

江西省芝麻种质资源的多样性分析及核心种质构建

王邗琪, 颜廷献, 颜小文, 梁俊超, 乐美旺, 孙建

(江西省农业科学院作物研究所/油料作物遗传改良江西省重点实验室/国家油料改良中心南昌分中心, 南昌 330200)

摘要: 分析江西芝麻种质资源表型性状的多样性, 构建可靠的芝麻核心种质, 为促进芝麻种质资源高效利用提供参考。以 736 份来源于江西省各县市的芝麻种质资源为试验材料, 对 24 个表型性状进行多样性分析; 利用 QGAStation2.0 软件, 基于均值差异百分率 (MD) 小于 20%, 极差符合率 (CR) 大于 80%, 方差差异百分率 (VD) 和变异系数变化率 (VR) 越大越好的评价标准, 筛选出 3 种取样方法, 6 种取样比例和 8 种聚类方法中最佳方案构建初始核心种质; 对原始种质和初始核心种质的多个参数进行均值 T 检测和方差 F 检测, 同时通过主成分分析法比较两个群体的特征值、贡献率和累计贡献率; 在此基础上, 选取吉安地区的核心种质进行分子验证, 利用 12 对多态性标记对 64 份吉安地区原始种质及其 16 份核心种质进行了基因型数据分析。结果显示: 736 份江西省芝麻地方种质的表型变异较大, 遗传多样性较丰富, 表型性状的遗传多样性指数 (GDI) 范围为 0.5129~2.0833, 变异范围为 4.83%~41.52%, 且数量性状的 GDI (1.7140~2.0833) 整体高于质量性状的 GDI (0.5129~1.1054); “多次聚类优先取样法+15%取样比例+可变类平均法+欧式距离”构建的 110 份初始核心种质能够代表原始种质的多样性; 原始种质和初始核心种质的主成分比较分析显示, 两者的累计贡献率分别为 80.533%和 82.631%, 表明初始核心种质可解释原始种质 80%以上的遗传信息; 抽样开展的分子分析结果显示, 16 份核心种质保留了 64 份原始种质 96.25%的多态性位点, 两者多态性参数值基本保持接近, 且均值 t 检测均无显著性差异, 遗传相似程度基本接近, 说明 16 份核心种质在分子上可以代表 64 份原始种质的遗传多样性。因此, 进一步表明 110 份核心种质可以代表 736 份江西芝麻种质资源的遗传多样性加以利用。

关键词: 江西省; 芝麻; 种质资源; 多样性; 核心种质

Genetic Diversity Analysis and Core collection Construction of Sesame Germplasm in Jiangxi Province

WANG Zhiqi, YAN Tingxian, YAN Xiaowen, LIANG Junchao, LE Meiwang, SUN Jian

(Crops Research Institute, Jiangxi Academy of Agricultural Sciences/ Jiangxi Province Key Laboratory of Oilcrops Genetics Improvement /Nanchang Branch of National Center of Oilcrops Improvement, Nanchang 330200)

Abstract: Analyze the diversity of phenotypic traits of sesame germplasm in Jiangxi, and obtain the construction of a reliable core germplasm population for sesame, providing theoretical basis and reference for promoting the efficient utilization of sesame

收稿日期: 2024-05-27

网络出版日期:

第一作者研究方向为芝麻种质资源, E-mail: 2609757974@qq.com

通信作者: 孙建, 研究方向为芝麻种质资源与遗传改良, E-mail: whsunjian@aliyun.com;

基金项目: 国家现代农业产业技术体系 (CARS-14); 江西省农作物良种联合攻关项目; 江西省重点研发计划项目 (20212BBF63011)

Foundation projects: National modern agricultural industry technology system (CARS-14); Jiangxi Provincial Crop Varieties Joint Research Project; Key development program project in Jiangxi province (20212BBF63011)

germplasm. We use 736 sesame germplasms from various counties and cities in Jiangxi Province as experimental materials, diversity analysis was conducted on 25 phenotypic traits; Using QGAStation2.0 software, based on the percentage of mean difference (MD) less than 20%, the coincidence rate of range (CR) greater than 80%, the larger the percentage of variance difference (VD) and the rate of variation of the coefficient of variation (VR), the better the evaluation criteria, we can screen out 3 sampling methods, 6 sampling ratios and 8 clustering methods to select the best solution for constructing primary core germplasm; Perform mean T-test and variance F-test on multiple parameters of the original germplasm and core germplasm, and compare the eigenvalues, contribution rates, and cumulative contribution rates of the two populations through principal component analysis; On this basis, genotype data of 64 Ji'an germplasms (including 736 sesame germplasms) were obtained using 12 pairs of polymorphic markers. Polymorphism analysis, evaluation, and genetic similarity analysis were performed on 16 germplasms (including 110 core germplasms) and 64 germplasms using SSR markers. The results showed that 736 local sesame germplasm in Jiangxi Province had rich genetic diversity. The genetic diversity index (GDI) of phenotypic traits ranged from 0.5129 to 2.0833, the variation range is 4.83% -41.52%, and the GDI of quantitative traits (1.7140~2.0833) was overall higher than that of qualitative traits (0.5129~1.2028); the core germplasm constructed by "multiple clustering priority sampling method+15% sampling ratio+variable class average method+Euclidean distance" can well represent the diversity of the original germplasm; The cumulative contribution rates of the original germplasm and core germplasm are 80.533% and 82.631%, respectively, indicating that the core germplasm can explain more than 80% of the genetic information of the original germplasm; the six polymorphic parameter values of the original germplasm and the core germplasm are basically similar, and there is no significant difference in the mean t-test (except for the number of observed alleles). At the same time, the genetic similarity between the two populations is basically similar. The 16 core germplasms can preliminarily represent the genetic diversity of 64 Ji'an sesame germplasms, further indicating that the 110 core germplasms can represent the genetic diversity of 736 Jiangxi sesame germplasms to extent for preservation and utilization.

Key word: Jiangxi Province; sesame; local germplasm; genetic diversity; core collection

芝麻 (*Sesamum indicum* L) 是唇形目胡麻科胡麻属的一个栽培种, 是全球范围内最古老的油料作物之一, 世界各地均有分布, 在我国种植历史悠久^[1-3]。江西省是中国第三大芝麻主产区, 种植历史悠久, 全省各市均有种植, 蕴含着丰富的地方种质资源。地方种质资源在我国农业育种中具有重要作用, 为我国早期的农业生产做出了重要贡献。收集、保存和鉴定地方种质资源是一项支撑我国农业可持续发展的战略性、公益性活动, 也是一项功在当代、利在千秋的伟大事业^[4-5]。然而, 随着种质资源数目累积越来越庞大, 不仅增加了种质资源管理费用, 还使得挖掘特异种质的难度升高。而核心种质是由 Frankel^[6]于 1984 年首次提出的概念, 后又于 1989 年由 Frankel^[6]和 Brown^[7]在此基础上对核心种质概念做了深入的解释, 构建核心种质库能够快速获取特殊性状种质, 以最少种质数目最大程度地代表原始种质群体的遗传多样性, 并对目标种质进行高效评价和应用^[8-9]。核心种质概念提出以后, 被广泛应用于包括水稻^[10-13]、大麦^[14]、小麦^[15-17]、大豆^[18]、玉米^[19-20]、芝麻^[21-22]等 30 多个植物中。芝麻的核心种质开发和应用研究较晚, 1995-1997 年期间,

