

中国主要黑芝麻品种的遗传多样性分析

孙建¹, 乐美旺¹, 何才和², 颜廷献¹, 饶月亮¹, 颜小文¹, 周红英¹

(¹江西省农业科学院作物研究所, 南昌 330200; ²江西农业大学农学院, 南昌 330045)

摘要: 利用 SRAP 和 SSR 各 23 对引物对 20 个中国主要黑芝麻品种进行了遗传多样性分析。结果显示, 23 对 SRAP 引物共扩增出 DNA 带 672 条, 其中多态性带 152 条, 比率为 22.62%, 平均每对引物扩增总带数和多态性条带分别为 29.22 条和 6.61 条。23 对 SSR 多态性引物共扩增出 DNA 带 92 条, 每对引物扩增出 3~6 条, 平均 4.00 条; 每对引物扩增出多态性带 1~5 条, 平均 3.09 条, 多态性带比率平均为 77.17%。20 个黑芝麻品种间的遗传相似系数为 0.8547~0.9804, 遗传距离为 0.0159~0.0921, 遗传多样性匮乏, 遗传基础狭窄。聚类结果表明, 来自主产区江西的 11 个品种明显聚在一起, 且江西黑芝麻品种的遗传相似系数高于其他省份品种, 遗传距离低于其他省份品种, 与其他省份品种的差异均达到极显著水平。加强资源引进和利用是拓宽中国黑芝麻品种遗传基础的迫切要求。

关键词: 黑芝麻; 品种; 遗传多样性; SRAP; SSR

Analysis of Genetic Diversity of Main Black Sesame Cultivars Released in China

SUN Jian¹, LE Mei-wang¹, HE Cai-he², YAN Ting-xian¹,

RAO Yue-liang¹, YAN Xiao-wen¹, ZHOU Hong-ying¹

(¹Crops Research Institute, Jiangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanchang 330200;

²College of Agronomy, Jiangxi Agricultural University, Nanchang 330045)

Abstract: SRAP and SSR analysis were performed on 20 main black sesame cultivars released in China with 23 pairs of primers for analyzing genetic diversity. The results showed that: a total of 672 DNA bands were amplified by 23 pairs of SRAP primers, of which 152 were polymorphic, resulting polymorphic ratio of 22.26%, and the total and polymorphic bands amplified by every primer pair averaged 29.22 and 6.61, respectively. In SSR, 92 DNA bands were amplified by 23 polymorphic primer pairs, each primer amplified 3-6 total bands and 1-5 polymorphic bands, the average was 4.00 and 3.09, respectively, and the degree of polymorphic bands was 77.17% averagely. Genetic similarity and genetic distance of 20 black sesame cultivars were 0.8547-0.9804 and 0.0159-0.0921, indicating limited genetic diversity and narrow genetic basis. The clustering results showed that 11 cultivars from main producing area Jiangxi were obviously clustered together, and the genetic similarity of Jiangxi black sesame cultivars was higher than that of the cultivars in other provinces, with the genetic distance lower than other province and the differences of them all reached a very significant level. Strengthening the introduction and utilization of germplasm is an urgent need for broadening the genetic basis of black sesame cultivars in China.

Key words: black sesame (*Sesamum indicum* L.); cultivars; genetic diversity; SRAP; SSR

收稿日期: 2014-04-21 修回日期: 2014-05-22 网络出版日期: 2015-02-06

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20150206.1646.020.html>

基金项目: 国家芝麻产业技术体系建设项目 (CARS-15-1-04); 江西省科技支撑计划 (2010BNA04700); 江西省农业科学院科技创新团队建设基金

第一作者主要从事芝麻遗传育种研究。E-mail: whsunjian@aliyun.com

通信作者: 乐美旺, 主要从事芝麻遗传育种研究。E-mail: mwuyuecarl@163.com

芝麻(*Sesamum indicum* L., $2n = 26$)是我国传统而重要的油料作物,种植历史悠久,具有很高的营养价值和较大的消费群体,也是我国许多传统食品重要的原材料^[1]。根据种子的种皮颜色不同,芝麻分为白芝麻、黑芝麻、黄芝麻等,其中白芝麻和黑芝麻最为常见,也是种植面积最大的两种芝麻。黑芝麻富含维生素 E、A、B1、B2 和丰富的矿物质^[2],其常量元素钾、钙、镁含量较白芝麻高 20%~40% 以上,微量元素铁、锌、铜含量较白芝麻高 20%~50% 以上,与生殖功能密切相关的锰元素含量是白芝麻的 14 倍,超微量元素硒含量较白芝麻增加 15% 以上^[3]。同时,黑芝麻的黑色素作为天然色素,因其食用安全而越来越受到人们的青睐^[4]。江西是继河南、湖北、安徽之后的中国第四大芝麻主产区,主要以黑芝麻为主,黑芝麻种植面积和产量均占全国的 60% 以上,是全国唯一的黑芝麻商品基地^[5]。

