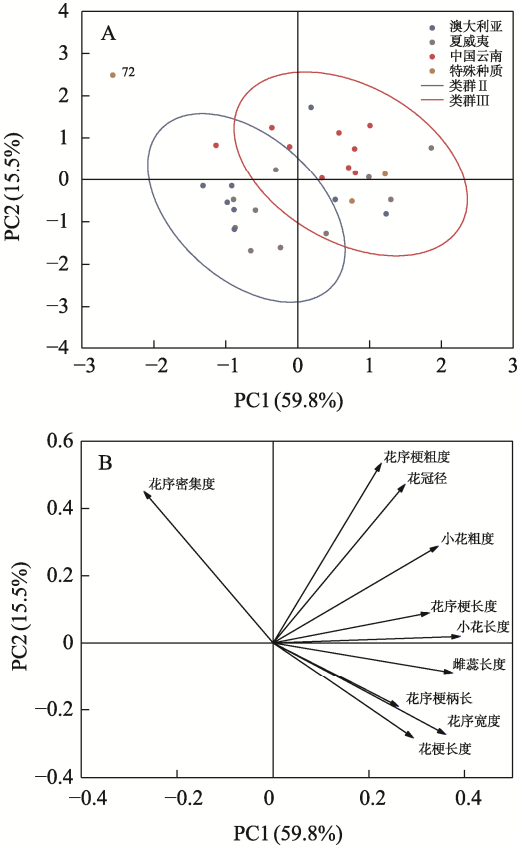


图 3 澳洲坚果核心种质聚类热图

Fig. 3 Heatmap of *Macadamia* core collection cluster analysis

99.31%和 150.08%，均值 T 检验与原始种质无显著差异，所有性状遗传多样性指数符合率均大于 80%，符合核心种质的参数要求。

对核心种质库的检验是评价其是否具有代表性和实用性的重要步骤，主成分分析可以比较核心种质与原始种质的空间分布特征，以此判断核心种质对原始种质遗传结构的保留情况^[29]。李洪果等^[30]的研究结果显示，蒜头果核心种质前 6 个主成分累计方差贡献率为 87.78%，大于原种质的 86.64%，核心种质主成分得分图中密集和重叠部分明显减少，保留了遗传结构，降低了遗传冗余；张磊等^[31]构建了糜子的骨干种质，其主成分得分图与原种质特征高度相似，并且无重叠现象；曾钦滕等^[16]的研究显示，贵州核桃核心种质的置信椭圆包含了整个原种质，有效保留了原种质的遗传信息。在本研究中，核心种质的前 3 个主成分累计贡献率大于原始种质，主成分得分图在几何平面上的分布与原始种质一致，置信椭圆包含了全部种质，较好地保留了原始种质的遗传多样性和遗传结构。此外，本研究中核心种质的性状相



A：散点图；B：载荷图。A: scatter plot; B: loadings plot.

图 4 澳洲坚果核心种质主成分分析

Fig. 4 Principal component analysis of *Macadamia* core collection

关性与原始种质高度相似，保留了原群体中的相关关系，进一步验证了该核心种质的代表性。

使用不同地域来源分布的种质构建核心种质时，通常按地域进行分组，在组内进行聚类 and 取样^[32]。前人基于澳洲坚果花序表型的聚类分析显示，不同地域来源种质在各类群中均有分布，并未表现出地域性^[4, 33]，故本研究未使用地域分组进行核心种质抽取，但本研究的核心种质由澳大利亚、夏威夷、中国云南和特殊种质构成，存在一定地域性。对核心种质的聚类 and 主成分分析显示，8 份国内种质聚在Ⅲ类群，而 12 份国外种质聚在Ⅱ类群，Ⅲ类群除花序密集度外整体花序表型优于Ⅱ类群，国内和国外种质在花序表型上存在一定差异。前人的聚类分析未显示地域性的原因可能是参试种质存在遗传冗余^[34]，而核心种质是以最少样本量最大限度代表原始群体遗传多样性的核心子集^[13]，去除了遗传冗余，凸显出不同种质的关键特征，进而核心种质内表现出地域性。花序表型的差异分析显示（未公开发表），国内种

