

doi:10.3969/j.issn.1002-2481.2024.01.03

山西谷子地方品种微核心种质构建

侯 森, 秦慧彬, 李 萌, 王海岗, 穆志新

(山西农业大学 农业基因资源研究中心/农业部黄土高原作物基因资源与种质创制重点实验室/
杂粮种质资源发掘与遗传改良山西省重点实验室, 山西 太原 030031)

摘要:构建山西谷子地方品种微核心种质,旨在为谷子目标性状精准鉴定与相关候选基因挖掘提供种质基础。在598份山西谷子核心种质的基础上,选取抽穗期、株高、节数、颈长、叶长、叶宽、穗长、穗粗、茎粗、单穗质量、穗粒质量、码数、码粒数、千粒质量和蛋白质含量等15个农艺、品质性状,使用QGASStation软件进行微核心种质构建抽样分析、全基因组重测序技术去除近缘种质,以构建微核心种质。结果表明,山西谷子地方品种微核心种质共包含322份种质资源。微核心种质与原始种质比较结果表明,各性状的均值与方差均没有表现出显著性差异,均值差异百分率与方差差异百分率均为0,极差符合率为98.36%,变异系数变化率为104.19%,遗传多样性指数变化率为94.81%。微核心种质较好地保留了原始种质的遗传变异,具有较高的变异度,同时具备较强的代表性。

关键词:谷子;地方品种;微核心种质;重测序技术;山西

中图分类号:S515 **文献标识码:**A **文章编号:**1002-2481(2024)01-0019-08

Minicore Germplasm Construction of Foxtail Millet Landrace in Shanxi

HOU Sen, QIN Huibin, LI Meng, WANG Haigang, MU Zhixin

(Center for Agriculture Genetic Resources Research, Shanxi Agriculture University/Key Laboratory of Crop Gene Resources and Germplasm Enhancement on Loess Plateau, Ministry of Agriculture/Shanxi Key Laboratory of Genetic Resources and Genetic Improvement of Minor Crops, Taiyuan 030031, China)

Abstract: Construction of minicore germplasm of Shanxi foxtail millet landraces aims to provide germplasm basis for identification of target traits and mining of candidate genes of foxtail millet. In this study, totally 15 agronomic and quality traits of 598 core germplasm of foxtail millet in Shanxi were used, including heading date, plant height, stem node number, neck length, leaf length, leaf width, panicle length, diameter of panicle, diameter of main stem, panicle weight, grain weight per panicle, branch number per panicle, grain number per branch, 1000-grain weight, and protein content. QGASStation software was used to conduct sampling analysis of minicore germplasm construction, whole genome resequencing technology for removing closely related germplasm to construct minicore germplasm. The results showed that the minicore germplasm of foxtail millet landrace in Shanxi contained 322 accessions. The comparative results between minicore germplasm and original germplasm showed no significant difference in the mean value and the variance of the traits. The mean value difference(MD) and the variance difference(VD) were 0, the range coincidence rate(CR) was 98.36%, the coefficient of variation change rate(VR) was 104.19%, and the genetic diversity index change rate(GR) was 94.81%. The minicore germplasm retained the genetic variation of the original germplasm, and had a strong variation and representativeness.

Key words: foxtail millet; landrace; minicore germplasm; resequencing technology; Shanxi

谷子(*Setaria italica*)起源于我国,是人类最早驯化的农作物之一^[1],是我国北方干旱、半干旱地区的重要杂粮作物,粮饲兼用,具有耐旱、耐贫瘠、适应性强等优点。山西及其周边地区是我国禾谷类杂粮的富集中心,其中山西谷子地方品种数居全国第一位,占全国的26.2%^[2]。山西省南北横跨6个纬度,谷子种植区包含春播早熟区、春播中熟区、春

播晚熟区和夏播区,多样的生态类型孕育出丰富的谷子资源^[3]。谷子具有较小的基因组,自花授粉且生育期较短,是十分理想的C4模式作物^[4-5]。随着谷子基因组测序工作的深入,通过关联分析深度挖掘谷子复杂性状相关候选基因的工作逐渐展开,群体构建合理性及性状鉴定精准度将直接影响关联分析的效力^[6-7]。

收稿日期:2023-11-13

基金项目:山西农业大学博士科研启动项目(2021BQ118);山西省博士毕业生来晋工作科研项目(SXBYKY2022075)

作者简介:侯 森(1990-),男,山西大同人,助理研究员,博士,主要从事作物遗传育种研究工作。

对作物目标性状进行鉴定评价的第一步是构建合适的材料群体。核心种质是从原始种质中筛选出的种质群体,以较少种质数量最大限度保留原始种质群体的遗传多样性^[8-9]。丰富的原始种质资源是筛选核心种质的前提。陆平^[10]考察收集、引进谷子和高粱种质 3 000 余份,编目入库谷子和高粱及稀有作物种质 7 000 余份,编著《中国谷子品种志(1986—2010年)》、《谷子种质资源描述规范和数据标准》等著作,丰富了谷子研究种质基础,明确了谷子性状鉴定标准。李国营等^[11]从 2 057 份谷子初级核心种质中随机选取 439 份作为研究对象,比较了不同生态种植区对谷子生育酚含量的影响。温琪汾等^[12]对山西省收集保存的 5 000 余份谷子地方品种进行初步筛选,去除同名同种、异名同种等种质后保留其中 3 761 份作为筛选种质并进行了田间抗旱鉴定,筛选出 58 份抗旱且丰产的优异种质。王海岗等^[13]依据农艺性状通过聚类后随机抽取结合多样性指数检测的方法,从 5 600 余份山西谷子地方种质资源中筛选出 638 份作为初选核心种质,初选核心种质与原始种质的极差符合率为 87.4%,变异系数变化率为 102.0%,能够较好的代表原始种质。完全随机的抽取可能会导致抽取种质的遗传多样性不佳,初级核心种质的群体大小对于发掘目标性状相关基因的关联分析工作仍显庞大,需要结合农艺性状进行筛选以提高筛选种质的多样性和代表性,并在不影响关联准确度的同时尽可能减少筛选种质的数量,以提高关联分析效率。

