

# 植物核心种质研究现状与展望

吕 勋<sup>1,2</sup>, 刘国祥<sup>2</sup>, 李云霞<sup>3</sup>, 籍 燕<sup>2</sup>, 李 媛<sup>2</sup>, 李洋洋<sup>4</sup>,  
程崖芝<sup>5</sup>, 吴则东<sup>1</sup>, 张兴伟<sup>2</sup>

(<sup>1</sup>黑龙江大学现代农业与生态环境学院, 哈尔滨 150080; <sup>2</sup>中国农业科学院烟草研究所, 山东青岛 266101; <sup>3</sup>湖南省郴州市农业科学研究所, 郴州 423000; <sup>4</sup>湖南省烟草公司烟草科学研究所, 长沙 410000; <sup>5</sup>福建省烟草公司烟草科学研究所, 福州 350003)

**摘要:** 核心种质在植物种质资源研究领域占据核心地位, 其研究内容涵盖了农作物、林木、花卉以及药用植物等关键物种的种质资源的搜集、保存、鉴定、评价和应用。核心种质的研究对于提升作物产量、优化品质、增强抗逆性等方面具有显著意义, 并对生物多样性的保护和可持续发展策略的实施产生深远影响。本文旨在综述植物核心种质构建的策略及当前研究进展, 并对未来发展趋势作出展望。

**关键词:** 种质资源; 核心种质; 构建方法; 展望

## Current Status and Prospects of Plant Core Germplasm Research

LYU Xun<sup>1,2</sup>, LIU Guoxiang<sup>2</sup>, LI Yunxia<sup>3</sup>, JI Yan<sup>2</sup>, LI Yuan<sup>2</sup>, LI Yangyang<sup>4</sup>, CHENG Yazhi<sup>5</sup>, WU Zedong<sup>1</sup>,  
ZHANG Xingwei<sup>2</sup>

(<sup>1</sup>College of Modern Agriculture and Ecology and Environment, Heilongjiang University, Harbin 150080; <sup>2</sup>Institute of Tobacco, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Qingdao 266101; <sup>3</sup>Chenzhou Institute of Agricultural Science, Hunan Province, Chenzhou 423000; <sup>4</sup>Tobacco Science Research Institute of Hunan Tobacco Company, Changsha 410000; <sup>5</sup>Institute of Tobacco Science of Fujian Tobacco Company, Fuzhou 350003)

**Abstract:** Core germplasm plays a central role in the field of plant germplasm resources research, covering the collection, preservation, identification, evaluation, and application of germplasm resources for key crops, forestry, flowers, and medicinal plants. Research on core germplasm is of great significance for improving crop yields, optimizing quality, enhancing resistance to adverse conditions, and has a profound impact on the protection of biodiversity and the implementation of sustainable development strategies. This paper aims to review the strategies for constructing plant core germplasm, the current research progress, and future trends.

**Key words:** germplasm resources; core germplasm; construction methods; prospect

种质资源作为生物遗传信息的实体, 其保存形式包括种子、组织、器官、细胞、染色体、DNA 片段等<sup>[1]</sup>。种质资源的富足程度是保障物种遗传进化的物质基础, 而植物种质资源的富足则是人类对于农业生产发展的物质基础。从国家层面来看, 其所拥有的作物种质资源种类和数量, 以及其质量的优劣, 能很大程度上决定该国农业发展的实力和作物育种的能力<sup>[2]</sup>。因此, 如何妥善地保管和利用这些植物种质资源显得尤为重要。针对于此, 我国已建成六大种质资源平台, 包括中国作物种质信息网、国家园艺种质资源库、国家林木种质资源平台、国家药用植物资源信息平台、国家重要野生植物种质资源库、中国热带作物种质资源网信息平台<sup>[3]</sup>。虽然通过构建种质资源库可以更好的对种质资源进行搜集与管理, 但是大量的种质资源也使得对这些种质资源进行鉴定与评价带来了挑战, 从而影响到对种质资源的有效利用<sup>[4]</sup>。因此通过不同研究方法去构建核心种质资源库来管理和利用这些种质资源, 便成为了该领域的研究热点<sup>[5]</sup>。构建核心种

**收稿日期:** 2025-01-19

**网络出版日期:**

**URL:**

第一作者研究方向为烟草种质资源, E-mail: 13673693195@163.com

通信作者: 吴则东, 研究方向为甜菜育种及甜菜种质资源。E-mail: 1997009@hlju.edu.cn

张兴伟, 研究方向为烟草育种及烟草种质资源。E-mail: zhangxingwei@caas.cn

**基金项目:** 中国农业科学院科技创新工程 (ASTIP-TRIC01); 中国烟草总公司湖南省公司科技项目 (HN2022KJ15); 中国烟草总公司福建省公司科技项目 (2023350700240065)

Foundation projects: Science and Technology Innovation Project of the Chinese Academy of Agricultural Sciences (ASTIP-TRIC01); Science and Technology Project of the Hunan Provincial Company of China National Tobacco Corporation (HN2022KJ15); Science and Technology Project of the Fujian Provincial Company of China National Tobacco Corporation (2023350700240065)

质库不仅可以提升对原始种质资源库的便捷管理及对种质资源的利用效率，而且构建的核心种质能极大地促进未来品种的选育、改良以及鉴定等<sup>[6]</sup>。

## 1 核心种质研究概况

自 19 世纪末，人们对植物种质资源的关注度逐渐上升，并启动了大规模的收集工作。然而随着收集的种质资源数量急剧增加，对这些种质资源进行快速有效的管理和应用成为了当务之急。因此在 1984 年由 Frankel 首次提出了核心种质（core collection）的概念<sup>[7]</sup>，1989 年 Brown<sup>[8]</sup>在此基础上又将这一概念进行完善。以期通过构建核心种质去消除遗传冗余，保存优质种质资源，从而实现更高效的种质资源管理和利用。同时将余下的非核心种质材料统一留存至保留种质库储存，从而完成对整体种质资源的有效保存、鉴定评价及高效利用<sup>[9]</sup>。对于核心种质的选取需以最小化种质资源数量代表原始种质最大化遗传多样性为目标，并且要确保选取的核心种质具备群体代表性、种群动态性、遗传异质性、生产实用性等关键属性，从而为后续农业生产利用提供更精确高效的种质保障<sup>[10]</sup>。在构建了众多核心种质库之后，许多物种的核心种质资源保存规模依然庞大<sup>[11]</sup>。因此，Upadhyaya<sup>[12]</sup>首次又提出微核心种质（Mini core collection）的理念，通过对已构建的核心种质资源再次约简，实现以大约 1% 的种质数量来代表整个初始种质资源的最大遗传保留。近年来，为了针对核心种质能够快速利用于生产，众多研究者又致力于应用核心种质(applied core collection)的研究之中<sup>[13]</sup>。应用核心种质主要针对实际生产需求的育种目标，筛选出具有所需性状的核心种质资源，进而实现种质资源的进一步优化利用。

至今，核心种质研究体系经历了几个显著的阶段性演变，按其历史发展进程可划分为两个关键时期。早期阶段为 20 世纪 80 年代至 90 年代中期，主要依据表型性状分析去构建核心种质。而随着分子生物学的技术进步，该领域在 1990 年代后正式进入到以分子标记为主的基因组学驱动新阶段。目前，核心种质的研究已逐渐进入到系统生物学时代，通过对表型-基因型-环境”的系统解析去完成更精准地核心种质构建与应用预测。如图 1，当前对于核心种质研究领域，无论在生态、表型、生理生化以及分子层面，均已构建起一套较为完备的种质资源收集、保存与利用评价体系<sup>[14]</sup>。

