植物遗传资源学报 2025，26（3）：455-469
Journal of Plant Genetic Resources
DOI：10.13430/j.cnki.jpgr.20240614001

江西省芝麻种质资源的多样性分析及核心种质构建

王郅琪，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：分析江西省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；从3种取样方法，6种取样比例和8种聚类方法中筛选出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对多态性标记对吉安地区64份原始种质及其16份核心种质进行基因型数据分析。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范围为0.5129~2.0833，变异范围为4.83%~41.52%，且数量性状的遗传多样性指数（1.7140~2.0833）整体高于质量性状（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份核心种质在分子水平上可代表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份江西省芝麻种质资源的遗传多样性加以利用。

关键词：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 Improvment /Nanchang Branch of National Center of Oilcrops Improvement，Nanchang 330200*）

Abstract：This study aimed to analyze the phenotypic diversity of sesame germplasm in Jiangxi province，China，and construct a reliable core germplasm population，providing theoretical basis and reference for promoting the efficient utilization of sesame germplasm. We used 736 sesame germplasms from various counties and cities in Jiangxi province as experimental materials，and conducted diversity analysis on 24 phenotypic traits. Three sampling methods，six sampling ratios and eight clustering methods were employed to identify optimal solution for constructing the primary core germplasm. We performed mean T-test and variance F-test on multiple parameters of the original germplasm and core germplasm，and compared the eigenvalues，contribution rates，and cumulative contribution rates of the two populations through principal component analysis. In addition，we obtained genotype data for 64 germplasms and 16 core germplasms of Ji′an using 12 pairs of polymorphic markers，followed by polymorphism analysis，evaluation，and genetic similarity analysis. The 736 local sesame germplasms in Jiangxi province exhibited rich genetic diversity. The genetic diversity index of phenotypic traits ranged from 0.5129 to 2.0833，with a variation range of 4.83% to 41.52%. The genetic diversity index of

收稿日期：2024-06-14　　**网络出版日期：**2024-12-02
URL：https://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20240614001
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 Research and Development Program Project of Jiangxi Province（20212BBF63011）

quantitative traits (1.7140 to 2.0833) was generally higher than that of qualitative traits (0.5129 to 1.1054). The 110 core germplasm constructed using the "multiple clustering priority sampling method + 15% sampling ratio + variable class average method + Euclidean distance" effectively represented the diversity of the original collection. The cumulative contribution rates of the original collection and core collection were 80.533% and 82.631%, respectively, indicating that the core collection could explain over 80% of the genetic information. Molecular analysis of the sample showed, 96.25% of the polymorphic loci in 16 core germplasms were in included in 64 original germplasms, both were essentially similar on polymorphisms, with no significant difference in the mean T-test (except for the number of observed alleles). The genetic similarity between the two collections was also essentially similar. The 16 mini-core germplasms could preliminarily represent the genetic diversity of the 64 Ji′an sesame germplasms. Collectively, these results indicated that the 110 core germplasm collection could represent the genetic diversity of the 736 Jiangxi sesame germplasms to a significant extent for preservation and utilization.

Key words: sesame; local germplasm; genetic divisty; 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,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,越来越多的种质资源,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提高。核心种质于1984年首次提出[6],后又于1989年由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]。核心种质概念提出以后,被广泛应用于包括水稻[9-12]、大麦[13]、小麦[14-16]、大豆[17]、玉米[18-19]、芝麻[20-21]等30多个植物中。我国芝麻的核心种质开发和应用研究较晚,1995-1997年期间,通过与国际植物遗传资源委员会(IPGRI, International Plant Genetic Research Institute)合作得以在国内展开对芝麻核心种质收集的研究。被大多数研究者频繁使用的数据有两类,一类是由于亲缘关系远近而在农艺、形态等表型性状上表现出的差异数据,另一类是基于分子标记获取的基因型数据。Zhang等[20]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[21]基于农艺性状使用逐步聚类法构建了包含20%原始种质的韩国芝麻核心种质。汪磊等[22]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、方差差异百分率、极差符合率和变异系数百分率,获得了84份最佳核心种质群体。李萌等[23]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。为了探明江西省芝麻种质资源的遗传多样性特点,并筛选核心种质,本研究基于24个主要农艺性状的表型数据分析了736份芝麻地方种质资源的变异特点,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,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、方差等参数来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。本研究为江西省乃至全国芝麻挖掘、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。

1 材料与方法

1.1 试验材料

以来源于江西省九江、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,按照不同粒色划分,黑芝麻374份,白芝麻212份,其他粒色芝麻150份;按照区域划分,赣北区域79份,赣西区域138份,赣东区域183份,赣中北区域115份,赣中南区域154份,赣南区域67份。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。顺序排列，每份种质种植5行，行长1.6 m，行距0.4 m，株距0.15 m，日常田间栽培管理，3次重复。

1.2　表型性状鉴定及质量性状赋值

根据《芝麻种质资源描述规范化和数据标准化》[24]中各性状的调查标准，考察供试种质的24个主要表型性状：观察小区的整体株型、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、种子形状等12个质量性状，并对其赋值；每小区选择长势一致的10株，调查生育期、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　表型性状数据分析

采用Shannon-Weaver信息指数法[25]计算遗传多样性指数（GDI，genetic diversity index），计算公式：$H'=-\Sigma Pi\times\ln Pi$，参照孙建等[26]的方法计算平均遗传多样性指数。利用Excel进行变异系数、遗传多样性指数等计算，用IBM SPSS Stztistics19软件进行均值、主成分分析、方差分析和T值检测等。

1.4　核心种质构建

利用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 d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 ℃冰箱保存备用。

1.6　SSR标记来源及PCR扩增

根据已经公开发表的文献资料[28-32]，选取其中83对SSR引物，从构建的110份江西芝麻核心种质中随机挑选20份种质，对其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（详见https://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20240614001，附表1），筛选出的25对SSR标记分布在芝麻（2n=26）的13条染色体上，用于芝麻遗传背景差异分析，引物由上海生工生物工程股份有限公司合成。采用本课题组建立的SSR-PCR反应体系（10 μL）：50 ng/μL DNA 2 μL、10 μmol/μL正反引物各0.4 μL、2× Master Mix（包含Taq酶、Mg2dNTPs）5 μL，加ddH_2O至10 μL。PCR反应程序为：94 ℃预变性2 min；94 ℃变性30 s，55℃退火30 s，72 ℃延伸30 s，共28个循环；72 ℃延伸10 min，12 ℃保存。