微核心种质是核心种质的代表性子集,代表原始种质遗传多样性的同时进一步精简资源数量^[14-15]。烟草中以 446 份烟草核心种质为基础,利用 SSR 引物进行遗传多样性分析,通过简单比例法和比例法筛选构建了 127 份烟草的微核心种质,并对微核心种质的株高等 12 个植物学性状进行了遗传效应分析^[16]。黍稷中对 636 份核心种质进行遗传多样性分析后,利用次级聚类群体随机抽样的方法构建了含 253 份黍稷的微核心种质,并对微核心种质的遗传多样性进行了评价^[17]。大豆中利用微核心种质与地方品种杂交和回交,后代的抗倒伏、抗病等性状得到了有效改良^[18]。蚕豆中对来自国内外的 1 075 份初级核心种质进行了筛选,通过基于 SSR 标记的遗传多样性分析获得包含 129 份国内和 63 份国外资源的微核心种质^[19]。微核心种质对作物育种研究具有重要的意义,构建山西谷子地方品种微核心种质,旨在为谷子遗传育种

改良、资源鉴定保护等工作提供一定理论支撑。

1 材料和方法

1.1 试验材料

598 份山西谷子地方品种核心种质收集自山西各地市(表 1),数据来源于山西农业大学农业基因资源研究中心谷子种质资源数据库^[20]。

表 1 供试山西谷子地方品种来源分布
Tab.1 Distribution of Shanxi foxtail millet landrace resources for testing

来源 Origin	主要生态区 Main ecological region	数量/份 Quantity	占比/% Ratio
大同市 Datong	春播早熟区	92	15.4
朔州市 Shuozhou	春播早熟区	16	2.7
吕梁市 Lvliang	春播中熟区	70	11.7
阳泉市 Yangquan	春播中熟区	17	2.8
忻州市 Xinzhou	春播中熟区、春播晚熟区	45	7.5
太原市 Taiyuan	春播晚熟区	27	4.5
长治市 Changzhi	春播晚熟区	72	12.0
晋中市 Jinzhong	春播晚熟区、夏播区	195	32.6
临汾市 Linfen	夏播区	36	6.0
晋城市 Jincheng	夏播区	13	2.2
运城市 Yuncheng	夏播区	15	2.5
合计 Total		598	100

1.2 试验方法

1.2.1 农艺性状调查 供试材料于 2017—2019 年在山西农业大学东阳试验基地种植,采取普通大田管理措施。参照《谷子种质资源描述规范和数据标准》对抽穗期、株高、节数、颈长、叶长、叶宽、穗长、穗粗、茎粗、单穗质量、穗粒质量、码数、码粒数、千粒质量、蛋白质含量 15 个性状进行调查测定^[20]。

1.2.2 DNA 提取 供试材料生长至抽穗期时取倒二叶,液氮速冻后-80℃保存。采用 CTAB 法提取 DNA,通过酶标仪测定 DNA 浓度后-20℃保存。对质检合格的 DNA 进行全基因组重测序。

1.2.3 微核心种质构建 利用各性状数据,通过最短距离法进行聚类,通过多次聚类随机取样法对供试材料进行取样,构建微核心种质。

1.3 统计分析

使用 EXCEL 2019 软件进行描述统计分析 with 遗传多样性指数计算。使用 QGASation 软件进行微核心种质构建抽样分析^[21]。

2 结果与分析

2.1 谷子农艺与品质性状

鉴定了抽穗期(HD)、株高(PH)、节数(SNN)、

颈长(NL)、叶长(LL)、叶宽(LW)、穗长(PL)、穗粗(PD)、茎粗(SD)、单穗质量(PW)、穗粒质量(GWP)、码数(BNP)、码粒数(GNB)、千粒质量(GW)与成

熟籽粒蛋白质(PC)含量15个农艺与品质性状。其中,穗粒质量的变异系数最大(24.53%),蛋白质含量的变异系数最小(5.76%)(表2)。

表2 山西谷子地方品种农艺与品质性状描述统计
Tab.2 Statistical description of agronomic and quality traits in Shanxi foxtail millet landraces