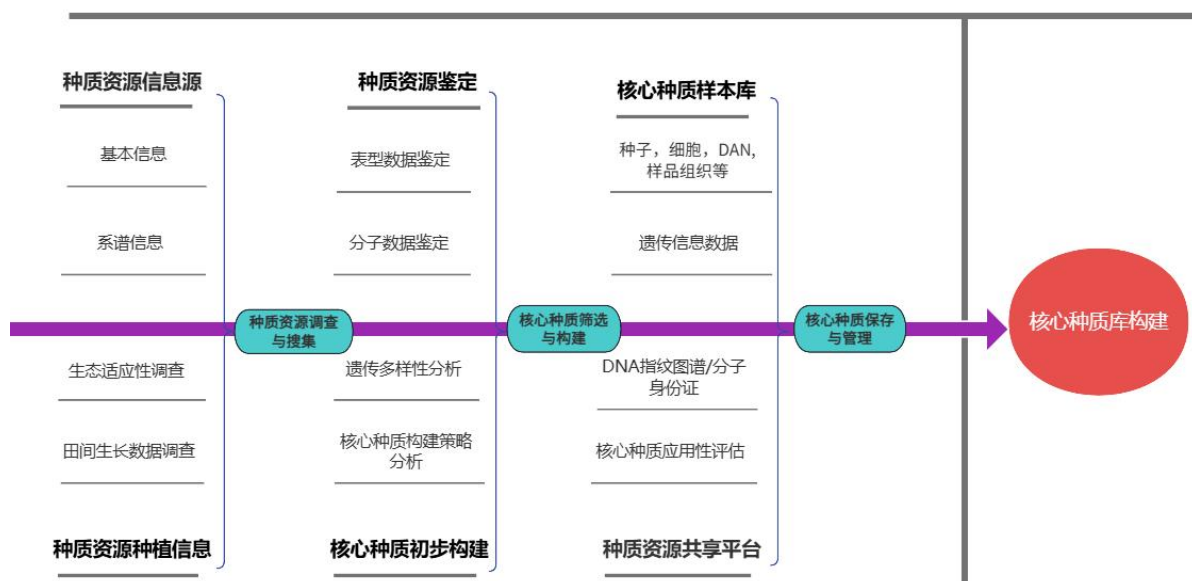


图 1 植物核心种质库构建流程

Fig. 1 Construction Process of Plant Core Germplasm Bank

## 2 核心种质构建方法与评价指标

### 2.1 数据收集与处理

构建核心种质所需的数据类型通常可划分为 5 类, 包括基础数据、表型数据、生理生化数据、基因型数据以及分子标记数据。基础数据主要涉及植物的分类学信息、生长特性以及生态气候特征。表型数据作为构建核心种质的关键数据源之一, 在其性状表现上又可细分为定性描述性状与定量描述性状。Diwan<sup>[15]</sup>便以表型数据结合 11 种不同的构建方法, 完成了对紫花苜蓿的核心种质构建。生理生化数据主要以植物自身内部生理分子水平差异为参考依据, 其中涵盖了蛋白质含量、酶活性、激素水平以及代谢产物差异等。Stommel<sup>[16]</sup>以代谢酚酸含量为参考数据, 完成对茄子的核心种质构建。基因型数据通常包含多个关键组成部分, 涵盖了群体均值、基因型效应值、环境效应值、基因型与环境的交互作用效应值及残差。通过运用混合线性模型方法, 实现对基因型效应方差的分解, 并进一步无偏地估计出各个种质材料的基因型效应值<sup>[17]</sup>。Xu 等<sup>[18]</sup>通过解析棉花纤维性状基因型值表达, 完成棉花核心种质的构建。分子标记数据已成为构建核心种质资源中应用最为普遍的数据类型, 包括随机扩增多态性 DNA (RAPD, random amplified polymorphic DNA)、限制性片段长度多态性 (RFLP, restriction fragment length polymorphism)、简单序列重复 (SSR, simple sequence repeat)、简单重复序列区间 (ISSR, inter-simple sequence repeat)、多样性阵列技术 (DArT, diversity arrays technology)、插入缺失多态性 (InDel, insertion-deletion polymorphism) 和单核苷酸多态性 (SNP, single nucleotide polymorphism) 等分子标记技术。

选择不同数据源进行分析时需注意它们各自的优势与局限性。例如, 表型数据的获取虽然容易, 但其

结果易受外部环境因素的干扰。生理生化数据和分子数据虽受环境影响较小，但它们往往面临技术难度大、试剂和耗材成本高昂以及自身高度保守性等挑战<sup>[19]</sup>。因此，在实际研究中，应根据研究目标选择合适的数据类型来构建核心种质资源，或综合运用不同类型的数据以优化核心种质的构建。

## 2.2 取样策略

取样策略主要有随机取样、分层取样和系统聚类取样 3 种类型。随机取样主要确保将每个原始种质入选核心种质的概率相等，从原始种质中随机抽取进行构建核心种质。分层取样则依据植物分类学、地理起源、生态类型、表型差异、种质特殊性等因素，将种质资源群体进行分层。再对每一层级中，精选出一定核心种质样本后，再将所有所选样本进行汇总，构建出相对全面的核心种质库<sup>[20]</sup>。但实际上物种的遗传多样性并非均匀分布在整个群体中，而是呈现出一定的结构化分布模式<sup>[21]</sup>。而系统聚类取样则能够更好的选取资源群体的遗传多样性表达，具体方法包括逐步聚类随机取样法、逐步聚类优先取样法以及逐步聚类偏离度取样法<sup>[22]</sup>。逐步聚类随机取样法由最低分类水平出发，即从遗传变异最为相似的基因型间进行取样。该方法在保持原种质代表性方面拥有明显优势，但存在易漏选极端种质的局限性。逐步聚类偏离度取样法能在一定程度上兼顾了特殊基因型的保留，但很难突显整个群体的遗传结构性。逐步聚类优先取样法则在涵盖原始种质中的极端种质方面和保留总体种质资源遗传结构的方面都较为兼顾<sup>[23]</sup>，因此也被研究学者广泛运用。无论何种聚类取样法，组内先聚类后取样的结果一般要优于不聚类直接取样或取样后再聚类的方法<sup>[24]</sup>。例如，在构建板栗核心种质时研究发现，无论采用何种遗传系数进行聚类分析后的取样结果都要优于其他不进行聚类的取样策略<sup>[25]</sup>。同时，再面对一些极其特殊的种质资源时，可提前进行预采样<sup>[26]</sup>或在构建核心种质之后，再补充具有极端性、特殊性以及显著商品属性材料<sup>[27]</sup>。

## 2.3 取样比例

取样比例由总体取样比例和组内取样比例两方面组成。目前核心种质构建研究中，除微核心种质取样比例为大约 1% 的范围内<sup>[28]</sup>，核心种质取样比例皆为原始种质的 5% 至 30% 以内。像小麦<sup>[29]</sup>和水稻<sup>[30]</sup>等大宗作物的取样比例占比约为原始种质的 5 % 至 10 %。而园艺植物一般取原始种质 20 % 左右，例如黄灯笼辣椒<sup>[31]</sup>、杏<sup>[32]</sup>、山葡萄<sup>[33]</sup>等。组内取样比例的方法有常数法、简单比例法、对数法、平方根法、遗传多样性法以及等位基因最大化法等<sup>[34]</sup>。无论何种组内取样方法都有其相对应的优缺，常数法与简单比例法在处理组间数量分布不均衡的情况时，其适用性受到限制<sup>[35]</sup>。对数法、平方根法和遗传多样性法具有修正取样偏离的效果，但会存在对统计分析的局限性和对极端种质的漏缺。等位基因最大化法则一般适用于分子离散型数据的核心种质构建<sup>[36]</sup>。总体来说，核心种质的取样规模是评估其合理性的一个关键指标，较高的保留比例虽然能够增加核心种质的遗传多样性，但同时也会导致核心种质中冗余材料的增加，进而提升管理成本并可能降低其遗传代表性。相反，若保留比例过低，则可能丧失包含重要性状或稀有等位基因型的个体，从而削弱核心种质的遗传代表性。

## 2.4 遗传距离

遗传距离不仅是体现不同种质间距离亲疏远近的基本依据，也是对种质群体进行聚类分析的计算前提。种质间遗传距离越小，表明它们的遗传亲缘关系越近，遗传相似性也越高。不同的遗传距离其数据算法不同，能够很大程度影响构建核心种质结果的差异。当前对于植物核心种质构建较为常见的方法有欧式距离、马氏距离、曼哈顿距离、主成分距离、杰卡德系数以及 Nei 遗传距离等度量方式<sup>[37]</sup>。这些度量方式各有其理论基础和应用场景，能够从不同的角度揭示种质资源间的遗传差异。例如，欧式距离强调了种质资源在多维空间中的直线距离，而马氏距离则考虑了数据的协方差结构，提供了更为复杂的距离度量。

## 2.5 聚类方法

在核心种质构建的实践中，聚类分析作为一种关键的数据挖掘技术，发挥着至关重要的作用。选择恰当的聚类方法对于确保核心种质库的代表性和多样性具有决定性的影响。在种质资源研究中，系统聚类法的应用最为广泛，其包括最短距离法（Single linkage method）、重心法（Centroid method）、最长距离法（Complete linkage method）、中间距离法（Median linkage method）、类平均法（Average linkage method）、可变类平均法（Flexible method）、可变法（McQuitty method）以及离差平方和法（Ward method）等八种方法被广泛应用于种质资源的分类中<sup>[38]</sup>。这些方法基于不同的数学原理和距离度量标准，对原始种质资源和核心种质资源进行了详尽的聚类分析。从理论上讲，每一种聚类方法都有其特定的适用条件和局限性，它们在特定条件下可能达到局部最优解，但并非全局最优。因此，在构建核心种质的过程中，研究者需要根据种质资源特性，如遗传多样性、生态适应性以及经济价值等因素，综合运用多种聚类方法进行对比与结合使用。

## 2.6 核心种质评价指标

核心种质构建后，对其进行评价是不可或缺的环节，是证明所构建的核心种质能否代表原始种质遗传多样性表达的重要依据。其评价方法可以分为两个主要方面：一是基于连续型数据的评价，二是基于离散型数据的评价。连续型数据主要有农艺性状和形态特征等，如植株表型、果实表型等数量性状，以及蛋白质、淀粉含量和纤维长度等品质性状。此外，如叶绿素、类胡萝卜素以及可溶性糖含量等生理生化指标以及线性混合模型测算的基因型值数据，都属于连续型数据<sup>[39]</sup>。连续型数据评价时，所依托的评估数值包括标准差（SD，standard deviation）、变异系数（VC，variable coefficient）、均值差异百分率（MD，mean difference percentage）、方差差异百分率（VD，variance difference percentage）、极差符合率（CR，coincidence rate of range）、变异系数变化率（VR，changeable rate of coefficient of variance）、表型多样性指数（H，shannon-weaver genetic diversity index）以及表型保留比例（RPR，Phenotype retention ratio）等。依据胡晋<sup>[22]</sup>的研究，当均值差异百分率（MD）小于 20%且极差符合率（CR）大于 80%时，更能证明所构建核心种质的精确性。随着研究的推进，构建核心种质效果的优劣可通过 MD 值的减小、CR 值的增

大、RPR 值的提升以及 H 值的增加来判定，通过这些参数的优化可以进一步提高构建核心种质的精确性。

离散型数据包括种质形态性状中的质量性状，例如株型、叶形、花序、色泽以及种质的抗逆表现及分子标记数据等。离散型数据评价包括不同等位基因的数量（Na，number of alleles per locus）、有效等位基因位点数（Ne，effective number of alleles per locus）、香农信息指数（I，shannon's information index）、期望杂合度（He，expected heterozygosity）以及多态性位点的百分比（PPL，percentage of polymorphic loci）等。当前，许多研究者普遍认为，具有代表性的核心种质应当既能保留原始种质在不同分类群中的形态特征，又能维持原始群体结构的一致性<sup>[40]</sup>。因此主成分分析（PCA，principal component analysis）法普遍运用到核心种质构建的评价之中，通过比较核心种质与原始种质样本的分布位点，从整体遗传保存性的角度评估其代表性。

### 3 核心种质构建与应用现状

#### 3.1 植物核心种质构建现状

自从“核心种质”这一概念被提出以来，相关研究人员纷纷致力于构建核心种质的流程、数据分析技术、取样策略以及验证其有效性等领域。如表 1 所示，当今核心种质的构建已在农作物和木本植物的种质资源管理、保存以及研究等多个领域得到广泛应用。核心种质的研究和应用已经成为全球农业科学研究的重要组成部分，为人类生产发展做出了积极的贡献<sup>[41]</sup>。