通过与 IPGRI 合作得以在中国展开对芝麻核心种质收集的研究。大多数研究者使用频繁的数据有两类，一类是因亲缘关系或远或近而表现在农艺、形态等性状差异的数据，另一类是基于分子标记获取的基因型数据。Zhang 等^[21]根据地理来源、品种和生态类型对中国 4251 份芝麻种质的遗传多样性进行分析，构建了 453 份芝麻核心种质。Kang 等^[22]基于农艺性状使用逐步聚类法选择构建包含 20%原始种质的韩国芝麻核心种质。Hodgkin T 等^[9]利用农艺形态性状数据构建了包含 10%原始种质的芝麻核心种质。汪磊等^[23]采用 QGAstatio2.0 软件构建了 72 组核心种质候选群体，并根据均值差异百分数（MD）、方差差异百分率（VD）、极差符合率（CR）和变异系数百分率（VR），获得 84 份最佳核心种质群体。李萌^[24]等利用 QGAstatio2.0 软件，比较不同取样方法、取样比例和聚类方法组合的构建方法，最终确定了 198 份山西高粱地方核心种质。取样策略和取样比例决定了所构建核心种质库的结果，选择最优取样策略至关重要。为了探明江西芝麻种质资源的遗传多样性特点，并筛选核心种质，为江西乃至全国芝麻挖掘、创制优异资源提供可靠的依据，也为育种提供重要的遗传群体材料。本文基于 24 个性状的表型数据分析了 736 份芝麻地方种质资源的遗传多样性特点，并进行遗传多样性分析。同时基于 24 个主要农艺性状数据构建核心种质，再通过比较原始种质和核心种质表型数据的均值，极差，变异系数，方差等参数以验证所构建的核心种质的代表性，并进一步利用 SSR 多态性标记对 64 份吉安原始种质与 16 份核心种质进行多态性和遗传相似性比较分析，得出 110 份核心种质可以代表 736 份原始种质。

1 材料与方法

1.1 试验材料

以来源于江西省的九江、上饶、景德镇、鹰潭、宜春、萍乡、新余、抚州、吉安、赣州等 11 个地市 78 个县（市/区）的 736 份芝麻地方种质资源为试验材料，试验于 2020 年在江西省农业科学院作物研究所南昌横岗试验田实施。采取顺序排列，2 行区设计，每份种质种植 4 行，行长 1.6 m，行距 0.4m，株距 0.15m，进行日常田间栽培管理，三次重复。

1.2 表型性状鉴定及质量性状赋值

考察供试种质的 24 个主要表型性状，根据《芝麻种质资源描述规范化和数据标准化》中各性状的调查标准，对株型、叶色、叶绒毛稀密、基部叶缘、基部叶开裂、茎秆绒毛稀密、成熟主茎颜色、每叶腋花数、花旁蜜腺、蒴果棱数、蒴果颜色、种皮颜色、种子形状等 12 个质量性状进行调查记载，并对其赋值；每小区选择长势一致的 10 株，测量生育期、株高、始蒴高度、空稍尖长度、主茎蒴节数、主茎蒴果数、蒴果长、蒴果宽、蒴果厚、每蒴粒数、千粒重、单株产量等 12 个数量性状。

1.3 数据处理分析

遗传多样性指数（Genetic Diversity Index, GDI）计算采用 Shannon-Weaver 信息指数法^[25]，计算公式： $H' = -\sum P_i \times \ln P_i$ ，参照孙建等^[26]的方法计算平均遗传多样性指数。利用 Excel 进行数据统计计算，用 IBM SPSS Statistics19 软件进行。

1.4 核心种质构建方法、评价参数

应用 QGAststion2.0 软件构建核心种质^[27], 采用欧式距离, 3 种取样方法 (多次聚类随机取样法、多次聚类优先取样法、多次聚类偏离度取样法)、6 种取样比例 (5%、10%、15%、20%、25%、30%)、8 种聚类方法 (最短距离法、中间距离法、最长距离法、可变法、可变类平均法、类平均法、离差平方和法、重心法) 共构建 144 组初选核心种质, 根据均值差异百分率 $<20\%$ 、极差符合率 $>80\%$, 方差差异百分率和变异系数变化率越大, 初始核心种质代表性越强的评价标准, 筛选最佳构建方案。

1.5 DNA 提取与质量检测

参照孙建等^[28]的方法, 每份种质选取 50 粒饱满健硕种子于培养皿, 发芽 7 天后取子叶与下胚轴材料, 采用 CTAB 法提取芝麻基因组 DNA, 用 RNaseA 消除残留的 RNA, 用紫外分光核酸测定仪检测 DNA 浓度, 用 1%琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 质量, 将 DNA 稀释到 50 ng/ μL , 于 -20°C 冰箱保存备用。

1.6 SSR 标记来源及 PCR 扩增

根据已经应用在芝麻公开发表的文献资料中, 选取其中 83 对 SSR 引物, 对构建的 110 份江西芝麻核心种质中随机挑选的 20 份种质进行多态性引物筛选, 最终获得 25 对条带清晰且差异明显的引物 (附表 1), 且 25 对 SSR 标记分布在芝麻的 12 条染色体上 ($2n=26$), 引物由上海生工生物工程股份有限公司合成。采用本实验建立的 SSR-PCR 反应体系 (10 μL) 和 SSR-PCR 反应程序。

1.7 基因型数据分析

利用 NTSYS pc version2.10e 计算 Nei's 遗传相似性系数。采用 Popgen32 软件计算观测等位基因数 (N_a), 有效等位基因数 (N_e), Shannon 指数 (I), 杂合性 (H)。用 Powermarker V3.25 计算主要等位基因频率 (Major Allele Frequency), 基因多样性 (Gene Diversity), 多态性信息含量 (PIC) 和 Nei's (1973) 遗传距离。

2 结果与分析

2.1 736 份资源总体的多样性分析

736 份江西芝麻地方种质资源的 12 个质量性状的遗传多样性指数 (GDI) 结果表明 (表 1), 花旁蜜腺的 GDI 均值最高为 1.1054, 株型的 GDI 均值最低为 0.5129。12 个数量性状的遗传多样性指数结果表明 (表 2), 株高的 GDI 均值最高为 2.0833, 蒴果厚度的 GDI 均值最低为 1.7140, 变异范围均值为 4.83%~41.52%, 遗传变异表现较大。

不同粒色类型芝麻种质的 12 个质量性状的多样性分析 (表 1) 显示, 白芝麻种质中遗传多样性指数均值最高为蒴果颜色 (1.0316), 黑芝麻种质中遗传多样性指数均值最高为基部叶开裂 (1.1793), 其它粒色芝麻种质中遗传多样性指数均值最高为花旁蜜腺 (1.1778), 表明不同粒色类型芝麻在性状中表现出自身的遗传多样性特点。12 个数量性状比较显示 (表 2), 白芝麻种质的遗传多样性指数均值范围 (1.7412~2.0899) 与其它粒色芝麻种质 (1.7198~2.0671) 相接近, 黑芝麻种质的遗传多样性指数均值范围 (1.6531~2.3855) 高于白芝麻种质和其它粒色芝麻种质; 黑芝麻种质的变异系数均值范围与白芝麻种质和其它粒色芝麻种质

相比较较大，遗传基础较差。

表 1 736 份芝麻种质的 12 个质量性状及不同来源类型的遗传多样性指数

Table 1 GDI of 12 quality traits in 736 sesame germplasm and different sources and types

类别	株型	叶色	叶绒毛	基部叶	基部叶	茎秆绒	成熟主	每叶腋	花旁蜜	蒴果棱	蒴果	种子
Type	PT	LC	稀密	缘	开裂	毛稀密	茎颜色	花数	腺	数	颜色	形状
			LH	BLM	LIBL	SH	MSC	NCPA	EFND	NLPC	CC	SS
总体	0.5129	0.6187	0.7618	0.9536	0.9954	0.8066	0.8692	0.6802	1.1054	0.5508	0.9474	0.758
白色 White	0.3532	0.5854	1.0907	0.9646	0.6663	0.991	0.9072	0.5958	0.871	0.6871	1.0316	0.6996
黑色 Black	0.5489	0.5833	0.3182	0.9306	1.1793	0.4594	0.7505	0.6911	0.8107	0.4053	0.7702	0.7566
其它 Others	0.5799	0.6769	0.7402	0.9687	0.7659	0.7884	0.9562	0.6928	1.1778	0.5968	1.043	0.7658
赣北 Northern of Jiangxi	0.4036	0.2355	0.3944	0.5791	1.0367	0.8113	0.614	0.6422	0.8789	0.5208	0.6728	0.9454
赣东 Eastern of Jiangxi	0.4371	0.766	0.5614	0.7632	1.0777	0.6156	0.7578	0.6838	1.1261	0.4719	0.8103	0.5412
赣中北 Central and northern of Jiangxi	0.5926	0.349	0.7411	0.7667	0.9375	0.7529	0.9866	0.6839	1.1925	0.3969	0.9192	0.5172
赣西 Western of Jiangxi	0.4368	0.5503	1.0352	0.9179	0.9522	0.96	0.8404	0.649	0.9727	0.5014	0.9062	0.635
赣中南 Central and southern of Jiangxi	0.4342	0.6408	0.7856	1.0812	0.7204	0.8011	0.936	0.6555	0.6825	0.6952	1.0904	0.9459
赣南 Southern of Jiangxi	0.6742	0.5446	0.48	1.0831	0.3104	0.2619	0.8654	0.6921	1.1622	0.5866	1.0005	0.9357