新品种的选育与利用是提升芝麻产品竞争力、持续发展芝麻产业的重要途径。然而,我国黑芝麻研究较为落后,黑芝麻育成品种不多,主要分布在江西、湖北、河南、河北、山西等地。分析当前中国主要黑芝麻品种的遗传多样性,探明其遗传基础,对黑芝麻遗传改良具有极其重要的指导意义。近年来,随着 DNA 分子标记技术的发展,分子标记已经成为研究作物遗传多样性和遗传基础的主要方法^[6-8]。迄今,各种分子标记技术已经应用到芝麻品种和种质资源的遗传多样性研究之中,如 RAPD^[9-11]、AFLP^[12-15]、ISSR^[16]、SRAP^[17-20]和 SSR^[20-22]等,而关于黑芝麻品种或种质资源的遗传多样性研究较少^[17]。本研究以全国主要育成黑芝麻品种和江西较大面积种植的地方黑芝麻品种为材料,应用 SRAP(sequence-related amplified polymorphism)和 SSR(simple sequence repeat)分子标记技术进行了遗传多样性研究,以期探明中国主要黑芝麻品种的遗传基础,为黑芝麻遗传改良提供理论参考。

1 材料与方法

1.1 材料

本研究所用的 20 个品种为中国芝麻产区应用的主要黑芝麻品种,包括 15 个育成品种(截至 2013 年)和 5 个江西地方品种(表 1)。种子来自各品种选育单位,均保存在江西省农业科学院作物研究所。

表 1 参试的黑芝麻品种信息

Table 1 Cultivar information of tested black sesame accessions

编号 Code	品种名称 Name of materials	类型 Type	来源 Origin	选育单位 Breeding unit
1	冀黑芝 1 号	育成品种	河北	河北省农林科学院
2	冀黑芝 2 号	育成品种	河北	河北省农林科学院
3	冀 9014	育成品种	河北	河北省农林科学院
4	郑黑芝 1 号	育成品种	河南	河南省农业科学院
5	驻黑芝 1 号	育成品种	河南	驻马店市农业科学研究所
6	驻芝 10 号	育成品种	河南	驻马店市农业科学研究所
7	晋芝 3 号	育成品种	山西	山西省农业科学院
8	中芝 9 号	育成品种	湖北	中国农业科学院油料作物研究所
9	中芝 24	育成品种	湖北	中国农业科学院油料作物研究所
10	赣芝 2 号	育成品种	江西	上饶地区农业科学研究所
11	赣芝 5 号	育成品种	江西	进贤县农业局
12	赣芝 6 号	育成品种	江西	江西省农业科学院
13	赣芝 7 号	育成品种	江西	江西省红壤研究所
14	赣芝 8 号	育成品种	江西	江西省红壤研究所
15	赣芝 9 号	育成品种	江西	江西省农业科学院
16	武宁黑	地方品种	江西	
17	金黄麻	地方品种	江西	
18	鄱阳黑	地方品种	江西	
19	都昌黑	地方品种	江西	
20	青麻	地方品种	江西	

1.2 方法

1.2.1 DNA 提取与质量检测 DNA 提取和质量检测按照孙建等^[23]的方法进行,将种子用培养皿进行发芽培养,取幼苗子叶为材料,CTAB 法提取基因组总 DNA, RNA 用 Rnase A 消化去除, DNA 质量和浓度的测定在紫外分光核酸测定仪上进行,并于 1% 的琼脂糖凝胶电泳检测其质量,最后稀释到 50 ng/ μ L 于 -20℃ 冰箱保存备用。

1.2.2 SRAP 引物与 PCR 扩增 本研究共选用正反引物 11 条,引物序列均根据 G. Li 等^[24]设计而成(表 2),由上海生工生物工程技术有限公司(Sangon)合成。参照刘文萍等^[15] SRAP 的 PCR 反应体系,PCR 扩增程序参照 G. Li 等^[24],用 6% 的 PAGE 胶进行扩增产物的分离和银染显影。

表 2 SRAP 引物及其序列

Table 2 SRAP primers and their sequence

编号 Code	正向引物序列 Forward primer sequence	编号 Code	反向引物序列 Reverse primer sequence
Me01	TGAGTCCAAACCGGATA	Em02	GACTGCGTACGAATTTGC
Me02	TGAGTCCAAACCGGAGC	Em03	GACTGCGTACGAATTGAC
Me14	TGAGTCCAAACCGGAGA	Em04	GACTGCGTACGAATTTGA
Me19	TGAGTCCAAACCGGCAG	Em07	GACTGCGTACGAATTCAA
		Em08	GACTGCGTACGAATTCTG
		Em10	GACTGCGTACGAATTACG
		Em11	GACTGCGTACGAATTCCA