在主要粮食作物中，多年来国内外学者成功构建了水稻<sup>[42]</sup>、玉米<sup>[43]</sup>、小麦<sup>[44]</sup>、大麦<sup>[45]</sup>、高粱<sup>[46]</sup>、谷子<sup>[47]</sup>、甘薯<sup>[48]</sup>、番茄<sup>[49]</sup>、马铃薯<sup>[50]</sup>、大豆<sup>[51]</sup>等作物的核心种质。大宗农作物由于种植区域的广泛性和研究的多样性，它们拥有更加丰富的种质资源，这也使得它们在核心种质研究上更加深入。例如在水稻核心种质研究中，美国农业部门利用 26 个表型性状和 70 个 SSR 分子标记和分层随机取样法，对世界各地所搜集到的水稻种质资源进行分析，最终筛选出 1790 份初级核心种质和 217 份微核心种质<sup>[52]</sup>。在国内，孙强等<sup>[53]</sup>以 3170 份水稻种质进行研究，运用编码分组与组内简单比例抽样策略，构建出 477 份水稻核心种质。Zhang 等<sup>[54]</sup>利用 36 对 SSR 引物对 4310 份中国地方稻种材料进行遗传评估，构建出 932 份核心种质与 189 份微核心种质。黎毛毛等<sup>[55]</sup>依据丁颖分类体系结合双重聚类取样策略，构建出 296 份江西地方稻核心种质。在玉米核心种质研究中，1987 年美国联合 12 个国家对超 1.2 万份玉米种质资源进行综合评估，构建了 2794 份美洲玉米初级核心种质库，并在此基础上进一步筛选出 268 份的玉米微核心种质<sup>[56]</sup>。我国自 1980 年以来，国家基因库也收集了大量的玉米种质资源。为了促进这些玉米种质资源的评估鉴定和高效应用，也完成了对玉米核心种质库的构建<sup>[57]</sup>。我国小麦核心种质构建工作初始于 1999 年，最初基于 21 个表型数据，采用平方根取样法对我国 23090 份小麦种质资源进行分析，最终筛选出 5029 份初选小麦核心种质<sup>[58]</sup>。近年来，郝程阳等<sup>[59]</sup>采用改进后的分层分组代表性取样法，对这 5029 份小麦材料进行进一步筛选，

最终构建出 1160 份小麦核心种质。大豆核心种质研究中，Wang 等<sup>[60]</sup>在邱丽娟<sup>[51]</sup>研究的基础上，依据品种分类法从 23587 份大豆种质资源中筛选到了 2170 份大豆核心种质。陈妍等<sup>[61]</sup>通过对 1999 份山西地方大豆的 20 个表型性状进行分析，采用 UPGMA 聚类法，构建了 213 份山西地方大豆核心种质。很多作物除栽培品种外，野生品种资源也尤为重要，像野生稻<sup>[62-63]</sup>和野生大豆<sup>[64]</sup>均有研究学者构建出其核心种质。园艺作物的遗传资源总量虽不及大宗粮食作物，但近年来众多园艺作物也相继构建出其核心种质资源。Zewdie 等<sup>[65]</sup>运用分层分组代表性取样法，对美国国家种质库中 1202 份辣椒种质资源进行分析，构建了 137 份辣椒核心种质库。Zong 等<sup>[66]</sup>通过 SSR 分子标记技术结合系统聚类分析，将中国 1243 份豌豆种质资源构建出 146 份豌豆核心种质。吕婧<sup>[67]</sup>运用 23 对 SSR 引物对 318 份黄瓜样本进行分析，通过逐步增加样本量的资源聚类法筛选出 120 份黄瓜核心种质。李建春<sup>[68]</sup>依据 11 个表型性状，采用不同抽样比例对 1281 份萝卜种质材料进行多次聚类分析，最终以 15% 抽样比例构建了 192 份萝卜核心种质。

经济作物研究中，齐永文等<sup>[69]</sup>使用 20 对 SSR 分子标记结合 15 个表型数据，对 540 份甘蔗细茎野生种进行分析，筛选出 60 份甘蔗核心种质。Zhou 等<sup>[70]</sup>利用收集的 805 份烟草种质的 12 个表型性状数据，运用重心法聚类确定出 81 份烟草核心种质。代攀虹等<sup>[71]</sup>以 5963 份陆地棉材料，利用 21 个表型性状进行分组，通过 UPGMA 聚类法，构建了 281 份棉花核心种质。陈建华等<sup>[72]</sup>采取优先取样和多次聚类变异度取样法，从 790 份苧麻材料中构建了 158 份苧麻核心种质。王郅琪等<sup>[73]</sup>利用 12 对 SSR 分子标记和 24 个表型性状，对 64 份江西地方芝麻种质材料进行分析，构建出 16 份芝麻核心种质。姜慧芳等<sup>[74]</sup>运用分层聚类随机取样法对 6390 份中国花生种质资源各项表型特征进行分析，构建了 576 份花生核心种质。孔祥瑞等<sup>[75]</sup>采用多次聚类随机取样法，对 12 个乌龙茶品种的 7 个核心香气成分进行了评估，选取了 3 个具有特色的乌龙茶品种。张格格等<sup>[76]</sup>采用全基因组重测序技术，对 144 份甘蓝型油菜进行 SNP 标记并运用分层取样的方法，构建了 44 个油菜核心种质。在药用植物中，Liu 等<sup>[77]</sup>利用 SSR 分子标记，从 252 份黄檀种质资源中构建了 31 份黄檀核心种质。耿雅萍<sup>[78]</sup>利用 SSR 分子标记，从 380 份黄芪种质资源中构建了 136 份黄芪核心种质。白成科等<sup>[79]</sup>利用 ISSR 分子标记，从 48 份山茱萸材料中筛选出 15 份山茱萸核心种质。Liu 等<sup>[80]</sup>使用 SSR 标记对包括来自 4 个物种的 736 份甘草种质进行分析，采用 PowerCore 的高级 M（最大化）策略构建了 124 份甘草核心种质。花卉植物研究中，如基于表型数据构建切花小菊<sup>[81]</sup>、向日葵<sup>[82]</sup>、菊芋<sup>[83]</sup>等花卉的核心种质，基于分子标记构建紫薇<sup>[84]</sup>、建兰<sup>[85]</sup>、玫瑰<sup>[86]</sup>等花卉的核心种质。林木植物研究领域，Uchiyama K 等<sup>[87]</sup>利用 SNP 分子标记结合全基因组连锁不平衡（LD，linkage disequilibrium）技术，对 510 个日本柳杉进行综合分析，成功构建了 510 份日本柳杉核心种质库。BalasFC<sup>[88]</sup>运用 SSR 标记对无花果初级核心种质进行随机抽样、M（最大化）策略、模拟退火以及逐步聚类四种策略分析，进一步确立了无花果树核心种质的最佳构建方法。尹明宇等<sup>[89]</sup>利用表型数据结合 SSR 分子标记通过 517 份材料构建出 46 份樟子松核心种质。BelajA 等<sup>[90]</sup>利用 SSR、SNP 和 DART 分子标记，对 361 份橄榄材料进行 M（最大化）策略分析，

完成 68 份橄榄核心种质构建。Mohaddab J 等<sup>[91]</sup>运用 ISSR 分子标记，通过 14 个分层集合样本对 2635 份摩洛哥坚果进行分析，构建了 240 个摩洛哥坚果树核心种质。

表 1 部分植物核心种质构建现状

Table 1 Construction status of core germplasms of some plants

| 种质类型<br>Germplasm type | 名称<br>Name | 数据方法<br>Data methods | 构建方法<br>Construction method     | 原始种质/核心种质<br>Original germplasm / Core germplasm | 参考文献<br>References |
|------------------------|------------|----------------------|---------------------------------|--------------------------------------------------|--------------------|
| 粮食作物                   | 水稻         | 表型                   | 丁颖分类体系分组+平方根取样法                 | 50526/4310                                       | [42]               |
| Food crops             | 水稻         | 表型                   | 代码分组、组内简单比例取样及组内聚类取样法           | 3170/477                                         | [53]               |
|                        | 水稻         | SSR                  | M 策略+分层取样法                      | 4310/932                                         | [54]               |
|                        | 水稻         | SSR                  | 优先保留—双重聚类取样法                    | 3187/296                                         | [55]               |
|                        | 野生稻        | SSR                  | 利用居群优先及多次聚类的方法                  | 2038/192                                         | [62]               |
|                        | 野生稻        | SSR                  | 居群分类和逐步聚类相结合的取样策略               | 4173/351                                         | [63]               |
|                        | 玉米         | 表型和 SSR              | 位点优先取样法+UPGMA 聚类法               | 144/33                                           | [43]               |
|                        | 玉米         | 表型                   | 分层取样法（对策策略法）                    | 13521/951                                        | [57]               |
|                        | 小麦         | SSR                  | M 策略                            | 3942/372                                         | [44]               |
|                        | 小麦         | 表型                   | 分层分组聚类+按平方根取样法                  | 23090/5029                                       | [58]               |
|                        | 小麦         | SSR                  | 分层分组代表性取样法                      | 5029/1120                                        | [59]               |
|                        | 大麦         | 表型                   | 优先取样法                           | 1142/118                                         | [45]               |
|                        | 高粱         | 表型                   | 欧氏距离+多次聚类偏离度取样法+15%取样比例+最长距离法   | 1285/198                                         | [46]               |
|                        | 谷子         | 表型                   | 离差平方和法                          | 5627/638                                         | [47]               |
|                        | 甘薯         | SNP                  | Nei 距离+ UPGMA 聚类法               | 197/39                                           | [48]               |
|                        | 番茄         | 表型                   | 马氏距离+偏离度取样法+15%取样比例+离差平方和聚类法    | 480/24                                           | [49]               |
|                        | 马铃薯        | 表型                   | 欧氏距离+平方根比例法（20%取样比例）+最短距离聚类法    | 502/100                                          | [50]               |
|                        | 大豆         | 表型和 SSR              | 分层取样法                           | 432/28                                           | [51]               |
|                        | 大豆         | 表型和 SSR              | 品种分类取样法                         | 23587/2170                                       | [60]               |
|                        | 大豆         | 表型                   | 平方根取样法                          | 1999/213                                         | [61]               |
|                        | 野生大豆       | 表型                   | M 策略+层次聚类法                      | 3950/652                                         | [64]               |
|                        | 辣椒         | 表型                   | 分层分组代表性取样法                      | 1202/137                                         | [65]               |
|                        | 豌豆         | SSR                  | 多次聚类优先取样法                       | 1243/146                                         | [66]               |
|                        | 黄瓜         | SSR                  | 多次聚类优先取样法                       | 3318/120                                         | [67]               |
|                        | 萝卜         | 表型                   | 多次聚类优先取样法                       | 1281/192                                         | [68]               |
| 经济作物                   | 甘蔗         | 表型和 SSR              | 简单比例取样法                         | 540/60                                           | [69]               |
| Cash crops             | 烟草         | 表型                   | 多次聚类优先取样法+10%取样比例               | 805/81                                           | [70]               |
|                        | 棉花         | 表型                   | UPGMA 聚类法                       | 5963/281                                         | [71]               |
|                        | 苎麻         | 表型                   | 多次聚类优先取样法+变异度取样法+离差平方和聚类法       | 790/158                                          | [72]               |
|                        | 芝麻         | 表型和 SSR              | 欧式距离+优先取样法+15%取样比例+可变类平均聚类法     | 64/16                                            | [73]               |
|                        | 花生         | 表型                   | 分层、层内分组聚类以及随机取样法                | 6390/576                                         | [74]               |
|                        | 乌龙茶        | 表型和 SSR              | 多次聚类随机取样法                       | 12/3                                             | [75]               |
|                        | 油菜         | SNP                  | M 策略+分层取样法                      | 144/44                                           | [76]               |
|                        | 黄檀         | SSR                  | Nei 距离+系统发育树邻接法+UPGMA 聚类法       | 252/31                                           | [77]               |
| Herbal crops           | 黄芪         | SSR                  | M 策略+逐步抽取法+逐步聚类法（SANA 法、SAGD 法） | 380/136                                          | [78]               |
|                        | 山茱萸        | ISSR                 | 最小距离逐步抽样法                       | 48/15                                            | [79]               |
|                        | 甘草         | SSR                  | M 策略+系统发育树邻接法                   | 736/124                                          | [80]               |



