

基于形态数据的大白菜核心种质构建方法的研究

李国强, 李锡香*, 沈 镒, 王海平, 宋江萍, 邱 杨

(中国农业科学院蔬菜花卉研究所, 北京 100081)

摘 要: 以国家蔬菜种质资源中期库收集保存的 1 651 份大白菜种质为试材, 按照大白菜分类系统和生态型, 采用分层分组法, 将所有种质分为 6 组。基于 43 个形态性状的数据, 比较了 4 种组内取样比例法、6 种总体取样规模和 2 种取样方法在构建大白菜核心种质中的作用和效果。结果表明: 组内以多样性比例法更能使各组的取样份数或比例趋于平衡, 并较好地保持原始收集品的变异度。当总体取样规模为 15% 时, 多样性比例法所构建的核心种质的遗传多样性指数达到最大, 表型保留比例亦能达到 98% 左右; 而当总体取样规模增加到 20% 以上时, 虽然表型保留比例接近 100%, 但核心种质遗传多样性指数迅速降低。因此, 认为 15% 总体取样规模较为合适。在一定的组内取样比例法和总体取样规模下, 聚类取样构建的核心种质的遗传多样性指数 (D)、表型保留比例 (RPR) 和变异系数 (CV) 均比随机取样的高。根据获得的优化方案最终在表型水平建立了包含 248 份种质的中国大白菜核心种质。

关键词: 大白菜; 形态数据; 核心种质; 取样规模; 取样方法

中图分类号: S 634.1 文献标识码: A 文章编号: 0513-353X (2008) 12-1759-08

Studies on the Methods of Constructing Chinese Cabbage Core Germplasm Based on the Morphological Data

LI Guo-qiang, LI Xi-xiang*, SHEN Di, WANG Hai-ping, SONG Jiang-ping, and QIU Yang
(Institute of Vegetables and Flowers, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China)

Abstract: The method to construct Chinese cabbage core germplasm based on four types of sampling proportion methods in group, six overall sampling scales and two sampling methods were studied in light of 1 651 accessions of Chinese cabbage germplasm and their data of 43 morphological characters in the National Medium-term Genebank of Vegetable Germplasm Resources. The main results were as follows: The best proper sampling proportion within group was based on index of genetic diversity which enabled the sampled number or proportion from different groups tend to balance, and better maintained the variability of original collection. The index of genetic diversity of the core germplasm established according to the method of genetic diversity index proportion reached maximum and the ratio of phenotypic retained reached 98% when the overall sampling scale increased to 15%. Although the proportion of phenotypes retained nearly 100% and phenotypic variability changed little, the genetic diversity index of the core germplasm decreased accordingly when the overall sampling scale increased to over 20%. So 15% of the overall sampling sizes were more appropriate. In certain sampling proportion method and sampling scale, index of genetic diversity, ratio of phenotype retained and coefficient of variation of the core germplasm constructed by cluster sampling was much higher than that by random sampling. Based on the optimized sampling scheme, the Chinese cabbage core germplasm of 248 accessions of Chinese cabbage germplasm were established.

Key words: Chinese cabbage; morphological data; core germplasm; sampling scale; sampling method

收稿日期: 2008 - 04 - 22; 修回日期: 2008 - 10 - 14

基金项目: 国家自然科学基金项目 (306714)

* 通讯作者 Author for correspondence (E-mail: lee0612@sina.com)

目前,在中国国家蔬菜种质资源中期库中收集保存的有性繁殖蔬菜种质资源 132种(变种) 33 280份(李锡香等, 2006)。庞大的资源数量给种质的保存、评价、研究和利用带来了诸多困难(Brown, 1989a)。自Frankel和Brown(1984)提出“核心种质”的概念以来,在短短的20多年中,世界范围内已在51个作物种上构建了63个核心种质(董玉琛等, 2003),分布于15个国家。中国目前已在芝麻、水稻、大豆、小麦等多种作物上开展了核心种质的研究(李自超等, 1999),但在种类繁多蔬菜作物上的研究较少。

目前国家蔬菜种质资源中期库收集保存了大白菜(*Brassica campestris* L. ssp. *pekinensis* Olsson) 1 651(包括重复)份种质资源。为了提高大白菜种质资源的利用效率,以大白菜种质资源的形态数据为基础,探讨构建核心种质的取样策略,构建中国大白菜核心种质。