1.7　基因型数据分析

利用NTSYS pc version2.10e计算Nei′s遗传相似系数。采用Popgen32软件计算观测等位基因数（Na，observing number of alleles）、有效等位基因数（Ne，effective number of alleles）、Shannon指数（I，Shannon′s diversity index）、杂合性（He，heterogosity）。用Powermarker V3.25计算主要等位基因频率（Major allele frequency）、基因多样性（GD，gene diversity）、多态性信息含量（PIC，polymorphism information content，）和Nei′s遗传距离。

2　结果与分析

2.1　736份资源总体多样性分析

736份种质资源的12个质量性状的遗传多样性指数结果（表1）表明，花旁蜜腺的遗传多样性指数均值最高，为1.1054，株型的遗传多样性指数均值最低，为0.5129。12个数量性状的遗传多样性指数结果（表2）表明，株高的遗传多样性指数均值最高，为2.0833，蒴果厚的遗传多样性指数均值最低，为1.7140，变异系数均值范围为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，白芝麻种质遗传多样性指数均值最高的是叶绒毛稀密（1.0907），黑芝麻种质中遗传多样性指数均值最高的是基部叶开裂（1.1793），其他粒色芝麻种质中遗传多样性指数均值最高的是花旁蜜腺（1.1778），表明不同粒色类型芝麻在性状中表现出各自的遗传多样性特点。12个数量性状比较（表2）显示，白芝麻种质的遗传多样性指数均值范围（1.7412~2.0899）与其他粒色芝麻种质（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他粒色芝麻种质；黑芝麻种质的变异系数均值范围大于白芝麻种质、其他粒色芝麻种质，表明黑芝麻种质的变异程度较大。

表1 736份芝麻种质及不同来源类型的的12个质量性状遗传多样性指数分析

Table 1 Genetic diversity index analysis of 12 quality traits in 736 sesame germplasms and different sources

类型 Type	株型 PT	叶色 LC	叶绒毛稀密 LH	基部叶缘 BLM	基部叶开裂 LIBL	茎秆绒毛稀密 SH	成熟主茎颜色 MSC	每叶腋花数 NCPA	花旁蜜腺 EFND	蒴果棱数 NLPC	蒴果颜色 CC	种子形状 SS
总体 Total	0.5129	0.6187	0.7618	0.9536	0.9954	0.8066	0.8692	0.6802	1.1054	0.5508	0.9474	0.7580
白芝麻 White sesame	0.3532	0.5854	1.0907	0.9646	0.6663	0.9910	0.9072	0.5958	0.8710	0.6871	1.0316	0.6996
黑芝麻 Black sesame	0.5489	0.5833	0.3182	0.9306	1.1793	0.4594	0.7505	0.6911	0.8107	0.4053	0.7702	0.7566
其他粒色芝麻 Other colors sesame	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NJ	0.4036	0.2355	0.3944	0.5791	1.0367	0.8113	0.6140	0.6422	0.8789	0.5208	0.6728	0.9454
赣东EJ	0.4371	0.7660	0.5614	0.7632	1.0777	0.6156	0.7578	0.6838	1.1261	0.4719	0.8103	0.5412
赣中北CNJ	0.5926	0.3490	0.7411	0.7667	0.9375	0.7529	0.9866	0.6839	1.1925	0.3969	0.9192	0.5172
赣西WJ	0.4368	0.5503	1.0352	0.9179	0.9522	0.9600	0.8404	0.6490	0.9727	0.5014	0.9062	0.6350
赣中南CSJ	0.4342	0.6408	0.7856	1.0812	0.7204	0.8011	0.9360	0.6555	0.6825	0.6952	1.0904	0.9459
赣南SJ	0.6742	0.5446	0.4800	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；NJ：Northern of Jiangxi；EJ：Eastern of Jiangxi；CNJ：Central and northern of Jiangxi；WJ：Western of Jiangxi；CSJ：Central and southern of Jiangxi；SJ：Southern of Jiangxi；The same as below

表2 736份芝麻种质总体及不同来源、类型的12个数量性状遗传多样性分析

Table 2 Gentic diversity analysis of 12 quantitative traits in 736 sesame germplasms and different sources and types

类型 Type	项目 Item	生育期（d） GP	株高（cm） PH	始蒴高度（cm） FCH	空稍尖长度（cm） ITP	主茎蒴节（cm） MSC	主茎蒴果数 NMSC	蒴果长（cm） MCL	蒴果宽（cm） MCW	蒴果厚（cm） MCT	每蒴粒数 SPC	千粒重（g） 1000SW	单株产量（g） SYPP
总体 Total	最小值	78	82.40	27.20	0.40	17.20	21.00	2.00	0.57	0.52	31.20	1.55	2.16
	最大值	100	197.60	148.40	11.50	78.40	141.40	4.80	1.30	1.25	132.40	3.99	27.68
	平均值	87.39	136.99	49.24	4.61	44.58	67.48	3.01	0.90	0.78	73.14	2.64	10.08
	变异系数(%)	4.83	14.04	28.30	41.52	23.74	36.09	12.30	12.39	18.67	22.30	13.41	33.06
	遗传多样性指数	1.9885	2.0833	1.8177	2.0617	2.0698	2.0213	2.0648	1.8537	1.7140	1.7867	2.0655	2.0491
白芝麻 White sesame	最小值	78	82.40	29.30	0.80	19.10	22.30	2.00	0.72	0.61	44.00	1.76	3.19
	最大值	94	172.30	104.60	8.80	76.60	130.00	4.10	1.26	1.25	130.10	3.52	27.68
	平均值	85.05	129.73	47.62	4.44	40.76	63.37	2.93	0.93	0.83	76.23	2.61	9.24
	变异系数(%)	5.10	13.95	21.47	38.35	26.03	33.84	13.75	12.23	18.34	23.69	13.65	37.53
	遗传多样性指数	1.9332	2.0880	1.9731	2.0440	2.0311	2.0542	1.9387	1.9122	1.7412	1.8448	2.0899	1.9662
黑芝麻 Black sesame	最小值	79	91.20	27.20	0.40	17.20	26.00	2.15	0.71	0.55	38.70	1.55	3.69
	最大值	94	197.60	148.40	11.50	78.40	141.40	4.80	1.26	1.23	121.20	3.99	24.27
	平均值	89.1	139.45	49.63	4.85	46.65	71.00	3.07	0.88	0.75	70.85	2.68	10.65
	变异系数(%)	3.95	13.54	27.01	42.99	21.12	25.96	11.10	10.57	16.49	19.76	13.32	30.02
	遗传多样性指数	1.8939	2.3855	1.8073	2.0998	2.0612	2.0346	2.0551	1.8572	1.6531	1.7445	2.0449	2.0538