性状 Trait	极小值 Min	极大值 Max	均值 Mean	标准差 SD	变异系数/% CV	性状 Trait	极小值 Min	极大值 Max	均值 Mean	标准差 SD	变异系数/% CV
HD/d	47.00	80.00	64.14	5.29	8.25	SD/cm	0.50	0.99	0.78	0.07	8.33
SNN	8.40	15.93	12.29	1.16	9.44	PW/g	5.43	38.63	22.05	5.16	23.41
PH/cm	66.20	154.33	113.22	15.39	13.59	GWP/g	3.65	31.05	17.65	4.33	24.53
NL/cm	20.40	56.20	36.18	5.80	16.03	BNP	63.07	178.13	115.61	20.04	17.33
LL/cm	31.07	57.20	43.02	4.47	10.38	GNB	24.20	130.10	78.70	14.97	19.02
LW/cm	1.89	3.43	2.71	0.22	8.01	GW/g	2.21	4.13	3.14	0.32	10.21
PL/cm	15.07	39.67	27.44	4.47	16.30	PC/%	10.63	14.57	12.27	0.71	5.76
PD/cm	1.55	3.50	2.47	0.33	13.39						

2.2 微核心种质筛选

利用QGASStation软件中的种质资源库构建功能,通过15个农艺与品种性状对598份原始种质进行取样,在抽样比率为65%时,以多次聚类随机取样法共抽取388份种质资源。依据谷子原始核心

种质通过重测序数据获得的亲缘关系结果,对抽取种质中亲缘关系最近的两材料间随机剔除1份,群体大小得到进一步压缩,最终获得包含322份种质资源的山西谷子地方品种微核心种质(表3)。

表3 山西谷子微核心种质及来源地
Tab.3 Minicore germplasm and the origin of Shanxi foxtail millet landraces

编号 Number	种质名称 Name	来源 Origin	编号 Number	种质名称 Name	来源 Origin	编号 Number	种质名称 Name	来源 Origin
1	紫谷	大同市平城区	24	小白谷	大同市灵丘县	47	知州谷	吕梁市中阳县
2	黄碱谷	大同市平城区	25	谷龙爪粘谷	大同市广灵县	48	小谷子	晋中市太谷区
3	小黄谷	大同市平城区	26	青软谷	朔州市山阴县	49	红草谷	太原市阳曲县
4	黄钱串	大同市阳高县	27	狼尾巴粘谷	大同市广灵县	50	紫秆谷	晋中市平遥县
5	毛白谷	朔州市山阴县	28	山谷	忻州市繁峙县	51	紫根黄	太原市阳曲县
6	白油沙	大同市平城区	29	齐头黄	忻州市河曲县	52	玉皇谷	吕梁市离石区
7	老皮红	大同市广灵县	30	红芍药	忻州市忻府区	53	触地黄	晋中市寿阳县
8	寿阳黄	朔州市朔城区	31	铁卜罗	忻州市定襄县	54	大黄谷	吕梁市汾阳市
9	本院茬	大同市天镇县	32	六棱谷	忻州市繁峙县	55	孟县谷	晋中市榆次区
10	大同红谷	大同市广灵县	33	女儿胖	忻州市繁峙县	56	九格楞	晋中市昔阳县
11	毛梁谷	朔州市山阴县	34	称锤红	忻州市偏关县	57	长寿谷	晋中市寿阳县
12	二紫谷	朔州市山阴县	35	小红谷	忻州市静乐县	58	三杆旗	晋中市介休市
13	红腿谷	大同市平城区	36	黄软谷	忻州市繁峙县	59	猪屎谷	晋中市榆社县
14	二玉皇	大同市广灵县	37	石榴粘谷	忻州市五台县	60	娥阳谷	吕梁市交城县
15	白谷子	大同市阳高县	38	球沙硬谷	吕梁市临县	61	大对着谷	吕梁市交城县
16	黄大谷	大同市阳高县	39	宁武谷	吕梁市离石区	62	铁巴其	晋中市榆社县
17	小毛谷	大同市阳高县	40	一拳三	晋中市昔阳县	63	竹叶青2	晋中市榆社县
18	黑大青谷	大同市阳高县	41	小孟县谷	晋中市和顺县	64	黑谷子	吕梁市汾阳市
19	霸王鞭	大同市浑源县	42	腰谷	晋中市寿阳县	65	一拳三	晋中市昔阳县
20	竹叶青	大同市灵丘县	43	铁鞭杆谷	阳泉市郊区	66	小黄谷	晋中市昔阳县
21	大红黄谷	大同市广灵县	44	丫丫贴黄	晋中市寿阳县	67	小红谷	吕梁市汾阳市
22	油沙白	大同市灵丘县	45	牛毛黄	阳泉市郊区	68	白支安青	晋中市平遥县
23	油沙白	大同市灵丘县	46	代州谷	吕梁市临县	69	大羊角	吕梁市中阳县

续表 3 山西谷子微核心种质及来源地
Tab.3(Continued) Minicore germplasm and the origin of Shanxi foxtail millet landraces