1 材料与amp;方法

1.1 试验材料

供试材料为保存于中国国家蔬菜种质资源中期库的1 651份大白菜种质,其来源为安徽(5份)、北京(35份)、吉林(108份)、福建(23份)、甘肃(23份)、贵州(32份)、河北(186份)、河南(193份)、黑龙江(36份)、湖北(63份)、湖南(22份)、江苏(42份)、江西(2份)、辽宁(66份)、内蒙古(47份)、宁夏(34份)、青海(10份)、山东(265份)、陕西(37份)、四川(171份)、天津(28份)、西藏(2份)、新疆(15份)、云南(127份)、浙江(21份)、山西(19份)、重庆(5份)、广东(11份)和国外品种(23份)。

1.2 田间试验

于2006年8月将所有供试材料播种于北京市顺义区杨镇试验基地。试验地平整、前茬作物一致,周围无高大植物或建筑物遮挡。采用高垄栽培,垄距40 cm,株距30 cm,垄长7.5 m,垄宽40 cm,露地直播,每份材料定植15株,周围以‘北京新3号’设保护行,栽培管理同一般生产。

1.3 观察记载的性状、方法和标准

调查的时期分为幼苗期、莲座期和结球期。调查的性状包括25个质量性状:子叶颜色、下胚轴颜色、株型、叶形、叶柄形状、叶子顶端形状、叶缘、外叶裂刻、叶色、叶面、叶面刺毛、叶面蜡粉、叶尖姿势、叶柄或中肋横切面形状、叶柄色及中肋色、叶球形状、叶球顶形状、短缩茎侧芽萌发情况、叶球抱合类型、叶球心、叶球外露性、叶球覆盖度、叶球颜色、叶球内叶色和叶翼的有无;18个数量性状:子叶长、子叶宽、株高、株幅、基生叶数、外叶长、外叶宽、中肋长、中肋宽、中肋厚、叶球短缩茎纵径、叶球短缩茎横径、单株总质量、单株叶球质量、叶球横径、叶球纵径、叶球包叶数、叶球叶片质量。调查方法和标准以及各质量性状的分级赋值均参照《大白菜种质资源描述规范和数据标准》(李锡香和孙日飞, 2008),数量性状依均值(\bar{X})和标准差(σ)分为10级,1级 $X_i < \bar{X} - 2\sigma$, 10级 $X_i > \bar{X} + 2\sigma$,中间每级间差0.5。

1.4 研究方法

将试验材料按照大白菜分类系统分为4组,即结球变种、花心变种、半结球变种和散叶变种,将其中的结球变种按生态型再分为直筒型、平头型和卵圆型3组,共计6组。从组内取样比例法、总体取样规模和组内抽样方法3个方面筛选构建核心种质的方法。组内取样比例法包括简单比例、对数比例、平方根比例和多样性比例,分别根据已有研究介绍的公式计算(Li et al, 2002; Zhang et al, 2003)。简单比例 $N_b = X_i / \sum_i X_i$,对数比例 $N_L = \text{Log}X_i / \sum_i \text{Log}X_i$,平方根比例 $N_s = \text{sqrt}X_i / \sum_i \text{sqrt}X_i$,多样性比例 $N_H = H_i / \sum_i H_i$ (X_i :第*i*组的样品份数; H_i :第*i*组的多样性指数)。

总体取样规模设5%、10%、15%、20%、25%和30%。组内取样方法均采用组内聚类取样。因

此，共形成 24种取样方案。选择表型保留比例 (ratio of phenotype retained, *RPR*)、表型频率方差 (variance of phenotypic frequency, *VPF*)、遗传多样性指数 (index of genetic diversity, *I*)、变异系数 (coefficient of variation, *CV*) 4个指标 (李自超等, 2002; 张洪亮等, 2003), 对各种取样方案形成的预选核心种质进行比较, 并通过方差分析和多重比较确定适宜的总体取样规模和组内取样比例法。