表2（续）

类型 Type	项目 Item	生育期（d） GP	株高（cm） PH	始蒴高度（cm） FCH	空稍尖长度（cm） ITP	主茎蒴节（cm） MSC	主茎蒴果数 NMSC	蒴果长（cm） MCL	蒴果宽（cm） MCW	蒴果厚（cm） MCT	每蒴粒数 SPC	千粒重（g） 1000SW	单株产量（g） SYPP
其他粒色芝麻 Other colors sesame	最小值	78	97.80	27.70	0.84	21.00	21.00	2.00	0.57	0.52	31.20	1.58	2.16
	最大值	100	193.00	138.50	8.70	72.80	132.40	4.15	1.30	1.25	132.40	3.49	21.10
	平均值	86.42	141.03	50.53	4.22	44.77	64.43	2.95	0.92	0.82	74.52	2.61	9.88
	变异系数(%)	4.34	13.47	37.28	38.90	24.36	35.37	12.27	14.49	20.36	24.64	13.25	32.72
	遗传多样性指数	1.8733	2.0520	1.7198	2.0383	2.0341	2.0301	1.9518	1.9798	1.8436	1.8407	2.0671	2.0489
赣北 NJ	最小值	80	93.30	34.46	0.90	25.10	23.47	2.30	0.71	0.60	42.20	1.59	3.87
	最大值	93	167.42	80.60	10.50	66.20	109.80	3.71	1.14	1.10	121.10	3.52	16.50
	平均值	88.22	131.43	48.22	4.61	40.76	59.54	3.02	0.89	0.77	71.83	2.70	8.80
	变异系数(%)	4.31	13.49	18.02	44.63	23.69	38.81	10.52	11.14	17.75	22.79	12.94	35.07
	遗传多样性指数	1.0555	2.0951	1.9431	1.9937	2.0600	1.9092	2.0702	1.8585	1.6776	1.7008	2.0047	2.0250
赣东 EJ	最小值	78	82.40	29.90	0.65	21.00	25.33	2.00	0.71	0.58	31.20	1.55	3.81
	最大值	93	196.80	92.32	9.05	78.40	141.40	3.85	1.22	1.18	120.00	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(%)	4.80	13.96	22.09	42.80	20.54	36.68	11.70	10.27	16.00	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	1.3860	1.8122	2.0565	2.0147
赣中北 CNJ	最小值	79.00	96.40	30.40	0.40	23.20	26.60	2.15	0.70	0.55	38.70	1.59	3.69
	最大值	94.00	184.80	67.80	8.80	77.00	128.80	4.15	1.15	1.13	107.50	3.69	27.68
	平均值	88.31	141.50	46.91	4.38	48.69	68.40	3.05	0.88	0.75	69.98	2.69	10.7
	变异系数(%)	5.14	12.80	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	2.0610	2.0703	2.0601	2.0441	2.0290	2.0481	1.9910	1.8678	1.8205	1.9405	1.9681
赣西 WJ	最小值	78	98.05	27.70	1.10	17.20	22.30	2.00	0.57	0.52	38.80	1.76	2.16
	最大值	100	197.60	148.40	9.40	69.00	136.20	4.80	1.20	1.16	127.50	3.46	19.46
	平均值	86.46	130.01	49.35	4.62	40.88	62.61	3.04	0.90	0.77	72.12	2.69	9.47
	变异系数(%)	5.38	13.70	32.75	38.86	24.45	37.08	15.13	11.50	17.67	21.11	12.42	34.95
	遗传多样性指数	1.8480	1.9880	1.5209	2.0473	2.0668	1.9893	2.0503	1.8436	1.7147	1.7069	2.0612	2.0598
赣中南 CSJ	最小值	78	91.20	27.20	0.84	21.00	21.00	2.25	0.71	0.62	44.00	1.66	3.93
	最大值	93	193.00	122.40	11.50	67.60	132.40	4.05	1.28	1.25	132.4	3.47	19.20
	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	22.50	30.97	11.08	14.17	20.74	25.10	13.47	29.67
	遗传多样性指数	1.3450	2.0646	1.8519	2.0246	1.4565	2.0598	1.9466	1.9632	1.8343	1.9020	2.0142	2.0604
赣南 SJ	最小值	81	109.30	27.20	0.50	23.60	23.60	2.32	0.69	0.59	41.20	1.58	3.24
	最大值	93	191.10	136.40	9.78	65.20	130.00	3.83	1.30	1.23	121.20	3.56	15.75
	平均值	88.37	146.93	58.72	4.92	43.42	68.88	2.87	0.90	0.80	73.26	2.53	10.52
	变异系数(%)	2.99	12.59	38.17	38.60	19.80	38.81	10.78	15.37	21.44	24.12	14.50	25.07
	遗传多样性指数	1.1032	1.9912	1.1799	1.9977	1.2795	2.0044	1.9022	1.8640	1.6688	1.6918	2.0036	2.0141

GP：Growth period；PH：Plant height；FCH：First 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-seed weight；SYPP：Seed yield per plant；The same as below

6个区域的12个质量性状多样性分析结果(表1)显示,遗传多样性指数从大到小的顺序为赣东区域(0.4371~1.1261)>赣中南区域(0.4342~1.0904)>赣西区域(0.4368~1.0352)>赣中北区域(0.3490~1.1925)>赣南区域(0.2619~1.1622)>赣北区域(0.2355~1.0367),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(表2)显示,赣中南和赣南区域种质中变异系数大于20%的性状较多,表明这两个区域表型性状的变异程度较大;从遗传多样性指数来看,赣中北区域(1.8205~2.0703)>赣西区域(1.5209~2.0668)>赣东区域(1.3860~2.0652)>赣中南区域(1.3450~2.0646)>赣北区域(1.0555~2.0951)>赣南区域(1.1032~2.0044),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。