PT:Plant type;LC :Leaf colour;LH:Leaf hairness;BLM:Basal leaf margin; LIBL:Lobe incision of basal leaf;SH:Stem hairiness; MSC:Main stem color;NCPA:Numbers of capsules per axil;EFND:Extra-floral nectary development;NLPC:Number of locules per capsule;CC:Color of capsules;SS:Seed shape;The same as below

对 736 份芝麻种质资源进行区域划分，分别为赣北区域 79 份，赣西区域 139 份，赣东区域 183 份，赣中北区域 118 份，赣中南区域 154 份，赣南区域 67 份。12 个质量性状中（表 1），遗传多样性指数从大到小的顺序为赣中南区域>赣西区域>赣东区域>赣中北区域>赣南区域>赣北区域，说明不同区域之间性状的遗传多样性表现虽有差异，但与地理位置没有直接联系。

6 个区域的 12 个数量性状多样性分析结果显示（表 2），赣中南和赣南区域种质中表现变异差异的性状更多；6 个区域中赣中北区域种质的遗传多样性更丰富，赣南区域种质的遗传多样性较低，这可能与该区域种质数目为 6 个区域中种质数目最少有关。

表 2 736 份芝麻种质的 12 个数量性状及不同来源类型的遗传多样性指数

Table 2 GDI of 12 quantitative traits in 736sesame germplasm and different sources and types

类 型	项 目	生育期	株 高	始蒴高	空 稍 尖	主 茎 蒴	主 茎	蒴 果 长	蒴 果 宽	蒴 果 厚	每 蒴 粒	千 粒 重	单 株 产
Category	Item	(d) GP	(cm)	度 (cm)	长 度 (cm)	节 (cm)	蒴 果 数	(cm)	(cm)	(cm)	数	(g)	量 (g)
			PH	FCH	ITP	MSC	NMSC	MCL	MCW	MCT	SPC	1000SW	SYPP

	遗传多样性指数	1.0555	2.0951	1.9431	1.9937	2.06	1.9092	2.0702	1.8585	1.6776	1.7008	2.0047	2.025
赣东 Eastern of Jiangxi 183份	最小值	78	82.4	29.9	0.65	21	25.33	2	0.71	0.58	31.2	1.55	3.81
	最大值	93	196.8	92.32	9.05	78.4	141.4	3.85	1.22	1.18	120	3.99	24.27
	平均值	89.07	139.71	49.37	4.48	48.11	72.92	3.04	0.88	0.76	69.88	2.68	10.36
	变异系数(%)	4.8	13.96	22.09	42.8	20.54	36.68	11.7	10.27	16	19.69	13.47	32.56
	遗传多样性指数	1.4924	2.0648	1.9947	2.0652	2.0507	2.0053	2.0638	1.7909	1.386	1.8122	2.0565	2.0147
赣中北 Central and northern of Jiangxi 118份	最小值	79	96.4	30.4	0.4	23.2	26.6	2.15	0.7	0.55	38.7	1.59	3.69
	最大值	94	184.8	67.8	8.8	77	128.8	4.15	1.15	1.13	107.5	3.69	27.68
	平均值	88.31	141.5	46.91	4.38	48.69	68.4	3.05	0.88	0.75	69.98	2.69	10.7
	变异系数(%)	5.14	12.8	20.04	47.89	24.77	33.82	12.29	9.68	13.95	14.78	12.75	36.05
	遗传多样性指数	1.8586	2.061	2.0703	2.0601	2.0441	2.029	2.0481	1.991	1.8678	1.8205	1.9405	1.9681
赣西 Western of Jiangxi 139份	最小值	78	98.05	27.7	1.1	17.2	22.3	2	0.57	0.52	38.8	1.76	2.16
	最大值	100	197.6	148.4	9.4	69	136.2	4.8	1.2	1.16	127.5	3.46	19.46
	平均值	86.46	130.01	49.35	4.62	40.88	62.61	3.04	0.9	0.77	72.12	2.69	9.47
	变异系数(%)	5.38	13.7	32.75	38.86	24.45	37.08	15.13	11.5	17.67	21.11	12.42	34.95
	遗传多样性指数	1.848	1.988	1.5209	2.0473	2.0668	1.9893	2.0503	1.8436	1.7147	1.7069	2.0612	2.0598
赣中南 Central and southern of Jiangxi 154份	最小值	78	91.2	27.2	0.84	21	21	2.25	0.71	0.62	44	1.66	3.93
	最大值	93	193	122.4	11.5	67.6	132.4	4.05	1.28	1.25	132.4	3.47	19.2
	平均值	84.71	135.01	47.15	4.77	43.02	68.09	2.96	0.95	0.85	80.93	2.54	10.29
	变异系数(%)	2.86	13.99	29.25	37.29	22.5	30.97	11.08	14.17	20.74	25.1	13.47	29.67
	遗传多样性指数	1.345	2.0646	1.8519	2.0246	1.4565	2.0598	1.9466	1.9632	1.8343	1.902	2.0142	2.0604
赣南 Southern of	最小值	81	109.3	27.2	0.5	23.6	23.6	2.32	0.69	0.59	41.2	1.58	3.24
	最大值	93	191.1	136.4	9.78	65.2	130	3.83	1.3	1.23	121.2	3.56	15.75

Jiangxi 67份	平均值	88.37	146.93	58.72	4.92	43.42	68.88	2.87	0.9	0.8	73.26	2.53	10.52
	变异系数 (%)	2.99	12.59	38.17	38.6	19.8	38.81	10.78	15.37	21.44	24.12	14.5	25.07
	遗传多样性指数	1.1032	1.9912	1.1799	1.9977	1.2795	2.0044	1.9022	1.864	1.6688	1.6918	2.0036	2.0141

GP:Growth period;PH:Plant height;FCH:Fist capsule height;ITP:Infertile top length;MSC:Main stem capsul;NMSC:Number of main stem capsules;MCL:Mean capsule length;MCW:Mean capsule width;MCT:Mean capsule thickness;SPC:Seed per capsule;1000SW:1000-seedweight;SYPP:Seed yield per plant;The same as below

2.2 构建初始核心种质的最优模型

构建的 144 组初选核心种质评价参数见表 3。基于均值差异百分数 (MD) 参数小于 20%，极差符合率 (CR) 大于 80%，方差差异百分率 (VD) 和变异系数变化率 (VR) 越大越好，更好代表原始种质群体遗传多样性的原则，综合比较后得出：采用“多次聚类优先取样法+15%取样比例+可变类平均法+欧式距离”最终构建了 110 份初选核心子集 (表 4),其 MD、VD、CR 和 VR 分别为 0、44%、100%和 110.21%。