数量性状的标准化、各指标的计算、方差分析和多重比较均在 Excel中进行, 各组材料的聚类分析在 S-PLUS2000 (附加 GEBE模块) 系统下进行。

2 结果与分析

2.1 组内取样比例法的确定

按分类系统和生态型将所有种质分为 6组, 即 组直筒型, 组平头型, 组卵圆型, 组散叶型, 组花心型, 组半结球型。分别在 5%、10%、15%、20%、25%和 30%总体取样规模之下, 按照简单比例、对数比例、平方根比例、多样性比例, 计算各组的取样比例和份数 (表 1)。

表 1 各组按不同取样方案入选的种质份数及其占各预选核心种质的比例

Table 1 Accessions of selected gemplasm from each group and the ratio of the selected gemplasm from each group to the corresponding pre-core collections under different sampling strategies

取样比例法 Sampling ratio method	分组 Group	总体取样规模 Overall sampling scale												原始收集品 Original collection	
		5%		10%		15%		20%		25%		30%			
		数量 Number	%	数量 Number	%	数量 Number	%	数量 Number	%	数量 Number	%	数量 Number	%	数量 Number	%
简单比例 Simple ratio		6	7.2	12	7.3	18	7.4	24	7.3	30	7.2	36	7.2	119	7.21
	1	1.2	2	1.2	2	0.8	3	0.9	4	1.0	5	1.0	15	0.91	
	29	34.9	58	35.2	87	35.5	116	35.2	146	35.2	175	35.2	582	35.25	
	14	16.9	28	17.0	42	17.1	57	17.3	71	17.1	85	17.1	283	17.14	
	25	30.1	49	29.7	74	30.2	98	29.7	123	29.6	147	29.6	490	29.68	
	8	9.6	16	9.7	24	9.8	32	9.7	41	9.9	49	9.9	162	9.81	
合计 Total		83		165		245		330		415		497		1 651	
对数比例 Logarithm ratio		14	17.1	28	17.2	42	17.1	56	17.1	70	17.1	84	17.1	119	7.21
	1	1.2	2	1.2	2	0.8	3	0.9	4	1.0	5	1.0	15	0.91	
	19	23.2	37	22.5	56	22.9	74	22.6	93	22.7	111	22.6	582	35.25	
	16	19.5	33	20.2	49	20.0	66	20.2	82	20.0	99	20.2	283	17.14	
	18	22.0	36	22.1	54	22.0	72	22.0	90	22.0	108	22.2	490	29.68	
	15	18.1	30	18.4	44	18.0	59	18.0	74	18.1	89	18.1	162	9.81	
合计 Total		83		165		247		330		413		496		1 651	
平方根比例 Square root ratio		10	12.1	21	12.8	31	12.7	41	12.6	52	12.7	62	12.7	119	7.21
	1	1.2	2	1.2	2	0.8	3	0.9	4	1.0	5	1.0	15	0.91	
	23	28.1	45	27.4	68	27.8	91	27.9	114	27.9	136	27.8	582	35.25	
	16	19.5	32	19.5	48	19.6	63	19.3	79	19.3	95	19.4	283	17.14	
	21	25.6	42	25.6	62	25.3	83	25.5	104	25.4	125	25.5	490	29.68	
	12	14.6	24	14.6	36	14.7	48	14.7	60	14.7	72	14.7	162	9.81	
合计 Total		83		166		247		329		413		495		1 651	
多样性比例 Diversity ratio		13	16.1	27	16.5	40	16.3	53	16.2	67	16.3	80	16.3	119	7.21
	1	1.2	2	1.2	2	0.8	3	0.9	4	1.0	5	1.0	15	0.91	
	18	22.2	37	22.6	55	22.4	73	22.3	92	22.4	110	22.4	582	35.25	
	17	21.0	33	20.1	50	20.3	67	20.5	83	20.2	100	20.4	283	17.14	
	18	22.2	37	22.6	55	22.4	73	22.3	92	22.4	110	22.4	490	29.68	
	15	18.5	30	18.3	46	18.7	61	18.7	76	18.5	91	18.5	162	9.81	
合计 Total		82		166		248		330		414		496		1 651	

