

## 基于表型和 SSR 分子标记构建芝麻核心种质

刘艳阳<sup>1</sup>, 梅鸿献<sup>1</sup>, 杜振伟<sup>1</sup>, 武轲<sup>1</sup>, 郑永战<sup>1</sup>, 崔向华<sup>2</sup>, 郑磊<sup>3</sup>

(<sup>1</sup>河南省农业科学院芝麻研究中心, 郑州 450002; <sup>2</sup>河南省驻马店市农业科学院, 河南驻马店 463000; <sup>3</sup>河南省漯河市农业科学院, 河南漯河 462300)

**摘要:**【目的】便于管理、研究和利用芝麻种质资源, 为芝麻育种提供优异基因资源。【方法】利用新收集和种质库保存的 5 020 份芝麻种质资源为基础, 首先基于标准化的表型数据按地理来源分组后采用组内比例法聚类抽样构建初级核心种质, 然后基于 SSR 分子标记应用位点优先取样策略逐步聚类, 使用  $t$  检验检测每次聚类形成的核心种质与初级核心种质的 Nei's 基因多样性 ( $H_e$ ) 和 Shannon-Wiener 指数 ( $I'$ ), 直到核心种质的遗传多样性与初级核心种质开始有显著差异时, 终止多次聚类取样, 选择上一个与初级核心资源没有显著差异的核心种质作为最佳核心种质。利用 Nei's 多样性指数、Shannon-Wiener 多样性指数、多态条带百分率 (PB, %)、多态条带保留率 (PBR, %)、变异系数符合率 (VR)、极差符合率 (CR)、方差差异百分率 (VD, %)、均值差异百分率 (MD, %) 等参数进行核心种质代表性检验和评价。【结果】构建了含有 816 份资源的初级核心种质和含有 501 份资源的核心种质, 分别占全部种质资源的 16.25% 和 9.98%; 核心种质包括国内资源 442 份, 国外资源 59 份; Nei's 基因多样性 (0.2789) 和 Shannon-Wiener 指数 (0.4243) 在  $P < 0.05$  概率条件下与初级核心资源 ( $H_e=0.2791$ ,  $I'=0.4302$ ) 无显著性差异, 多态条带百分率 (PB, %)、多态条带保留率 (PBR, %)、变异系数符合率 (VR)、极差符合率 (CR) 分别为 91.25%、95.23%、99.14%、86.85%。方差差异百分率 (VD, %) 和均值差异百分率 (MD, %) 均为 0。  $t$  测验结果表明, 核心种质的遗传多样性指数与原始种质差异不显著。位点优先取样策略构建的核心种质比对照随机取样策略丢失的多态性位点数少, 且同一遗传距离下位点优先取样策略构建的核心种质具有更高的遗传多样性, 更能构建一个具有代表性的核心种质, Shannon-Wiener 多样性指数比 Nei's 多样性指数检测效率高。【结论】基于地理来源分组, 组内按表型数据聚类按比例法抽样构建芝麻初级核心种质, 再结合 SSR 分子标记数据, 采用 SM 相似系数进行 UPGMA 逐步聚类是构建芝麻核心种质较适宜的方法, 所构建的核心种质较好地代表了基础种质的遗传多样性。

**关键词:** 芝麻; 种质资源; 核心种质; 代表性检验

## Construction of Core Collection of Sesame Based on Phenotype and Molecular Markers

LIU YanYang<sup>1</sup>, MEI HongXian<sup>1</sup>, DU ZhenWei<sup>1</sup>, WU Ke<sup>1</sup>, ZHENG YongZhan<sup>1</sup>, CUI XiangHua<sup>2</sup>, ZHENG Lei<sup>3</sup>

(<sup>1</sup>Sesame Research Center, Henan Academy of Agricultural Sciences, Zhengzhou 450002; <sup>2</sup>Zhumadian Academy of Agricultural Sciences, Zhumadian 463000, Henan; <sup>3</sup>Luohe Academy of Agricultural Sciences, Luohe 462300, Henan)

**Abstract:** 【Objective】The objective of this study was to manage, research and utilization of sesame (*Sesamum indicum* L.) germplasm resources more effectively, and to provide excellent genetic resources for sesame breeding. 【Method】In this study, 5 020 accessions of sesame germplasm resources were systematically identified. Firstly, the primary core collections were constructed by using proportion strategy and UPGMA clustering sampling method within subgroups according to geographical origins. Then using

收稿日期: 2017-01-03; 接受日期: 2017-03-09

基金项目: 国家自然科学基金 (31301359)、现代农业产业技术体系建设专项资金 (CARS-15)、河南省基础与前沿技术研究计划 (152300410143, 162300410164)

联系方式: 刘艳阳, E-mail: liuyanyang001@163.com. 梅鸿献, E-mail: meihx2003@126.com. 刘艳阳与梅鸿献为同等贡献作者。通信作者郑永战, E-mail: sesame168@163.com

an allele preferred sampling strategy and stepwise UPGMA clustering sampling approach according to SSR molecular data, these accessions were further screened to form core collections. The Nei's gene diversity ( $H_e$ ) and the Shannon-Wiener index ( $I$ ) of the core collection and the primary one were measured by  $t$ -test. The cluster sampling was terminated until the genetic diversity of the core collection begun to have a significant difference with the primary one. Then the core collections without a significant difference with the primary core collection were chosen as the best core collections. The representativeness of the core collections was assessed by the Nei's diversity index, Shannon-Wiener diversity index, percentage of polymorphic bands, polymorphic band retention, variable rate of coefficient of variation, coincidence rate of range, variance difference percentage and mean difference percentage.

【Result】The primary core collections containing 816 accessions and core collections with 501 accessions were constructed, accounting for 16.25% and 9.98% of the total germplasm resources, respectively. The core collections consist of 442 Chinese landraces and 59 foreign germplasm resources. The core collection with 0.2989 in Nei's diversity index and 0.4243 in Shannon-Wiener diversity index, and did not have a significant difference in molecular diversity with primary core collections ( $H_e=0.2791$ ,  $I=0.4302$ ) at  $P<0.05$ . The percentage of polymorphic loci and reserved rate of number of polymorphic loci, variable rate of coefficient of variation and coincidence rate of range were 91.25%, 95.23%, 99.14%, 86.85%, respectively. Variance difference percentage and phenotypic indexes of mean difference percentage was 0. Results of  $t$ -test showed that no significant difference was found in genetic diversity indexes between the core collections and original collections. Compared with the random sampling strategy, allele preferred sampling strategy could construct more representative core collections with higher values of genetic diversity indexes and fewer loss of allele. The Shannon-Wiener index performed higher identifying efficiency than Nei's diversity index. 【Conclusion】The primary core collections were constructed by using proportion strategy and clustering sampling method within subgroups according to geographical origin, and then using an allele preferred sampling strategy and stepwise UPGMA clustering sampling approach according to SSR molecular data to form core collections, which is a suitable method for constructing sesame core collections. The core collections of sesame are well representative of the original collections in the phenotypic and molecular genetic diversity.