表 3 芝麻初始核心种质的抽样策略比较

Table 3 Comparison of sampling strategies for sesame primary core germplasm

Sampling proportion	遗传距离	聚类方法 Cluster method	多次聚类随机取样 Multiple random sampling method				多次聚类优先取样法 Multiple cluster preferred sampling method				多次聚类偏离度取样法 Multiple cluster deviation sampling 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	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	欧氏距离	最短距离法	24	28	93.79	114.71	0	48	100	121.52	24
	离	最长距离法	4	12	90.53	108.06	0	48	100	121.52	8	52	97.46	121.04
		中间距离法	12	16	90.92	107.66	0	48	100	121.52	4	36	92.7	113.88
		重心法	4	12	86.34	101.39	0	48	100	121.52	20	28	96.11	112.24
		不加权类平均法	0	12	85.26	102.37	0	48	100	121.52	0	44	96.4	119.05
		可变类平均法	0	20	88.85	113.49	0	48	100	121.52	0	48	96.76	123.27
		可变法	0	20	88.58	108.55	0	48	100	121.52	4	44	96.85	123.74
		离差平方和法	0	8	87.36	106.61	0	48	100	121.52	4	56	95.43	122.03
10	欧氏距离	最短距离法	16	32	95.09	111.26	16	44	100	114.85	28	44	98.06	115.74
	离	最长距离法	0	16	93.18	105.43	0	44	100	113.73	12	60	98.46	117.34
		中间距离法	4	8	93.28	102.52	12	44	100	113.08	8	28	93.55	108.81
		重心法	8	0	88.83	99.85	8	48	100	111.61	16	24	96.92	106.77
		不加权类平均法	0	8	90.08	102.18	8	36	100	111.08	4	44	97.62	114.91
		可变类平均法	0	8	92.1	107.33	0	32	100	111.42	4	60	98.11	117
		可变法	0	4	90.4	104.16	0	48	100	114.04	8	56	97.96	116.27
		离差平方和法	0	8	92.2	106.33	4	40	100	112.51	4	60	98.13	116.02
15	欧氏距离	最短距离法	24	28	97.27	107.78	24	48	100	109.66	28	44	98.53	111.82
	离	最长距离法	0	4	94.19	104.08	0	36	100	109.31	4	60	98.56	114.39
		中间距离法	4	8	94.69	101.8	8	28	100	108.79	8	32	96.75	108.89
		重心法	4	4	90.81	100.77	8	20	100	107.65	8	28	97.6	107.32

		不加权类平均法	0	4	92.37	101.11	4	28	100	109.09	4	48	98.13	111.79
		可变类平均法	0	4	95.49	105.75	0	44	100	110.21	4	52	98.47	113.1
		可变法	0	4	92.83	102.37	0	20	100	108.56	4	60	98.72	113.33
		离差平方和法	0	16	95.04	105.6	0	28	100	108.16	4	56	98.56	112.56
20	欧氏距	最短距离法	16	28	98.04	105.91	16	44	100	106.5	28	48	98.73	109.43
	离	最长距离法	0	4	94.8	103	0	28	100	106.79	8	60	98.98	111.9
		中间距离法	0	0	95.18	102	0	20	100	106.51	0	20	100	106.51
		重心法	4	0	91.44	99.52	4	28	100	105.73	4	36	97.78	106.54
		不加权类平均法	0	4	92.79	100.91	0	24	100	106.82	0	52	98.55	110.04
		可变类平均法	0	4	96.58	103.91	0	20	100	107.54	0	60	98.89	111.75
		可变法	0	8	95.66	103.39	0	16	100	106.9	0	60	99.07	111.95
		离差平方和法	4	4	95.8	104.16	0	24	100	106.56	4	56	98.98	111.44
25	欧氏距	最短距离法	16	32	98.78	104.18	12	36	100	105.57	16	56	98.93	108.14
	离	最长距离法	0	0	96.06	102.14	0	16	100	105.6	0	52	98.98	109.84
		中间距离法	0	0	96.71	101.94	0	12	100	105.31	12	32	98.29	106.41
		重心法	0	0	93.87	99.72	0	28	100	104.72	8	40	98.04	106.29
		不加权类平均法	0	4	94.34	101.91	0	16	100	105.12	0	56	98.9	108.59
		可变类平均法	0	0	96.58	103.15	0	16	100	105.75	0	52	99.06	109.49
		可变法	0	0	95.71	101.94	0	16	100	105.41	0	56	99.07	109.66
		离差平方和法	0	0	95.84	103.26	0	16	100	105.44	0	48	98.98	109.39
30	欧氏距	最短距离法	16	24	98.78	104.12	4	28	100	105.04	12	44	98.98	107.2
	离	最长距离法	0	4	96.71	102.54	0	12	100	103.78	0	52	99.07	108.84
		中间距离法	0	0	96.79	101.37	8	8	100	104.74	0	36	98.73	106.31
		重心法	0	4	94.55	100.34	0	20	100	104.17	8	36	98.83	105.96
		不加权类平均法	0	0	94.86	101.58	0	12	100	104.63	0	36	98.96	107.33
		可变类平均法	0	4	97.41	103.37	0	16	100	104.04	0	48	99.06	108.57
		可变法	0	0	97.02	102.92	0	8	100	103.54	0	48	99.07	109.12
		离差平方和法	0	0	96.48	103.03	0	12	100	103.8	0	40	99.02	108.59

表 4 110 份江西省芝麻地方核心种质资源的名称及来源

Table 4 The name and source of 110 local sesame germplasm from Jiangxi Province

序号 No.	2020 年编 号 2020 No.	名称 Name	来源地 Source location	序号 No.	2020 年编 号 2020 No.	名称 Name	来源 Source location
1	GZM0001	白芝麻	都昌县大港镇土目村	56	GZM0307	芝麻	奉新县冯川镇张家村
2	GZM0002	黑芝麻	都昌县大树乡罗岭村	57	GZM0308	芝麻	奉新县干洲镇大垌村
3	GZM0003	黑芝麻	都昌县大树乡罗岭村	58	GZM0311	芝麻	奉新县干洲镇下古村
4	GZM0004	黑芝麻	都昌县大树乡罗岭	59	GZM0327	白芝麻	高安市东方红乡东门村新枫树村组
5	GZM0005	黑芝麻	都昌县大树乡牡丹村	60	GZM0330	白芝麻	高安市东方红乡左桥村田里村组
6	GZM0006	黑芝麻	都昌县大树乡牡丹村	61	GZM0335	黑芝麻	高安市建山镇枫林村
7	GZM0010	黑芝麻	都昌县三汊港左桥村	62	GZM0368	芝麻	上高县徐家渡镇东边村
8	GZM0014	白芝麻	都昌县土塘镇港东村	63	GZM0376	芝麻	万载县株潭镇枣木村
9	GZM0017	黑芝麻	都昌县西源乡菱塘村	64	GZM0378	芝麻	宜春市袁州区
10	GZM0020	黑芝麻	都昌县西源乡菱塘村	65	GZM0386	芝麻	樟树市
11	GZM0021	白芝麻	都昌县徐埠镇高桥村	66	GZM0413	芝麻	分宜县分宜镇坑上村
12	GZM0029	黑芝麻	濂溪区虞家河乡鲁板村	67	GZM0422	芝麻	分宜县钤山镇治元村
13	GZM0037	芝麻	彭泽县	68	GZM0425	芝麻	新余市
14	GZM0038	黑芝麻	彭泽县	69	GZM0427	芝麻	渝水区观巢镇王家进
15	GZM0047	白芝麻	武宁县安溪镇田墩村	70	GZM0428	芝麻	渝水区下村镇花堆村