以 组为例, 该组样品数量在总体收集品中占比例为 35.25%。在 5%总体取样规模下, 按简单比例, 该组入选种质数占其预选核心种质的 34.9%, 但按其它 3种比例方法, 入选种质数在相应预选核心种质中所占的比例减少为 23.2%、28.1%和 22.2%。其中, 以多样性指数法的抽样比例减少最多, 而平方根法降低比例最少。在其余各总体取样规模下, 各种取样比例法所显示的结果类似。可见, 4种取样比例的修正能力从大到小依次为: 多样性比例 >对数比例 >平方根比例 >简单比例。在 5%的总体取样规模下, 以对数比例法构建核心种质时, 各组材料在核心种质中所占比例在 1.2% ~ 23.2%之间, 相差 22%; 而多样性比例法为 1.2% ~ 22.2%, 相差 21.0%; 平方根比例法为 1.2% ~ 25.6%, 相差 24.4%。由此可见, 多样性比例和对数比例均可以使各组的取样数量趋于平衡, 起到较好的修正作用。

2.2 总体取样规模的确定

根据表 1所列出的原始收集品中各组种质的份数以及在各种取样方案下各组应入选的种质份数, 以 25个质量性状和 18个数量性状的观测鉴定数据为基础, 进行组内聚类分析和取样, 构建出 24套预选核心种质。分别计算各预选核心种质的遗传多样性指数 (I)、表型保留比例 (RPR)、表型频率方差 (VPF)和变异系数 (CV), 并对各指标进行比较。

从图 1可以看出, 简单比例法取样形成的预选核心种质的 I 值较其他 3种比例取样的 I 值大。对于前 3种比例取样, 当总体取样规模从 5%上升到 10%时, 各预选核心种质的 I 随之增大, 并达到最大值, 当取样规模增加到 15%时, I 值反而降低, 不过对对数比例取样而言, 这种下降的幅度较小。对于多样性比例而言, 当总体取样规模在 15%时, 预选核心种质的 I 值最大。这表明当总体取样规模超过 10%或 15%后, 增大取样规模, 增大了核心种质的冗余度, 降低了核心种质内各种性状变异分布的均一性, 导致了多样性的降低。

各比例取样法构建的预选核心种质的 RPR 值随总体取样规模的增大而增加, 但当取样规模增大到一定程度后, 这种上升趋势逐步降低。但是, 4种不同的比例取样法的结果变化略有差异。当取样规模为 15%时, 只有简单比例取样构建的预选核心种质的 RPR 大于 98%, 平方根比例和多样性比例取样的 RPR 接近 98%; 当取样规模为 20%时, 4种比例取样法构建的预选核心种质的 RPR 均大于或等于 98%。就对数比例而言, 只有当取样规模达到 20%时, 各预选核心种质的 RPR 才能达到 98%。当取样规模为 30%时, 按 4种比例取样的预选核心种质 RPR 均达到 100%, 使得各预选核心种质的表现型完全能覆盖原始收集品。这说明, 当取样规模达到一定大小后, 增大取样规模对提高核心种质变异丰度的作用大大降低。

简单比例取样构建的各预选核心种质 CV 值均较小, 其他 3种比例取样的 CV 值均处于高位。无论采用哪种比例取样, 当取样规模从 5%上升到 10%时, 各 CV 值均大幅度上升。对前 3种比例法取样而言, 当取样规模达到 10%时, 预选核心种质的 CV 值达到最大; 当取样规模从 10%上升到 15%时, CV 值的变化不明显, 随着取样规模的进一步上升, CV 值小幅减少。按多样性比例取样时, 当取样规模达到 15%和 20%时, 其 CV 值达到最大, 然后随着取样规模的增加而减小。

而预选核心种质 VPF 值与前 3者的变化正好相反, 随着取样规模的增大而逐步减少, 表明随取样规模的增加, 核心种质变异的均度增大。这种变化与 I , RPR 和 CV 的变化反映的结果相吻合。

综合比较 4种比例取样法在提高核心种质内各种性状变异分布的均一性, 降低遗传冗余度, 保持群体的表型频率和多样性水平中的作用, 认为 15%的总体取样规模比较合适。