**Key words:** sesame; germplasm resources; core collection; representative test

## 0 引言

【研究意义】芝麻种质资源是芝麻新品种培育及研究重要的物质基础。在国家芝麻产业技术体系支持下,芝麻种质资源评价岗位团队在埃塞俄比亚、印度和中国辽宁、吉林、江苏、安徽、江西、广西、湖南、贵州等省区 110 个县(市)考察,共收集各类芝麻资源 2 000 余份,河南省农业科学院芝麻研究中心已保存有 3 000 余份,目前,资源总数已达 5 210 余份,这是对中国自“六五”以来持续开展的全国性芝麻种质资源考察收集的一个重要补充和丰富。这些宝贵的资源虽然为芝麻遗传改良研究提供了大量的材料,但庞大的资源数量又给保存、评价、鉴定和利用带来了困难。核心种质是以最小的资源数量和遗传重复最大程度地代表整个遗传资源的多样性,它的建立既保证了遗传多样性,又减少了资源数量<sup>[1]</sup>。因此,对保存的芝麻资源建立核心种质是十分迫切和必要的。【前人研究进展】自 FRANKEL 等<sup>[2]</sup>首次提出核心种质(core collection)的概念以来,先后建立了水稻、大豆、小麦等多种农作物的核心种质<sup>[3-5]</sup>。国内外学者对芝麻核心种质构建方面也做了大量研究工作。BISHT 等<sup>[6]</sup>对

印度 3 129 份芝麻种质资源进行研究,构建了包括 343 份的印度芝麻核心种质。ZHANG 等<sup>[7]</sup>采用分层取样策略,依据来源、品种类别、生态类型 3 层将中国国家种质资源库保存的“九五”以前收集的 4 251 份芝麻种质分成 14 组,按 20%的固定比例选取初选核心种质 884 份,采用离差平方和法分组进行系统聚类,依据核心种质数量为初选核心种质 50%的原则,建立了包含 453 份种质的中国芝麻核心种质。明确了中国保存芝麻种质资源的遗传多样性组成和分布,确定了遗传多样性类型和特点。发现了一批重要性状优良种质,通过多点鉴定明确了其利用价值并提供利用。开展了芝麻株高、含油量、芝麻素、芝麻酚林和茎点枯病抗性等重要性状的关联分析研究<sup>[8-14]</sup>。随后,ZHANG 等<sup>[15]</sup>基于表型性状和分子标记评价了中国芝麻核心种质遗传多样性并构建微核心种质 184 份。KANG 等<sup>[16]</sup>对韩国 RDA (Rural Development Administration) 基因库保存的 2 246 份芝麻种质利用离差平方和法进行聚类分析,从 10 个农业生态区各自随机选取 21%的种质构成韩国芝麻核心种质共 475 份(占 21%)。MAHAJAN 等<sup>[17]</sup>对以色列保存的 2 168 份芝麻种质进行了研究,构建了 172 份(占 20%)的芝麻核心种质。PARK 等<sup>[18-19]</sup>

利用 SSR 分子标记对韩国 RDA 基因库中来自 4 个洲 15 个国家的 2 751 份种质随机挑选出 277 份核心种质进行分子遗传多样性和种群结构评价, 聚类结果表明地理位置与种质资源间没有明确的关系。随后, 对 2 751 份芝麻种质资源的 5 个质量性状和 10 个数量性状进行评估, 选出 278 份 (占总数的 10.1%) 作为核心资源。【本研究切入点】国内外关于芝麻核心种质构建主要基于表型或分子数据, 而采用表型与分子数据相结合的方法构建核心种质的研究还鲜见报道。

【拟解决的关键问题】本研究首先基于表型数据按地理来源分组聚类构建初级核心种质, 再利用核心 SSR 分子标记逐步聚类筛选构建核心种质, 并验证核心种质的代表性, 为芝麻种质资源的研究、保存和提高有效利用性奠定基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

河南省农业科学院芝麻研究中心种质库保存芝麻种质资源 5 210 份, 其中 4 700 份来源于中国 23 个省 (市、自治区)、493 份为国外引种、17 份来源不明。本研究是基于均有 18 个表型性状信息数据的 5 020 份资源开展 (电子版附表 1)。

### 1.2 表型性状鉴定

2013—2015 年在河南平舆、驻马店和漯河试验基地分别进行田间种植观察和鉴定。试验采取统一编号, 每份材料种植 2 行, 行长 5 m, 株距 0.2 m, 行距 0.4 m。按照《芝麻种质资源描述规范和数据标准》<sup>[20]</sup> 调查出苗期、成熟期, 株型、叶型、叶色、茎秆茸毛量、叶腋花数、花色、蒴果棱数、茎秆成熟色、裂蒴性。每小区随机取样 5 株, 测量株高、始蒴高度、黄稍尖长、单株蒴数、蒴果长度、蒴粒数、粒色和千粒重。

### 1.3 SSR 标记分析

1.3.1 基因组 DNA 的提取 幼苗期, 采幼嫩叶片 (10 株的混合样), 利用 CTAB 法提取芝麻叶片基因组 DNA, 用 1% 的琼脂糖凝胶电泳检测。DNA 样品置于 -20℃ 备用。

1.3.2 PCR 反应体系及扩增条件 PCR 反应体系为 10 μL, 包括 1.0 μL 基因组 DNA (10 ng·μL<sup>-1</sup>)、1.0 μL Mg<sup>2+</sup> (10 × Buffer)、0.2 μL Taq DNA 聚合酶 (5 U·L<sup>-1</sup>)、0.2 μL dNTPs (10 mmol·L<sup>-1</sup>)、上下游引物各 0.8 μL 和 ddH<sub>2</sub>O 6.0 μL。PCR 反应程序为 95℃ 3 min; 94℃ 30 s, 55℃—62℃ 30 s (视不同引物而定), 72℃ 1 min, 30 个循环; 72℃ 6 min, 4℃ 保存。