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。3种取样方法中,多次聚类偏离度取样法的均值差异百分数最大为28%,平均值最大,为6.50%;而多次聚类随机取样法和多次聚类优先取样法的均值差异百分数的最大值均为24%,均值差异百分数平均值分别为3.33%和2.86%。因此,基于均值差异百分数小于20%的评价标准,得出多次聚类随机取样和多次聚类优先取样整体较优。多次聚类优先取样和多次聚类偏离度取样的初选核心种质的极差符合率均大于90%,其中多次聚类优先取样法的极差符合率均为100%,保留了原始种质的遗传变异。方差差异百分率均值从大到小顺序为多次聚类偏离度取样法、多次聚类优先取样、多次聚类随机取样。因此,比较发现多次聚类优先取样法在3种取样方法中最佳。

在取样方法为多次聚类优先取样和遗传距离为欧式距离时,比较6个取样比例的均值差异百分数、方差差异百分率、极差符合率和变异系数变化率。结果发现,极差符合率均为100%;在取样比例从5%~30%增加的过程中,变异系数变化率逐渐下降;而方差差异百分率在取样比例为5%时均一致,在10%和15%时较大;比较6个取样比例的均值差异百分率均值后发现,15%取样比例的均值差异百分数均值相对较小。比较发现在取样比例为15%时,均值差异百分数均值相对较小,且方差差异百分率、极差符合率和变异系数变化率的均值相对较大。最终确定15%为最佳取样比例。

在多次聚类优先取样法+取样比例为15%+欧式距离情况下,比较8个聚类方法(表3),发现除最短距离法,其他聚类方法的均值差异百分率均低于20%,其中最长距离法、可变类平均法、可变法和离差平方和法的均值差异百分率均为0;极差符合率均为100%。8个聚类方法的方差差异百分率和变异系数变化率分别为20%~48%和107.65%~110.21%。基于均值差异百分率越小,方差差异百分率、极差符合率和变异系数变化率越大越好的原则,综合比较后得出,“多次聚类优先取样法+15%取样比例+可变类平均法+欧式距离”为最优模型,其均值差异百分数、方差差异百分率、极差符合率和变异系数变化率分别为0、44%、100%和110.21%。根据此模型最终构建了110份初始核心种质子集(表4、图1)。

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 (%)

取样比例 Sampling proportion	遗传距离 Genetic distance	聚类方法 Cluster method	多次聚类随机取样 Mulitiple 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	48	96.65	120.79
		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	92.70	113.88
		重心法	4	12	86.34	101.39	0	48	100	121.52	20	28	96.11	112.24

表3（续）

取样比例 Sampling proportion	遗传距离 Genetic distance	聚类方法 Cluster method	多次聚类随机取样 Mulitiple 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	不加权类平均法	0	12	85.26	102.37	0	48	100	121.52	0	44	96.40	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
		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	92.10	107.33	0	32	100	111.42	4	60	98.11	117.00
		可变法	0	4	90.40	104.16	0	48	100	114.04	8	56	97.96	116.27
		离差平方和法	0	8	92.20	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
		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	101.80	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	97.60	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	113.10
		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	105.60	0	28	100	108.16	4	56	98.56	112.56
20	欧氏距离	最短距离法	16	28	98.04	105.91	16	44	100	106.50	28	48	98.73	109.43
		最长距离法	0	4	94.80	103.00	0	28	100	106.79	8	60	98.98	111.90
		中间距离法	0	0	95.18	102.00	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	106.90	0	60	99.07	111.95
		离差平方和法	4	4	95.80	104.16	0	24	100	106.56	4	56	98.98	111.44
25	欧氏距离	最短距离法	16	32	98.78	104.18	12	36	100	105.57	16	56	98.93	108.14
		最长距离法	0	0	96.06	102.14	0	16	100	105.60	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

表3（续）

取样比例 Sampling proportion	遗传距离 Genetic distance	聚类方法 Cluster method	多次聚类随机取样 Mulitiple 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
25	欧氏距离	不加权类平均法	0	4	94.34	101.91	0	16	100	105.12	0	56	98.90	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	欧氏距离	最短距离法	16	24	98.78	104.12	4	28	100	105.04	12	44	98.98	107.20
		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	103.80	0	40	99.02	108.59

MD：The percentage of mean difference；CR：The coincidence rate of range；VD：The percentage of variance difference；VR：The rate of variance of the coefficient of variation

表4 110份江西省芝麻初始核心种质的名称及来源

Table 4 The name and source of 110 sesame primary core germplasm from Jiangxi province

序号 No.	编号 Code	名称 Name	来源地 Source	序号 No.	编号 Code	名称 Name	来源 Source
1	GZM0001	白芝麻	都昌县大港镇土目村	17	GZM0056	黑芝麻	星子县蓼花镇幸福村尚家桥
2	GZM0002	黑芝麻	都昌县大树乡罗岭村	18	GZM0058	黑麻芝	修水县太阳升镇梅渡村
3	GZM0003	黑芝麻	都昌县大树乡罗岭村	19	GZM0060	芝麻	永修县立新乡北徐村
4	GZM0004	黑芝麻	都昌县大树乡罗岭村	20	GZM0072	黑芝麻	浮梁县寿安镇柳溪村
5	GZM0005	黑芝麻	都昌县大树乡牡丹村	21	GZM0079	黑芝麻	浮梁县瑶里古镇坑上
6	GZM0006	黑芝麻	都昌县大树乡牡丹村	22	GZM0081	黑芝麻	昌江区鲇鱼山镇义城
7	GZM0010	黑芝麻	都昌县三汊港左桥村	23	GZM0085	黑芝麻	乐平市塔前镇陈家坞
8	GZM0014	白芝麻	都昌县土塘镇港东村	24	GZM0088	黑芝麻	乐平市塔前镇徐家
9	GZM0017	黑芝麻	都昌县西源乡茭塘村	25	GZM0092	黑芝麻	乐平县
10	GZM0020	黑芝麻	都昌县西源乡茭塘村	26	GZM0093	黑芝麻	乐平县
11	GZM0021	白芝麻	都昌县徐埠镇高桥村	27	GZM0095	黑芝麻	乐平县
12	GZM0029	黑芝麻	濂溪区虞家河乡鲁板村	28	GZM0108	白芝麻	横峰县葛源镇石桥村
13	GZM0037	芝麻	彭泽县	29	GZM0118	黑芝麻	鄱阳县高家岭乡韩山村
14	GZM0038	黑芝麻	彭泽县	30	GZM0120	黑芝麻	鄱阳县高家岭乡韩山村
15	GZM0047	白芝麻	武宁县安溪镇田埠村	31	GZM0123	大源白芝麻	鄱阳县枧田街乡大源村委会西源村小组
16	GZM0054	黑芝麻	星子县蓼花镇幸福村尚家桥	32	GZM0126	黑芝麻	鄱阳县鄱阳镇芝田村田家畈