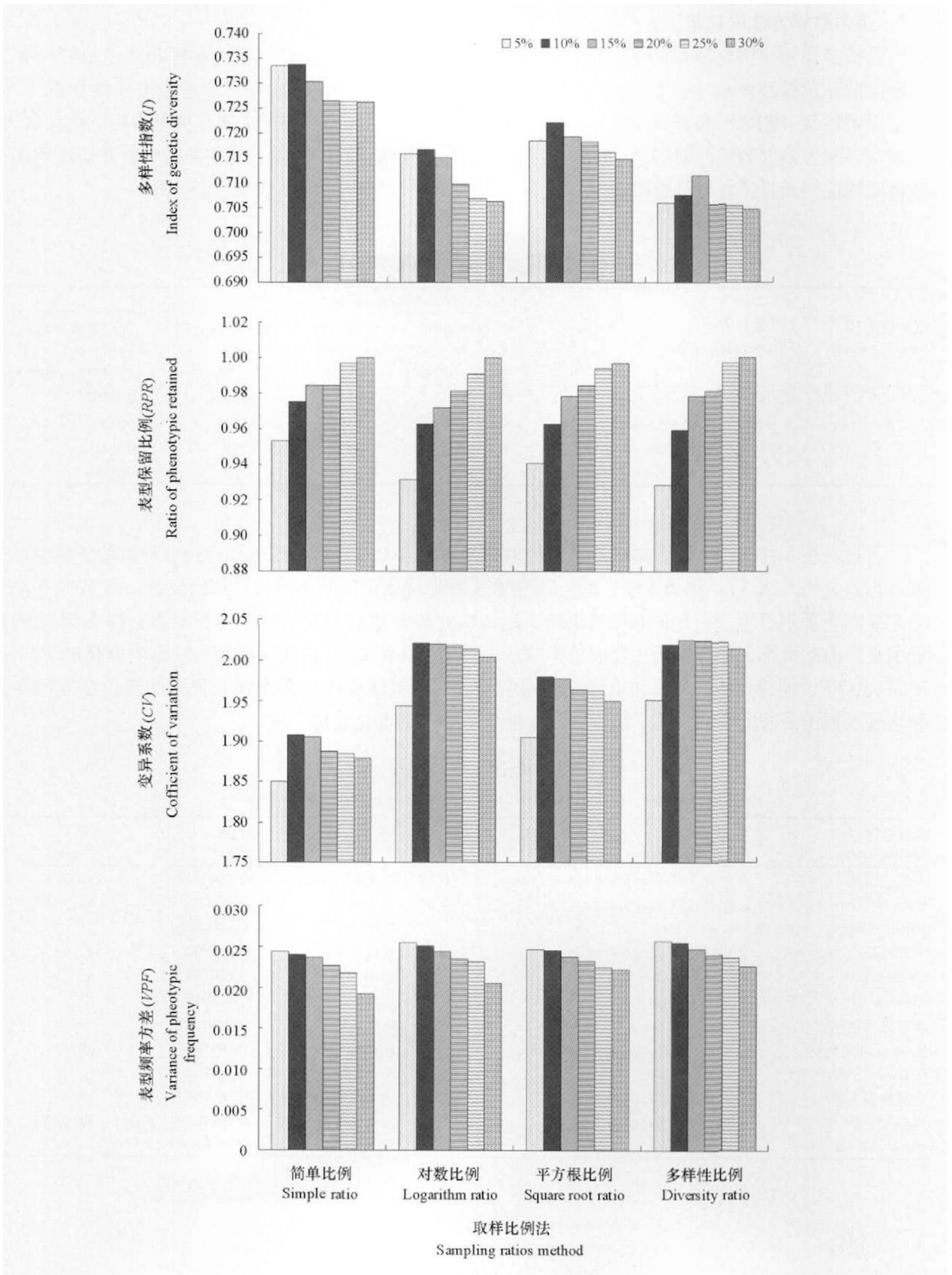


图 1 对按 24种取样方案构建的预选核心种质的 4个检验指标的比较

Fig 1 Comparison of 4 test index for 24 sampling schemes

2.3 组内取样方法的确定

在按多样性比例取样和 10%、15%总体取样规模的策略下, 比较了聚类取样和随机取样两种方法形成的预选核心种质 (表 2)。结果表明, 聚类取样构建的预选核心种质的遗传多样性指数 (I)、表型保留比例 (RPR) 和变异系数 (CV) 值均较随机取样形成的对应预选核心种质的相应指标值大。而表型频率方差 (VPF) 则反之。这说明以聚类取样法形成的核心种质, 其变异的丰度和均度均优于随机取样法。而且, 在取样规模由 10%上升至 15%时, I 、 CV 和 RPR 值均有所上升。