1.3.3 SSR 引物筛选及产物检测 从课题组通过全基因组重测序开发及网上发表的 2 000 对 SSR 标记中筛选出 30 对核心 SSR 引物 (电子版附表 2)<sup>[21-24]</sup>, 用于初级核心种质的基因型分析。SSR 标记由生工生物工程 (上海) 股份有限公司合成。扩增产物经 8% 非变性聚丙烯酰胺凝胶分离, 银染检测。

### 1.4 芝麻核心种质构建

1.4.1 初级核心种质构建 聚类分析的表型性状共 18 个。对生育期、株高、腿长、黄稍尖长、单株蒴数、蒴果长度、蒴粒数和千粒重 8 个数值性状进行 10 级分类, 1 级 ≤ X - 2δ, 10 级 > X + 2δ, 中间每级间差 0.5δ, X 为性状平均值, δ 为标准差; 对株型、叶腋花数、蒴果棱数、叶型、叶色、花冠颜色、茎秆茸毛量、裂蒴性、茎秆成熟色和籽粒颜色 10 个描述性状按照电子版附表 3 赋值。参照李自超等<sup>[25]</sup> 的方法, 将供试材料按照地理来源分组, 组内采用标准化的表型数据按比例聚类抽样的方法, 根据聚类图从最低分类的每组二个遗传材料中随机取一个材料进入下一轮聚类, 通过抽样材料和原始材料的表型遗传多样性比较筛选确定芝麻初级核心种质。

1.4.2 核心种质构建 利用 SSR 标记对初级核心种质进行基因型分析, 采用人工读带的方式, 在相同迁移位置上, 有带记为 1, 无带记为 0, 建立 0,1 矩阵。采用 SM 相似性系数估测遗传距离, 根据遗传距离使用 UPGMA 聚类法, 利用 NTSYSpc-2.10e 软件进行聚类分析。采用逐步 UPGMA 聚类取样法构建核心种质, 在最低分类水平的 2 个材料中采用位点优先取样策略, 优先选择具有最多稀有等位基因数的株系进入下一轮聚类。使用 *t* 检验检测每次聚类形成的核心种质与初级核心种质的 Nei's 基因多样性 (*He*) 和 Shannon-Wiener 指数 (*I*), 直到核心种质的遗传多样性与初级核心种质开始有显著差异时, 终止多次聚类取样, 选择上一个与初级核心资源没有显著差异的核心种质作为最佳核心种质<sup>[26]</sup>。

### 1.5 核心种质的评价

借鉴前人研究经验<sup>[27-33]</sup>, 基于表型性状和 SSR 分子标记数据, 选择表型保留比例 (ratio of phenotype retained, RPR)、多态条带百分率 (percentage of polymorphic loci, PB, %)、多态条带保留率 (reserved rate of number of polymorphic loci, PBR, %)、变异系数符合率 (variable rate of coefficient of variation, VR)、极差符合率 (coincidence rate of range, CR)、方差差异百分率 (variance difference percentage, VD,

%) 和均值差异百分率 (phenotypic indexes of mean difference percentage, MD, %) 等参数作为多样性评价指标。参考 LI 等<sup>[34]</sup>、毛钧等<sup>[35]</sup>的计算公式进行计算。

2 结果

2.1 种质资源表型性状统计分析

对供试种质资源 10 个描述性状进行统计分析, 结果表明, 芝麻种质资源中单杆类型和分枝类型分别占供试材料的 52.33%和 47.67%; 叶腋花数以三花为主, 占全部材料的 64.84%, 单花占 35.16%; 89.36%的芝麻资源蒴果棱数为 4 棱, 6 棱、8 棱和混生的资源仅占 10.64%; 叶型以披针形为主, 占全部材料的 50.25%, 柳叶形、椭圆形、卵形和心形叶分别占 14.67%、16.09%、12.23%和 6.76; 叶片颜色以绿色为主, 占全部材料的 74.13%, 浅绿和深绿分别占 8.28%和 17.59%; 籽粒颜色以白色为主, 占全部材料的 54.21%; 其次, 黄色、黑色、浅褐和褐色分别占 13.87%、12.73%、

8.63%和 5.45%, 灰色、乳白、砖红和橄榄绿分别占 1.94%、1.68%、1.39%和 0.10%; 花冠颜色以粉色为主, 占全部材料的 55.81%, 白色、浅紫和紫色花分别占 17.36%、15.26%和 11.52%; 茎秆茸毛量以少茸毛和中等茸毛为主, 分别占全部材料的 36.70%和 30.39%, 无茸毛和多茸毛分别占 19.47%和 13.44%; 裂蒴性以轻裂和裂蒴为主, 分别占全部材料的 53.15%和 46.76%, 不裂蒴的仅占 0.09%; 成熟茎秆色以青绿为主, 占全部材料的 81.78%, 绿黄、黄和紫色的资源分别占 4.60%、8.80%和 1.82%。

通过对芝麻种质资源数值性状进行统计分析 (表 1), 从表中可以看出, 芝麻种质资源数值性状的变异也很丰富, 变异系数的大小顺序为黄稍尖长>单株蒴数>始蒴高度>蒴粒数>千粒重>株高>蒴果长>生育期。变异范围最大的是单株蒴数, 为 9—236 个, 千粒重的变异范围最小, 为 1.82—4.74 g; Shannon-Wiener 指数最大的是始蒴高度, 为 2.08, 蒴果长的 Shannon-Wiener 指数最小, 为 1.92。

表 1 芝麻种质资源数值性状统计分析

Table 1 Statistical analysis of numerical traits of the sesame germplasm resources

特征值 Character indices	生育期 Growth period (d)	株高 Plant height (cm)	始蒴高度 Height of first capsule (cm)	黄稍尖长 Length of invalid apex internodes (cm)	单株蒴数 Capsules per plant	蒴粒数 Seeds per capsule	蒴果长 Capsule length (cm)	千粒重 1000 seed weight (g)
平均值 Mean	87.10	144.13	57.67	7.40	66.40	66.11	2.85	2.70
标准差 SD	4.75	21.36	18.79	4.33	30.79	15.52	0.42	0.46
最小值 Min	52.00	49.60	12.00	0.00	9.00	11.90	1.50	1.82
最大值 Max	98.00	204.00	136.40	34.00	236.00	142.80	4.70	4.74
变异系数 CV(%)	5.46	14.82	32.59	58.49	46.37	23.47	14.81	16.89
Shannon-Wiener 指数 I	1.94	2.04	2.08	1.97	2.00	1.98	1.92	2.06