编号 Number	种质名称 Name	来源 Origin	编号 Number	种质名称 Name	来源 Origin	编号 Number	种质名称 Name	来源 Origin
70	大黄谷	晋中市榆社县	115	珠沙软谷	吕梁市临县	160	二白软谷	朔州市应县
71	毛尖谷	太原市阳曲县	116	红小谷	吕梁市临县	161	垆谷	朔州市应县
72	毛黄谷	晋中市左权县	117	晋汾 13 号	吕梁市汾阳市	162	辽东黄	大同市左云县
73	红安老	晋中市平遥县	118	白杆谷	晋城市阳城县	163	紫杆谷	大同市左云县
74	临秋变	晋中市介休市	119	黄谷	晋城市陵川县	164	山岭红	朔州市右玉县
75	一耳侧	晋中市平遥县	120	三变黄	长治市武乡县	165	多穗谷	朔州市山阴县
76	白流沙	晋中市左权县	121	六十日黄	长治市屯留县	166	繁良 1 号	忻州市繁峙县
77	翟老婆 1	晋中市和顺县	122	双挂印	长治市屯留县	167	五寨谷	忻州市原平市
78	东和谷	阳泉市平定县	123	圪垛棒	晋城市沁水县	168	黑谷	忻州市原平市
79	一窝蛇	阳泉市盂县	124	麦种长	长治市平顺县	169	海福混	忻州市定襄县
80	紫根白	晋中市寿阳县	125	媳妇糙	长治市平顺县	170	白林寨	忻州市定襄县
81	砖灰谷	晋中市寿阳县	126	河南糙	长治市壶关县	171	河不死	阳泉市盂县
82	四脂红	晋中市榆次区	127	娥秩谷	长治市武乡县	172	临秋变	阳泉市盂县
83	赶牛鞭	晋中市灵石县	128	糙黄谷	长治市潞城市	173	牛毛黄	太原市阳曲县
84	四杆旗	吕梁市孝义市	129	老来变	长治市长子县	174	狼尾巴	阳泉市平定县
85	猪屎软谷	吕梁市离石区	130	长象白	长治市襄垣县	175	七十六谷	阳泉市平定县
86	大白谷	晋中市榆次区	131	八一黄	长治市屯留县	176	寿阳黄	太原市阳曲县
87	白流沙	太原市阳曲县	132	小白米谷	长治市平顺县	177	坡地红	太原市阳曲县
88	穗谷子	晋中市介休市	133	红软谷	长治市武乡县	178	无毛软谷	太原市万柏林区
89	马美角	晋中市介休市	134	大白谷	长治市潞城市	179	向阳 10	太原市万柏林区
90	中对则	吕梁市临县	135	白母鸡咀	长治市屯留县	180	红流沙	太原市万柏林区
91	大黄毛谷	晋中市灵石县	136	病数谷	晋中市孝义市	181	东黄谷	晋中市榆次区
92	九根支	晋中市太谷区	137	小黄谷	长治市襄垣县	182	白米谷	晋中市榆次区
93	圪了腰	晋中市和顺县	138	不断青	晋城市陵川县	183	四指红	晋中市榆次区
94	尖穗白谷	晋中市左权县	139	死把苗	长治市沁县	184	小砖灰	晋中市寿阳县
95	三变脸	晋中市左权县	140	小红谷	长治市平顺县	185	大砖灰	晋中市寿阳县
96	气死牛	晋中市和顺县	141	七月黄小谷子	长治市沁源县	186	白苗黄谷	晋中市寿阳县
97	三杆旗	晋中市灵石县	142	小黄谷	大同市天镇县	187	满堂红	晋中市寿阳县
98	小临秋变	吕梁市离石区	143	白毛梁谷	大同市天镇县	188	76 谷	晋中市寿阳县
99	软谷	晋中市昔阳县	144	红谷子	大同市天镇县	189	黑皮谷	晋中市昔阳县
100	三变化	太原市阳曲县	145	青谷子	大同市天镇县	190	小红粘	晋中市和顺县
101	黑软谷	晋中市灵石县	146	黄糕谷	大同市阳高县	191	白苗谷	晋中市和顺县
102	狗尾巴软谷	吕梁市中阳县	147	白油沙	大同市大同县	192	石榴谷	晋中市和顺县
103	佛手谷	吕梁市汾阳市	148	进军曲	大同市南郊区	193	老白谷	晋中市和顺县
104	连谷	晋中市平遥县	149	肥选 3 号	大同市南郊区	194	红苗毛谷	晋中市和顺县
105	猪咀谷	阳泉市盂县	150	二赶牛鞭	大同市广灵县	195	瞎老婆	晋中市和顺县
106	老百年	晋中市和顺县	151	小白谷	大同市广灵县	196	一丈黄	晋中市和顺县
107	海鸭腿	吕梁市兴县	152	三变化	大同市广灵县	197	母鸡嘴	晋中市左权县
108	马兵红	吕梁市兴县	153	大凉谷	大同市广灵县	198	华山谷	晋中市左权县
109	七月黄	吕梁市岚县	154	齐头黄谷	大同市广灵县	199	竹叶青	晋中市左权县
110	灰良谷	吕梁市兴县	155	鸡腿红	大同市广灵县	200	红谷	晋中市左权县
111	白地黄	吕梁市兴县	156	金龙瓜巴色	大同市广灵县	201	老来白	晋中市左权县
112	红杆线谷	吕梁市兴县	157	金良谷	大同市广灵县	202	老来白谷	晋中市左权县
113	称锤白谷	吕梁市兴县	158	秋露白	大同市广灵县	203	侏谷	晋中市左权县
114	大黄谷	吕梁市方山县	159	山东红	大同市灵丘县	204	铁条谷	晋中市左权县

续表3 山西谷子微核心种质及来源地
 Tab.3(Continued) Minicore germplasm and the origin of Shanxi foxtail millet landraces