表 2 组内不同取样方法的比较

Table 2 The comparison of different sampling methods in group

取样规模 / % Sampling scale	取样方法 Sampling method	检测指标 Detection indicator			
		多样性指数 Index of genetic diversity	变异系数 Coefficient of variation	表型保留比例 Ratio of phenotype retained	表型频率方差 Variance of phenotypic frequency
10	随机取样 Random sampling	0.6795	1.4659	0.9221	0.0310
	聚类取样 Cluster sampling	0.7076	2.0195	0.9595	0.0240
15	随机取样 Random sampling	0.6817	1.7884	0.9564	0.0301
	聚类取样 Cluster sampling	0.7115	2.0245	0.9782	0.0263

通过对按 4 种组内取样比例和 6 种总体取样规模以及聚类分析构建的预选核心种质的各检验指标进行方差分析 (表 3)。结果表明, I 和 CV 值在 4 种取样比例间的差异均达到极显著, 而 RPR 和 VPF 的差异则表现不显著。在 6 种取样规模间, I 、 CV 和 RPR 值的差异均达到了极显著; 而 VPR 达到显著水平。由此可见, 取样比例主要通过影响核心种质的 I 和 CV , 取样规模则通过影响群体的 I 、 CV 、 RPR 和 VPF , 使得以不同的总体取样规模和组内取样比例法构建的预选核心种质的遗传变异的丰度和均度表现出显著的不同, 这一结果与图 1 所示各指标的变化趋势一致。

表 3 各预选核心种质 4 个检验指标的方差分析

Table 3 Variance analysis of 4 test index of all pre-core gemplasm

检验指标 Testing index	变异来源 Variation sources	自由度 f	平方和 SS	均方 MS	F 值 F value
多样性指数 Index of genetic diversity	取样比例 Sampling ratios	3	0.001694	0.0005647	282.35**
	取样规模 Sampling size	5	0.000175	0.000035	17.50**
变异系数 Coefficient of variation	误差 E Error	15	0.00003	0.000002	
	取样比例 Sampling ratios	3	0.05866	0.01955	342.98**
表型保留比例 Ratio of phenotype retained	取样规模 Sampling size	5	0.01389	0.002777	48.72**
	误差 E Error	15	0.00085	0.000057	
表型频率方差 Variance of phenotypic frequency	取样比例 Sampling ratios	3	0.0003006	0.0001002	4.08
	取样规模 Sampling size	5	0.009841	0.001968	80.13**
	误差 E Error	15	0.0003684	0.00002456	
	取样比例 Sampling ratios	3	0.000003564	0.000001188	1.89
	取样规模 Sampling size	5	0.00003785	0.00000757	12.02*
	误差 E Error	15	0.000009522	0.00000063	

3 讨论

3.1 大白菜核心种质构建中组内取样比例的确定

刘三才等 (2001) 报道, 来源地百分比比例法较好地代表了小麦性状类别的分布, 来源地平方根法和取对数比例法则较明显地增加了优良类别的频率。李自超等 (2002) 在研究中国地方稻种资源的

初级核心种质取样策略时，认为平方根或对数比例在组内随机取样的策略为中国地方稻种核心种质初级样品的可行策略。本研究对简单比例、对数比例、平方根比例及多样性比例与聚类取样相结合的各取样策略的比较表明，在同样的总体取样规模下，简单比例能提高核心种质的多样性和表型保留比例，但是降低了核心种质的变异度，而且对各组取样数量的修正能力最低。这与刘三才等（2001）的研究结果相仿。对本研究进一步的比较显示，多样性比例对各组取样数量的修正能力高于平方根法和対数比例法，这与李自超等（2002）的结果不太一致，主要原因可能在于后者将各种比例取样与组内随机取样相结合。因此，对于具体作物的核心种质构建，组内比例法的确定还得取决于取样策略中其他因子的组合优化。