1.2.3 SSR 引物与 PCR 扩增 本研究选用 103 引物(表 3)。采用本实验室自行优化的 SSR-PCR 反应体系(15 μ L): 50 ng/ μ L 模板 DNA 2 μ L、50 ng/ μ L 正反引物各 1 μ L、10 \times Taq buffer 1.5 μ L、

表 3 SSR 引物及其序列

Table 3 SSR primers and their sequence

引物名称 Primer	正向引物序列 Forward primer sequence(5'-3')	反向引物序列 Reverse primer sequence(5'-3')	参考文献 Reference
sa33	TTTTCTGAATGGCATAGTT	GCCCAATTTGTCTATCTCCT	[25]
sa72	GCAGCAGTTCCGTCTTG	AGTGCTGAATTTAGTCTGCATAG	[25]
sa108	CCACTCAAAATTTTCTACTAAGAA	TCGTCTTCCTCTCTCCCC	[25]
sa182	CCATTGAAAACGACACAAA	TCCACACACAGAGAGCCC	[25]
ZHY23	ATGGGCGTATCAGTTTCGAC	TTTCCTGCCAACTTTTCTGG	[20]
ZHY24	GGGGCACAGAGTGGATGTAG	GGACCATGTAATCCAGCAC	[20]
ZHY25	CAGCCCCTTCTTCCTTC	CAGCTGGCAGATCAGTATGG	[20]
HS02	CCATTAATTTCTGCTCCCC	CTGGTCGTATGCAGCATCTT	[27]
HS06	TGAAAAGCTGAGGAAGAGCA	ACAGTGGAGGGAGACGACTT	[27]
HS07	AGAGTACAGCCACGGGAATC	CAACAAGACAACGGTTTTGG	[27]
HS09	CTGATACCTCAGCTCCTCA	ACAGATCTGCTTGAATGCG	[27]
HS22	AGCCCACGAACTCTTCCTA	GTTTCGAGCCCTTCAAGATTC	[27]
HS33	ATGGGGGAAGGAATAGGATT	CATCTCGCATCAAACCTTGC	[27]
HS50	GATGGGTTCTTTATGGGGTG	AGAAAAAGCAAAAGGGAGGG	[27]
HS53	GAAGCTTGAAGAGAGGAGGG	ATGGAACCTCTCCGATCACC	[27]
HS54	CCAAGGGAGAACTTGGTGAT	CCATGTGATCTTCTGCTGCT	[27]
ZM08	TCTCTCTCTCTCGTTCTTG	CCCACTGTACCTCTCCATATT	[26]
ZM13	GCAGAAGGCAATAAAGTCAT	GCGTCAGAAGAAAAATACTGG	[26]
ZM16	AGGTAGAATTACATGCTGTGC	GCTTCCTCCTTCATTCATATC	[26]
ZM30	CACTCCACTCATTATCCAAAG	CAAGACACAACGACACGTAA	[26]
ZM35	AATGCATAGTCATAGGGTAG	TGGAAAGTAGAGATCGCATAG	[26]
ZM41	GATATGATTCAAACCCCTCAG	CTTCTGCACTACCATCAATTTC	[26]
ZM43	CTTGATATCAGTTTCTGTG	GTTCTCCACAGTCAAAACACT	[26]

10 mmol/L dNTPs 0.3 μ L、25 mmol/L $MgCl_2$ 1.2 μ L 和 5 U/ μ L *Taq* DNA 聚合酶 (Fermentas 公司) 0.2 μ L。PCR 扩增程序为 94℃ 变性 3 min; 94℃ 变性 60s, 57℃ 退火 30s, 72℃ 延伸 45s, 40 个循环; 然后 72℃ 延伸 10 min, 4℃ 保存。PCR 产物用 6% 的 PAGE 凝胶进行分离和银染显影。

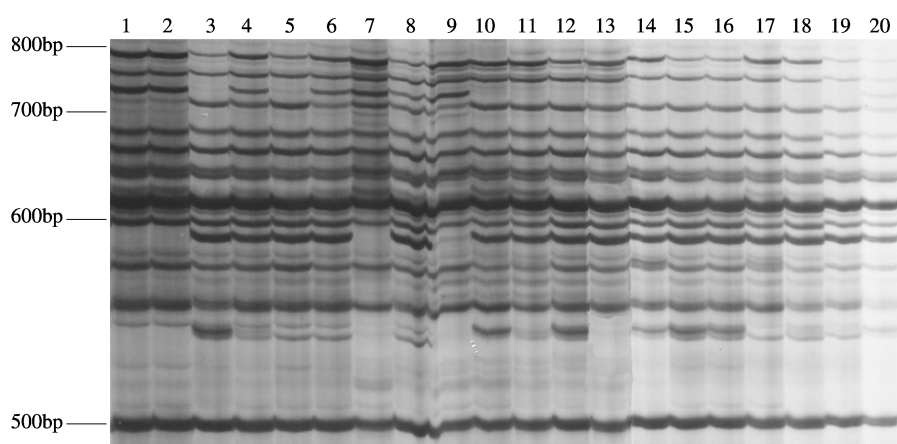
1.2.4 数据统计与分析 银染后, 记录并统计清晰的 SRAP 和 SSR 扩增条带, 在同一位点上有带的记为“1”, 没有带的记为“0”。按 M. Nei 等^[28] 的方法在 NTSYS 分析软件上进行遗传相似系数 (GS) 和遗传距离 (GD) 的计算, 按照类平均法 (UPGMA) 进行聚类分