16	GZM0054	黑芝麻	星子县蓼花镇幸福村尚家桥	71	GZM0433	芝麻	崇仁县礼陂镇陂下村
17	GZM0056	黑芝麻	星子县蓼花镇幸福村尚家桥	72	GZM0435	芝麻	崇仁县礼陂镇陂下村
18	GZM0058	麻芝(黑)	修水县太阳升镇梅渡村	73	GZM0446	芝麻	金溪县浒湾镇丁家村
19	GZM0060	芝麻	永修县立新乡北徐村	74	GZM0447	芝麻	金溪县浒湾镇汤家村
20	GZM0072	黑芝麻	浮梁县寿安镇柳溪村	75	GZM0452	芝麻	金溪县浒湾镇詹家摆
21	GZM0079	黑芝麻	浮梁县瑶里古镇坑上	76	GZM0466	芝麻	南城县徐家乡陈家排
22	GZM0081	黑芝麻	昌江区鲇鱼山镇义城	77	GZM0467	芝麻	南城县徐家乡陈家排
23	GZM0085	黑芝麻	乐平市塔前镇陈家坞	78	GZM0483	芝麻	宜黄县棠阴镇
24	GZM0088	黑芝麻	乐平市塔前镇徐家	79	GZM0490	芝麻	宜黄县圳口乡枫林村港背
25	GZM0092	黑芝麻	乐平县	80	GZM0495	芝麻	宜黄县圳口乡荇源桥
26	GZM0093	黑芝麻	乐平县	81	GZM0508	白芝麻	安福县金田乡沿沛村
27	GZM0095	黑芝麻	乐平县	82	GZM0512	白芝麻	吉安县城城镇赤陂村
28	GZM0108	芝麻(白)	横峰县葛源镇石桥村	83	GZM0514	白芝麻	吉安县城厚镇南街村长坵村组
29	GZM0118	黑芝麻	鄱阳县高家岭乡韩山村	84	GZM0516	白芝麻	吉安县城厚镇南街村长坵村组
30	GZM0120	黑芝麻	鄱阳县高家岭乡韩山村	85	GZM0529	芝麻	青原区河东街道莞下村
31	GZM0123	大源白芝麻	鄱阳县柘田街乡大源村委会西源村小组	86	GZM0531	芝麻	泰和县塘洲镇寓塘村
32	GZM0126	黑芝麻	鄱阳县鄱阳镇芝田村田家畈	87	GZM0535	芝麻	万安县百嘉镇廓埠村
33	GZM0133	饶埠黑芝麻	鄱阳县饶埠镇九甲村	88	GZM0544	麻子	峡江县金江乡新溪村
34	GZM0135	双港黑芝麻	鄱阳县双港镇马鞍山村	89	GZM0550	芝麻	峡江县仁和镇官田村
35	GZM0136	黑芝麻	鄱阳县四十里街镇中塘村	90	GZM0551	芝麻	新干县荷浦乡
36	GZM0140	芝麻	铅山县葛仙山乡杨村	91	GZM0557	白芝麻	新干县三湖镇付陵村大陵村组
37	GZM0147	芝麻	铅山县石塘镇十一都	92	GZM0559	芝麻	新干县三湖镇付陵村大陵村组
38	GZM0158	黑芝麻	万年县	93	GZM0560	黑芝麻	新干县三湖镇付陵村大陵村组
39	GZM0168	黑芝麻	婺源县甲路乡严田村	94	GZM0564	白芝麻	永新县高桥楼镇引泉村拿头组
40	GZM0172	太白黑芝麻	婺源县太白乡新屋村	95	GZM0566	白芝麻	永新县高桥楼镇引泉村拿头组
41	GZM0177	芝麻	弋阳县葛溪乡李坂村	96	GZM0572	白芝麻	永新县桥头镇高川村桥头村组
42	GZM0178	芝麻	弋阳县花亭乡竹家碓	97	GZM0574	白芝麻	永新县桥头镇高川村桥头村组
43	GZM0181	芝麻	弋阳县漆工镇漆工中学	98	GZM0584	芝麻	南康区朱坊乡荷田村
44	GZM0215	青麻	进贤县梅庄镇富华村	99	GZM0590	芝麻	宁都县对坊乡富丘村
45	GZM0217	黑芝麻	进贤县梅庄镇富华村	100	GZM0604	芝麻	全南县城厢镇黄埠村
46	GZM0219	黑芝麻	进贤县梅庄镇富华村	101	GZM0606	芝麻	瑞金市黄柏乡柏村
47	GZM0239	白芝麻	新建区流湖乡南岗村	102	GZM0610	芝麻	信丰县大阿镇大阿村
48	GZM0253	芝麻	贵溪市罗河镇下汪村	103	GZM0637	芝麻	于都县仙下乡仙下村
49	GZM0258	芝麻	贵溪市彭湾乡花厅村	104	GZM0648	白芝麻	鄱阳县
50	GZM0263	芝麻	贵溪市鱼塘毕家	105	GZM0649	波阳黑	鄱阳县
51	GZM0273	黑芝麻	余江区杨溪乡新危村	106	GZM0700	芝麻	进贤县钟陵乡
52	GZM0274	芝麻	余江区邓埠镇桥西	107	GZM0701	黑芝麻	进贤县二塘乡
53	GZM0281	芝麻(黄)	丰城市丽村镇茅头村	108	GZM0702	黑芝麻	进贤县梅庄镇富田村
54	GZM0287	白芝麻	丰城市泉港镇潭埠村	109	GZM0707	黑芝麻	南昌县省良种场
55	GZM0302	芝麻	奉新县赤岸镇	110	GZM0712	白芝麻	丰城市泉港镇西岸村

2.3 初始核心种质的评价

2.3.1 原始种质和初始核心种质均值、方差、极差、变异系数比较分析

构建的初始核心种质与原始种质的均值、方差差异比较见表 5 所示。比较初始核心种质和原始种质 24 个表型性状的均值 t 检测是否存在显著性差异, 两者表型性状变异的方差 F 检测是否表现为同质性发现, 初始核心种质中的 24 个性状的均值均与原始种质无显著性差异, 有 11 个性状的方差与原始种质有显著或极显著差异, 同时极差表现为一一致, 初始核心种质中多数变异系数高于原始种质(除叶茸毛稀密、茎秆绒毛稀密、花旁蜜腺、蒴果棱数四个的变异系数与原始种质存在较小的差异)。

表 5 原始种质和初始核心种质 4 个参数的比较分析

Table5 Comparative analysis of four parameters of original germplasm and primary core germplasm

性状	种质群体	均值	P-value	显著性	方差	P-value	显著性	极差	变异系数
Traits	Germplasm collection	Mean		Significance	Variance		Significance	Range	CV
生育期 GP	原群体	87.3872	0.3294	NS	17.7996	0.0206	S*	22	0.0483
	核心库	86.9091			23.5880			22	0.0559
株型 PT	原群体	1.2092	0.3901	NS	0.1657	0.1900	NS	1	0.3366
	核心库	1.2455			0.1869			1	0.3471
叶色 LC	原群体	2.0313	0.6661	NS	0.1909	0.0010	S**	2	0.2151
	核心库	2.0546			0.2906			2	0.2624
叶绒毛稀疏 LH	原群体	3.7935	0.4027	NS	2.0144	0.1411	NS	4	0.3741
	核心库	3.6727			1.7084			4	0.3559
基部叶缘 BLM	原群体	1.6467	0.8049	NS	0.4356	0.1566	NS	2	0.4008
	核心库	1.6636			0.5005			2	0.4253
基部叶开裂 LIBL	原群体	1.8370	0.9248	NS	7.5381	0.3780	NS	7	1.4946
	核心库	1.8636			7.8436			7	1.5028
茎秆绒毛稀疏 SH	原群体	4.0190	0.5893	NS	2.6446	0.4802	NS	4	0.4046
	核心库	4.1091			2.6118			4	0.3933
成熟主茎颜色 MSC	原群体	2.3967	0.7158	NS	0.7839	0.4853	NS	3	0.3694
	核心库	2.3636			0.7840			3	0.3746
每叶腋花数 NCPA	原群体	1.5802	0.6139	NS	0.2439	0.4260	NS	1	0.3125
	核心库	1.5546			0.2493			1	0.3212
花旁蜜腺 EFND	原群体	0.8533	0.9902	NS	1.2029	0.3178	NS	3	1.2854
	核心库	0.8546			1.1163			3	1.2364
蒴果棱数 NLPC	原群体	1.6603	0.5064	NS	1.5389	0.2621	NS	3	0.7472
	核心库	1.7455			1.6777			3	0.7421
蒴果颜色 CC	原群体	1.8573	0.2377	NS	0.4000	0.0113	S*	3	0.3405
	核心库	1.9455			0.5475			3	0.3803
种皮颜色 SCC	原群体	5.8084	0.9213	NS	12.2721	0.3205	NS	8	0.6031
	核心库	5.7727			13.0580			8	0.6260
种子形状 SS	原群体	1.3709	0.2800	NS	0.4432	0.1671	NS	2	0.4856
	核心库	1.4455			0.5062			2	0.4922
株高 PH	原群体	136.9869	0.9739	NS	369.8573	0.0221	S*	115.2	0.1404
	核心库	136.9139			488.2170			115.2	0.1614
始蒴高度 FCH	原群体	49.2382	0.3133	NS	194.1704	0.0000	S**	121.2	0.2830
	核心库	51.1217			351.8701			121.2	0.3669