3.2 大白菜核心种质构建中总体取样规模的确定

Brown（1989b）根据 Evens的中性等位基因抽样理论认为，从一个有效群体中用 10%的总体抽样比率抽取的子集能以 95%的确信度保存原群体至少 70%的等位基因。van Raamsdonk和 Wijnker（2000）比较了 10%、15%和 20%取样比率所得的郁金香核心种质，认为 20%是最好的取样比率。魏兴华等（1999）在构建浙江地方籼型稻种资源核心种质时，认为以 12.5%的总体取样比例代表了原种质库 90%以上的遗传变异。其实核心库的取样规模与该作物整个收集品的规模大小和遗传多样性有关，如果基础群体较小，但遗传多样性较高，则需采用较高的取样规模，反之则需采用较低的取样规模（徐海明，2005）；另外，总体取样规模的高低还需要考虑种质资源核心样品的管理的可操作性及其应用，对于规模庞大的原始收集品，为了应用及管理的有效性可能不得不采用较低的取样规模，即使导致少部分多样性的丧失。此外，取样规模的大小还取决于对原始收集品遗传变异鉴定数据的有效性，如果是性状较少的表型鉴定，不能使各种遗传变异得到充分地表现，取样规模应该适当放大，以免丢失掉重要的变异类型。本研究通过对 24种取样策略的比较，发现以 10%的总体取样规模来构建国家蔬菜种质资源库的大白菜核心种质，无论采用哪种比例取样，其表型保留比例均可以达到 95%以上；但是，采用组内多样性比例取样时，对各组取样数量的修正能力较高。15%的总体取样规模能使群体 h' 值达到最大，而且能使表型保留频率提高到 98%以上。再者，考虑到表型鉴定方法揭示变异的局限性，认为在目前阶段 15%的总体取样规模是比较合适的。随着表型鉴定的深入和分子鉴定的展开，我们可以对现有核心种质实行进一步校正和动态管理。

3.3 大白菜核心种质构建中的取样方法

核心种质的取样方法有随机取样和聚类取样。由于资源的遗传多样性分布是不均匀的，因此采用随机取样和聚类取样将会获得多样性结构不同的核心种质（Spagnoletti & Qualset, 1993）。本研究通过对原始收集品进行聚类取样和随机取样构建的核心样品的遗传多样性指数及其结构的比较，发现在相同的总体取样规模下，随机取样可以获得整个资源的无偏样本，从而可以保持原始收集品各表型变异的相对数量与结构。而对于一些在整个收集品中占比例小而变异性较大的材料，随机取样法则容易产生遗漏，使得变异的丰度下降。聚类取样则在较大程度上避免了特殊变异的遗漏，从而能保持原始收集品变异的丰度，提高原始收集品变异的均度，但不能保持原始样品的结构。鉴于目前核心种质构建的目的在于有效地保存和利用种质资源，因此，采用聚类取样的方法更能建立经济、有效、实用的大白菜核心种质。

References

- Brown A H D. 1989a Core collection: A practical approach to genetic resources management *Genome*, 31: 818 - 824.
- Brown A H D. 1989b The case for core collections Brown A H D, Frankel O H, Marshall D R, Williams J T eds *The use of plant genetic resources* Cambridge: Cambridge University Press: 136 - 156.
- Dong Yu-chen, Cao Yong-sheng, Zhang Xue-yong, Liu San-cai, Wang Lan-fen, You Guang-xia, Pang Bin-shuang, Li Li-hui, Jia Ji-zeng