2.2 芝麻核心种质构建

根据徐海明等<sup>[36]</sup>大群体采用较低的取样比例 (10%—20%) 的原则, 在初级核心种质取样量达到原始种质 16%时, 取样量为 803 份, 表型保留比例达到 97.37%。补充数值性状极值和稀有描述性状变异类型的 13 个材料纳入初级核心种质, 最终构建的芝麻初级核心种质含 816 份, 占种质资源总数的 16.25%, 表型保留比例提高到 100%。

利用河南省农业科学院芝麻研究中心种质资源研究室筛选的 30 对核心 SSR 引物对 816 份初级核心种质进行分析, 使用 NTSYS 软件对初级核心种质材料进行 UPGMA 逐步聚类分析, 随着剔除样品份数的增

多, 核心种质的遗传多样性呈下降趋势。当样品个数降为 500 时, SSR 标记基因型频率的 Nei's 基因多样性变化与初级核心种质未达到显著差异, 而 Shannon-Wiener 多样性指数在 5%概率水平开始出现显著差异, 可见, Nei's 基因多样性对样品数变化没有 Shannon-Wiener 指数敏感。最终确定核心种质的最佳取样量为 501 份样品(表 2), 基因多样性 *He* 为 0.2791, Shannon-Wiener 指数 *I* 为 0.4302, 占全部资源的 9.98%。

2.3 芝麻核心种质的代表性检验

根据 SSR 标记 Shannon-Wiener 指数出现显著差异前后的取样量 501 份和 500 份进行随机取样构建编号为 R-501 和 R-500 的 2 个随机核心种质, 芝麻

聚类核心种质（ZM-501 和 ZM-500）和 2 个随机核心种质（R-501 和 R-500）分别与初级核心种质进行  $t$  检验（表 3）。

从表中数据可以看出，在相同取样量下，随机核心种质的多样性低于聚类核心种质，且与初级核心种

质的遗传多样性差异显著，表明聚类取样优于随机取样；同时在取样量为 501 个样品时，随机取样的 SSR 标记 Shannon-Wiener 指数与初级核心种质差异显著，而聚类取样无显著差异。因此，可认为聚类取样明显优于随机取样。

表 2 芝麻核心种质的来源及数量

Table 2 The origin and number of sesame core collection

来源地	数量	来源地	数量	来源地	数量	来源地	数量
Origin	Number	Origin	Number	Origin	Number	Origin	Number
海南 Hainan	1	山东 Shandong	44	委内瑞拉 Venezuela	1	希腊 Greece	2
广西 Guangxi	16	山西 Shanxi	21	日本 Japan	5	塞内加尔 Senegal	1
广东 Guangdong	7	河北 Hebei	44	土耳其 Turkey	2	马里 Mali	1
云南 Yunnan	1	天津 Tianjin	1	韩国 Korea	2	几内亚 Guinea	1
贵州 Guizhou	2	北京 Beijing	4	巴基斯坦 Pakistan	1	尼日利亚 Nigeria	1
湖南 Hunan	51	内蒙古 Inner Mongolia	1	阿联酋 The United Arab Emirates	2	苏丹 Sudan	1
江西 Jiangxi	44	辽宁 Liaoning	20	孟加拉 Bengal	1	埃塞俄比亚 Ethiopia	10
浙江 Zhejiang	1	吉林 Jilin	18	印度 India	5	索马里 Somalia	1
湖北 Hubei	10	新疆 Xinjiang	1	越南 Vietnam	1	乌干达 Uganda	1
江苏 Jiangsu	26	黑龙江 Heilongjiang	1	缅甸 Burma	2	坦桑尼亚 Tanzania	1
安徽 Anhui	41	美国 America	6	泰国 Thailand	2	莫桑比克 Mozambique	1
陕西 Shaanxi	7	墨西哥 Mexica	5	斯里兰卡 Sri Lanka	1	合计 Total	501
河南 Henan	80	古巴 Cuba	1	前苏联 The Soviet Union	1		

表 3 芝麻核心种质 SSR 遗传多样性  $t$  检验

Table 3  $t$ -test for SSR genetic diversity in core collections of sesame

核心种质	Nei's 基因多样性	平均差	$t$ 值	$P$ 值	Shannon-Wiener	平均差	$t$ 值	$P$ 值
Core collection	$H_e$	Mean difference	$t$ value	$P$ value	指数 $I$	Mean difference	$t$ value	$P$ value
ZM-501	0.2789	-0.0002	-1.2634	0.1062	0.4243	-0.0059	-1.2719	0.1046
ZM-500	0.2787	-0.0004	-1.6201	0.0557	0.4241	-0.0061	-1.7821	0.0404*
R-501	0.2783	-0.0008	1.5974	0.0582	0.4233	-0.0069	1.9891	0.0261*
R-500	0.2780	-0.0011	-1.0549	0.1483	0.4238	-0.0064	-1.9408	0.0290*

初级核心种质 SSR 标记的  $H_e=0.2791$ ,  $I=0.4302$ 。\*表示在 0.05 水平差异显著

For primary core collection by SSR,  $H_e=0.2791$ ,  $I=0.4302$ . \*mean significance at the 0.05 level

为进一步确认基于 SSR 标记构建的芝麻核心种质的代表性，对 SSR 分子标记数据的多态条带数以及生育期、株高、始蒴高度、黄稍尖长、单株蒴数、蒴粒数、蒴果长、千粒重等 8 个数值性状的变异系数、极差、方差、均值进行了统计（表 4 和表 5），并计算各核心种质的多态条带百分率（PB，%）、多态条带保留率（PBR，%）、变异系数符合率（VR）、极差符合率（CR）、方差差异百分率（VD，%）和均值差异百分率（MD，%）。

表 4 芝麻核心种质代表性的分子数据比较

Table 4 Comparison of molecular data for representativeness of core collections of sesame

核心种质	SSR 标记多态条带统计	
Core collection	Polymorphic bands of SSR marker	
	多态条带百分率	多态条带保留率
	PB (%)	PBR (%)
ZM-501	91.25	95.23
R-501	88.23	91.06
初级核心种质	94.92	100.00
Primary core collection		

表 5 芝麻核心种质代表性的表型数据比较  
Table 5 Comparison of morphology data for representativeness of core collection of sesame

核心种质	变异系数	极差	方差差异	均值差异
Core collection	符合率 VR (%)	符合率 CR (%)	百分率 VD (%)	百分率 MD (%)
ZM-501	99.14	86.85	0.00	0.00
R-501	102.13	84.25	0.00	4.76