表 4（续）

序号 No.	编号 Code	名称 Name	来源地 Source	序号 No.	编号 Code	名称 Name	来源 Source
33	GZM0133	饶埠黑芝麻	鄱阳县饶埠镇九甲村	72	GZM0435	芝麻	崇仁县礼陂镇陂下村
34	GZM0135	双港黑芝麻	鄱阳县双港镇马鞍山村	73	GZM0446	芝麻	金溪县浒湾镇丁家村
35	GZM0136	黑芝麻	鄱阳县四十里街镇中塘村	74	GZM0447	芝麻	金溪县浒湾镇汤家村
36	GZM0140	芝麻	铅山县葛仙山乡杨村	75	GZM0452	芝麻	金溪县浒湾镇詹家摆
37	GZM0147	芝麻	铅山县石塘镇十一都	76	GZM0466	芝麻	南城县徐家乡陈家排
38	GZM0158	黑芝麻	万年县	77	GZM0467	芝麻	南城县徐家乡陈家排
39	GZM0168	黑芝麻	婺源县甲路乡严田村	78	GZM0483	芝麻	宜黄县棠阴镇
40	GZM0172	太白黑芝麻	婺源县太白乡新屋村	79	GZM0490	芝麻	宜黄县圳口乡枫林村港背
41	GZM0177	芝麻	弋阳县葛溪乡李坂村	80	GZM0495	芝麻	宜黄县圳口乡荐源桥
42	GZM0178	芝麻	弋阳县花亭乡竹家碓	81	GZM0508	白芝麻	安福县金田乡沿沛村
43	GZM0181	芝麻	弋阳县漆工镇漆工中学	82	GZM0512	白芝麻	吉安县敖城镇赤陂村
44	GZM0215	青麻	进贤县梅庄镇富华村	83	GZM0514	白芝麻	吉安县墩厚镇南街村长坵村组
45	GZM0217	黑芝麻	进贤县梅庄镇富华村	84	GZM0516	白芝麻	吉安县墩厚镇南街村长坵村组
46	GZM0219	黑芝麻	进贤县梅庄镇富华村	85	GZM0529	芝麻	青原区河东街道芜下村
47	GZM0239	白芝麻	新建区流湖乡南岗村	86	GZM0531	芝麻	泰和县塘洲镇寓塘村
48	GZM0253	芝麻	贵溪市罗河镇下汪村	87	GZM0535	芝麻	万安县百嘉镇廓埠村
49	GZM0258	芝麻	贵溪市彭湾乡花厅村	88	GZM0544	麻子	峡江县金江乡新溪村
50	GZM0263	芝麻	贵溪市鱼塘毕家	89	GZM0550	芝麻	峡江县仁和镇官田村
51	GZM0273	黑芝麻	余江区杨溪乡新危村	90	GZM0551	芝麻	新干县荷浦乡
52	GZM0274	芝麻	余江区邓埠镇桥西	91	GZM0557	白芝麻	新干县三湖镇付陵村大陵村组
53	GZM0281	黄芝麻	丰城市丽村镇茅头村	92	GZM0559	芝麻	新干县三湖镇付陵村大陵村组
54	GZM0287	白芝麻	丰城市泉港镇潭埠村	93	GZM0560	黑芝麻	新干县三湖镇付陵村大陵村组
55	GZM0302	芝麻	奉新县赤岸镇	94	GZM0564	白芝麻	永新县高桥楼镇引泉村拿头组
56	GZM0307	芝麻	奉新县冯川镇张家村	95	GZM0566	白芝麻	永新县高桥楼镇引泉村拿头组
57	GZM0308	芝麻	奉新县干洲镇大埚村	96	GZM0572	白芝麻	永新县桥头镇高川村桥头村组
58	GZM0311	芝麻	奉新县干洲镇下古村	97	GZM0574	白芝麻	永新县桥头镇高川村桥头村组
59	GZM0327	白芝麻	高安市东方红乡东门村新枫树村组	98	GZM0584	芝麻	南康区朱坊乡荷田村
60	GZM0330	白芝麻	高安市东方红乡左桥村田里村组	99	GZM0590	芝麻	宁都县对坊乡富丘村
61	GZM0335	黑芝麻	高安市建山镇枫林村	100	GZM0604	芝麻	全南县城厢镇黄埠村
62	GZM0368	芝麻	上高县徐家渡镇东边村	101	GZM0606	芝麻	瑞金市黄柏乡柏村
63	GZM0376	芝麻	万载县株潭镇枣木村	102	GZM0610	芝麻	信丰县大阿镇大阿村
64	GZM0378	芝麻	宜春市袁州区	103	GZM0637	芝麻	于都县仙下乡仙下村
65	GZM0386	芝麻	樟树市	104	GZM0648	白芝麻	鄱阳县
66	GZM0413	芝麻	分宜县分宜镇坑上村	105	GZM0649	波阳黑	鄱阳县
67	GZM0422	芝麻	分宜县钤山镇冶元村	106	GZM0700	芝麻	进贤县钟陵乡
68	GZM0425	芝麻	新余市	107	GZM0701	黑芝麻	进贤县二塘乡
69	GZM0427	芝麻	渝水区观巢镇王家进	108	GZM0702	黑芝麻	进贤县梅庄镇富田村
70	GZM0428	芝麻	渝水区下村镇花堆村	109	GZM0707	黑芝麻	南昌县省良种场
71	GZM0433	芝麻	崇仁县礼陂镇陂下村	110	GZM0712	白芝麻	丰城市泉港镇西岸村

图 1 部分核心种质资源的表型性状特征

Fig. 1 Phenotypic trait characteristic of some core germplasm

2.3 初始核心种质评价

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 对初始核心种质与原始种质24个表型性状的均值、方差差异进行分析(表5),结果表明,初始核心种质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呈显著或极显著差异,同时24个性状的极差均相同。除叶茸毛稀密、茎秆绒毛稀密、花旁蜜腺、蒴果棱数4个性状外,初始核心种质其他性状的变异系数均高于原始种质。

表 5 原始种质和初始核心种质 4 个参数的比较分析

Table 5 Comparative analysis of four parameters of original germplasm and primary core germplasm