|                  |      |                   |                              |          |      |
|------------------|------|-------------------|------------------------------|----------|------|
| 花卉植物             | 切花小菊 | 表型                | 欧氏距离+10%总体取样比例+离差平方和聚类法      | 950/95   | [81] |
| Flowering plants | 向日葵  | 表型                | 欧式距离+优先取样法+20%取样比例+UPGMA 聚类法 | 422/72   | [82] |
|                  | 菊芋   | 表型                | 优先取样法+25%取样比例+最短距离聚类法        | 250/50   | [83] |
|                  | 紫薇   | SSR               | M 策略+优先位点法及随机取样法             | 213/25   | [84] |
|                  | 建兰   | 表型                | 系统发育树邻接法                     | 311/51   | [85] |
|                  | 玫瑰   | CDDP              | 逐步聚类法选择 UPGMA 聚类法            | 120/26   | [86] |
|                  | 日本柳杉 | SNP               | 贝叶斯聚类算法                      | 3700/510 | [87] |
| Woody plants     | 樟子松  | SSR               | M 策略+ 8.90%取样比例              | 517/46   | [89] |
|                  | 橄榄   | SSR、SNP<br>和 DArT | M 策略                         | 361/68   | [90] |
|                  | 坚果   | ISSR              | UPGMA 聚类法                    | 2635/240 | [91] |

3.2 微核心种质构建现状

在当下研究中，众多植物的种质资源库已经积累了大量种质资源。对于这些种质，即使已经构建出相应的核心种质库，但其核心种质规模仍然庞大无比。因此 Upadhyaya<sup>[92]</sup>便提出微核心种质的概念并与 Ortiz 使用他们所倡导的策略，成功构建了鹰嘴豆的微核心种质。如表 2 所示，国内很早就建立了水稻<sup>[93]</sup>、小麦<sup>[94]</sup>、大豆<sup>[95]</sup>、花生<sup>[96]</sup>等作物的微核心种质库。近年来在其他作物中，中国农科院烟草研究所曾于 2001 年依据表型数据构建了 446 份烟草核心种质<sup>[97]</sup>，后续又利用 SSR 分子标记，采用简单比例法和对数比例法构建了 127 份烟草微核心种质<sup>[98]</sup>。黍稷中采用次级聚类群体随机抽样法，对 636 份黍稷核心种质进行遗传综合评估，构建了 253 份黍稷微核心种质<sup>[99]</sup>。大豆微核心种质构建后，通过与地方品种杂交与回交，对大豆抗逆性状表现进行了有效提升<sup>[100]</sup>。蚕豆利用 SSR 分子标记对国内外收集的 1075 份初级核心种质进行遗传多样性评估，构建出 192 份蚕豆微核心种质<sup>[101]</sup>。

表 2 部分植物微核心种质构建详情

Table 2 Details of some plant microcore germplasm construction

| 种质名称<br>Germplasm type | 数据方法<br>Data methods | 构建方法<br>Construction method | 核心种质/微核心种质<br>Core germplasm / microcore germplasm | 参考文献<br>References |
|------------------------|----------------------|-----------------------------|----------------------------------------------------|--------------------|
| 鹰嘴豆 Chickpea           | 表型                   | M 策略法                       | 1956/211                                           | [92]               |
| 水稻 Rice                | SNP 和表型              | 最大似然聚类法                     | 3004/520                                           | [93]               |
| 小麦 Wheat               | SSR                  | 分层分组代表性取样法                  | 1160/231                                           | [94]               |
| 大豆 Soybean             | SSR                  | 平方根取样法                      | 2794/236                                           | [95]               |
| 花生 Peanut              | 表型                   | Ward 聚类法                    | 1704/184                                           | [96]               |
| 烟草 Tobacco             | 表型和 SSR              | 简单比例法和对数比例法+UPGMA 聚类法       | 466/127                                            | [97]               |
| 黍稷 Millet              | SSR                  | 随机抽样法+UPGMA 聚类法             | 636/253                                            | [99]               |
| 蚕豆 Broad bean          | SSR                  | M 策略法+随机取样法                 | 1075/192                                           | [101]              |

3.3 应用核心种质构建现状

在作物育种过程中，所需的种质类型通常是物种水平核心种质集合的一部分。因此，为了针对农业生产所需性状而筛选出的核心种质即为应用核心种质。中国农业科学院油料作物研究所针对粒大、高油、高产等应用型性状，构建了 131 份芝麻应用核心种质<sup>[102]</sup>。郭艳春等<sup>[103]</sup>对 300 份黄麻种质资源的高产、优质、抗逆等 16 种表型性状进行观察与分析，构建了 61 份黄麻应用核心种质。在大宗农作物研究中，大豆基于磷肥利用效率优缺问题结合借助地理信息系统（GIS，geographic information system）建立了我国大豆磷效率应用核心种质<sup>[104]</sup>。中国农业科学院作物科学研究所对已构建的玉米核心种质基础上整合了育种所需性状的关键等位基因，构建了一套适应不同生态地域、具有明确杂种优势群体、包含清晰的优秀等位基因且无明显遗传负担的玉米应用核心种质<sup>[105]</sup>。应用核心种质当前已成为种质资源库的重要组成部分，主要承担解决作物育种中的生产应用所需。因此，基于核心种质资源构建一系列具有优良性状的应用型核心种质，对于实现作物育种领域的重大突破具有至关重要的作用。

### 3.4 核心种质应用现状

构建植物核心种质的方法多种多样，但最终目标是将其有效应用于实际的农业生产研究之中。核心种质能够为植物遗传多样性利用和育种创新方面提供了重要的材料基础，因此其在开展植物重要基因挖掘和优异种质筛选方面有着不可或缺的必要性。其具体的必要性主要体现在三方面：一是为基因挖掘提供高效的种质平台，通过现代群体遗传学和基因组学技术快速定位抗病、高产、耐逆等关键基因；二是保障精准育种的材料基础，核心种质能更好的集中群体种质的整体遗传多样性和优异等位基因，从而加速驱动精准分子育种，减缓传统育种带来的瓶颈；三是更好的推动现代种质资源研究共享机制，通过构建核心种质库结合信息共享平台去促进了国际间合作，避免资源“孤岛化”。

目前，核心种质在实际应用研究中成果显著，基因挖掘利用层面有水稻基于核心种质资源库材料，采用全基因组关联分析技术（GWAS，genome-wide association study）成功定位到水稻耐旱性相关候选基因，并解析出其与根系构型的遗传调控网络<sup>[106]</sup>。黄瓜同样以全基因组关联分析对其核心种质材料进行苗期耐低温鉴定及筛选，挖掘到调控黄瓜苗期耐冷相关的关键候选基因<sup>[107]</sup>。花生中以开发的 GMFSD1 标记对花生核心种质进行等位基因特异性标记，成功地验证了控制花生休眠与非休眠特性的基因型，为加速培育特定休眠特征的花生品种提供有力基础<sup>[108]</sup>。核心种质在植物资源利用研究中，像小麦以我国 197 份重要核心种质材料进行抗病性鉴定，筛选出有望育成高抗条锈病的小麦优异种质材料<sup>[109]</sup>。刘守渠等<sup>[110]</sup>通过对两个玉米核心种质资源进行改良应用，并研究了玉米核心种质的类群划分及杂交优势模式，为玉米品种在改良选育方面提供有效参考。基于全球种质信息平台，研究者对收集到的全球豇豆核心种质进行遗传结构解析，确认豇豆种群结构的主要模式是分别起源于西非和东非的两个地理定义的亚群。同时在基于全球不同区域环境特征，评估出了最具全球广泛种植的豇豆核心种质群体<sup>[111]</sup>。如今众多的植物资源均构建出相应的核心种质库，伴随着各项农业技术的快速进步，在未来对于这些核心种质的应用研究将会是关注的热点。