综上所述，获得的芝麻核心种质 ZM-501 由 501 份材料组成，其中国内资源 442 份，国外资源 59 份，Nei's 基因多样性  $He$  (0.2789) 和 Shannon-Wiener 指数  $I$  (0.4243) 在  $P<0.05$  概率条件下与初级核心资源 (分别为  $He=0.2791$ ,  $I=0.4302$ ) 无显著性差异，而且与全部种质资源均值差异百分率为 0，极差符合率为 86.85%，构建的核心种质能够代表原种质遗传多样性，最终确定基于 SSR 标记数据的 SM 相似系数逐步聚类方法适用于芝麻核心种质的构建。

3 讨论

3.1 芝麻核心种质构建

本研究借鉴前人的研究经验，基于表型性状和 SSR 分子标记数据，对 5 020 份芝麻种质构建了芝麻初级核心种质 816 份 (占全部资源的 16.25%) 和核心种质 501 份 (占全部资源的 9.98%)，并进行了代表性验证。结果表明，按照资源的地理来源分组，组内采用表型按比例聚类取样的方法，构建芝麻初级核心种质；利用 SSR 标记对初级核心种质采用位点优先逐步 UPGMA 聚类取样法构建核心种质，既兼顾表型数据在种质评价中的作用，又准确反映初级核心种质间的差异，适合芝麻核心种质构建。该方法已用于葡萄<sup>[1]</sup>、甘蔗<sup>[26]</sup>、水稻<sup>[27]</sup>、大豆<sup>[37]</sup>和小麦<sup>[38]</sup>的核心种质构建。

核心种质构建中取样比例至关重要。BROWN<sup>[28]</sup>根据中性选择理论推导认为，占整个原始种质资源 5%—10% 的核心种质样品能够代表整个资源 70% 以上的遗传变异。李自超等<sup>[27]</sup>认为取样比例应根据具体物种遗传结构及数量规模状况而定，总资源份数多的物种其核心种质所取比例可小一些，总资源份数较少的物种核心种质所取比例可相对大一些。国内外不同作物构建的核心种质，占原始种质的比例一般为 5%—40%，大多数在 5%—15%<sup>[4,39-40]</sup>。本研究根据使用  $t$  检验检测每次聚类形成的核心种质与初级核心种质的 Nei's 基因多样性 ( $He$ ) 和 Shannon-Wiener 指数 ( $I$ )，

直到核心种质的遗传多样性与初级核心种质开始有显著差异时，终止多次聚类取样，选择上一个与初级核心资源没有显著差异的核心种质作为最佳核心种质，在核心种质遗传多样性的保留程度和代表性上优于固定比例取样法。

3.2 芝麻核心种质构建中分子标记和遗传参数的选择

本研究利用自主开发和网上公布的覆盖全基因组的 2 000 余对 SSR 标记筛选出的 30 对核心 SSR 标记构建的核心种质，较早期 ZHANG 等<sup>[15]</sup>利用表型和从 36 对 SRAP 标记和 10 对 SSR 标记中筛选出的 11 对 SRAP 标记和 3 对 SSR 标记构建芝麻微核心种质在代表性和准确性方面有所提高。对核心种质的评价选择 Shannon-Wiener 指数、Nei's 基因多样性、多态条带百分率、多态条带保留率、变异系数符合率、极差符合率、方差差异百分率和均值差异百分率等参数作为多样性评价指标，发现 SSR 标记基因型频率的 Nei's 基因多样性对样品数变化没有 Shannon-Wiener 指数敏感，这与毛钧等<sup>[35]</sup>的研究结果一致。

3.3 芝麻核心种质的管理和利用

核心种质的建立为加强和实现种质资源的有效管理及开发利用提供了一个十分便利的条件和途径。核心种质建立后，要建立完善的繁种、供种及管理体制，以保证核心种质的有效利用。加强对所构建核心种质的后续评价研究，挖掘资源特异基因；同时加强资源应用研究，建立各类专项核心种质，满足生产、育种对不同资源类型的需要。同时，聚类分析发现，芝麻种质资源并未按其地理来源聚在一起，而国外资源遗传多样性丰富。因此广泛引种，深入研究，对核心种质实时进行动态调整，不断补充新搜集的芝麻种质资源，不断优化核心种质结构、使其遗传变异最大化将更有利于其开发利用。目前，课题组正在利用核心种质开展优异种质、基因的筛选与克隆、重要农艺性状的关联分析及重要性状遗传规律等研究。核心种质的构建将有助于加速芝麻分子生物学相关研究进程。

4 结论

基于地理来源分组，组内按表型数据聚类按比例法抽样构建芝麻初级核心种质，结合 SSR 分子标记数据，采用 SM 相似系数进行 UPGMA 逐步聚类是构建芝麻核心种质较适宜的方法。核心种质包含 501 份芝麻资源，保留了原种质 9.98% 的样品。Nei's 基因多样性 (0.2789) 和 Shannon-Wiener 指数 (0.4243)

在  $P < 0.05$  概率条件下与初级核心资源 ( $He = 0.2791$ ,  $I = 0.4302$ ) 无显著性差异, 多态条带百分率 (PB, %)、多态条带保留率 (PBR, %)、变异系数符合率 (VR)、极差符合率 (CR) 分别为 91.25%、95.23%、99.14%、86.85%。方差差异百分率 (VD, %) 和均值差异百分率 (MD, %) 均为 0。核心种质的遗传多样性指数与原始种质差异不显著, 建立的核心种质具有较好的代表性。