2003. Establishment of candidate core collections in Chinese common wheat germplasm. *Journal of Plant Genetic Resources*, 4 (1): 1 - 8. (in Chinese)
- 董玉琛, 曹永生, 张学勇, 刘三才, 王兰芬, 游光霞, 庞斌双, 李立会, 贾继增. 2003. 中国普通小麦初选核心种质的产生. *植物遗传资源学报*, 4 (1): 1 - 8.
- Frankel O H, Brown A H D. 1984. Current plant genetic resources—a critical appraisal. *Genetics: New Frontiers* (vol.). New Delhi, India: Oxford and BH Publishing
- Frankel O H. 1984. Genetic perspectives of germplasm conservation. Arber W, Llimensee K, Peacock W J, Starlinger P eds. *Genetic manipulation: Impact on man and society*. Cambridge, U K: Cambridge University Press
- Li Xi-xiang, Shen Di, Wang Hai-ping, Qi Chun-zhang, Wang Su. 2006. Advances and development strategy of researches on vegetable germplasm. *China Vegetables*, 10 (Supplement): 3 - 9. (in Chinese)
- 李锡香, 沈 嫡, 王海平, 戚春章, 王 素. 2006. 我国蔬菜种质资源研究进展与发展策略. *中国蔬菜*, 10 (增刊): 3 - 9.
- Li Xi-xiang, Sun Ri-fei. 2008. Descriptors and data standard for Chinese cabbage [*Brassica campestris* L. sp. *pekinensis* (Lour.) Olsson]. Beijing: China Agricultural Press (in Chinese)
- 李锡香, 孙日飞. 2008. 大白菜种质资源描述规范和数据标准. 北京: 中国农业出版社.
- Li Zi-chao, Zhang Hong-liang, Sun Chuan-qing, Wang Xiang-kun. 1999. Status and prospects of core collection in plant germplasm resource. *Journal of China Agricultural University*, 4 (5): 51 - 62. (in Chinese)
- 李自超, 张洪亮, 孙传清, 王象坤. 1999. 植物遗传资源核心种质研究现状与展望. *中国农业大学学报*, 4 (5): 51 - 62.
- Li Zi-chao, Zhang Hong-liang, Zeng Ya-wen, Yang Zhong-yi, Shen Shi-quan, Sun Chuan-qing, Wang Xiang-kun. 2002. Study on sampling schemes of core collection of local varieties of rice in Yunnan, China. *Scientia Agricultura Sinica*, 33 (5): 1 - 7. (in Chinese)
- 李自超, 张洪亮, 曾亚文, 杨忠义, 申时全, 孙传清, 王象坤. 2002. 云南地方稻种核心种质取样方案研究. *中国农业科学*, 33 (5): 1 - 7.
- Li Z C, Zhang H L, Zeng Y W, Yang Z Y, Shen S Q, Sun C Q, Wang X K. 2002. Studies on sampling schemes for the establishment of core collection of rice landraces in Yunnan. *Genet Resour and Crop Evol*, 49: 67 - 74.
- Liu San-cai, Cao Yong-sheng, Zheng Dian-sheng, Song Chun-hua, Chen Meng-ying. 2001. Comparing of strategies for developing core collection from common wheat. *Acta Tritical Crops*, 21 (2): 42 - 45. (in Chinese)
- 刘三才, 曹永生, 郑殿升, 宋春华, 陈梦英. 2001. 普通小麦核心种质抽样方法的比较. *麦类作物学报*, 21 (2): 42 - 45.
- Spagnoletti Z P L, Qualset C O. 1993. Evaluation of five strategies for obtaining a core subset from a large genetic resource collection of durum wheat. *Theor Appl Genet*, 87: 295 - 304.
- van Raamsdonk L W D, Wijnker J. 2000. The development of a new approach for establishing a core collection using multivariate analyses with tulip as case. *Genet Resour Crop Evol*, 47: 403 - 416.
- Wei Xing-hua, Yan Qi-chuan, Ying Cun-shan, Zhang Li-hua, Zhang Lin-ping. 1999. A core collection of Zhejiang traditional indica rice germplasm. *Chinese Journal of Rice Science*, 13 (2): 81 - 85. (in Chinese)
- 魏兴华, 颜启传, 应存山, 张丽华, 章林平. 1999. 建立浙江地方籼型稻种资源的核心样品的研究. *中国水稻科学*, 13 (2): 81 - 85.
- Xu Hai-ming. 2005. Study on methods of constructing core collection of germplasm and their application in core construction [Ph. D. Dissertation]. Hangzhou: Zhejiang University (in Chinese)
- 徐海明. 2005. 种质资源核心库构建方法的研究及其应用 [博士论文]. 杭州: 浙江大学.
- Zhang Hong-liang, Li Zi-chao, Cao Yong-sheng, Qiu Zong-en, Yu Ping, Wang Xiang-kun. 2003. Comparison of parameters for testing the rice core collection in phenotype. *Acta Agronomica Sinica*, 29 (2): 252 - 257. (in Chinese)
- 张洪亮, 李自超, 曹永生, 裘宗恩, 余 萍, 王象坤. 2003. 表型水平上检验水稻核心种质的参数比较. *作物学报*, 29 (2): 252 - 257.
- Zhang Hong-liang, Li Zi-chao, Liao Deng-qun, Liu Xia, Zeng Ya-wen, Shen Shi-quan, Mu Ping, Yang Zhong-yi, Wang Xiang-kun. 2003. Microsatellite analysis of landrace rice core collection in Yunnan. *Acta Agronomica Sinica*, 11 (2): 131 - 139.