质在花冠径和小花长度上较国外种质更大,而国内种质中有 98 份为实选优株,多数因田间果实较大被选育,推测小花大小与果实大小可能存在一定相关性,需进一步研究以明确花序表型的育种价值。

综上,本研究基于 200 份澳洲坚果种质的花序表型,使用马氏距离、重心法聚类 and 偏离度取样法,以 15% 取样比例,构建了含 30 份资源的核心种质。经评价参数、主成分分析及相关性分析验证,该核心种质具代表性和多样性,并体现了花序表型的地域性,能有效反映澳洲坚果花序表型的整体特征。

本研究为基于表型构建澳洲坚果核心种质的首次尝试,其他表型性状如叶片和果实正陆续收集中。后续研究需精进试验设计,扩大性状选择范围,整合表型和基因型数据,并结合分子标记进一步完善澳洲坚果核心种质库,为澳洲坚果种质资源保护、开发利用及品种选育提供理论依据。

参考文献

- [1] 谭秋锦, 韦媛荣, 黄锡云, 张涛, 许鹏, 宋海云, 王文林, 郑树芳. 10 份澳洲坚果种质果实性状与营养成分分析[J]. 果树学报, 2021, 38(5): 672-680.
TAN Q J, WEI Y R, HUANG X Y, ZHANG T, XU P, SONG H Y, WANG W L, ZHENG S F. Analysis of fruit characteristics and nutrients of 10 accessions of *Macadamia integrifolia*[J]. Journal of Fruit Science, 2021, 38(5): 672-680. (in Chinese)
- [2] 杨帆, 唐娟, 付小猛, 唐少平, 杨虹霞, 董美超, 罗心平. 中国澳洲坚果产销概况与展望[J]. 中国南方果树, 2025, 54(2): 1-5.
YANG F, TANG J, FU X M, TANG S P, YANG H X, DONG M C, LUO X P. Overview and prospect of production and marketing situation of *Macadamia* in China[J]. South China Fruits, 2025, 54(2): 1-5. (in Chinese)
- [3] 陈灵芝, 马克平. 生物多样性科学: 原理与实践[M]. 上海: 上海科学技术出版社, 2001: 93-94, 118.
CHEN L Z, MA K P. Biodiversity science: principles and practices[M]. Shanghai: Shanghai Scientific & Technical Publishers, 2001: 93-94, 118. (in Chinese)
- [4] 马静, 李扬, 陶亮, 贺熙勇, 龙青姨, 宫丽丹. 澳洲坚果种质资源花序表型性状多样性分析[J]. 云南农业大学学报(自然科学), 2024, 39(4): 131-140.
MA J, LI Y, TAO L, HE X Y, LONG Q Y, GONG L D. Diversity analysis of inflorescence phenotypic traits of *Macadamia* spp. germplasm resources[J]. Journal of Yunnan Agricultural University (Natural Science), 2024, 39(4): 131-140. (in Chinese)
- [5] 林玉虹, 杨祥燕, 蔡元保, 潘如军, 崔明勇, 叶维雁, 曾黎明, 黄思婕, 李冰. 68 份澳洲坚果种质资源的表型分类研究[J]. 南方农业学报, 2023, 54(8): 2379-2387.
LIN Y H, YANG X Y, CAI Y B, PAN R J, CUI M Y, YE W Y, ZENG L M, HUANG S J, LI B. Phenotypic classification study of 68 *Macadamia* germplasm resources[J]. Journal of Southern Agriculture, 2023, 54(8): 2379-2387. (in Chinese)