## References

- [1] 郭大龙, 刘崇怀, 张君玉, 张国海. 葡萄核心种质的构建. 中国农业科学, 2012, 45(6): 1135-1143.
- GUO D L, LIU C H, ZHANG J Y, ZHANG G H. Construction of grape core collections. *Scientia Agricultura Sinica*, 2012, 45(6): 1135-1143. (in Chinese)
- [2] FRANKEL O H. *Genetic Perspectives of Germplasm Conservation*. Cambridge: Cambridge University Press, 1984: 161-170.
- [3] 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*, 2010, 122(1): 49-61.
- [4] 邱丽娟, 曹永生, 常汝镇, 周新安, 王国勋, 孙建英, 谢华, 张博, 李向华, 许占有, 刘立宏. 中国大豆核心种质构建及其取样方法研究. 中国农业科学, 2003, 36(12): 1442-1449.
- QIU L J, CAO Y S, CHANG R Z, ZHOU X A, WANG G X, SUN J Y, XIE H, ZHANG B, LI X H, XU Z Y, LIU L H. Establishment of Chinese soybean (*G. max* L.) core collection and sampling strategy. *Scientia Agricultura Sinica*, 2003, 36(12): 1442-1449. (in Chinese)
- [5] BALFOURIER F, ROUSSEL V, STRELCHENKO P, EXBRAYAT-VINSON F, SOURDILLE P, BOUTET G, KOENIG J, RAVEL C, MITROFANOVA O, 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.
- [6] BISHT I S, MAHAJAN R K, LOKNATHAN T R, AGRAWAL R C. Diversity in Indian sesame collection and stratification of germplasm accessions in different diversity groups. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 1998, 45: 325-335.
- [7] ZHANG X R, ZHAO Y Z, CHENG Y, FENG X Y, GUO Q Y, ZHOU M D, HODGKIN T. Establishment of sesame germplasm core collection in China. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 2000(47): 273-279.
- [8] WANG L H, ZHANG Y X, LI P W, WANG X F, ZHANG W, WEI W L, ZHANG X R. HPLC analysis of seed sesamin and sesamolin variation in a sesame germplasm collection in China. *Journal of the American Oil Chemists' Society*, 2012, 89(6): 1011-1020.
- [9] 车卓, 张艳欣, 孙建, 张秀荣, 尚勋武, 王化俊. 应用 SRAP 标记分析黑芝麻核心种质遗传多样性. 作物学报, 2009, 35(10): 1936-1941.
- CHE Z, ZHANG Y X, SUN J, ZHANG X R, SHANG X W, WANG H J. Genetic diversity analysis of black sesame (*Sesamum indicum* DC) core collection of china using SRAP markers. *Acta Agronomica Sinica*, 2009, 35(10): 1936-1941. (in Chinese)
- [10] 车卓, 张艳欣, 孙建, 张秀荣, 尚勋武, 王化俊. 芝麻核心收集品中育成品种(系)的遗传多样性分析. 植物遗传资源学报, 2009, 10(3): 373-377.
- CHE Z, ZHANG Y X, SUN J, ZHANG X R, SHANG X W, WANG H J. Analysis of genetic diversity for cultivars released of sesame core collection. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2009, 10(3): 373-377. (in Chinese)
- [11] 危文亮, 张艳欣, 吕海霞, 王林海, 黎冬华, 张秀荣. 芝麻资源群体结构及含油量关联分析. 中国农业科学, 2012, 45(10): 1895-1903.
- WEI W L, ZHANG Y X, LÜ H X, WANG L H, LI D H, ZHANG X R. Population structure and association analysis of oil content in a diverse set of Chinese sesame (*Sesamum indicum* L.) germplasm. *Scientia Agricultura Sinica*, 2012, 45(10): 1895-1903. (in Chinese)
- [12] 丁霞, 王林海, 张艳欣, 黎冬华, 高媛, 危文亮, 王蕾, 张秀荣. 芝麻核心种质株高构成相关性状的遗传变异及关联定位. 中国油料作物学报, 2013, 35(3): 262-270.
- DING X, WANG L H, ZHANG Y X, LI D H, GAO Y, WEI W L, WANG LEI, ZHANG X R. Genetic variation and associated mapping for traits related to plant height constitutions in core collections of sesame (*Sesamum indicum* L.). *Chinese Journal of Oil Crop Sciences*, 2013, 35(3): 262-270. (in Chinese)
- [13] 王蕾, 黎冬华, 齐小琼, 张艳欣, 丁霞, 王林海, 危文亮, 高媛, 张秀荣. 芝麻核心种质芝麻素和芝麻酚林的关联分析. 中国油料作物学报, 2014, 36(1): 32-37.
- WANG L, LI D H, QI X Q, ZHANG Y X, DING X, WANG L H, WEI W L, GAO Y, ZHANG X R. Association analysis of sesamin and sesamolin in the core sesame (*Sesamum indicum* L.) germplasm. *Chinese Journal of Oil Crop Sciences*, 2014, 36(1): 32-37. (in Chinese)
- [14] 张艳欣, 王林海, 黎冬华, 危文亮, 高媛, 张秀荣. 芝麻茎点枯病抗性关联分析及抗病载体材料挖掘. 中国农业科学, 2012, 45(13): 2580-2591.
- ZHANG Y X, WANG L H, LI D H, WEI W L, GAO Y, ZHANG X R.