编号 Number	种质名称 Name	来源 Origin	编号 Number	种质名称 Name	来源 Origin	编号 Number	种质名称 Name	来源 Origin
205	黄谷	晋中市左权县	245	七月黄谷	长治市沁县	285	大同黄	晋中市寿阳县
206	猫蹄谷	晋中市左权县	246	马长疆	长治市沁源县	286	白苗黄谷	晋中市左权县
207	黑铁边	晋中市左权县	247	小红谷	长治市沁源县	287	朱砂红谷	晋中市平遥县
208	红金极	晋中市太谷区	248	二条红	长治市黎城县	288	糙谷	晋中市平遥县
209	谷子	晋中市太谷区	249	小灰谷	长治市黎城县	289	白料角软谷	吕梁市石楼县
210	软谷	晋中市太谷区	250	紫杆良	长治市黎城县	290	优质18号	吕梁市汾阳市
211	晋谷21号	吕梁市汾阳市	251	紫苗齐头	长治市黎城县	291	特早7号	吕梁市汾阳市
212	高灯谷	晋中市太谷区	252	红周谷	长治市长子县	292	大红袍	吕梁市汾阳市
213	大红袍	晋中市祁县	253	小白谷	长治市平顺县	293	88-56	长治市谷子所
214	三黄谷	晋中市祁县	254	羊毛糙	长治市平顺县	294	黑选1号	太原市小店区
215	驴缰绳	晋中市祁县	255	金棒锤	长治市平顺县	295	鉴23	吕梁市汾阳市
216	黄金谷	晋中市祁县	256	猫蹄软谷	长治市平顺县	296	鉴37	吕梁市汾阳市
217	粮谷	晋中市祁县	257	九根青谷	晋城市高平市	297	鉴38号	吕梁市汾阳市
218	小白谷	晋中市平遥县	258	紧密黑黄穗	临汾市蒲县	298	94-27	吕梁市汾阳市
219	白秆草黄谷	晋中市平遥县	259	五叉软谷	临汾市古县	299	软软谷	运城市夏县
220	白流沙	晋中市平遥县	260	圪垛凹	临汾市古县	300	谷子	运城市夏县
221	红腿山东谷	晋中市平遥县	261	灰谷	临汾市安泽县	301	老白谷	运城市绛县
222	青谷	晋中市平遥县	262	红酒谷	临汾市安泽县	302	白谷子	晋城市陵川县
223	硬地谷	晋中市平遥县	263	刀把齐	临汾市安泽县	303	谷子	运城市夏县
224	黑软谷	晋中市平遥县	264	一层黄	临汾市浮山县	304	爪爪谷	运城市夏县
225	黑硬谷	晋中市平遥县	265	小绳白谷	临汾市浮山县	305	油绿谷子	大同市天镇县
226	晋谷21号	吕梁市汾阳市	266	大毛谷	临汾市尧都区	306	红谷	大同市天镇县
227	鹤鹑谷	晋中市平遥县	267	小洋谷	临汾市翼城县	307	小白谷子	大同市天镇县
228	爪爪谷	晋中市介休市	268	毛谷	临汾市翼城县	308	黄谷	大同市浑源县
229	毛尖谷	晋中市介休市	269	佛手软谷	临汾市翼城县	309	小软谷	晋城市陵川县
230	白爪爪软谷	晋中市介休市	270	小红谷	临汾市曲沃县	310	黄腿腿	大同市左云县
231	红青谷	晋中市介休市	271	黄谷	临汾市曲沃县	311	红杆谷	大同市广灵县
232	高秆白毛谷	晋中市介休市	272	大头毛谷	临汾市大宁县	312	小白流沙	吕梁市孝义市
233	紫秆软谷	晋中市介休市	273	小红谷	临汾市吉县	313	红流沙	吕梁市柳林县
234	露米黄	晋中市介休市	274	七月谷	临汾市乡宁县	314	尺八量	吕梁市孝义市
235	人人爱	晋中市灵石县	275	尺八量	临汾市乡宁县	315	红珠沙	吕梁市孝义市
236	红谷	晋中市灵石县	276	把子谷	临汾市乡宁县	316	达谷	忻州市五台县
237	黄熟谷	晋中市灵石县	277	鸡爪谷	运城市垣曲县	317	阳谷1号	忻州市原平市
238	墁底湾	晋中市灵石县	278	黄谷	运城市平陆县	318	沁州黄	忻州市原平市
239	红熟谷	吕梁市岚县	279	黄软谷	运城市平陆县	319	文水谷	忻州市定襄县
240	沁州谷	吕梁市兴县	280	六十天小谷	运城市盐湖区	320	软谷	忻州市定襄县
241	密腊黄	吕梁市文水县	281	黄单子谷	大同市平城区	321	白草谷	忻州市忻府区
242	福手软小谷	吕梁市汾阳市	282	青选73-1	朔州市怀仁县	322	六寸谷	忻州市静乐县
243	九杆旗	吕梁市孝义市	283	金点鱼	忻州市繁峙县			
244	白软谷	长治市武乡县	284	东农1-02	忻州市五台县			

微核心种质与原始种质之间,各性状的均值与方差在 $P=0.05$ 水平上均没有差异显著性。微核心种质与原始种质相比,均值差异百分率(MD)与方差差异百分率(VD)均为0,遗传多样性指数变化

率(GR)为94.81%,表明微核心种质较好地保存了原始种质的遗传变异。极差符合率(CR)为98.36%,表明微核心种质在保留原始种质结构的同时具有较高的变异度。变异系数变化率(VR)为104.19%,

表明微核心种质在具有较高变异度的同时具备较强的代表性(表4)。

表4 微核心种质与原始种质对比
Tab.4 Comparison between minicore germplasm and original germplasm