析, 差异显著性方差分析在 SPSS 软件上完成。

2 结果与分析

2.1 SRAP 多态性分析

SRAP 扩增结果显示 (图 1, 表 4), 23 对随机引物共扩增出 DNA 条带 672 条, 每对引物扩增 18~50 条, 平均 29.22 条。所用的 23 对随机引物全部扩增出多态性条带, 每对引物扩增多态性带 2~18 条, 共扩增出 152 条多态性带, 平均每对引物扩增多态性带 6.61 条。每对引物扩增的多态性带比率为 6.67%~46.15%, 平均为 22.62%。



1~20: 同表 1 中材料编号, 下同

1~20: The material code same to table 1. The same as below

图 1 SRAP 引物组合 Em08/Me14 的扩增结果

Fig. 1 SRAP fingerprint of 20 black sesame cultivars from primer combination Em08/Me14

2.2 SSR 多态性分析

本研究一共随机挑选了 103 对 SSR 引物对 20 个黑芝麻品种的 DNA 进行了 PCR 扩增, 其中 23 对引物扩增出多态性带, 占供试引物的 22.33%。23 对多态性引物的扩增结果显示 (图 2, 表 4), 每对引

物扩增 DNA 条带 3~6 条, 共扩增出 92 条, 平均每对引物扩增出 4 条。每对引物扩增出多态性带 1~6 条, 平均 3.09 条, 共扩增出多态性带 71 条。每对引物扩增的多态性带比率为 25.00%~100%, 平均 77.17%。

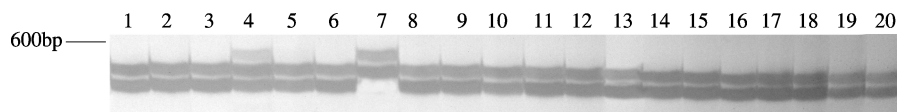


图 2 SSR 引物 sa33 的扩增结果

Fig. 2 SSR fingerprint of 20 black sesame cultivars from primer sa33

2.3 遗传多样性特点与聚类分析

利用上述 23 对 SRAP 和 SSR 引物的扩增结果进行数据分析显示, 20 个黑芝麻品种间的遗传相似系数在 0.8547~0.9804 之间, 平均 0.9115, 遗传距离在 0.0159~0.0921 之间, 平均为 0.0562, 遗传相似系数较大, 遗传距离较小。表明中国黑芝麻主要

种植品种间的遗传多样性匮乏, 遗传基础十分狭窄。品种间遗传差异最大 (即亲缘关系最远) 的是晋芝 3 号与驻黑芝 1 号 (GS = 0.8547, GD = 0.0921), 遗传差异最小的是赣芝 9 号与武宁黑 (GS = 0.9804, GD = 0.0159)。赣芝 9 号与武宁黑遗传距离最小可能与赣芝 9 号为武宁黑辐射诱变选育而成^[29] 有关。

表 4 SRAP 和 SSR 引物扩增的结果

Table 4 The amplified results of SRAP and SSR primer

SRAP 引物 SRAP primer	总带数 Total bands	多态性带 Polymorphic bands	多态性比率(%) Percentage of polymorphic bands	SSR 引物 SSR primer	总带数 Total bands	多态性带 Polymorphic bands	多态性比率(%) Percentage of polymorphic bands
Em02/Me01	25	7	28.00	sa33	3	2	66.67
Em02/Me02	26	7	26.92	sa72	6	6	100
Em02/Me14	24	3	12.50	sa108	3	3	100
Em02/Me19	23	3	13.04	sa182	5	4	80.00
Em07/Me01	27	10	37.04	ZHY23	4	4	100
Em07/Me02	50	10	20.00	ZHY24	5	5	100
Em07/Me14	41	9	21.95	ZHY25	3	2	66.67
Em07/Me19	50	10	20.00	HS02	4	4	100
Em08/Me01	30	2	6.67	HS06	6	5	83.33
Em08/Me02	29	4	13.79	HS07	3	2	66.67
Em08/Me14	36	12	33.33	HS09	3	2	66.67
Em08/Me19	34	5	14.71	HS22	4	2	50.00
Em10/Me01	26	5	19.23	HS33	5	4	80.00
Em10/Me02	29	10	34.48	HS50	3	2	66.67
Em10/Me14	26	2	7.69	HS53	4	4	100
Em10/Me19	25	8	32.00	HS54	4	2	50.00
Em11/Me01	22	2	9.09	ZM08	4	4	100
Em11/Me02	19	4	21.05	ZM13	3	2	66.67
Em11/Me14	19	4	21.05	ZM16	4	2	50.00
Em11/Me019	18	2	11.11	ZM30	3	1	33.33
Em04/Me01	24	7	29.17	ZM35	5	4	80.00
Em04/Me19	30	8	26.67	ZM41	4	1	25.00
Em03/Me19	39	18	46.15	ZM43	4	4	100
总计 Total	672	152		总计 Total	92	71	
平均 Average	29.22	6.61	22.62	平均 Average	4.00	3.09	77.17