- [6] 谭秋锦, 韦媛荣, 潘贞珍, 环秀菊, 潘浩男, 许鹏, 韦哲君, 郑树芳, 王文林. 澳洲坚果种质果实数量性状分析与综合评价[J]. 植物遗传资源学报, 2023, 24(6): 1615-1625.
TAN Q J, WEI Y R, PAN Z Z, HUAN X J, PAN H N, XU P, WEI Z J, ZHENG S F, WANG W L. Analysis and comprehensive evaluation of the fruit quantitative traits for *Macadamia* germplasms[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2023, 24(6): 1615-1625. (in Chinese)
- [7] 万继锋, 邹明宏, 陈菁, 宋喜梅, 杨倩, 罗炼芳, 曾辉. 澳洲坚果种质资源数量分类研究[J]. 果树学报, 2022, 39(10): 1798-1812.
WAN J F, ZOU M H, CHEN J, SONG X M, YANG Q, LUO L F, ZENG H. Study on numerical taxonomy of *Macadamia* spp. germplasm resources[J]. Journal of Fruit Science, 2022, 39(10): 1798-1812. (in Chinese)
- [8] 李志强, 马静, 吴超, 耿建建, 贺熙勇, 宫丽丹, 陶亮. 基于全基因组 SNP 构建澳洲坚果指纹图谱[J]. 核农学报, 2025, 39(4): 678-685.
LI Z Q, MA J, WU C, GENG J J, HE X Y, GONG L D, TAO L. Construction of fingerprint of *Macadamia* based on whole-genome SNPs[J]. Journal of Nuclear Agricultural Sciences, 2025, 39(4): 678-685. (in Chinese)
- [9] 李志强, 吴超, 贺熙勇, 陶亮, 耿建建, 马静, 宫丽丹. 基于 SSR 标记的澳洲坚果种质资源 DNA 指纹图谱的构建[J]. 果树学报, 2022, 39(11): 2028-2035.
LI Z Q, WU C, HE X Y, TAO L, GENG J J, MA J, GONG L D. Construction of DNA fingerprint of *Macadamia* germplasm based on SSR markers[J]. Journal of Fruit Science, 2022, 39(11): 2028-2035. (in Chinese)
- [10] 李昊洋, 吴疆翀, 王丽娟, 杨玉春, 万晓丽, 白海东, 石定宏, 黄绍琨, 杨庭泉, 张林溪. 澳洲坚果种质遗传结构和亲缘关系研究进展[J]. 世界林业研究, 2024, 37(3): 22-27.
LI H Y, WU J C, WANG L J, YANG Y C, WAN X L, BAI H D, SHI D H, HUANG S K, YANG T Q, ZHANG L X. Research progress on genetic structure and cultivar relationship of *Macadamia*[J]. World Forestry Research, 2024, 37(3): 22-27. (in Chinese)
- [11] FRANKEL O H. Genetic perspectives of germplasm conservation[J]. Genetic Manipulation Impact on Man & Society,