性状 Trait	种质群体 Group	均值 Mean	P值 P value	方差 Var	P值 P value	极差 Range	变异系数/% CV	遗传多样性指数 H'
HD/d	原始种质	64.14	0.933	28.00	0.476	33.00	8.25	4.10
	微核心种质	64.17		30.16		31.00	8.56	4.06
SNN	原始种质	12.29	0.646	1.35	0.596	7.53	9.44	4.22
	微核心种质	12.33		1.42		7.20	9.65	4.16
PH/cm	原始种质	113.22	0.970	236.86	0.864	88.13	13.59	6.01
	微核心种质	113.26		236.18		88.13	13.57	5.55
NL/cm	原始种质	36.18	0.870	33.65	0.766	35.80	16.03	5.53
	微核心种质	36.25		35.83		35.80	16.51	5.26
LL/cm	原始种质	43.02	0.835	19.94	0.716	26.13	10.38	5.32
	微核心种质	43.09		21.22		26.13	10.69	5.06
LW/cm	原始种质	2.71	0.604	0.05	0.070	1.54	8.01	4.76
	微核心种质	2.72		0.06		1.41	8.63	4.69
PL/cm	原始种质	27.44	0.869	20.00	0.288	24.60	16.30	5.37
	微核心种质	27.50		21.76		23.20	16.97	5.11
PD/cm	原始种质	2.47	0.750	0.11	0.169	1.95	13.39	5.54
	微核心种质	2.48		0.12		1.95	13.99	5.23
SD/cm	原始种质	0.78	0.668	0.00	0.324	0.48	8.33	4.31
	微核心种质	0.79		0.00		0.48	8.75	4.25
PW/g	原始种质	22.05	0.826	26.66	0.287	33.20	23.41	6.33
	微核心种质	22.13		29.68		33.20	24.61	5.75
GWP/g	原始种质	17.65	0.865	18.75	0.242	27.40	24.53	6.32
	微核心种质	17.70		20.98		27.40	25.87	5.73
BNP	原始种质	115.61	0.530	401.40	0.438	115.07	17.33	6.06
	微核心种质	116.50		432.07		115.07	17.84	5.57
GNB	原始种质	78.70	0.939	224.16	0.318	105.90	19.02	6.01
	微核心种质	78.62		248.04		105.90	20.03	5.56
GW/g	原始种质	3.14	0.479	0.10	0.198	1.91	10.21	5.15
	微核心种质	3.13		0.12		1.91	11.01	4.99
PC/%	原始种质	12.27	0.868	0.50	0.614	3.94	5.76	5.94
	微核心种质	12.28		0.53		3.93	5.93	5.47

3 结论与讨论

种质资源是农业的芯片,是作物育种的基础。发掘优异基因资源,是作物遗传改良与种质高效利用的重要途径。山西谷子种质资源丰富,构建微核心种质,在保存遗传多样性的同时尽量去除冗余,对谷子种质资源鉴定评价和基因资源挖掘有着重要意义。近年来,随着基因组测序研究的深入,各作物中广泛开展了基于全基因组关联分析(GWAS)的候选基因挖掘工作^[22,6]。针对产量、耐逆性、抗病性等由多基因控制的复杂农艺性状,全基因组关联分析是挖掘相关候选基因的有力方法^[23]。影响全

基因组关联分析效力的主要因素有群体结构、性状鉴定准确性、分子标记密度和关联模型4个方面^[24]。群体结构既要保证种质资源丰富度和遗传多样性,同时还要兼顾群体大小,过于庞大的群体对前期目标性状鉴定和后期关联分析都会造成很大的压力,从原始种质中筛选出微核心种质进行研究是合理的解决途径。

原始种质资源的丰富程度决定着微核心种质的质量,原始种质遗传背景广泛、遗传多样性丰富有利于微核心种质特异性、代表性和遗传多样性的保持。胡兴雨等^[25-26]对国家种质资源库中收集保存的8000余份黍稷种质资源的株高等11个农艺性

状进行了主成分分析和聚类分析,分为5大群组并各有一定的形态学特征,依据地理来源将黍稷资源分为23组,每组内在11个农艺性状聚类的基础上按比例法取样,构建了包含780资源的初选核心种质,为黍稷育种研究筛选了良好的研究种质。山西省于20世纪50年代进行了第1次大规模的谷子种质资源征集,共征集到谷子地方品种和农家种2600余份,20世纪80年代进行了第2次补充征集,共征集到各类谷子种质资源4200余份^[27]。近年来,开展的第3次全国农作物种质资源普查行动进一步丰富了山西省的谷子种质资源,多代种质资源人的薪火相传不懈努力,为作物育种研究打下了坚实的种质基础。

构建微核心种质通常对原始种质的身份信息与农艺性状等数据进行分析,依据种质类型、种质来源、生态区域和农艺性状等进行分组,聚类分析后在组内抽取核心样品,组建微核心种质。聚类方法有最短距离法、最长距离法、中间距离法、重心法、可变法、类平均法、离差平方和法等,取样方法有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等^[28]。采用最短距离法聚类,多次聚类随机取样法取样是核心种质构建的常用策略^[29]。在前人构建辣椒核心种质库的研究中对多种方法进行比较,最短距离法聚类的极差符合率(CR)为100%,同时具有最高的变异系数变化率(VR),保留原始资源遗传结构的同时具有较高的变异度;多次聚类随机取样法取样的极差符合率(CR)为100%,均值差异百分率(MD)为0,方差差异百分率(VD)同样最小,较好地保留了原始资源的遗传变异^[30]。另一项构建粳稻核心种质的研究中,则认为偏离度取样法优于优先取样法和随机取样法,聚类方法最好的是最短距离法和可变类平均法^[31]。在具体分析中需将筛选出的种质与原始种质进行比较,通过均值差异百分率(MD)、方差差异百分率(VD)、极差符合率(CR)和变异系数变化率(VR)等指标评价筛选结果^[32]。本研究中微核心种质的MD、VD、CR和VR分别为0、0、98.36%和104.19%,其中均值差异百分率(MD)小于20%,变异系数变化率(VR)大于80%,能够较好地代表原始种质的遗传变异。