## 4 展望

中国作为一个农业大国，拥有极其丰富的物种资源。种质资源作为农业生产的基石，对农业发展起到至关重要的作用。我国的生物种质资源储量在多年的研究努力下已跃居世界第二，仅次于美国。但要真正实现从物种资源大国向物种资源强国的稳固转变，仍需在有效保护与推广利用种质资源方面继续推进。而构建核心种质的主要目标就是更有效地挖掘和利用这些丰富的物种资源，从而帮助提高种质资源利用和农业生产效率。同时，面对新一代测序技术、人工智能等新兴技术的快速发展，也给植物核心种质的研究带来新的途径和机遇。因此今后的植物核心种质研究工作，一方面需要利用新兴技术所带来的精准高效，另一方面则需要对核心种质库信息共享平台的深度建设。

### 4.1 技术方法创新与优化

面对复杂庞大的种质资源数据时，将人工智能与大数据分析等技术有效结合到核心种质构建方法中去。通过机器学习、深度学习等技术手段，构建核心种质筛选与评价模型，以实现核心种质的智能化构建与优化。例如，JEONG 等<sup>[112]</sup>开发了 Geno Core 软件，通过优化等位基因覆盖率和遗传多样性统计方法来帮助核心种质的构建。DE 等<sup>[113]</sup>通过对 Core Hunter 软件的不断优化，在 2018 年推出了 Core Hunter 3 版本。该软件具备基于分子标记或表型数据，从样本数较大的种质资源中筛选出更具代表性的子集。

### 4.2 加强专用型核心种质构建

构建核心种质时，有目的性的针对不同育种目标 and 生产需求构建专用型核心种质，如生态适应、抗逆表现、独特品质等特性。构建专用型核心种质，不仅能从种质层面解决市场对产品特性的需求，还能根据不同的生态环境选育提供适宜的品种资源，如抗旱、耐盐碱、耐高温和耐低温等。

### 4.3 强化资源信息共享机制

核心种质构建后需要及时完成信息传达与共享，才能更好的提升其生产利用效率。因此，需要完善核心种质共享平台，及时更新核心种质相关信息和评价数据等。从而促进科研机构、企业及相关研究的合作与交流，同时减少种质资源相关工作的重复性。在共享机制中也需要制定相关政策与法规用来规范共享行为，界定各方权益与义务。对待国际种质资源交流渠道，进行积极的合作与交流，共同开展种质资源构建及品种创新等工作，以提升基于种质资源层面的全球农业发展进步。

## 参考文献

[1] 王亚馥, 戴灼华. 遗传学. 北京: 高等教育出版社, 1999: 5-20.

Wang Y F, Dai Z H. Genetics. Beijing: Higher Education Press, 1999:5-20.

[2] 娄希社, 1993, 作物种质资源. 北京: 中国农业科技出版社.

Lou X Z. Crop Germplasm Resources. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 1993.

[3] 张雪松, 苏彦斌, 陈小文, 张立亚, 刘艳芝, 王国强. 我国植物种质资源的搜集、保护与发展. 中国野生植物资源, 2022, 41(3): 96-102.

- Zhang X S, Su Y B, Chen X W, Zhang L Y, Liu Y Z, Wang G Q. Collection, protection and development of plant germplasm resources in China . Wild Plant Resources in China, 2022,41 (3): 96-102.
- [4] 崔艳华, 邱丽娟, 常汝镇, 吕文河. 植物核心种质研究进展. 植物遗传资源学报, 2003, 4(3): 279-284.
- Cui Y H, Qiu L J, Chang R Z, Lv W H. Core plant germplasm research progress . Journal of Plant Genetic Resources, 2003,4 (3): 279-284.
- [5] Huang Y H, Ku H M, Wang C A, Chen L Y, He S S, Chen S, Liao P C, Juan P Y, Kao C F. A multiple phenotype imputation method for genetic diversity and core collection in Taiwanese vegetable soybean . Frontiers in Plant Science, 2022, 13: 948349.
- [6] Mahmoodi R, Dadpour M R, Hassani D, Zeinalabedini M, Vendramin E, Leslie C A. Composite Core-Set Construction and Diversity Analysis of Iranian Walnut Germplasm Using Molecular Markers and Phenotypic Traits. PLoS ONE, 2021, 16, e0248623.
- [7] Frankel O H. Genetic perspectives of germplasm conservation. Genetic manipulation: impact on man and society, 1984, 161: 170.
- [8] Brown, A. H. D. Core collections: A practical approach to genetic resources management. Genome, 1989, 31: 818-824.
- [9] 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. 中国农业大学学报, 1999(5): 51-62.
- Li Z C, Zhang H L, Sun C Q, Wang X K. Status and perspectives of the core germplasm of Plant Genetic Resources. Journal of China Agricultural University, 1999 (5): 51-62.
- [10] 李辛雷, 李纪元, 范正琪. 植物遗传资源核心种质研究进展. 食品安全质量检测学报, 2014, 5(11): 3733-3738.
- Li X L, Li J Y, Fan Z Q. Progress in the core germplasm of Plant Genetic Resources. Journal of Food Safety and Quality Testing, 2014,5 (11): 3733-3738.
- [11] 赵慧, 马芹, 刘振华, 蒲高斌, 张芳, 李佳, 张永清. 药用植物核心种质研究进展. 山东农业科学, 2023, 55(7): 173-180.
- Zhao H, Ma Q, Liu Z H, Pu G B, Zhang F, Li J, Zhang Y Q. Research Progress on Core Germplasm of Medicinal Plants. Shandong Agricultural Sciences, 2023, 55(7): 173-180.
- [12] Upadhyaya HD, Gowda CLL, Pundir RPS, Reddy V G, Singh S. Development of core subset of finger millet germplasm using geographical origin and data on 14 quantitative traits. Genetic Resources and Crop Evolution. 2006, 00: 1-7 (online) .
- [13] 王丽侠, 程须珍, 王素华, 罗高玲, 刘振兴, 蔡庆生. 我国小豆应用核心种质的生态适应性及评价利用. 植物遗传资源学报, 2013, 14: 794-799.
- Wang L X, Cheng X Z, Wang S H, Luo G L, Liu Z X, Cai Q S. Ecological adaptability and evaluation and utilization of core germplasm of bean application in China. Journal of Plant Genetic Resources, 2013, 14: 794-799.
- [14] Raturi D, Chaudhary M, Bhat V, Goel S, Raina S N, Rajpal V R, Singh A. Overview of developed core and mini core collections and their effective utilization in cultivated rice and its related species (*Oryza sp.*)-A review. Plant Breeding, 2022, 141(4): 501-512.
- [15] Diwan N, Gr B, Ms M. (1995). Developing a core collection of annual medicago species. Theoretical and Applied Genetics, 2013, 90(6), 755-761.
- [16] Stommel , Whitaker, Stommel J R, Whitaker B D. Phenolic acid content and composition of eggplant fruit in a germplasm core subset. Journal of the American Society for Horticultural Science, 2003, 128(5): 704-710.
- [17] 朱军. 广义遗传模型与数量遗传分析新方法. 浙江农业大学学报, 1994, 20(6): 551-559.
- Zhu J. Generalized genetic model and a new approach for quantitative genetic analysis. Journal of Zhejiang Agricultural University, 1994, 20 (6): 551-559.
- [18] Xu HM, Mei Y, Hu J, Zhu J, Gong P. sampled a core collection of island cotton (*Gossypium barbadense L.*) based on the genotypic values of fiber traits. Genetic Resources and Crop Evolution. 2006;53(3): 515-521.
- [19] Shaibu AS, Ibrahim H, Miko ZL, Mohammed IB, Mohammed SG, Yusuf HL, Kamara AY, Omoigui LO, Karikari B. Assessment of the genetic structure and diversity of soybean (*Glycine max L.*) germplasm using diversity array technology and single nucleotide polymorphism markers. Plants-Basel, 2022, 11(1): 68.
- [20] Wang Y Z, Zhang J H, Sun H Y, Ning N, Yang L. Construction and evaluation of a primary core collection of apricot germplasm in China. Scientia Horticulturae, 2011, 128(3): 311-319.
- [21] Oliveira M F, Nelson R L, Geraldi I O, Cruz C. D, de Toledo, J F F. Establishing a soybean germplasm core collection. Field Crops Research, 2010, 119(2): 277-289.
- [22] 胡晋. 多次聚类构建作物遗传资源核心种质库的方法研究[D]. 浙江大学, 1999.
- Hu J. Methods for constructing the core germplasm bank of crop genetic resources by multiple clustering. Hangzhou: Zhejiang University, 1999.
- [23] 胡晋, 徐海明, 朱军. 保留特殊种质材料的核心库构建方法. 生物数学学报, 2001, 16(3): 5.
- Hu J, Xu H M, Zhu J. Core library construction method for retaining special germplasm accessions. BioMathematics, 2001, 16 (3): 5.