- Association mapping of sesame (*Sesamum indicum* L.) resistance to macrophomina phaseolina and identification of resistant accessions. *Scientia Agricultura Sinica*, 2012, 45(13): 2580-2591. (in Chinese)
- [15] ZHANG Y X, ZHANG X R, CHE Z, WANG L H, WEI W L, LI D H. Genetic diversity assessment of sesame core collection in China by phenotype and molecular markers and extraction of a mini-core collection. *BMC Genetics*, 2012, 13: 102.
- [16] 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: 85-91.
- [17] MAHAJAN R K, BISHT I S, DHILLON B S. Establishment of a core collection of world sesame (*Sesamum indicum* L.) germplasm accessions. *Journal of Breeding and Genetics*, 2007, 39(1): 53-64.
- [18] PARK J H, SURESH S, CHO G T, CHOI N G, BAEK H J, LEE C W, CHUNG J W. Assessment of molecular genetic diversity and population structure of sesame (*Sesamum indicum* L.) core collection accessions using simple sequence repeat markers. *Plant Genetic Resources*, 2013, 12(1): 112-119.
- [19] PARK J H, SURESH S, RAVEENDAR S, BAEK H J, KIM C K, LEE S, CHO G T, MA K H, LEE C W, CHUNG J W. Development and evaluation of core collection using qualitative and quantitative trait descriptor in sesame (*Sesamum indicum* L.) germplasm. *Korean Journal of Crop Science*, 2015, 60(1): 75-84.
- [20] 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: 22-37.
- ZHANG X R, FENG X Y. *Descriptor and Data Standard for Sesame* (*Sesamum indicum* L.). Beijing: China Agriculture Press, 2006: 22-37. (in Chinese)
- [21] ZHANG H Y, MIAO H M, WEI L B, LI C, ZHAO R H, WANG C Y. Genetic analysis and QTL mapping of seed coat color in sesame (*Sesamum indicum* L.). *PLoS ONE*, 2013, 8(5): e63898.
- [22] 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.
- [23] WANG L H, ZHANG Y X, QI X Q, GAO Y, ZHANG X R. DEVELOPMENT and characterization of 59 polymorphic cDNA-SSR markers for the edible oil crop *Sesamum indicum* (Pedaliaceae). *American Journal of Botany*, 2012, 99(10): E394-8.
- [24] PHAM T D. Analyses of genetic diversity and desirable traits in sesame (*Sesamum indicum* L., Pedaliaceae): Implication for breeding and conservation[D]. Swedish University of Agricultural Sciences, 2011.
- [25] 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. Studies on the sampling strategy for primary core collection of Chinese ingenious rice. *Acta Agronomica Sinica*, 2003, 29(1): 20-24. (in Chinese)
- [26] 刘新龙, 刘洪博, 马丽, 李旭娟, 徐超华, 苏火生, 应雄美, 蔡青, 范源洪. 利用分子标记数据逐步聚类取样构建甘蔗杂交品种核心种质库. 作物学报, 2014, 40(11): 1885-1894.
- LIU X L, LIU H B, MA L, LI X J, XU C H, SU H S, YING X M, CAI Q, FAN Y H. Construction of sugarcane hybrids core collection by using stepwise clustering sampling approach with molecular marker data. *Acta Agronomica Sinica*, 2014, 40(11): 1885-1894. (in Chinese)
- [27] 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. Study on sampling schemes of core collection of local varieties of rice in Yunnan, China. *Scientia Agricultura Sinica*, 2000, 33(5): 1-7. (in Chinese)
- [28] BROWN A H D. Core collection: a practical approach to genetic resources management. *Genome*, 1989, 31: 818-824.
- [29] ERSKING W, MUEHLBAUER F J. Allozyme and morphological variability, out crossing rate and core collection formation in lentil germplasm. *Theoretical and Applied Genetics*, 1991, 83: 119-125.
- [30] JANSEN J, HINTUM T. Genetic distance sampling: a novel sampling method for obtaining core collections using genetic distances with an application to cultivated lettuce. *Theoretical and Applied Genetics*, 2007, 114: 421-428.
- [31] 胡兴雨, 王纶, 张宗文, 陆平, 张红生. 中国黍稷核心种质的构建. 中国农业科学, 2008, 41(11): 3489-3502.
- HU X Y, WANG L, ZHANG Z W, LU P, ZHANG H S. Establishment of broomcorn millet core collection in China. *Scientia Agricultura Sinica*, 2008, 41(11): 3489-3502. (in Chinese)
- [32] 高志红, 章镇, 韩振海, 房经贵. 中国果梅核心种质的构建与检测. 中国农业科学, 2005, 38(2): 363-368.
- GAO Z H, ZHANG Z, HAN Z H, FANG J G. Development and evaluation of core collection of Japanese apricot germplasms in China. *Scientia Agricultura Sinica*, 2005, 38(2): 363-368. (in Chinese)
- [33] 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, 2011.



- 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. Establishment of *Saccharum spontaneum* L. core collections. *Acta Agronomica Sinica*, 2013, 39(4): 649-656. (in Chinese)
- [34] LI Z C, ZHANG H L, ZENG Y W, YANG Z Y, SHEN S Q, SUN C Q, WANG X K. Studies on sampling schemes for the establishment of core collection of rice landraces in Yunnan, China. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 2002, 49: 67-74.
- [35] 毛钧, 刘新龙, 苏火生, 陆鑫, 林秀琴, 蔡青, 范源洪. 基于表型与分子数据的斑茅核心种质构建. *植物遗传资源学报*, 2016, 17(4): 607-615.
- MAO J, LIU X L, SU H S, LU X, LIN X Q, CAI Q, FAN Y H. Constructing core collection of *Eriacanthus arundianceus* based on phenotype and molecular markers. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2016, 17(4): 607-615. (in Chinese)
- [36] 徐海明, 邱英雄, 胡晋, 王建成. 不同遗传距离聚类 and 抽样方法构建作物核心种质的比较. *作物学报*, 2004, 30(9): 932-936.
- XU H M, QIU Y X, HU J, WANG J C. Methods of constructing core collection of crop germplasm by comparing different genetic distances, cluster methods and sampling strategies. *Acta Agronomica Sinica*, 2004, 30(9): 932-936. (in Chinese)
- [37] 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核心资源的构建. *科学通报*, 2005, 50(10): 989-996.
- ZHAO L M, DONG Y S, LIU B, HAO S, WANG K J, LI X H. Construction of core resources of annual wild soybean (*Glycine soja*) in China. *Chinese Science Bulletin*, 2005, 50(10): 989-996. (in Chinese)
- [38] 董玉琛, 曹永生, 张学勇, 刘三才, 王兰芬, 游光霞, 庞斌双, 李立会, 贾继增. 中国普通小麦初选核心种质的产生. *植物遗传资源学报*, 2003, 4(1): 1-8.
- DONG Y S, CAO Y S, ZHANG X Y, LIU S C, WANG 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. (in Chinese)
- [39] ORTIZ R, RUIZ-TAPIA E N, MUJICA-SANCHEZ A. Sampling strategy for a core collection of *Peruvian quinoa* germplasm. *Theoretical and Applied Genetics*, 1998, 96: 475-483.
- [40] YONEZAWA K, NOMURA T, MORISHIMA H. Sampling strategies for use in stratified germplasm collections//HODGKIN T, BROWN A H D, VAN HINTUM T J L, MORALES E A V. *Core Collections of Plant Genetic Resources*. USA: John Wiley & Son, 1995: 35-53.

(责任编辑 李莉)

附表 1 芝麻种质资源的来源及数量

Schedule 1 The origin and number of sesame germplasm resources

来源地	数量	来源地	数量	来源地	数量	来源地	数量
Origin	Number	Origin	Number	Origin	Number	Origin	Number
海南 Hainan	6	山东 Shandong	437	委内瑞拉 Venezuela	1	希腊 Greece	11
广西 Guangxi	175	山西 Shanxi	216	日本 Japan	46	塞内加尔 Senegal	1
广东 Guangdong	71	河北 Hebei	445	土耳其 Turkey	2	马里 Mali	1
云南 Yunnan	8	天津 Tianjin	7	韩国 Korea	2	几内亚 Guinea	8
贵州 Guizhou	22	北京 Beijing	39	巴基斯坦 Pakistan	1	尼日利亚 Nigeria	2
湖南 Hunan	551	内蒙古 Inner Mongolia	2	阿联酋 The United Arab Emirates	20	苏丹 Sudan	1
江西 Jiangxi	452	辽宁 Liaoning	192	孟加拉 Bengal	10	埃塞俄比亚 Ethiopia	94
浙江 Zhejiang	4	吉林 Jilin	182	印度 India	47	索马里 Somalia	1
湖北 Hubei	95	新疆 Xinjiang	7	越南 Vietnam	3	乌干达 Uganda	1
江苏 Jiangsu	263	黑龙江 Heilongjiang	4	缅甸 Burma	21	坦桑尼亚 Tanzania	3
安徽 Anhui	406	美国 America	44	泰国 Thailand	18	莫桑比克 Mozambique	9
陕西 Shaanxi	65	墨西哥 Mexico	35	斯里兰卡 Sri Lanka	4	来源不祥 Unknown	17
河南 Henan	963	古巴 Cuba	1	前苏联 The Soviet Union	4	合计 Total	5020