空稍尖长度 ITL,	原群体	4.6057	0.8944	NS	3.6573	0.0122	S*	11.1	0.4152
	核心库	4.6355			4.9845			11.1	0.4816
主茎蒴节 MSC	原群体	44.5826	0.5068	NS	112.0417	0.0095	S**	61.2	0.2374
	核心库	43.7515			154.6905			61.2	0.2843
主茎蒴果数 NMSC	原群体	67.4826	0.4149	NS	592.9838	0.0923	NS	120.39999	0.3609
	核心库	65.4174			712.3348			120.39999	0.4080
蒴果长 MCL	原群体	3.0058	0.7085	NS	0.1366	0.0011	S**	2.8	0.1230
	核心库	2.9887			0.2073			2.8	0.1523
蒴果宽 MCW	原群体	0.9016	0.8568	NS	0.0125	0.0073	S**	0.73	0.1239
	核心库	0.9040			0.0175			0.73	0.1462
蒴果厚 MCT	原群体	0.7834	0.4996	NS	0.0214	0.0681	NS	0.73	0.1867
	核心库	0.7937			0.0263			0.73	0.2043
每蒴粒数 MCT	原群体	73.1412	0.6402	NS	266.0499	0.0837	NS	101.2	0.2230
	核心库	73.9345			321.9861			101.2	0.2427
千粒重 1000SW	原群体	2.6444	0.4893	NS	0.1257	0.0149	S*	2.44	0.1341
	核心库	2.6157			0.1695			2.44	0.1574
单株产量 SYPP	原群体	10.0763	0.5758	NS	11.0980	0.0005	S**	25.52	0.3306
	核心库	9.8431			17.3619			25.52	0.4233

*代表显著, **代表极显著

* represents significant,** represents extremely significant

2.3.2 原始种质与初始核心种质数量性状的主成分比较分析

对利用表型性状所构建的芝麻初始核心种质通过主成分分析法做进一步验证(表6)。经过比较芝麻初始核心种质和原始种质发现,两个群体各自的前5个主成分中特征值和贡献率均表现为较接近,且第5个主成分的特征值分别为1.034和1.100,累计贡献率分别为80.533%和82.631%,该数据表明初始核心种质可解释原始种质80%以上的遗传信息,且芝麻初始核心种质的前5个主成分中特征值和贡献率都有相对的增加,所以利用表型性状所构建的芝麻初始核心种质在一定程度上减少了种质间遗传的冗余度,有效的增加了原始种质的累计贡献率。由此可见,芝麻初始核心种质将原始核心种质的遗传结构和多样性较好地保留下来了。

表6 原始种质和初始核心种质主成分的比较分析

Table6 Comparative analysis of principal components of original and primary core germplasm

主成分 Component	原始种质			初始核心种质		
	特征值 Eigen value	贡献率(%) Propotion Contributionrate	累积贡献率(%) Cumulative contributionrate	特征值 Eigen value	贡献率(%) Propotion Contributionrate	累积贡献率(%) Cumulative contributionrate
1	3.258	27.148	27.148	2.878	23.984	23.984
2	2.426	20.214	47.362	2.788	23.232	47.216
3	1.82	15.164	62.526	1.893	15.773	62.989
4	1.127	9.392	71.918	1.257	10.476	73.465

5	1.034	8.615	80.533	1.1	9.167	82.631
---	-------	-------	--------	-----	-------	--------

2.4 初始核心种质的分子标记分析

为进一步对已筛选的 110 份初始核心种质验证其代表性，基于 12 对 SSR 多态性引物对 64 份吉安原始种质（包含在 736 份江西芝麻种质）和 16 份核心种质（包含在 110 份初始核心种质）进行遗传多样性的比较和分析，结果表明：SSR 标记在原始种质中观测等位基因数平均为 2，有效等位基因数为 1.6984，杂合性平均为 0.3938，Shannon 指数平均为 0.5748，基因多样性平均为 0.3870，多态性信息含量平均为 0.3029。核心种质中观测等位基因平均为 1.93，有效等位基因数为 1.6919，杂合性平均为 0.3879，Shannon 指数平均为 0.5621，基因多样性平均为 0.3938，多态性信息含量平均为 0.3061。两者的 6 个遗传多样性参数值基本保持接近。

对 64 份吉安芝麻种质和 16 份核心种质的基因型多态性进行分析评价，结果表明（表 7），16 份核心种质将 96.25% 的等位基因保留下来。t 检测结果表明，基于 12 对 SSR 标记获得的 41 个位点对 16 份核心种质进行多样性分析，其 6 个遗传多样性参数与 64 份吉安芝麻种质均无显著性差异（除观测等位基因数外）。由此得出，16 份核心种质初步代表了 64 份吉安芝麻种质的遗传多样性，进一步表明 110 份核心种质可以代表 736 份江西芝麻种质资源的遗传多样性。

表 7 原始种质和核心种质的均值 t 检测比较分析

Table7 Comparative analysis of mean t test between original accession and core accession

种质 Germplasm	种质数 Germplasm number	观测等位基因数 Na	有效等位基因数 Ne	杂合性 I	Shannon 指数 H	基因多样 性 GD	多态性信息 含量 PIC
原始种质 Original germplasm	64	2	1.6984	0.3938	0.5748	0.3870	0.3029
核心种质 Core germplasm (百分比)	16 25%	1.93 96.25%	1.6919 99.62%	0.3879 98.52%	0.5621 97.81%	0.3938 101.77%	0.3061 101.06%
t		1.682	0.082	0.163	0.276	-0.192	-0.129

比较 64 份吉安种质和 16 份核心种质的遗传相似系数和遗传距离（表 8、图 1），结果表明，64 份吉安芝麻种质间的遗传相似系数（GS）在 0.1707-0.9512 之间，平均 0.5968；遗传距离（GD）在 0.0488-0.8293，平均 0.4032。16 份核心种质间的遗传相似系数（GS）在 0.2439-0.9268 之间，平均 0.5746；遗传距离（GD）在 0.0732-0.7561，平均 0.4254。从遗传相似系数和遗传距离看，两者的范围趋近，64 份吉安种质间的遗传关系和 16 份核心种质间的遗传关系均表现为较近。由此表明，16 份核心种质可以代表 64 份吉安芝麻种质的遗传多样性。

表 8 64 份吉安种质和 16 份核心种质遗传多样性比较分析

Table8 Comparative analysis of genetic diversity of 64 Ji'an accessions and 16 core accessions

类型 Type	品种数 Accessions	遗传相似系数 Genetic similarity			遗传距离 Genetic distance		
		最小值	最大值	平均	最小值	最大值	平均
		Min.	Max.	Average	Min.	Max.	Average
吉安种质 Ji'an germplasm	64	0.1707	0.9512	0.5968	0.0488	0.8293	0.4032
核心种质 Core germplasm	16	0.2439	0.9268	0.5746	0.0732	0.7561	0.4254



图 1 部分核心种质资源的表型性状特征图

Fig.1 Phenotypic trait characteristic map of some core germplasm

3 讨论

通过描述和鉴定农艺性状特点、分析遗传多样性指数，进而对种质资源进行鉴定、评价和遗传多样性分析，是作物育种突破的重要手段。当前，已经在多种种质资源的分类、优异种质的选择中应用广泛。本研究中对 736 份江西省芝麻地方种质资源的 24 个表型性状的 GDI 分析发现，数量性状的 GDI 范围 1.7140~2.0833，质量性状的 GDI 范围 0.5129~1.1054，说明 736 份江西省芝麻地方种质的资源类型较丰富，与吕伟等^[2]对 246 份来源不同的芝麻种质资源变异分析和表型多样性的分析结果相一致，这为比较和筛选目标优异种质及良种繁育提供了丰富且重要的种质资源来源，更有效拓宽了我国芝麻育种过程中亲本的选择。