- 1984: 161-170.
- [12] BROWN H A. Core collections: a practical approach to genetic resources management[J]. *Genome*, 1989, 31(2): 818-824.
- [13] 吕勋, 刘国祥, 李云霞, 籍燕, 李媛, 李洋洋, 程崖芝, 吴则东, 张兴伟. 植物核心种质研究现状与展望[J/OL]. *植物遗传资源学报*. (2025-04-22)[2025-05-04]. <https://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20250119003>.
LYU X, LIU G X, LI Y X, JI Y, LI Y, LI Y Y, CHENG Y Z, WU Z D, ZHANG X W. Current status and prospects of plant core germplasm research[J/OL]. *Journal of Plant Genetic Resources*. (2025-04-22)[2025-05-04]. <https://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20250119003>. (in Chinese)
- [14] 徐海明. 种质资源核心库构建方法的研究及其应用[D]. 杭州: 浙江大学, 2005.
XU H M. Study on methods of constructing core collection of germplasm and their applications in core construction[D]. Hangzhou: Zhejiang University, 2005. (in Chinese)
- [15] MITCHELL-OLDS T, WILLIS J H, GOLDSTEIN D B. Which evolutionary processes influence natural genetic variation for phenotypic traits?[J]. *Nature Reviews Genetics*, 2007, 8(11): 845-856.
- [16] 曾钦滕, 曾亚军, 陈胜群, 侯娜. 贵州核桃核心种质筛选与构建研究[J]. *西北植物学报*, 2022, 42(5): 865-873.
ZENG Q M, ZENG Y J, CHEN S Q, HOU N. Study on screening and construction of Guizhou walnut core collection[J]. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2022, 42(5): 865-873. (in Chinese)
- [17] 王郅琪, 颜廷献, 颜小文, 梁俊超, 乐美旺, 孙建. 江西省芝麻种质资源的多样性分析及核心种质构建[J]. *植物遗传资源学报*, 2025, 26(3): 455-470.
WANG Z Q, YAN T X, YAN X W, LIANG J C, LE M W, SUN J. Genetic diversity analysis and core collection construction of sesame germplasm in Jiangxi province[J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2025, 26(3): 455-470. (in Chinese)
- [18] 于树涛, 孙泓希, 任亮, 尤淑丽, 王虹, 于洪波, 徐千惠, 王传堂. 基于花生感官品质的核心种质资源构建[J]. *花生学报*, 2020, 49(2): 67-72.
YU S T, SUN H X, REN L, YOU S L, WANG H, YU H B, XU Q H, WANG C T. Construction of core resource for peanut germplasms based on indicators of sensory quality[J]. *Journal of Peanut Science*, 2020, 49(2): 67-72. (in Chinese)
- [19] 陈妍, 杨午, 万坤, 聂萌恩, 张海平. 基于表型多样性构建山西大豆地方品种核心种质[J]. *中国油料作物学报*, 2025, 47(1): 105-114.
CHEN Y, YANG W, WAN K, NIE M E, ZHANG H P. Establishment of soybean core collection based on phenotypic characters in Shanxi province[J]. *Chinese Journal of Oil Crop Sciences*, 2025, 47(1): 105-114. (in Chinese)
- [20] FENSTER C B, ARMBRUSTER W S, WILSON P, DUDASH M R, THOMSON J D. Pollination syndromes and floral specialization[J]. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 2004, 35: 375-403.
- [21] 徐凡迪, 白海东, 樊绍光, 万晓丽, 杨建荣, 李智华, 苏建荣, 张燕平, 吴疆翀, 赵云晋. 澳洲坚果繁育系统研究进展[J]. *世界林业研究*, 2022, 35(5): 37-41.
XU F D, BAI H D, FAN S G, WAN X L, YANG J R, LI Z H, SU J R, ZHANG Y P, WU J C, ZHAO Y J. Research advances in *Macadamia* breeding system[J]. *World Forestry Research*, 2022, 35(5): 37-41. (in Chinese)
- [22] TRUEMAN S J, PENTER M G, MALAGODI-BRAGA K S, NICHOLS J, DE SILVA A L, MUNHOZ RAMOS A T, MORIYA L M, OGBOURNE S M, HAWKES D, PETERS T, KASINADHUNI N, BAI S H, WALLACE H M, KÄMPER W. High outcrossing levels among global macadamia cultivars: implications for nut quality, orchard designs and pollinator management[J]. *Horticulturae*, 2024, 10(3): 203.
- [23] 巫辅民, 曾黎明, 李季东, 潘如军, 黄思婕, 蔡元保, 黄锦媛, 李穆, 胡玲. 10 种澳洲坚果的开花结实特性及品质性状分析[J]. *农业研究与应用*, 2024, 37(Suppl.1): 207-216.
WU F M, ZENG L M, LI J D, PAN R J, HUANG S J, CAI Y B, HUANG J Y, LI M, HU L. Analysis of flowering and fruiting characteristics and quality traits in 10 varieties of *Macadamia integrifolia*[J]. *Agricultural Research and Application*, 2024, 37(Suppl. 1): 207-216. (in Chinese)
- [24] 陆超忠, 杜丽清. 澳洲坚果种质资源描述规范和数据标准[M]. 北京: 中国农业出版社, 2008: 37.
LU C Z, DU L Q. Descriptors and data standard for macadamia (*Macadamia integrifolia*)[M]. Beijing: China Agriculture Press, 2008: 37. (in Chinese)
- [25] 王业社, 侯伯鑫, 索志立, 刘桃花, 陈立军, 杨贤均. 紫薇品种表型多样性分析[J]. *植物遗传资源学报*, 2015, 16(1): 71-79.
WANG Y S, HOU B X, SUO Z L, LIU T H, CHEN L J, YANG X J. Phenotypic diversity of *Lagerstroemia indica* cultivars[J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2015, 16(1): 71-79. (in Chinese)
- [26] 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.
XU 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)
- [27] HU J, ZHU J, XU H. Methods of constructing core collections by stepwise clustering with three sampling strategies based on the genotypic values of crops[J]. *Theoretical and*