本研究对598份山西谷子地方品种核心种质进一步筛选,利用抽穗期、株高、穗粒质量、蛋白质含量等15个农艺与品质性状,通过多次聚类随机取样法进行取样,去除近缘种质后构建了包含322份

种质资源的山西谷子地方品种微核心种质,为谷子种质资源保护利用、基因资源挖掘以及遗传改良提供了种质基础。

参考文献:

- [1] 贾冠清,刁现民. 谷子(*Setaria italica*(L.) P. Beauv.)作为功能基因组研究模式植物的发展现状及趋势[J]. 生命科学, 2017, 29(3):292-301.
JIA G Q, DIAO X M. Current status and perspectives of researches on foxtail millet (*Setaria italica* (L.) P. Beauv.): a potential model of plant functional genomics studies[J]. Chinese Bulletin of Life Sciences, 2017, 29(3):292-301.
- [2] 刘旭,黎裕,曹永生,等. 中国禾谷类作物种质资源地理分布及其富集中心研究[J]. 植物遗传资源学报, 2009, 10(1):1-8, 171, 169.
LIU X, LI Y, CAO Y S, et al. Geographic distribution and germplasm-rich region of cereals in China[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2009, 10(1):1-8, 171, 169.
- [3] 王殿瀛,郭桂兰,王节之,等. 中国谷子主产区谷子生态区划[J]. 华北农学报, 1992, 7(4):123-128.
WANG D Y, GUO G L, WANG J Z, et al. The ecological division of main production area of Chinese millet (*Setaria italica* Beauv.) in China[J]. Acta Agriculturae Boreali-Sinica, 1992, 7(4):123-128.
- [4] PENG R H, ZHANG B H. Foxtail millet: a new model for C4 plants[J]. Trends in Plant Science, 2021, 26(3):199-201.
- [5] HE Q, TANG S, ZHI H, et al. A graph-based genome and pan-genome variation of the model plant *Setaria*[J]. Nature Genetics, 2023, 55:1232-1242.
- [6] LIU X D, YANG Y, HOU S Y, et al. The integration of genome-wide association study and homology analysis to explore the genomic regions and candidate genes for panicle-related traits in foxtail millet[J]. International Journal of Molecular Sciences, 2022, 23(23):14735.
- [7] BANDYOPADHYAY T, SWARBRECK S M, JAISWAL V, et al. GWAS identifies genetic loci underlying nitrogen responsiveness in the climate resilient C₄ model *Setaria italica*(L.) [J]. Journal of Advanced Research, 2022, 42:249-261.
- [8] FRANKEL O, BROWN A. Plant genetic resources today: a critical appraisal[M]//HOLDEN J, WILLIAMS J. Crop Genetic Resources: Conservation & Evaluation. London: George Allan and Urwin Ltd, 1984:249-257.
- [9] BROWN A. The case for core collections[M]//BROWN A, FRANKEL O, MARSHALL R, et al. The Use of Plant Genetic Resources. Cambridge: Cambridge University Press, 1989:136-156.
- [10] 陆平. 谷子种质资源描述规范和数据标准[M]. 北京:中国农业出版社, 2006.
LU P. Descriptors and data standard for foxtail millet (*Setaria italica*(L.) Beauv.) [M]. Beijing: China Agriculture Press, 2006.
- [11] 李国营,范志影,陆平,等. 谷子初级核心种质生育酚的组分及其评价[J]. 植物遗传资源学报, 2009, 10(3):378-384.
LI G Y, FAN Z Y, LU P, et al. Identification and evaluation of tocopherol content in primary core-collection of foxtail millet [J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2009, 10(3):378-384.