江西主要以黑芝麻为主，其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。本研究基于 24 个表型性状比较分析了不同粒色芝麻的遗传多样性指数发现，12 个数量性状中，黑芝麻种质的遗传多样性指数范围表现较大，说明数量性状在黑芝麻种质间的差异较大，且黑芝麻种质资源的遗传多样性较丰富；而在 12 个质量性状中，黑芝麻种质表现为遗传多样性指数较高的性状较少，表明质量性状在黑芝麻种质间的多样性较差，因此，在育种过程中需综合表型性状间的差异以选取目标黑芝麻优异种质。综合比较 6 个区域芝麻种质的遗传多样性指数，发现赣中北区域种质的遗传丰富性更高，而赣南区域种质的遗传多样性较低，表明该种质遗传多样性的丰富度与其地理区域分布没有直接联系，这与国内外相关研究结果表现相近^[29]，这可能是赣中北地区同时与江西省其它五个区域接壤，存在与多个不同区域的芝麻种质进行交换和流通的情况。

由 Franke^[6]首提的核心种质概念是高效利用和管理种质资源的重要方法。目前，多数研究基于表型性状和分子标记以构建核心种质。汪磊等^[23]在构建向日葵核心种质库时，分析比较了原始群体和核心种质各性状指标，均值、极差、方差和变异系数和主成分分析也表明所选核心种质保留了原始群体特征和特殊材料分布。李萌等^[24]利用 18 个农艺性状构建山西高粱的核心种质，表示采取同样参数构建的核心种质可较好代表原始种质的多样性和异质性。本研究利用 24 个表型性状数据构建了 110 份初始核心种质，参照 Hu 等^[27]和徐海明等^[10]提出使用均值 (Mean)、方差 (Variance)、极差 (Range)、变异系数 (CV) 等参数比较核

心种质和原始种质，并对其进行均值 T 检测和方差 F 检测，同时通过主成分分析法比较两个群体的特征值、贡献率和累计贡献率，以反映两个群体间的相似度，所得初始核心种质的代表性与上述结果基本一致。。同基于表型性状数据构建的核心种质相比，基于基因型数据的核心种质可保留更大的遗传变异性，对原始种质具有更好的代表性。董玉琛等^[18]先根据表型性状数据构建初级核心种质，再利用基因型数据减少 DNA 水平的遗传冗余度，以构建出极具代表性的核心种质。本研究也利用 12 对多态性标记获取 64 份吉安种质（包含在 736 份芝麻种质）的基因型数据，将其中的 16 份种质（包含在 110 份初始核心种质）与 64 份种质的 SSR 标记进行多态性分析、评价及遗传相似性比较分析，结果发现两者的 6 个多态性参数值基本保持接近，且均值 t 检测均无显著性差异（除观测等位基因数外），同时两者的遗传相似程度基本接近，表明 16 份核心种质在分子上可以代表 64 份原始种质的遗传多样性，进一步得出 110 份核心种质能较好代表 736 份原始种质的表型变异特征和减少冗余度。

综上所述，本研究围绕表型性状系统阐述了 736 份江西芝麻种质的遗传多样性与育种潜力，同时构建的 110 份芝麻核心种质较好地代表了 736 份原始种质的遗传多样性水平，下一步将重点鉴定关键品质性状和抗性性状，并结合基因型检测，提高芝麻种质资源的利用率，为今后芝麻种质资源的高效鉴定、优异基因挖掘及种质创制与新品种选育提供依据。

参考文献

- [1] Zhang H Y, Miao H M, Wang L, et al. Genome sequencing of the important oilseed crop *Sesamum indicum* L.. *Genome Biology*, 2013, 14 (1) : 401.
- [2] 吕伟, 韩俊梅, 文飞, 任果香, 王若鹏, 刘文萍. 不同来源芝麻种质资源的表型多样性分析. *植物遗传资源学报*, 2020, 21(1)2:34-242+251.
- Lv W, Han J M, Wen F, Reng G X, Wang R P, Liu W P. Phenotypic Diversity Analysis of Sesame Germplasm Resources. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2020, 21(1)2:34-242+251.
- [3] 吕伟, 任果香, 文飞, 韩俊梅, 王若鹏, 刘文萍, 孟丽霞. 外源生根粉对干旱胁迫下芝麻表型性状及产量的影响. *江苏农业科学*, 2019, 47(12):114-117.
- Lv W, Ren G X, Wen F, Han J M, Wang R P, Liu W P, Meng L X. The effect of exogenous rooting powder on the phenotypic traits and yield of sesame under drought stress. *Jiangsu Agricultural Science*, 2019, 47 (12):114-117
- [4] 吕树伟, 江立群, 唐璇, 张静, 张炳蕊, 刘清, 毛兴学, 于航, 吴柔贤, 范芝兰, 陈文丰, 潘大建, 李晨. 广东省水稻种质资源系统收集与鉴定评价[J]. *植物遗传资源学报*, 2022, 23(02):412-421.
- Lv SW, Jiang LQ, Tang X, Zhang J, Zhang BR, Liu Q, Mao XX, Yu H, Wu RX, Chen WF, Pan DJ, Li C. Systematic Field Collection and Identification of Rice Resources in Guangdong[J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2022, 23(02):412-421.
- [5] 王述民, 张宗文. 世界粮食和农业植物遗传资源保护与利用现状[J]. *植物遗传资源学报*, 2011, 12(03):325-338.
- Wang SM, Zhang ZW, The Current Status of Protection and Utilization of Plant Genetic Resources for Food and Agriculture in the World[J]. *植物遗传资源学报*, 2011, 12(03):325-338.

Zhuang Q L, Huang Y B, Li W F, Wang R X, Yang G Y, Gao S G. Genetic diversity analysis of agronomic traits in sesame germplasm resources. *Jiangsu Agricultural Science*, 2023, 51 (06): 55-60.

[6] Frankel O H. Genetic perspectives of germplasm conservation. *Genetic Manipulation Impact on Man & Society*, 1984:161-170.

[7] Brown, Hd A. Core collections: a practical approach to genetic resources management. *Genome*, 1989, 31 (2):818-824.

[8] Charmet G, Balfourier F, Ravel C, Denis JB. Genotype x environment interactions in a core collection of French perennial ryegrass populations. *Theoretical & Applied Genetics*. 1993, 86 (6):731-6.

[9] R.C.Johnson, T.Hodgkin. The general methodology for creating a core collection. *Core Collections for Today & Tomorrow*. International Plant Resources Institute Rome Italy, 1999 : (10-17).

[10] 徐海明, 胡晋, 邱英雄. 利用分子标记和数量性状基因型值构建作物核心种质库的研究. *生物数学学报*, 2005, 20 (3) : 351-355.

Xu H M, Hu J, Qiu Y X. Research on Constructing Crop Core Germplasm Bank Using Molecular Markers and Quantitative Trait Genotypic Values. *Journal of Biomathematics*, 2005, 20 (3) : 351-355.

[11] 李自超, 张洪亮, 曾亚文, 杨忠义, 申时全, 孙传清, 王象坤. 云南地方稻种资源核心种质取样方案研究. *中国农业科学*, 2000, 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. Research on Sampling Scheme for Core Germplasm of Yunnan Local Rice Seed Resources. *Scientia Agricultura Sinica*, 2000, 33 (5) : 1-7.

[12] Zhang H, Zhang D, Wang M, Sun J, Qi Y, Li J, Wei X, Han L, Qiu Z, Tang S, Li Z. A core collection and mini core collection of *Oryza sativa* L. in China. *Theoretical and Applied Genetics*. 2011, 122 (1) : 49-61.

[13] 申时全, 曾亚文, 李自超, 杨忠义, 张洪亮, 王象坤, 李华俊. 云南稻种核心种质抗旱性研究. *中国农学通报*, 2001, 17 (5) : 6-8.

Shen S Q, Zeng Y W, Li Z C, Yang Z Y, Zhang H L, Wang X K, Li H J. Drought-Resistant Researching of Yunnan Rice Core Collection. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2001, 17 (5) : 6-8.