性状 Traits	种质群体 Germplasm collection	均值 Mean			方差 Variance			极差 Range	变异系数(%) *CV*
		数据 Data	*P*-value	显著性 Significance	数据 Data	*P*-value	显著性 Significance		
生育期(d) GP	原始种质	87.39	0.3294	NS	17.7996	0.0206	S *	22.00	4.83
	初始核心种质	86.91			23.5880			22.00	5.59
株型 PT	原始种质	1.21	0.3901	NS	0.1657	0.1900	NS	1.00	33.66
	初始核心种质	1.25			0.1869			1.00	34.71
叶色 LC	原始种质	2.03	0.6661	NS	0.1909	0.0010	S**	2.00	21.51
	初始核心种质	2.05			0.2906			2.00	26.24
叶绒毛稀密 LH	原始种质	3.79	0.4027	NS	2.0144	0.1411	NS	4.00	37.41
	初始核心种质	3.67			1.7084			4.00	35.59
基部叶缘 BLM	原始种质	1.65	0.8049	NS	0.4356	0.1566	NS	2.00	40.08
	初始核心种质	1.66			0.5005			2.00	42.53
基部叶开裂 LIBL	原始种质	1.84	0.9248	NS	7.5381	0.3780	NS	7.00	149.46
	初始核心种质	1.86			7.8436			7.00	150.28
茎秆绒毛稀密 SH	原始种质	4.02	0.5893	NS	2.6446	0.4802	NS	4.00	40.46
	初始核心种质	4.11			2.6118			4.00	39.33
成熟主茎颜色 MSC	原始种质	2.40	0.7158	NS	0.7839	0.4853	NS	3.00	36.94
	初始核心种质	2.36			0.7840			3.00	37.46
每叶腋花数 NCPA	原始种质	1.58	0.6139	NS	0.2439	0.4260	NS	1.00	31.25
	初始核心种质	1.55			0.2493			1.00	32.12
花旁蜜腺 EFND	原始种质	0.85	0.9902	NS	1.2029	0.3178	NS	3.00	128.54
	初始核心种质	0.85			1.1163			3.00	123.64

表5（续）

性状 Traits	种质群体 Germplasm collection	均值 Mean			方差 Variance			极差 Range	变异系数（%） *CV*
		数据 Data	*P*-value	显著性 Significance	数据 Data	*P*-value	显著性 Significance		
蒴果棱数NLPC	原始种质	1.66	0.5064	NS	1.5389	0.2621	NS	3.00	74.72
	初始核心种质	1.75			1.6777			3.00	74.21
蒴果颜色CC	原始种质	1.86	0.2377	NS	0.4000	0.0113	S*	3.00	34.05
	初始核心种质	1.95			0.5475			3.00	38.03
种皮颜色SCC	原始种质	5.81	0.9213	NS	12.2721	0.3205	NS	8.00	60.31
	初始核心种质	5.77			13.0580			8.00	62.60
种子形状SS	原始种质	1.37	0.2800	NS	0.4432	0.1671	NS	2.00	48.56
	初始核心种质	1.45			0.5062			2.00	49.22
株高（cm）PH	原始种质	136.99	0.9739	NS	369.8573	0.0221	S*	115.20	14.04
	初始核心种质	136.91			488.2170			115.20	16.14
始蒴高度（cm）FCH	原始种质	49.24	0.3133	NS	194.1704	0.0000	S**	121.20	28.30
	初始核心种质	51.12			351.8701			121.20	36.69
空稍尖长度（cm）ITP	原始种质	4.61	0.8944	NS	3.6573	0.0122	S*	11.10	41.52
	初始核心种质	4.64			4.9845			11.10	48.16
主茎蒴节MSC	原始种质	44.58	0.5068	NS	112.0417	0.0095	S**	61.20	23.74
	初始核心种质	43.75			154.6905			61.20	28.43
主茎蒴果数NMSC	原始种质	67.48	0.4149	NS	592.9838	0.0923	NS	120.40	36.09
	初始核心种质	65.42			712.3348			120.40	40.80
蒴果长（cm）MCL	原始种质	3.01	0.7085	NS	0.1366	0.0011	S**	2.80	12.30
	初始核心种质	2.99			0.2073			2.80	15.23
蒴果宽（cm）MCW	原始种质	0.90	0.8568	NS	0.0125	0.0073	S**	0.73	12.39
	初始核心种质	0.90			0.0175			0.73	14.62
蒴果厚（cm）MCT	原始种质	0.78	0.4996	NS	0.0214	0.0681	NS	0.73	18.67
	初始核心种质	0.79			0.0263			0.73	20.43
每蒴粒数（粒）SPC	原始种质	73.14	0.6402	NS	266.0499	0.0837	NS	101.20	22.30
	初始核心种质	73.93			321.9861			101.20	24.27
千粒重（g）1000SW	原始种质	2.64	0.4893	NS	0.1257	0.0149	S*	2.44	13.41
	初始核心种质	2.62			0.1695			2.44	15.74
单株产量（g）SYPP	原始种质	10.08	0.5758	NS	11.0980	0.0005	S**	25.52	33.06
	初始核心种质	9.84			17.3619			25.52	42.33

S*、S**分别代表组间在*P*<0.05、*P*<0.01水平上显著差异，NS代表无差异

S*, S** respectively representing significant differences at the *P*<0.05 and *P*<0.01 levels between groups; NS represents no difference

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　利用主成分分析对根据表型性状所构建的芝麻初始核心种质进一步验证（表6），结果表明，两个群体各自的前5个主成分的特征值和贡献率均较接近，且累计贡献率分别为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，且与原始种质相比，除主成分1的特征值和累计贡献率稍有下降外，芝麻初始核心种质的其余4个主成分的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杂度，有效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比较分析

Table 6 Comparative analysis of principal components between original germplasm and primary core germplasm

主成分 Component	原始种质 Original germplasm			初始核心种质 Primary core germplasm		
	特征值 Eigen value	贡献率(%) Contributionrate	累积贡献率(%) Cumulative contributionrate	特征值 Eigen value	贡献率(%) 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	1.820	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	1.100	9.167	82.631