对遗传相似系数进行聚类分析,结果显示(图 3),20 个品种首先在遗传相似系数为 0.894 处被聚为 2 大类,第 I 类包含 5 个品种,占参试品种的 25%,即来源于河北的 3 个、山西的 1 个和湖北的 1 个,其中河北的 3 个黑芝麻品种优先聚在一起。第 II 类包含 15 个品种,占参试品种的 75%,在遗传相似系数为 0.911 处再次明显划分为 2 类,第 II-1 类包含来自河南的 3 个和湖北的 1 个共 4 个品种,而第 II-2 类的 11 个品种全部来自江西,地方品种和育成品种交错分布,没有明显区分开来,

这可能与江西黑芝麻育成品种多为地方品种自然变异或天然异交系统选育而来^[4]有关。从整个聚类图看来,来源于江西的 11 个黑芝麻品种优先聚在一起,与河南、湖北、河北、山西的黑芝麻品种存在相对较大的遗传差异。可见,来源于同一地区的黑芝麻品种在遗传基础上存在一定程度的相似性,尤其是黑芝麻主产区——江西的品种间遗传相似系数很高。因此,引入外地资源,提高江西和全国黑芝麻品种遗传多样性,丰富黑芝麻遗传基础显得极其紧迫。

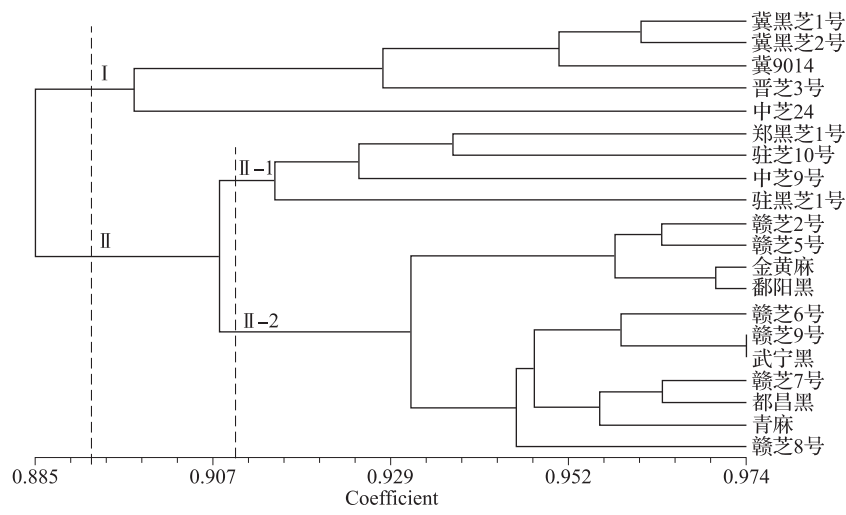


图3 20个黑芝麻品种聚类结果

Fig.3 The cluster result of 20 black sesame cultivars

2.4 不同来源品种间的遗传多样性比较

针对聚类结果中呈现的来自江西的所有品种明显聚为一类的特点,结合江西为中国黑芝麻主要产区的实际,对来自江西的11个品种和来自其他省份的9个品种的遗传相似系数和遗传距离进行比较分析,结果显示(表5),来自江西的11个品种遗传相似系数为0.9123~0.9738,平均为0.9421,遗传距离为0.0159~0.0542,平均为0.0358,遗传差异最小的是赣芝9号和武宁黑($GS=0.9738$, $GD=0.0159$),遗传差异最大的是赣芝9号与赣芝5号($GS=0.9123$, $GD=0.0542$)。来自其他省份的9个

品种遗传相似系数为0.8547~0.9607,平均为0.9045,遗传距离为0.0241~0.0921,平均为0.0596,遗传差异最小的是冀黑芝1号和冀黑芝2号($GS=0.9607$, $GD=0.0241$),遗传差异最大的是晋芝3号与驻黑芝1号($GS=0.8547$, $GD=0.0921$)。来自江西的黑芝麻品种遗传相似系数大于来自其他省份的品种,均值差异为0.0376,达到0.01的极显著水平,遗传距离要小于其他省份的品种,均值差异为0.0238,也达到0.01的极显著水平。可见,江西黑芝麻品种的遗传多样性较其他省份黑芝麻要匮乏,遗传基础更狭窄。