- Applied Genetics, 2000, 101: 264-268.
- [28] 李自超, 张洪亮, 孙传清, 王象坤. 植物遗传资源核心种质研究现状与展望[J]. 中国农业大学学报, 1999, 4(5): 51-62.
- LI Z C, ZHANG H L, SUN C Q, WANG X K. Status and prospects of core collection in plant germplasm resource[J]. Journal of China Agricultural University, 1999, 4(5): 51-62. (in Chinese)
- [29] UPADHYAYA H D, ORTIZ R, BRAMEL P J, SINGH S. Development of a groundnut core collection using taxonomical, geographical and morphological descriptors[J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 2003, 50: 139-148.
- [30] 李洪果, 段润梅, 覃坚, 曾冠, 周炳江, 劳庆祥. 基于表型及经济性状构建蒜头果初选核心种质[J]. 西北植物学报, 2023, 43(8): 1396-1404.
- LI H G, DUAN R M, QIN J, ZENG G, ZHOU B J, LAO Q X. Construction of primary core collection of *Malania oleifera* based on phenotypic and economic trait[J]. Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica, 2023, 43(8): 1396-1404. (in Chinese)
- [31] 张磊, 董孔军, 何继红, 任瑞玉, 刘天鹏, 李亚伟, 刘敏轩, 杨天育. 基于种质资源表型性状的糜子骨干种质构建[J/OL]. 植物遗传资源学报. (2025-01-20)[2025-05-04]. <https://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20241108001>.
- ZHANG L, DONG K J, HE J H, REN R Y, LIU T P, LI Y W, LIU M X, YANG T Y. Construction of core germplasm based on the phenotypic traits of broomcorn millet[J/OL]. Journal of Plant Genetic Resources. (2025-01-20)[2025-05-04]. <https://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20241108001>. (in Chinese)
- [32] 吴春文. 银杏种质资源遗传多样性分析及核心种质的构建[D]. 长沙: 中南林业科技大学, 2022.
- WU C W. Analysis of genetic diversity and construction of core collection in germplasm resources of ginkgo[D]. Changsha: Central South University of Forestry and Technology, 2022. (in Chinese)
- [33] 万继锋, 曾辉, 杨为海, 张汉周, 陆超忠, 陈倪, 陈菁, 罗炼芳. 澳洲坚果种质资源花序表型多样性研究[J]. 福建农业学报, 2019, 34(11): 1255-1261.
- WAN J F, ZENG H, YANG W H, ZHANG H Z, LU C Z, CHEN N, CHEN J, LUO L D. Phenotypic diversity on inflorescence of *Macadamia* spp. germplasms[J]. Fujian Journal of Agricultural Sciences, 2019, 34(11): 1255-1261. (in Chinese)
- [34] TOPP B, HARDNER C, NEAL J, KELLY A, RUSSELL D, MCCONCHIE C, O'HARE P. Overview of the Australian *Macadamia* industry breeding program[J]. Acta Horticulturae, 2016(1127): 45-50.