附表 2 SSR 引物序列

Schedule 2 The primer sequences of SSR markers

引物 Primer	正向引物序列 Forward primer sequence (5'-3')	反向引物序列 Reverse primer sequence (5'-3')
HSRC311	CACCATGAAATGTTTCAGCAAATAC	CAGATTCAACAGTTTGGAGTGG
HSRC595	GAGACCCCTTTATCCATTCTTGAG	ATCTTGTGGCCCCACCACTAC
HSRC639	GTGATAACATATCCGATTTGTTC	CTTCCTTTCATCACTGTCCCG
HSRC778	GGTCAATTTGCTCCTCCTCT	GACATCATCATTCCTCCCTC
HSRC813	ACATCATTCCTTTTGCTCT	CTGTTTCTCCATCTGCTTCC
HSRC950	CCTTCTCTTCTAAATCTGCC	CACCCTAGTTGTCCATGTTCCCT
HSRC958	CTTCCCTAGCAAACCTCTGT	AGTCTTTCACCCATCCATA
HSRC1059	TCATCGCTGCTTCCACCTTAG	ACATTTGAACCCAATCCCTCC
HSRC1350	TGGAGGGAAGTCATTAAAGCAG	TGGGGTCAAATCAACTCAGCAT
HSRC1482	TTCCGGGTCTAGTTTACTTGTCAT	AGTTCCATTTCTTTGTTGATTGTCT
HSRC1767	AATGAGAAGTGGAGTAATGATGTT	AAGGGTTATGTAGTGTGTTGAG
HSRC1890	CCAAATAGGATTCTACCAGCAAC	TAAGCCCATCTAACTGACCAAC
HSRC2005	TTGGTCCACTTCGACTCTATTA	CCTGGAGTCTCAAAGTGAAAAAC
HSRC2256	ATTGATGCCCTATTTTCTTC	TCAGTTCTAATTTCCGTTTGCTC
HSRC2678	ATAAATACTCCAACGCTCTCC	ACTGTCACATCTTCAACCACC
HSRC2813	ACAGCCGACACAATGTAAAGCAA	AGCACAGAATTCAAAGGCAAAAAG
HSRC3459	CAGGGCGTAGGGTCATTC	GGTTTCTGTGGGGTTGG
HSRC3538	GACCCACCCCAAAATCG	CTCATCAACAGTCACCCCC
HSRC4138	TTCTCTCTCCCTTCTCAAAAC	CATCAATTCACCACCACATCCT
HSRC4345	CTTGACATCGGTCCCTTAC	GCAATGTTGGTGACGGC
HSRC4653	GTCCCACTTTGATAGTTGAGATG	CGAAGAAGGGTTTACTTTCCG
Y1972	CACGGAAGCAGCTCATCAT	CCTGCCGACATGACTACAAC
GBss-sa-72	GCAGCAGTTCCGTTCTTG	AGTGCTGAATTTAGTCTGCATAG
GBssrsa-123	GCAAACACATGCATCCCT	GCCCTGATGATAAAGCCA
SI-ssr30	GATTGCAGAAATTGACACCA	CACTAGGCGAAGAATTCAAGA
ZM1079	GTCTGAGACTCGCTTTCATAA	TTACCAATTTCAAGGGTAGC
ZM1413	ACACACACACACACAATTC	GTAGATTTCCACCTCTCTCT
Hs02	CCATTAAATTCTTGCTCCCC	CTGGTCGTATGCAGCATCTT
Hs94	CATGTGTTCTCTCCACCAC	TCTTGACCATGTTTTCCACC
Hs189	CTCCAACCCCAATAATCAC	GCTTCTGGAGAGGAGATTGC

附表 3 芝麻种质资源描述性状赋值

Schedule 3 Coden designed for descriptive traits in sesame

性状	赋值
Traits	Coden of descriptive traits
株型	1=单杆, 2=分枝
Branching pattern	1= Non branching, 2=Branching
叶腋花数	1=单花, 2=三花, 3=多花
No. of capsules per axil	1= One flower, 2= Three flowers, 3=More than three flowers
蒴果棱数	1=四棱, 2=六棱, 3=八棱, 4=混合
No. of locules per capsule	1= Four, 2= Six, 3= Eight, 4= Mixed
叶型	1=柳叶型, 2=披针形, 3=椭圆形, 4=卵形, 5=心形
Leaf shape	1=Linear, 2=Lanceolate, 3=Elliptic, 4=Ovate, 5=Narrowly cordate
叶色	1=浅绿, 2=绿, 3=深绿
leaf colour	1=Light green, 2=Green, 3=Dark green
花冠颜色	1=白色, 2=粉红色, 3=浅紫色, 4=紫色, 5=栗色
Exterior corolla colour	1=White, 2=Pink, 3=Light purple, 4=Purple, 5=Maroon
茎秆茸毛量	0=无, 3=少, 5=中等, 7=多
Stem hairiness	0=None, 3=Sparse, 5=Medium, 7=Dense
裂蒴性	1=不裂, 2=轻裂, 3=裂
Capsule dehiscence at ripening	1=Non-shattering, 2=Partially shattering, 3=Completely shattering
茎秆成熟色	1=黄, 2=绿, 3=紫绿, 4=紫
Main stem colour	1=Yellow, 2=Green, 3=Purplish green, 4=Purple
籽粒颜色	1=白, 2=乳白, 3=黄, 4=浅褐, 5=褐, 6=砖红, 7=橄榄绿, 8=灰, 9=黑
Seed coat colour	1=White, 2=Cream, 3=Yellow, 4=Light brown, 5=Brown, 6=Brick red, 7=Olive, 8=Grey, 9=Black