2.4 初始核心种质的分子标记分析

为进一步验证110份初始核心种质的代表性，从已筛选出的25对多态性引物中挑选条带最清晰且差异最明显的12对SSR多态性引物对吉安64份原始种质（从736份种质中随机抽取）和16份核心种质（110份核心种质中的吉安市的核心种质）进行遗传多样性比较和分析，结果（表7）表明，SSR标记在原始种质中的观测等位基因数均值为2，有效等位基因数均值为1.6984，杂合性均值为0.5748，Shannon指数均值为0.3938，基因多样性均值为0.3870，多态性信息含量均值为0.3029。吉安核心种质中观测等位基因均值为1.93，有效等位基因数均值为1.6919，杂合性均值为0.5621，Shannon指数均值为0.3879，基因多样性均值为0.3938，多态性信息含量均值为0.3061。两者的6个遗传多样性参数值基本接近。

表 7 吉安原始种质和核心种质基因型多态性比较分析

Table 7 Comparative analysis of gene diversity between Ji′an original germplasm and core germplasm

类型 Type	种质数 Germplasm number	观测等位基因数 Na	有效等位基因数 Ne	Shannon指数 I	杂合性 He	基因多样性 GD	多态性信息含量 PIC
吉安原始种质 Ji′an original germplasm	64	2	1.6984	0.3938	0.5748	0.3870	0.3029
吉安核心种质 Ji′an core germplasm	16	1.93	1.6919	0.3879	0.5621	0.3938	0.3061
吉安原始种质/吉安核心种质(%) Ji′an original germplasm/Ji′an core germplasm	25	96.25	99.62	98.52	97.81	101.77	101.06

Na：Observing number of alleles；Ne：Effective number of alleles；I：Shannon′s diversity index；He：Heterogosity；GD：Gene diversity；PIC：Polymorphism information content

对吉安64份原始种质和16份核心种质的基因型多态性进行分析评价，结果表明，16份核心种质保留了96.25%的等位基因。对基于12对SSR标记获得的41个位点进行T检测，结果表明，16份核心种质的6个遗传多样性参数与64份原始种质均无显著性差异。综上，16份核心种质初步代表了64份原始种质的遗传多样性，进一步表明110份初始核心种质可以代表736份江西芝麻种质资源的遗传多样性。

比较吉安64份原始种质和16份核心种质的遗传相似系数和遗传距离（表8），结果表明，64份原始种质间的遗传相似系数在0.1707~0.9512之间，平均0.5968；遗传距离在0.0488~0.8293之间，平均0.4032。16份核心种质间的遗传相似系数在0.2439~0.9268之间，平均0.5746；遗传距离在0.0732~0.7561之间，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份原始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份原始种质的遗传多样性。

表 8　吉安 64 份原始种质和 16 份核心种质遗传多样性比较分析

Table 8　Comparative analysis of genetic diversity of 64 original germplasm and 16 core germplasm of Ji′an

类型 Type	数量 Number	遗传相似系数 Genetic similarity			遗传距离 Genetic distance		
		最小值 Min.	最大值 Max.	平均 Average	最小值 Min.	最大值 Max.	平均 Average
吉安原始种质 Ji′an original germplasm	64	0.1707	0.9512	0.5968	0.0488	0.8293	0.4032
吉安核心种质 Ji′an core germplasm	16	0.2439	0.9268	0.5746	0.0732	0.7561	0.4254

3　讨论

通过鉴定农艺性状特点、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，是作物育种突破的的重要手段，已经在多种作物种质资源的分类、优异种质的选择中广泛应用。本研究对 736 份江西省芝麻地方种质资源的 24 个表型性状的遗传多样性指数分析发现，数量性状的遗传多样性指数范围为 1.7140~2.0833，质量性状的遗传多样性指数范围为 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一致，这为比较和筛选目标优异的种质及良种繁育提供了丰富且重要的种质资源，更有效拓宽了我国芝麻育种过程中亲本的选择范围。

江西省主要以黑芝麻为主，其种植面积和产量均占全国的 60% 以上[33]，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性状优异的黑芝麻种质。综合比较 6 个区域芝麻种质的数量性状遗传多样性指数，发现不同地理区域芝麻种质资源的遗传多样性存在显著差异，赣中北区域芝麻的遗传多样性最高，性状多样化表现较丰富，其次为赣西和赣东区域，赣南区域的遗传多样性最低，可能由于地理位置、环境因素、种植历史和品种选择影响了芝麻的生长和遗传多样性，因此在芝麻遗传资源的保护和利用时，应优先考虑遗传多样性较高的区域，以确保遗传资源的多样性和可持续性。

核心种质是高效利用和管理种质资源的重要方法。目前，多数研究利用表型性状和分子标记构建核心种质。汪磊等[22]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、变异系数和主成分分析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[23]利用 18 个农艺性状构建山西高粱的核心种质，发现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[9]提出的使用均值、方差、极差、变异系数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比较两个群体前 5 个主成分的特征值、贡献率和累计贡献率，以反映两个群体间的相似度，结果表明初始核心种质 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呈显著或极显著差异，同时 24 个性状的极差均相同，所得初始核心种质较好代表了原始种质的多样性和异质性。与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[15]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 水平的遗传冗杂度，以构建出极具代表性的核心种质。本研究也利用 12 对 SSR 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，T 检测结果表明，两者的 6 个遗传多样性参数均无显著性差异，同时两者的遗传相似程度基本接近，表明 16 份核心种质在分子水平上可以代表 64 份原始种质的遗传多样性，进一步得出 110 份核心种质能较好地代表 736 份原始种质的表型变异特征和减少冗杂度。

本研究围绕表型性状系统阐述了736份江西省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、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, Qu L B, Liu H Y, Wang Q, Yue M W. 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): 234-242, 251
Lyu W, Han J M, Wen F, Ren G X, Wang R P, Liu W P. Phenotypic diversity analysis of sesame germplasm resources. Journal of Plant Genetic Resources, 2020, 21(1): 234-242, 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
Lyu 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. 植物遗传资源学报, 2022, 23(2): 412-421
Lyu S W, Jiang L Q, Tang X, Zhang J, Zhang B R, Liu Q, Mao X X, Yu H, Wu R X, Fan Z L, Chen W F, Pan D J, Li C. Systematic field collection and identification of rice resources in Guangdong. Journal of Plant Genetic Resources, 2022, 23(2): 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. 植物遗传资源学报, 2011, 12(3): 325-338
Wang S M, Zhang Z W. The current status of protection and utilization of plant genetic resources for food and agriculture in the world. Journal of Plant Genetic Resources, 2011, 12(3): 325-338

[6] Oliveira M F, Nelson R L, Geraldi I O, Cruz C D, Toledo J F F. Establishing a soybean germplasm core collection. Field Crops Research, 2010, 119(2/3): 277-289