- [24] 钟永达, 刘立盘, 李彦强, 吴照祥, 杨爱红, 刘淑娟, 刘巧丽, 刘腾云, 余发新. 中国樟树初级核心种质取样方法与策略研究. 西南林业大学学报(自然科学), 2020, 40: 1-13.
- Zhong Y D, Liu L P, Li Y Q, Wu Z X, Yang A H, Liu S J, Liu Q L, Liu T Y, Yu F X. Methods and strategies of primary core germplasm in China. Journal of Southwest Forestry University (Natural Science), 2020,40:1-13.
- [25] 张馨方, 张树航, 李颖, 郭燕, 王广鹏. 利用 SSR 标记构建板栗初级核心种质. 中国农业大学学报, 2021, 26(12): 89-101.
- Zhang X F, Zhang S H, Li Y, Guo Y, Wang G P. SSR markers were used to construct the chestnut primary core germplasm. Journal of China Agricultural University, 2021,26 (12): 89-101.
- [26] Liu S L, Zheng C, Xiang W, Yi Z, Xiao L. A sampling strategy to develop a primary core collection of miscanthus spp. in China based on phenotypic traits. Agronomy-Basel, 2022, 12(3): 678.
- [27] 孙永强, 陈建华, 张剑, 董胜君, 刘钢钊, 刘青柏. 基于表型性状的西伯利亚杏核心种质构建. 沈阳农业大学学报, 2022, 53(1): 43-54.
- Sun Y Q, Chen J H, Zhang J, Dong S J, Liu Q G, Liu Q B. Construction of the Siberian apricot core germplasm based on phenotypic traits. Journal of Shenyang Agricultural University, 2022,53 (1): 43-54.
- [28] Zhang H L, Zhang D L, Wang M X, Sun J, Qi Y, Li J, Li Z. A core collection and mini core collection of *Oryza sativa* L. in China. Theoretical and Applied Genetics, 2011, 122(1): 49-61.
- [29] 刘三才, 曹永生, 郑殿升, 宋春华, 陈梦英. 普通小麦核心种质抽样方法的比较. 麦类作物学报, 2001, (02): 42-45.
- Liu S C, Cao Y S, Zheng D S, Song C H, Chen M Y. Comparison of sampling methods for core germplasm of common wheat. Journal of Triticeae Crops, 2001, (2): 42-45.
- [30] Agrama H A, Yan W G, Lee F, Fjellstrom R, Chen M H, Jia M, McClung A. Genetic assessment of a mini-core subset developed from the USDA rice genebank. Crop Science, 2009, 49(4): 1336-1346.
- [31] 刘子记, 孙继华, 杨衍, 曹振木. 黄灯笼辣椒核心种质资源比较构建研究. 热带作物学报, 2015, 36(12): 2155-2160.
- Liu Ziqi, Sun Jihua, Yang Yan, Cao Zhenmu. Comparative construction of core germplasm resources. Journal of Tropical Crops, 2015,36 (12): 2155-2160.
- [32] 刘娟, 廖康, 曹倩, 孙琪, 刘欢, 贾杨. 利用表型性状构建新疆野杏种质资源核心种质. 果树学报, 2015, 32(5): 787-796.
- Liu J, Liao K, Cao Q, Sun Q, Liu H, Jia Y. Construction of core germplasm resources of Xinjiang wild apricot using phenotypic traits. Journal of Fruit Science, 2015, 32(5): 787-796.
- [33] 温景辉, 申海林, 邹利人, 陈蕾, 刘洪章. 山葡萄核心种质初步构建. 东北林业大学学报, 2011, 39(6): 35-37.
- Wen J H, Shen H L, Zou L, Chen L, Liu H Z. Preliminary construction of the core accessions. Journal of Northeastern Forestry University, 2011,39 (6): 35-37.
- [34] 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): 234-242+251.
- Lv W, Han J M, Wen F, Ren G X, Wang R P, Liu W P. Analysis of phenotypic diversity of sesame germplasm from different sources. Journal of Plant Genetic Resources, 2020,21 (1): 234-242 + 251.
- [35] 李嘉伟, 苏江硕, 张飞, 房伟民, 管志勇, 陈素梅, 陈发棣. 基于表型性状构建传统菊花核心种质. 中国农业科学, 2021, 54(16): 3514-3526.
- Li J W, Su J S, Zhang F, Fang W M, Guan Z Y, Chen S Mumei, Chen Fadi. Construction of traditional chrysanthemum core germplasm based on phenotypic traits. Agricultural Science of China, 2021,54 (16): 3514-3526.
- [36] 刘松, 聂兴华, 李伊然, 刘海涛, 张卿, 王雪峰, 田寿乐, 曹庆芹, 秦岭, 邢宇. 基于 SSR 荧光标记构建板栗品种 (系) 核心种质群. 果树学报, 2023, 40(2): 230-241.
- Liu S, Nie X H, Li Y R, Liu H T, Zhang Q, Wang X F, Tian S L, Cao Q Q, Qin I, Xing Y. The core germplasm group of Chinese chestnut varieties (lines) was constructed based on SSR fluorescent markers. Journal of Fruit Tree, 2023,40 (2): 230-241.
- [37] 杨兰. 砂生槐资源遗传多样性分析及核心种质构建. 贵州大学, 2023.
- Yang L. Analysis of genetic diversity of sandy locust resources and construction of core germplasm. Guizhou University, 2023.
- [38] 陈巍. 三叶木通微卫星序列分析及其在核心种质构建中的应用. 四川农业大学, 2023.
- Chen W. The sequence analysis of treobun microsatellite and its application in core germplasm construction. Sichuan Agricultural University, 2023.
- [39] 吴茵. 基于 SRAP、SSR 标记的辣椒种质遗传多样性分析与核心种质构建. 江西农业大学, 2017.
- Wu Y. Genetic Diversity Analysis and Core Germplasm Construction of Pepper Based on SRAP and SSR Markers. Jiangxi Agricultural University, 2017.
- [40] 李魁鹏, 陈仕昌, 程琳, 贺锦锋, 唐红亮, 谭文婧, 余代渊, 王斌, 莫宗恒, 黄开勇. 基于 SSR 标记构建广西杉木核心种质. 广西科学, 2021, 28(5): 511-519.

- Li K P, Chen S C, Cheng L, He J F, Tang H L, Tan W J, Yu D Y, Wang B, Mo Z H, Huang K Y. Guangxi Chinese fir core germplasm was constructed based on SSR markers. *Guangxi Science*, 2021,28 (5): 511-519.
- [41] WEIX,QIUJ, YONGKC,Jiongjiong Fan,Qi Zhang,Hua Hua,Jie Liu,Qin Wang, Kenneth M. Olsen, Bin Han,Xuehui Huang . A quantiative genomics map of rice provides genetic insights and guides breeding. *Nature Genetics*. 2021, 53(2): 243-253.
- [42] 李自超,张洪亮,曹永生,裘宗恩,魏兴华,汤圣祥,余萍,王象坤. 中国地方稻种资源初级核心种质取样策略研究. *作物学报*, 2003,29(1): 20-24.
- Li Z C, Zhang H L, Cao Y S, Qiu Z E, Wei X H, Tang S X, Yu P, Wang X K. Sampling strategy of primary core germplasm of local rice seed resources in China. *Journal of Crop Sciences*, 2003,29 (1): 20-24.
- [43] 常利芳,白建荣,李锐,张丛卓,张效梅,杨瑞娟.基于 SSR 标记构建甜玉米群体的核心种质. *玉米科学*,2018,26(3):40-49.
- Chang L F, Bai J R, Li R, Zhang C Z, Zhang X M, Yang R J. Core germplasm construction of sweet maize populations constructed based on SSR markers. *Maize Science*, 2018,26 (3): 40-49.
- [44] Balfourier F, Roussel V, Strelchenko P, Exbrayat-Vinson F, Sourdille P, Boutet P,Koenig J,Ravel C, Mitrofanova A,Beckert M, Charmet G. A worldwide bread wheat core collection arrayed in a 384-well plate. *Theoretical and applied genetics*, 2007, 114(7): 1265-1275.
- [45] 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(3):483-488.
- Xu T T, Lin F, Hua W, Wang J M, Zhu J H, Jia Q J, Shang Y, Yang J M. Preliminary construction of core germplasm of barley varieties in China. *Zhejiang Journal of Agriculture*, 2011,23 (3): 483-488.
- [46] 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(1):174-182.
- Li M, Qin H B, Wang Y N, Mu Z X, Du H L. Construction of core germplasm of Shanxi sorghum landraces based on agronomic trait indicators. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2021,22 (1): 174-182.
- [47] 王海岗,温琪汾,乔治军,穆志新.山西谷子地方品种初选核心种质构建. *农学学报*,2019,9(4):26-31.
- Wang H G, Wen Q F, Qiao Z J, Mu Z X. Construction of core germplasm of Shanxi millet local varieties. *Journal of Agriculture*, 2019,9 (4): 26-31.
- [48] SU W J, WANG L J, LEI J, Chai S, Liu Y, Yang Y,Jiao C. Genome-wide assessment of popu lation structure and genetic diversity and development of a core germplasm set for sweet potato based on specific length amplified fragment (SLAF) sequencing. *PLoS One*, 2017, 12(2): 1-14.
- [49] 郑福顺,王晓敏,李国花,李洪磊,刘珮君,胡新华,付金军.宁夏地区番茄种质资源核心种质构建策略. *浙江农业学报*,2022,34(9):1877-1888.
- Zheng F S Wang X M, Li G H, Li H L, Liu P J, Hu X H, Fu J J. Core germplasm construction strategy of tomato germplasm resources in Ningxia region. *Zhejiang Journal of Agriculture*, 2022,34 (9): 1877-1888.
- [50] 赵欣蕊,陈啸天,薛薇,汪磊,蔡心汝,林柏松,刘晓静,崔江慧.基于表型性状分析构建冀北地区马铃薯核心种质. *核农学报*,2024,38(05):805-818.
- Zhao X R, Chen X T Xue W, Wang L, Cai X R, Lin B S, Liu X J, Cui J H. Construction of potato core germplasm in northern Hebei region based on phenotypic trait analysis. *Journal of Nuclear Agriculture*, 2024,38 (5): 805-818.
- [51] 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 Q X , Liu Z X, Wang L X, Chang R Z. Construction, verification and research progress of soybean core germplasm and microcore germplasm. *Journal of Crop Sciences*, 2009,35 (4): 571-579.
- [52] Yan W G, Rutger N J, Bryant J R, Bockelman H E, Fjellstrom R G, Chen M H, Tai T H, McClung A M. Development and evaluation of a core subset of the USDA rice germplasm collection. *Crop Science*, 2007,47(2):869-876.
- [53] 孙强,林秀云,李明生,王贵才.吉林省稻种资源核心种质构建的研究. *吉林农业科学*,2006,31(1):21-24,58.
- Sun Q, Lin X Y, Li M S, Wang G C. Study on the core germplasm construction of rice seed resources in Jilin Province. *Jilin Agricultural Science*, 2006,31 (1): 21-24,58.
- [54] Zhang H, Zhang D, Wang M, Sun J, Qi Y, Li J, Wei X, Han L, Qiu Z, Tang S, Li Z. A core collectionand mini core collection of *Oryza sativa* L. in China. *Theoretical and Applied Genetics*, 2011, 122(1): 49-61.
- [55] 黎毛毛,黄永兰,余丽琴,王记林,芦明,熊玉珍,束爱萍,范志洁,万建林.利用 SSR 标记构建江西稻种资源核心种质库的研究. *植物遗传资源学报*,2012,13(6):952-957.
- Li M M, Huang Y L, Yu L Q, Wang J L, Lu M, Xiong Y Z, Shu A P, Fan Z J, Wan J L. Research on Jiangxi SGS core germplasm bank with SSR markers. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2012,13 (6): 952-957.
- [56] Taba S, Díaz J, Franco J. A core subset of LAMP, from theLatin American Maize Project. (2009-10-07) [2023-02-01].