表5 不同来源的品种间遗传相似系数(GS)和遗传距离(GD)

Table 5 Genetic similarity and genetic distance of different origin accessions

来源 Origin	品种数 Accessions	遗传相似系数 Genetic similarity				遗传距离 Genetic distance			
		最小值 Min.	最大值 Max.	变幅 Range	平均 Average	最小值 Min.	最大值 Max.	变幅 Range	平均 Average
江西	11	0.9123	0.9738	0.0615	0.9421	0.0159	0.0542	0.0383	0.0358
其他	9	0.8547	0.9607	0.1060	0.9045	0.0241	0.0921	0.0680	0.0596
总体 Total	20	0.8547	0.9738	0.1191	0.9101	0.0159	0.0921	0.0762	0.0562

3 讨论

SRAP 标记是综合多种 DNA 标记的优点而开发设计的一种 DNA 分子标记技术,具有多态性好、操作简单、经济有效等特点,广泛应用于植物遗传多样性分析、遗传图谱构建及 QTLs (基因) 定位研究^[30-33]。本研究利用 SRAP 标记技术对 20 个中国

主要黑芝麻品种 DNA 进行遗传多样性分析,23 对引物均能扩增出清晰的并具有多态性的 DNA 条带,平均每对引物扩增总带数和多态性条带分别为 29.22 条和 6.61 条,多态性比率为 22.62%。SRAP 扩增结果与前人的研究结果^[17-20,31-33] 相近,但多态性比率要低于他人利用 SRAP 标记在芝麻上的研究,这可能与材料的遗传基础有关。近年来,SSR 标

记技术以其稳定性高、信息量丰富、易于操作等优点,成为芝麻研究中发展最为迅速的分子标记。关于芝麻 SSR 标记的开发^[26-27,34]与应用研究的报道大量涌现,SSR 标记技术已经在芝麻遗传多样性^[22,35-36]、指纹图谱鉴定^[37]、关联分析^[38]、遗传图谱构建^[39]及 QTL 定位^[40]等方面得到广泛应用。本研究中 23 对 SSR 引物每对扩增出 3~6 条 DNA 带,其中多态性带 1~5 条,多态性带比率平均为 77.17%。SSR 扩增结果和多态性比率均与其他人在芝麻上的研究结果^[21,23,38-39]基本一致。可见,本研究中 SRAP 和 SSR 的扩增结果是准确、可靠的,SRAP 和 SSR 均是黑芝麻品种遗传多样性分析的有效标记技术。

关于芝麻遗传多样性和遗传基础的研究较多,但研究结果存在一定差异。一部分研究认为芝麻种质资源遗传多样性较为丰富,如 K. V. Bhat 等^[9]用 RAPD 对印度 18 个州的 36 份芝麻资源进行分析表明,遗传相似系数为 0.19~0.89,表明遗传多样性较为丰富。H. Laurentin 等^[12-13]采用 AFLP 分析来自印度、非洲、东亚、中亚和西亚的 32 份芝麻种质资源间的遗传相似系数为 0.38~0.85^[12],来自委内瑞拉、中国、美国、墨西哥等国家的芝麻品种间遗传相似系数为 0.31~0.78^[13]。刘红艳等^[37]采用 SSR 标记对中国芝麻区域试验中的品种(系)进行多样性分析表明,品种(系)间存在较好的遗传多样性,遗传相似系数在 0.475~0.728 之间。而另一部分研究则认为芝麻遗传多样性不够丰富,遗传基础较窄,如张鹏等^[20]利用 SRAP 和 EST-SSR 分析国内外芝麻种质遗传多样性的结果表明,国外品种的遗传距离平均为 0.2287,国内品种则更低,为 0.1638。孙建等^[18]利用 SRAP 标记研究表明 67 个中国芝麻品种(白芝麻品种为主)之间的遗传相似系数为 0.8164~0.9804,遗传距离 0.0160~0.1428,遗传多样性较为匮乏,遗传基础非常狭窄。岳文娣等^[22]利用 SSR 研究发现,中国芝麻种质资源的遗传相似系数在 0.5462~0.9811 之间。本研究中 20 个黑芝麻品种相互间的遗传相似系数为 0.8547~0.9804;遗传距离为 0.0159~0.0921,表明中国主要黑芝麻品种遗传多样性十分匮乏,遗传基础非常狭窄。而车卓等^[17]对 100 份黑芝麻种质资源的遗传多样性研究结果表明,遗传相似系数在 0.469~0.986 之间,存在一定的遗传多样性。综合上述参考文献和研究结果,发现中国芝麻种质资源遗传多样性明显低于国外的芝麻资源,而育成品种的遗传多样性则要明