[14] 胥婷婷, 林峰, 华为, 汪军妹, 朱靖环, 贾巧君, 尚毅, 杨建明. 我国大麦选育品种核心种质的初步构建. *浙江农业学报*, 2011, 23(03):483-488.

Xu T T, Lin F, Hua Wei, Wang J M, Zhu J H, Jia Q J, Shang Y, Yang J M. Establishment of core collection on bred cultivars of Chinese barley. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*, 2011, 23(03):483-488.

[15] Hao C Y, Zhang X Y, Wang L F, et al. Genetic diversity and core collection evaluations in common wheat germplasm from the northwestern spring wheat region in China. *Molecular Breeding*, 2006, 17 (1) : 69-77.

[16] 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. 中国普通小麦初选核心种质的产生. *植物遗传资源学报*, 2003, 4 (1) : 1-8.

Dong Y S, Cao Y S, Zhang X Y, Liu S C, Wang Y F, You G X, Pang B S, Li L H, Jia J Z. Establishment of Candidate Core Collections in Chinese Common Wheat Germplasm. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2003, 4 (1) : 1-8.

[17] 范传珠, 马缘生, 刘旭, 谭富娟, 周红立, 周涛. 小麦特殊遗传材料“核心样品”的研究. *云南大学学报(自然科学版)*, 1999 (S3) : 134.

Fan C Z, Ma Y S, Liu X, Tan F J, Zhou H L, Zhou T. A Study on the Core Samples of Wheat Special Genetic Materials. *Journal of Yunnan*

University (Natural Science Edition), 1999 (S3) : 134.

[18] 邱丽娟, 李英慧, 关荣霞, 刘章雄, 王丽侠, 常汝镇. 大豆核心种质和微核心种质的构建、验证与研究进展. 作物学报, 2009, 35 (4) : 571-579.

Qiu L J, Li Y H, Guan R X, Liu Z X, Wang L X, Chang R Z. Construction, Validation, and Research Progress of Soybean Core Germplasm and Microcore Germplasm . Journal of Crops, 2009, 35 (4): 571-579

[19] Yu Li, Yunsu Shi, Yongsheng Cao, Tianyu Wang. Establishment of a core collection for maize germplasm preserved in chinese national genebank using geographic distribution and characterization data. Genetic Resources and Crop Evolution, 2005, 51 : 845-852.

[20] Coimbra R R, Mir G V, Cruz C D, et al. Development of a Brazilian maize core collection. Genetics Molecular Biology. 2009, 32 (3) : 538-45.

[21] Zhang H, D Zhang, Wang M, et al. A core collection and mini core collection of *Oryza sativa* L. in China. Theoretical & Applied Genetics, 2011, 122 (1) : 49-61.

[22] Kang C W, Kim S Y, Lee S W, et al. Selection of a core collection of Korean sesame germplasm by a stepwise clustering method. Breeding Science, 2006, 56 (1) : 85-91.

[23] 汪磊, 王姣梅, 汪魏, 王玲, 王力军, 严兴初, 谭美莲. 基于表型多样性构建向日葵核心种质. 中国油料作物学报, 2021, 43(06):1052-1060.

Wang L, Wang J M, Wang W, Wang L, Wang L J, Yan X C, Tan M L. Development of a core collection in sunflower (*Helianthus annuus* L.) germplasm using phenotypic diversity. Chinese Journal of Oil Crop Sciences, 2021, 43(06):1052-1060.

[24] 李萌, 秦慧彬, 王宇楠, 穆志新, 杜慧玲. 基于农艺性状指标的山西高粱地方品种核心种质构建. 植物遗传资源学报, 2021, 22(01):174-182.

Li M, Qin H B, Wang Y N, Mu Z X, Du H L. A Core Collection of Sorghum Landraces Formed by Taking Use of Agronomic Traits in Shanxi Province. Journal of Plant Genetic Resources, 2021, 22 (1) : 174-182

[25] 孔凡洲, 于仁成, 徐子钧, 周名江. 应用 Excel 软件计算生物多样性指数. 海洋科学, 2012, 36(04):57-62.

Kong F Z, Yu R C, Xu J, Zhou M J. Excel software to calculate biodiversity index. Marine Science, 2012, 36(04):57-62.

[26] 孙建, 刘红艳, 赵应忠, 乐美旺, 饶月亮, 颜廷献, 颜小文, 周红英. 芝麻种质资源叶绿素含量的多样性分析. 江西农业学报, 2009, 21(12):5-9+16.

Sun J, Liu H Y, Zhao Y Z, Le M W, Rao Y L, Yan T X, Yan X W, Zhou H Y. Diversity analysis of chlorophyll content in sesame germplasm resources . Jiangxi Agricultural Journal, 2009, 21 (12): 5-9+16

[27] Hu J, Zhu J, Xu H M. Methods of constructing core collections by stepwise clustering with three sampling strategies based on the genotypic values of crops. Theoretical & Applied Genetics, 2000, 101:264-268.

[28] 孙建, 张秀荣, 张艳欣, 车卓, 黄波. 中国芝麻主要品种遗传多样性特点及遗传基础演变. 中国农业科学, 2009, 42 (10) : 3421-3431.

Sun J, Zhang XR, Zhang YX, Che Z, Huang B. Genetic diversity characteristics and genetic basis evolution of major sesame varieties in China], Chinese Agricultural Science, 2009, 42 (10): 3421-3431

附表 1 25 对 SSR 引物序列信息

Appendix Table 1 Sequence information of 25 pairs of SSR primers

引物 Primers	正向引物序列 Forward primer sequence (5'-3')	反向引物序列 Reverse primer sequence (5'-3')
HS 02	CCATTA AATTCTTGCTCCCC	CTGGTCGTATGCAGCATCTT
HS 06	TGAAAAGCTGAGGAAGAGCA	ACAGTGGAGGGAGACGACTT
HS50	GATGGGTTC TTTATGGGGTG	AGAAAAAGCAAAGGGAGGG
HS53	GAAGCTTGAAGAGAGGAGGG	ATGGA ACTTCTCCGATCACC
HS62	ATGATCATGACGACCCTCAA	ATAGCTGGGCAGGCCTTTAT
HS63	CCAATCCTCCTCCATGTTTT	AGGAGA ACTCCCAGCAGTA
HS94	CATGTGTCTCTCCACCAC	TCTTGACCATGTTTTCCACC
HS123	CTTCTCCTTTCATTCCCGAG	CAGGAAACCACAACGAAATG
HS137	CCCCACTTTCTCCACTCTGT	CCCCACTTTCTCCACTCTGT
HS183	TTGAAGGCGATGTAGGTCAG	ATCAGCTGCACCAACTCTCA
HS184	CTGGTGATTCAGCCATTTTG	TTGAAGGCGATGTAGGTCAG
HS205	GATGTGATGGTGGTGAGAGC	GCTATGCGTTGAATGAAGAC
HS220	TCATGCCACCTCTCTTTCAG	GAGGGGAGGGACAAGTATCA
HS225	TACTCCTTCCAACCTCACCC	ACCCATGAGCATGAGCATAA
HS259	AAAGCCTCCATACGATCAC	ACCGACGGAAACA ACTAAGC
HS270	TGCCCATGGATTCAATTTTT	CAGAGGTCACCATTGACGAG
HS294	TTCCCTTTCTCCTCCTTCA	TTGTCCCTCCGATAAGAC
ZM08	TCTCTCTCTCTCGTTCTTG	CCCCTGTACCTCTCCATATT
ZM22	GCTATGCGTTGAATGAAGAC	CCACTGCACACTACAGTTTTT
ZM43	CTTGGATATCAGTTTCCTGTG	GTTCTCCACAGTCAAAACACT
Sa72	GCAGCAGTCCGTTCTTG	AGTGCTGAATTTAGTCTGCATAG
Sa108	CCACTCAA AATTTTCACTAAGAA	TCGTCTTCTCTCTCCCC
Sa182	CCATTGAAA ACTGCACACAA	TCCACACACAGAGAGCCC
Sa184	CTGGTGATTCAGCCATTTTG	TTGAAGGCGATGTAGGTCAG
ZHY24	GGGGCACAGAGTGGATGTAG	GGACCATGTAATCCCAGCAC