- [57] Li Y, Shi Y S, Cao Y S, Wang T Y. Establishment of a core collection for maize germplasm preserved in Chinese National Genebank using geographic distribution and characterization data. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 2004, 51:845-852 .
- [58] 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: 1-8.  
Dong Y C, Cao Y S, Zhang X Y, Liu S C, Wang L F, You G X, Pang B S, Li L H, Jia J Z. Generation of core germplasm of common wheat primary in China. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2003,4:1-8.
- [59] 郝晨阳,董玉琛,王兰芬,游光霞,张洪娜,盖红梅,贾继增,张学勇. 我国普通小麦核心种质的构建及遗传多样性分析. *科学通报*,2008,(8):908-915.  
Hao C Y, Dong Y C, Wang L F, You G X, Zhang H N, Gai H M, Jia J Z, Zhang X Y. Construction and genetic diversity analysis of common wheat core germplasm in China. *Scientific Bulletin*, 2008, (8): 908-915.
- [60] Wang L, Guan Y, Guan R, Li Y, Ma Y, Dong Z, Liu X, Zhang H, Zhang Y, Chen P, Qiu L. Establishment of Chinese soybean *Glycine max* core collections with agronomic traits and SSR markers. *Euphytica*151, 215–223 (2006).
- [61] 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. *中国油料作物学报*,1-10[2024-12-26].  
Chen Y, Yang W, Wan K, Nie M E, Zhang H P Construction of Shanxi soybean landraces core germplasm.based on phenotypic diversity. *Chinese Journal of Oil Crops*, 1-10 [2024-12-26].
- [62] 翟李楠,唐清杰,周帮纪,周世圳,王惠艰,云勇,韩义胜,王晴瑜,严小微,邢福能. 海南普通野生稻遗传多样性分析及核心种质构建. *植物遗传资源学报*,2024,25(10):1624-1636.  
Zhai L N, Tang Q J, Zhou B J, Zhou S Z, Wang H G, Yun Y, Han Y S, Wang Q Y, Yan X W, Xing F N. Analysis of genetic diversity and construction of core germplasm of common wild rice in Hainan. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2024,25 (10): 1624-1636.
- [63] 潘英华,徐志健,梁云涛. 广西普通野生稻群体结构解析与核心种质构建. *植物遗传资源学报*,2018,19(3):498-509.  
Pan Y H, Xu Z J, Liang Y T. Population structure analysis and core germplasm construction of common wild rice in Guangxi. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2018,19 (3): 498-509.
- [64] 赵丽梅,董英山,刘宝,郝水,王克晶,李向华. 中国一年生野生大豆 (*Glycine soja*) 核心资源构建. *科学通报*, 2005, 50(10): 992-999.  
Zhao L M, Dong Y S, Liu B, Hao S, Wang K J, Li X H. China annual Wild soybean (*Glycine soja*) core resource construction. *Scientific Bulletin*, 2005,50 (10): 992-999.
- [65] Zewdie Y, Tong N, Bosland P. Establishing a Core Collection of Capsicum Using Cluster Analysis with Enlightened Selection of Accessions.*Genetic Resources and Crop Evolution*, 2004, 51(2): 147-151.
- [66] Zong X, Redden R , Liu Q, Wang S, Guan J, Liu J, Xu Y, Liu X, Gu J,Yan L, Ades P, Ford R. Analysis of a diverse global *Pisum sp.* collection and comparison to a Chinese local *P. sativum* collection with microsatellite markers. *Theor Appl Genet*, 2008, 118(2): 193-204.
- [67] 吕婧.黄瓜种质资源群体结构分析与核心种质集筛选. 北京: 中国农业科学院, 2011.  
LV Q. Population structure analysis of cucumber germplasm resources and screening of core germplasm set. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2011.
- [68] 李建春.萝卜种质资源遗传多样性的 SSR 分析和初级核心种质构建. 重庆: 西南农业大学, 2006.  
Li J Q. SSR analysis of the genetic diversity of radish germplasm resources and construction of primary core germplas. Chongqing: Southwest Agricultural University, 2006.
- [69] 齐永文,樊丽娜,罗青文,王勤南,陈勇生,黄忠兴,刘睿,刘少谋,邓海华,李奇伟.甘蔗细茎野生种核心种质构建. *作物学报*,2013,39(4):649-656.  
Qi Y W, Fan L N, Luo Q W, Wang Q N, Chen Y S, Huang Z X, Liu R, Liu S M, Deng H H, Li Q W. Construction of core germplasm of wild species. *Journal of Crop Sciences*, 2013,39 (4): 649-656.
- [70] Zhou J P, Yang C Y, Wu C,Wang R G, Shi Y W, Xie S D, Wang Z H, Xu H M, Ren XL, 2014, Genetic diversity and development of core collection in tobacco (*Nicotiana tabacum* L) resources, *Agric& Life Sci*, 40(4): 440-450.
- [71] 代攀虹,孙君灵,贾银华,杜雄明,王溢.利用表型数据构建陆地棉核心种质. *植物遗传资源学报*,2016,17(6):961-968.  
Dai P H, Sun J L, Jia Y H, Du X M, Wang M. Phenotypic data were used to construct the upland cotton core germplasm. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2016,17 (6): 961-968.
- [72] 陈建华,栾明宝,许英,王晓飞,孙志民,邹自征,熊和平.苧麻种质资源核心种质构建. *中国麻业科学*,2011,33(2):59-64.  
Chen J H, Luan M B, Xu Y, Wang X F, Sun Z M, Zou Z Z, Xiong H P. Construction of the core germplasm of Ramie germplasm resources. *China*, 2011,33 (2): 59-64.

- [73] 王瑛琪,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. 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. Diversity analysis of sesame germplasm resources and core germplasm construction. Journal of Plant Genetic Resources, 2025,26(3): 455-470
- [74] 姜慧芳,任小平,廖伯寿,黄家权,陈本银.中国花生核心种质的建立. 武汉植物学研究,2007,(3):289-293.  
Jiang H F, Ren X P, Liao B S, Huang J Q, Chen B Y. Establishment of the core peanut germplasm in China. Wuhan Botany Research, 2007, (3): 289-293.
- [75] 孔祥瑞,杨军,林梓溪,马定国,王让剑,陈常颂.基于香气物质进行乌龙茶核心种质构建与遗传评估. 茶叶学报,2021,62(3):105-111.  
Kong X R, Yang J, Lin Z X, Ma D G, Wang R J, Chen C S. Core germplasm construction and genetic evaluation of oolong tea based on aroma substances. Journal of Tea, 2021,62 (3): 105-111.
- [76] 张格格,柳海东,杜德志.甘蓝型油菜恢复系的群体结构解析及核心种质构建[J].中国油料作物学报,2023,45(2):231-239.  
Zhang G G, Liu H D, Du D Z. Analysis of population structure and core germplasm construction of B. napus recovery lines. Chinese Journal of Chinese Oil Crops, 2023,45 (2): 231-239.
- [77] Liu FM, Zhang NN, Liu XJ, Yang ZJ, Jia HY, Xu DP. Genetic diversity and population structure analysis of *Dalbergia odorifera* germplasm and development of a core collection using microsatellite markers. Genes, 2019, 10(4): 281.
- [78] 耿雅萍. 药用黄芪核心种质的初步构建及遗传多样性分析.. 太原: 山西农业大学, 2020.  
Geng Y P. Preliminary construction and genetic diversity analysis of the core germplasm of medicinal *Astragalus* species.. Taiyuan: Shanxi Agricultural University, 2020.
- [79] 白成科,俞君如,于凤,郑鹏. 山茱萸种质资源的 ISSR 遗传多样性分析与初级核心种质库的构建. 西北植物学报, 2009, 29 (12) : 2401-2407.  
Bai C K, Yu J R, Yu F, Zheng P. ISSR genetic diversity analysis of the dogwood germplasm resources and construction of the primary core germplasm bank. Northwest Journal of Botany, 2009,29 (12): 2401-2407.
- [80] Liu Y, Geng Y, Xie X, Zhang P, Hou J, Wang W. Core collection construction and evaluation of the genetic structure of *Glycyrrhiza* in China using markers for genomic simple sequence repeats. Genetic Resources and Crop Evolution, 2020, 67: 1839-1852.
- [81] 赵立民,李嘉伟,张飞,苏江硕,房伟民,王海滨,蒋甲福,陈素梅,陈发棣,管志勇.基于表型数据构建切花小菊核心种质. 园艺学报,2022,49(10):2273-2284.  
Zhao L M, Li J W, Zhang F, Su J S, Fang W M, Wang H B, Jiang J F, Chen S M, Chen F L, Guan Z Y. The cut chrysanthemum core germplasm based on phenotypic data. Journal of Horticulture, 2022,49 (10): 2273-2284.
- [82] 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(6):1052-1060.  
Wang L, Wang J M, Wang W, Wang L, Wang L J, Yan X C, Tan M L. Core sunflower germplasm was constructed based on phenotypic diversity. Journal of China Oil Crops, 2021,43 (6): 1052-1060.
- [83] 侯志强,王丽慧,赵孟良,杨世鹏,孙雪梅,高洁铭,钟启文.基于表型数据的菊芋核心种质初步构建. 分子植物育种,2021,19(10):3463-3472.  
Hou Z Q, Wang L H, Zhao M L, Yang S P, Sun X M, Gao J M, Zhong Q W. Preliminary construction of aronum core germplasm based on phenotypic data. Molecular Plant Breeding, 2021,19 (10): 3463-3472.
- [84] 王芝懿,李振芳,彭婵,陈英,张新叶.基于 SSR 标记的紫薇核心种质构建及取样策略对比. 分子植物育种:1-13[2023-02-11].  
Wang Z Y, Li Z F, Peng C, Chen Y, Zhang X Y. Construction and sampling strategy of SCM based on SSR markers. Molecular plant breeding: 1-13 [2023-02-11].
- [85] 陈明堃,陈璐,孙维红,马山虎,兰思仁,彭东辉,刘仲健,艾叶.建兰种质资源遗传多样性分析及核心种质构建. 园艺学报,2022,49(1):175-186.  
Chen M S, Chen L, Sun W H, Ma S H, LAN S R, Peng D H, Liu Z J, Ai Y. Analysis of genetic diversity of Jianlan germplasm resources and construction of core germplasm. Journal of Horticulture, 2022,49 (1): 175-186.
- [86] 姜丽媛.濒危植物野生玫瑰种质资源评价与核心种质构建.山东农业大学,2018.5-18.  
Jiang L Y. Evaluation of wild rose germplasm resources and core germplasm construction of endangered plants.Shandong Agricultural University, 2018.5-18.
- [87] Uchiyama K, Miyamoto N, Takahash M, Watanabe A, Tsumura Y. Population genetic structure and the effect of historical human activity on the genetic variability of *Cryptomeria japonica* core collection, in Japan. Tree Genetics & Genomes, 2014, 10(5): 1257-1270.
- [88] Balas F C, Osuna M D, Domínguez G, Pérez-Gragera F, López-Corrales M. Ex situ conservation of underutilized fruit tree species: establishment of a core collection for *Ficus carica* L. using microsatellite markers (SSRs) . Tree Genetics & Genomes, 2014, 10(3): 703-710.
- [89] 尹明宇,吴波,乌云塔娜,庞营军,张学利. 基于表型性状和 SSR 标记的樟子松核心种质构建. 中南林业科技大学学报,1-9[2024-12-04].