- [12] 温琪汾,刘润堂,王纶,等. 山西省谷子品种资源的抗旱性和丰产性研究[J]. 山西农业大学学报(自然科学版), 2004, 24(3):224-226.
WEN Q F, LIU R T, WANG L, et al. Drought resistance and high yield of the foxtail millet germplasm in Shanxi Province[J]. Journal of Shanxi Agricultural University, 2004, 24(3):224-226.
- [13] 王海岗,温琪汾,乔治军,等. 山西谷子地方品种初选核心种质构建[J]. 农学学报, 2019, 9(4):26-31.
WANG H G, WEN Q F, QIAO Z J, et al. Core germplasm construction of foxtail millet Landrace in Shanxi[J]. Journal of Agriculture, 2019, 9(4):26-31.
- [14] UPADHYAYA H D, ORTIZ R. A mini core subset for capturing diversity and promoting utilization of chickpea genetic resources in crop improvement[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2001, 102(8):1292-1298.
- [15] 毛秀红,闫少波,葛磊,等. 毛白杨微核心种质构建方法的探讨[J]. 北京林业大学学报, 2023, 45(2):58-67.
MAO X H, YAN S B, GE L, et al. Study on construction method of microcore germplasm of *Populus tomentosa*[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2023, 45(2):58-67.
- [16] 张兴伟. 烟草微核心种质构建及相关性状数量遗传分析[D]. 北京:中国农业科学院, 2013.
ZHANG X W. Construction and quantitative genetic analysis of tobacco mini core collection[D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2013.
- [17] 连帅. 黍稷种质资源遗传多样性研究及微核心种质的构建[D]. 太谷:山西农业大学, 2017.
LIAN S. Genetic diversity assessment of broomcorn millet (*Panicum miliaceum* L.) and construction of A mini core collection in china[D]. Taigu: Shanxi Agricultural University, 2017.
- [18] 邱丽娟,李英慧,关荣霞,等. 大豆核心种质和微核心种质的构建、验证与研究进展[J]. 作物学报, 2009, 35(4):571-579.
QIU L J, LI Y H, GUAN R X, et al. Establishment, representative testing and research progress of soybean core collection and mini core collection[J]. Acta Agronomica Sinica, 2009, 35(4):571-579.
- [19] 姜俊焯. 蚕豆微核心种质构建及 SSR 遗传连锁图谱加密[D]. 北京:中国农业科学院, 2014.
JIANG J Y. Mini-core collection construction and genetic linkage map density enhancement of faba bean (*Vicia faba* L.) with SSR markers[D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2014.
- [20] 王海岗,温琪汾,穆志新,等. 山西谷子核心资源群体结构及主要农艺性状关联分析[J]. 中国农业科学, 2019, 52(22):4088-4099.
WANG H G, WEN Q F, MU Z X, et al. Population structure and association analysis of main agronomic traits of Shanxi core collection in foxtail millet[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2019, 52(22):4088-4099.
- [21] CHENG B, ZHUZ X, ZHANG F T, et al. Quantitative genetic analysis station for the genetic analysis of complex traits[J]. Chinese Science Bulletin, 2012, 57(21):2721-2726.
- [22] LIU H J, YAN J B. Crop genome-wide association study: a harvest of biological relevance[J]. The Plant Journal: for Cell and Molecular Biology, 2019, 97(1):8-18.
- [23] HE J B, GAI J Y. Genome-wide association studies (GWAS) [J]. Methods in Molecular Biology, 2023, 2638:123-146.
- [24] HUANG C, NIE X H, SHEN C, et al. Population structure and genetic basis of the agronomic traits of upland cotton in China revealed by a genome-wide association study using high-density SNPs[J]. Plant Biotechnology Journal, 2017, 15(11):1374-1386.
- [25] 胡兴雨,陆平,贺建波,等. 黍稷农艺性状的主成分分析与聚类分析[J]. 植物遗传资源学报, 2008, 9(4):492-496.
HU X Y, LU P, HE J B, et al. Principal components and cluster analysis of agronomic traits of proso millet (*Panicum miliaceum*) [J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2008, 9(4):492-496.
- [26] 胡兴雨,王纶,张宗文,等. 中国黍稷核心种质的构建[J]. 中国农业科学, 2008, 41(11):3489-3502.
HU X Y, WANG L, ZHANG Z W, et al. Establishment of broomcorn millet core collection in China[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2008, 41(11):3489-3502.
- [27] 温琪汾,王纶,王星玉. 山西省谷子种质资源及抗旱种质的筛选利用[J]. 山西农业科学, 2005, 33(4):32-33.
WEN Q F, WANG L, WANG X Y. The foxtail millet germplasm resources and screening and utilization of drought resistance germplasm in Shanxi[J]. Journal of Shanxi Agricultural Sciences, 2005, 33(4):32-33.
- [28] 栾明宝,陈建华,许英,等. 苧麻核心种质构建方法[J]. 作物学报, 2010, 36(12):2099-2106.
LUAN M B, CHEN J H, XU Y, et al. Method of establishing ramie core collection[J]. Acta Agronomica Sinica, 2010, 36(12):2099-2106.
- [29] 朱志翔. 遗传分析软件 QGASStation 2.0 和 GMDR-GPU 的开发[D]. 杭州:浙江大学, 2012.
ZHU Z X. Development of genetic analysis software QGASStation 2.0 and GMDR-GPU[D]. Hangzhou: Zhejiang University, 2012.
- [30] 何建文,韩世玉. 基于 SSR 标记不同距离聚类与抽样方法构建辣椒核心种质库[J]. 西南农业学报, 2015, 28(5):2199-2204.
HE J W, HAN S Y. Construction of core *Capsicum* germplasm bank based on different distance clustering and sampling method of SSR marker[J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2015, 28(5):2199-2204.
- [31] 马洪文,陈晓军,殷延勃,等. 利用基因型值构建宁夏粳稻核心种质的方法[J]. 种子, 2012, 31(5):43-49.
MA H W, CHEN X J, YIN Y B, et al. The establishment of Ningxia *Japonica* rice core collection by the value of genotype [J]. Seed, 2012, 31(5):43-49.
- [32] 姚启伦,方平,杨克诚,等. 基于 SSR 标记构建西南玉米地方品种核心种质的方法[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2009, 35(3):225-228.
YAO Q L, FANG P, YANG K C, et al. Methods of constructing a core collection of maize landraces in southwest China based on SSR data[J]. Journal of Hunan Agricultural University (Natural Sciences), 2009, 35(3):225-228.