显低于地方品种。因此,大量引进和利用国外品种和地方种质资源,对拓宽中国黑芝麻品种遗传基础十分必要。

本研究对 20 个中国主要黑芝麻品种进行聚类分析,发现作为黑芝麻主产区——江西的 11 个品种明显聚在一起,而河北、山西的品种也明显聚在一起,但湖北、河南的品种则交错聚在一起,可见地理来源相近的黑芝麻品种间的亲缘关系也存在一定的相似性。本研究结果表明江西黑芝麻品种遗传多样性最低,其次是湖北、河南,最后是河北、山西。这与岳文娣等^[22]和刘文萍等^[15]的研究结果基本吻合,即中国东北、西北等区域的芝麻资源与黄淮、江汉、华中、华南等区域资源的亲缘关系最远,山西芝麻资源与主产区资源亲缘关系最远。当前,江西黑芝麻种植的品种中地方品种占有率较高,育成品种来源单一,且多为地方品种系选而成,这些因素均使得江西黑芝麻品种遗传基础十分狭窄,增加了黑芝麻生产风险,严重影响了江西黑芝麻产业的健康持续发展。因此,引进国外、省外种质资源,丰富育种技术,拓宽品种遗传基础是江西乃至中国黑芝麻新品种选育的迫切要求。

参考文献

- [1] 杨涓,黄凤洪. 中国芝麻产业现状与存在问题、发展趋势与对策建议[J]. 中国油脂,2009,34(1):7-12
- [2] 肖唐华,冯祥运,张秀荣. 中国黑芝麻的分布及主要营养性状分析[J]. 中国油料,1992(2):31-34
- [3] 程义勇. 生物医学微量元素数据手册[M]. 天津:天津科技出版社,1994:445-451
- [4] 颜廷献,乐美旺,饶月亮,等. 中国黑芝麻育种研究进展[J]. 湖北农业科学,2013,52(2):249-254
- [5] 孙建,乐美旺,饶月亮,等. 江西芝麻产业现状、限制因素、发展潜力与对策分析[J]. 江西农业学报,2010,22(8):10-15
- [6] 王燕龙,单雷,付春,等. 不同 SSR 标记检测技术及其在花生栽培种遗传多样性分析中的应用[J]. 植物遗传资源学报,2014,15(1):96-105
- [7] 苗哈,张圣平,顾兴芳,等. 中国黄瓜主栽品种 SSR 遗传多样性分析及指纹图谱构建[J]. 植物遗传资源学报,2014,15(2):333-341
- [8] 马作斌,王昌华,王辉,等. 不同国家水稻品种的遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报,2014,15(3):540-545
- [9] Bhat K V, Babrekar P P, Lakhanpaul S. Study of genetic diversity in Indian and exotic sesame (*Sesamum indicum* L.) germplasm using random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers[J]. Euphytica, 1999, 110:21-33
- [10] Ercan A G, Taskin M, Turgut K. Analysis of genetic diversity in Turkish sesame (*Sesamum indicum* L.) populations using RAPD markers[J]. Genet Resour Crop Evol, 2004, 51:599-607
- [11] Pham T D, Bui T M, Werlemark G, et al. A study of genetic diversity of sesame (*Sesamum indicum* L.) in Vietnam and Cambodia estimated by RAPD markers[J]. Genet Resour Crop Evol, 2009, 56:679-690
- [12] Laurentin H, Karlovsky P. Genetic relationship and diversity in a sesame (*Sesamum indicum* L.) germplasm collection using ampli-