- Yin M Y, Wu B, Yun Y T, Pang Y J, Zhang X L. based on phenotypic traits and SSR markers. Journal of Central South University of Forestry and Technology, 1-9 [2024-12-04]. Yin Mingyu, Wu Bo, Yun Yuntana, Pang Ying jun, Zhang Xueli. based on phenotypic traits and SSR markers. Journal of Central South University of Forestry and Technology, 1-9 [2024-12-04].
- [90] Belaj A, Dominguez-García M C, Atienza S G, Urdíroz N M, Rosa R, Satovic Z, Martín A, Kilian A, Trujillo I, Valpuesta V, Río C. Developing a core collection of olive (*Olea europaea* L.) based on molecular markers (DARts, SSRs, SNPs) and agronomic traits. *Tree Genetics & Genomes*, 2012, 8(2): 365-378.
- [91] Mouhaddab J, Aabd NA, Msanda F, Filali-Maltouf, A, Belkadi B, Ferradous A, El Mousadik A. Assessing genetic diversity and constructing a core collection of an endangered Moroccan endemic tree [*Argania spinosa* (L.) Skeels]. *Moroccan J Biol*, 2016, 13: 1-12.
- [92] Upadhyaya HD, Ortiz R. A mini core subset for capturing diversity and promoting utilization of chickpea genetic resources in crop improvement. *Theoretical and Applied Genetics*. 2001, 102: 1292-1298.
- [93] Kumar A, Kumar S, Singh K B, Prasad M, Thakur J K. (2020). Designing a mini-core collection effectively representing 3004 diverse rice accessions. *Plant Communications*, 2020, 1(5).
- [94] 赵琦.小麦微核心种质重要农艺性状的比较及其演化初步研究.西北农林科技大学,2023.
- Zhao Q. Preliminary study of important agronomic traits of wheat microcore germplasm. Northwest A & F University, 2023.
- [95] Qiu L J. Establishment, representative testing and research progress of soybean core collection and mini core collection. *Acta. Agron. Sin*, 2009, 35: 571-579.
- [96] Upadhyaya H D, Bramel P J, Ortiz R, Singh S. Developing a mini core of peanut for utilization of genetic resources. *Crop Science*, 2002, 42(6): 2150-2156.
- [97] 王志德, 张兴伟, 刘艳华. 中国烟草核心种质图谱. 北京: 科学技术文献出版社, 2014. 1-497.
- Wang Z D, Zhang X W, Liu Y H. Atlas of Chinese Tobacco. Beijing: Science and Technology Academic Press, 2014. 1-497.
- [98] 张兴伟. 烟草微核心种质构建及相关性状数量遗传分析. 北京: 中国农业科学院, 2013.
- Zhang X W. Construction of tobacco microcore germplasm and quantitative genetic analysis of related traits. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2013.
- [99] 连帅. 黍稷种质资源遗传多样性研究及微核心种质的构建. 太谷: 山西农业大学, 2017.
- Lian S. Genetic diversity of millet germplasm resources and construction of microcore germplasm. Taigu: Shanxi Agricultural University, 2017.
- [100] Yong Guo, Yinghui Li, Huilong Hong, Li-Juan Qiu, Establishment of the integrated applied core collection and its comparison with mini core collection in soybean (*Glycine max*), *The Crop Journal*, (38-45), (2014).
- [101] 姜俊焯. 蚕豆微核心种质构建及 SSR 遗传连锁图谱加密. 北京: 中国农业科学院, 2014.
- Jiang J Y. Construction of broad bean microcore germplasm and SSR genetic linkage map encryption. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2014.
- [102] 杨文娟, 张艳欣, 王林海, 魏鑫, 黎冬华, 高媛, 刘盼, 张秀荣. 一个芝麻应用核心种质的 DNA 分子身份证构建. *作物学报*, 2018, 44 (7) :1010-1020.
- Yang W J, Zhang Y X, Wang L H, Wei X, Li D H, Gao Y, Liu P, Zhang X R. DNA molecular identity card construction of a sesame application core germplasm. *Journal of Crop Sciences*, 2018, 44 (7): 1010-1020.
- [103] 郭艳春, 张力岚, 陈思远, 祁建民, 方平平, 陶爱芬, 张列梅, 张立武. 黄麻应用核心种质的 DNA 分子身份证构建. *作物学报*, 2021, 47(1): 80-93.
- Guo Y C, Zhang L L, Chen S Y, Qi J M, Fang P P, Tao A F, Zhang L M, Zhang L W. DNA molecular identity card construction of core germplasm using jute. *Journal of Crop Sciences*, 2021, 47 (1): 80-93.
- [104] 赵静, 付家兵, 廖红, 何勇, 年海, 胡月明, 邱丽娟. 大豆磷效率应用核心种质的根构型性状评价. *科学通报*, 2004, 49 (13) :1249-1257.
- Zhao J, Fu J B, Liao H, He Y, Nian H, Hu Y M, Qiu L J. Evaluation of root configuration traits in the core germplasm. *Scientific Bulletin*, 2004, 49 (13): 1249-1257.
- [105] 李永祥, 李会勇, 扈光辉, 刘旭洋; 李春辉; 张登峰; 黎裕; 王天宇. 玉米应用核心种质的构建与应用. *植物遗传资源学报*, 2023, 24(4): 911-916.
- Li Y X, Li H Y, Hu G H, Liu X Y; Li C H; Zhang D F; Li Y; Wang T Y. Construction and application of the core germplasm for maize application. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2023, 24 (4): 911-916.
- [106] Vinod K, Anshuman S, Amitha M, Krishnamurthy, Swarup K P, Sourabh J, Kapil K T, Pankaj K, Atmakuri R R, Sharma, Jitendra P. Khurana, Nagendra K. Singh, Trilochan M, Genome-wide association mapping of salinity tolerance in rice (*Oryza sativa*), *DNA Research*, Volume 22, Issue 2, 2015, 133-145.
- [107] 王伟平, 宋子超, 薄凯亮, 董邵云, 魏爽, 苗晗, 李锦斌, 张圣平, 顾兴芳. 黄瓜核心种质幼苗耐低温性评价及 GWAS 分析. *植物遗传资源学报*, 2019, 20(6): 1606-1612.

- Wang W P, Song Z C, Bo K L, Dong S Y, Wei S, Miao H, Li J B, Zhang S P, Gu X F. Evaluation of cold tolerance and GWAS analysis of cucumber core germplasm seedlings. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2019,20 (6): 1606-1612
- [108] Deekshitha B,Vinay S,Ramachandran S,Mangala R,Priya S,Kuldeep S,Devarapalli M R,Palagiri S,Bommu V B,Manish K. Identification of Donors for Fresh Seed Dormancy and Marker Validation in a Diverse Groundnut Mini-Core Collection.*Agronomy*,2024,14(1)
- [109] 黄亮,刘太国,刘博,高利,罗培高,陈万权.我国 197 份小麦核心种质资源对小麦条锈菌新小种 CYR34 的抗性评价.植物保护,2019,45(1):148-154.  
Huang L, Liu T G, Liu B, Gao L, Luo P G, Chen W Q. Evaluation of CYR34 in 197 wheat core germplasm resources in China. *Plant Protection*, 2019,45 (1): 148-154.
- [110] 刘守渠;段运平;郭峰;任小燕;石红卫;王怡.2 个玉米核心种质的改良利用及综合分析评价.种子,2022,41(3):99-103  
Liu S Q, Duan Y P, Guo F, Ren X Y, Shi H W, Wang Y. Improvement, Utilization, Comprehensive Analysis and Evaluation of Two Maize Core Germplasms. *Seeds*, 2022, 41(3): 99-103
- [111] Christopher J F,Ira A H,Marimagne T,Rajneesh P,Maria M A,Philip A R,Michael A,Oluwafemi A,Timothy J C,Olaniyi O,Daniel K.Genetic diversity analysis and core germplasm bank construction in cold resistant germplasm of rubber trees (*Hevea brasiliensis*).*Scientific Reports*,2024,14(1):14533
- [112] JEONG S, KIM J Y, JEONG S C, Kang S T,Moon J K,Kim N. GenoCore: A simple and fast algorithm for core subset selection from large genotype datasets. *PloS One*, 2017, 12(7): e0181420
- [113] DE BEUKELAER H, DAVENPORT G F, FACK V. Core Hunter 3: flexible core subset selection. *BMC Bioinformatics*, 2018, 19(1): 203