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

[8] Charmet G, Balfourier F, Ravel C, Denis J B. Genotype × environment interactions in a core collection of French perennial ryegrass populations. Theoretical & Applied Genetics, 1993, 86(6): 731-736

[9] 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 cermplasm bank using molecular markers and quantitative trait genotypic values. Journal of Biomathematics, 2005, 20(3): 351-355

[10] 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

[11] 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

[12] 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

[13] 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. Establishment of core collection on bred cultivars of Chinese barley. Acta Agriculturae Zhejiangensis, 2011, 23(3): 483-488

[14] Hao C Y, Zhang X Y, Wang L F, Dong Y S, Shang X W, Jia J Z. 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

[15] 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 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. Establishment of candidate core collections in Chinese common wheat germplasm. Journal of Plant Genetic Resources, 2003, 4(1): 1-8

[16] 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

[17] 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. Acta Agronomica Sinica，2009，35（4）：571-579

［18］ 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，2005，51（8）：845-852

［19］ Coimbra R R，Miranda G V，Cruz C D，Silva D J H，Vilela R A. Development of a Brazilian maize core collection. Genetics Molecular Biology，2009，32（3）：538-545

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

［21］ Kang C W，Kim S Y，Lee S W，Mathur P N，Hodgkin T，Zhou M D，Lee J R. Selection of a core collection of Korean sesame germplasm by a stepwise clustering method. Breeding Science，2006，56（1）：85-91

［22］ 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. Development of a core collection in sunflower（*Helianthus annuus* L.）germplasm using phenotypic diversity. Chinese Journal of Oil Crop Sciences，2021，43（6）：1052-1060

［23］ 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.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

［24］ 张秀荣，冯祥运.芝麻种质资源描述规范和数据标准.北京：中国农业出版社，2006
Zhang X R，Feng X Y. Descriptors and data standard for sesame（*Sesame indicum* L.）. Beijing：China Agriculture Press，2006

［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（4）：57-62
Kong F Z，Yu R C，Xu Z J，Zhou M J. Excel software to calculate biodiversity index. Marine Science，2012，36（4）：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 X R，Zhang Y X，Che Z，Huang B. Genetic diversity characteristics and genetic basis evolution of major sesame varieties in China. Scientia Agricultura Sinica，2009，42（10）：3421-3431

［29］ Cho Y I，Park J H，Lee C W，Ra W H，Chung J W，Lee J R，Ma K H，Lee K S，Lee M C，Park Y J. Evaluation of the genetic diversity and population structure of sesame（*Sesamum indicum* L.）using microsatellite markers. Gene&Genomics，2011，33（2）：187-195

［30］ Dixit A，Jin M H，Chung J W，Yu J W，Chung H K，Ma K H，Park Y J，Cho E G.Development of polymorphic microsatellite markers in sesame（*Sesamum indicum* L.）. Molecular Ecology Notes，2005，5：736-738

［31］ Wei W L，Qi X Q，Wang L H，Zhang Y X，Hua W，Li D H，Lv H X，Zhang X R. Characterization of the sesame（*Sesamum indicum* L.）global transcriptome using illumine paired-end sequencing and development of EST-SSR markers. BMC Genomics，2011，12：451-463

［32］ Zhang H Y，Wei L B，Miao H M，Zhang T D，Wang C Y. Development and validation of genic-SSR markers in sesame by RNA-seq. BMC Genomics，2012，13：316-325

［33］ 孙建，乐美旺，饶月亮，颜廷献，颜小文，周红英.江西芝麻产业现状、限制因素、发展潜力与对策分析.江西农业学报，2010，22（9）：10-15
Sun J，Le M W，Rao Y L，Yan T X，Yan X W，Zhou H Y. Current situation，limiting factors，developmental potential and countermeasures of sesame industry in Jiangxi. Acta Agriculturae Jiangxi，2010，22（9）：10-15

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	CCATTAAATTCTTGCTCCCC	CTGGTCGTATGCAGCATCTT
HS 06	TGAAAAGCTGAGGAAGAGCA	ACAGTGGAGGGAGACGACTT
HS50	GATGGGTTCTTTATGGGGTG	AGAAAAAGCAAAAGGGAGGG
HS53	GAAGCTTGAAGAGAGGAGGG	ATGGAACTTCTCCGATCACC
HS62	ATGATCATGACGACCCTCAA	ATAGCTGGGCAGGCCTTTAT
HS63	CCAATCCTCCTCCATGTTTT	AGGAGAACTCCCCAGCAGTA
HS94	CATGTGTTCTCTCCCACCAC	TCTTGACCATGTTTTCCACC
HS123	CTTCTCCTTTCATTCCCGAG	CAGGAAACCACAACGAAATG
HS137	CCCCACTTTCTCCACTCTGT	CCCCACTTTCTCCACTCTGT
HS183	TTGAAGGCGATGTAGGTCAG	ATCAGCTGCACCAACTCTCA
HS184	CTGGTGATTCAGCCATTTTG	TTGAAGGCGATGTAGGTCAG
HS205	GATGTGATGGTGGTGAGAGC	GCTATGCGTTGAATGAAGAC
HS220	TCATGCCACCTCTCTTTCAG	GAGGGGAGGGACAAGTATCA
HS225	TACTCCTTCCAACCTCACCC	ACCCATGAGCATGAGCATAA
HS259	AAAGCCTCCCATACGATCAC	ACCGACGGAAACAACTAAGC
HS270	TGCCCATGGATTCAATTTTT	CAGAGGTCACCATTGACGAG
HS294	TTTCCCTTTCTCCTCCTTCA	TTTGTCCCCTCCGATAAGAC
ZM08	TCTCTCTCTCTCTCGTTCTTG	CCCACTGTACCTCTCCATATT
ZM22	GCTATGCGTTGAATGAAGAC	CCACTGCACACTACAGTTTTT
ZM43	CTTGGATATCAGTTTCCTGTG	GTTCTCCACAGTCAAAACACT
Sa72	GCAGCAGTTCCGTTCTTG	AGTGCTGAATTTAGTCTGCATAG
Sa108	CCACTCAAAATTTTCACTAAGAA	TCGTCTTCCTCTCTCCCC
Sa182	CCATTGAAAACTGCACACAA	TCCACACACAGAGAGCCC
Sa184	CTGGTGATTCAGCCATTTTG	TTGAAGGCGATGTAGGTCAG
ZHY24	GGGGCACAGAGTGGATGTAG	GGACCATGTAATCCCAGCAC