- fied fragment length polymorphism (AFLP) [J]. BMC Genetics, 2006, 7: 10
- [13] Laurentin H, Karlovsky P. AFLP fingerprinting of sesame (*Sesamum indicum* L.) cultivars; identification, genetic relationship and comparison of AFLP informativeness parameters [J]. Genet Resour Crop Evol, 2007, 54: 1437-1446
- [14] Ali G M, Yasumoto S, Katsuta M S. Assessment of genetic diversity in sesame (*Sesamum indicum* L.) detected by Amplified Fragment Length Polymorphism markers [J]. Electron J Biotech, 2007, 10(1): 12-23
- [15] 刘文萍, 任果香, 文飞. 山西与我国芝麻主产区种质资源遗传多样性比较分析 [J]. 中国油料作物学报, 2013, 35(5): 539-545
- [16] Kim D H, Zur G, Danin P Y, et al. Genetic relationships of sesame germplasm collection as revealed by inter-simple sequence repeats [J]. Plant Breeding, 2002, 121(3): 259-262
- [17] 车卓, 张艳欣, 孙建, 等. 应用 SRAP 标记分析黑芝麻核心种质遗传多样性 [J]. 作物学报, 2009, 35(10): 1936-1941
- [18] 孙建, 张秀荣, 张艳欣, 等. 中国芝麻主要品种遗传多样性特点及遗传基础演变 [J]. 中国农业科学, 2009, 42(10): 3421-3431
- [19] 张艳欣, 张秀荣, 车卓, 等. 应用 SRAP 标记分析白芝麻核心种质遗传多样性 [J]. 中国油料作物学报, 2010, 32(1): 46-52
- [20] 张鹏, 张海洋, 郭旺珍, 等. 以 SRAP 和 EST-SSR 标记分析芝麻种质资源的遗传多样性 [J]. 作物学报, 2007, 33(10): 1696-1702
- [21] Cho Y I, Park J H, Lee C W, et al. Evaluation of the genetic diversity and population structure of sesame (*Sesamum indicum* L.) using microsatellite markers [J]. Genes Genomics, 2011, 33(2): 187-195
- [22] 岳文娣, 魏利斌, 张体德, 等. 芝麻种质资源 SSR 标记遗传多样性与群体结构分析 [J]. 作物学报, 2012, 38(12): 2286-2296
- [23] 孙建, 涂玉琴, 张秀荣. 芝麻空间诱变品系(种)的 DNA 指纹分析 [J]. 中国农业科学, 2007, 40(12): 2696-2701
- [24] Li G, Quiros C F. Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction; its application to mapping and gene tagging in *Brassica* [J]. Theor Appl Genet, 2001, 103: 455-461
- [25] Dixit A, Jin M H, Chung J W, et al. Development of polymorphic microsatellite markers in sesame (*Sesamum indicum* L.) [J]. Mole Ecol Not, 2005, 5: 736-738
- [26] Wei W L, Qi X Q, Wang L H, et al. Characterization of the sesame (*Sesamum indicum* L.) global transcriptome using illumine paired-end sequencing and development of EST-SSR markers [J]. BMC Genomics, 2011, 12: 451-463
- [27] Zhang H Y, Wei L B, Miao H M, et al. Development and validation of genic-SSR markers in sesame by RNA-seq [J]. BMC Genomics, 2012, 13: 316-325
- [28] Nei M, Li W H. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases [J]. Proc Natl Acad Sci USA, 1979, 76: 5269-5273
- [29] 饶月亮, 乐美旺, 颜廷献, 等. 黑芝麻新品种赣芝 9 号的选育及其配套栽培技术研究 [J]. 江西农业学报, 2011, 23(6): 28-29
- [30] 赵永国, 郭瑞星, 罗丽霞. 油莎豆 SRAP 指纹图谱构建及遗传多样性分析 [J]. 植物遗传资源学报, 2013, 14(2): 222-225
- [31] 文雁成, 王汉中, 沈金雄, 等. 用 SRAP 标记分析中国甘蓝型油菜品种的遗传多样性和遗传基础 [J]. 中国农业科学, 2006, 39(2): 246-256
- [32] 李媛媛, 沈金雄, 王同华, 等. 利用 SRAP, SSR 和 AFLP 标记构建甘蓝型油菜遗传连锁图谱 [J]. 中国农业科学, 2007, 40(6): 1118-1126
- [33] 车卓, 张艳欣, 孙建, 等. 芝麻核心收集品中育成品种(系)的遗传多样性分析 [J]. 植物遗传资源学报, 2009, 10(3): 373-377
- [34] 魏利斌, 张海洋, 郑永战, 等. 芝麻 EST-SSR 标记的开发和初步研究 [J]. 作物学报, 2008, 34(12): 2077-2084
- [35] Zhang Y X, Zhang X R, Hua W, et al. Analysis of genetic diversity among indigenous landraces from sesame (*Sesamum indicum* L.) core collection in China as revealed by SRAP and SSR markers [J]. Genes Genomics, 2010, 32: 207-215
- [36] Yepuri V, Surapaneni M, Kola V, et al. Assessment of genetic diversity in sesame (*Sesamum indicum* L.) genotypes, using EST-derived SSR markers [J]. J Crop Sci Biotech, 2013, 16(2): 93-103
- [37] 刘红艳, 吴坤, 杨敏敏, 等. 国家芝麻区域试验新品种(系)的 DNA 指纹分析 [J]. 作物学报, 2012, 38(4): 596-605
- [38] 危文亮, 张艳欣, 吕海霞, 等. 芝麻资源群体结构及含油量关联分析 [J]. 中国农业科学, 2012, 45(10): 1895-1903
- [39] Wei L B, Zhang H Y, Zheng Y Z, et al. A genetic linkage map construction for sesame (*Sesamum indicum* L.) [J]. Genes Genomics, 2009, 31: 199-208
- [40] 张艳欣, 王林海, 黎冬华, 等. 芝麻耐湿性 QTL 定位及优异耐湿基因资源挖掘 [J]. 中国农业科学, 2014, 47(3): 422-430