

DNA分子标记在芝麻种质资源研究中的应用进展

王贝贝,吴兴泉*,刘楷影,朱立娜

(河南工业大学 生物工程学院,河南 郑州 450001)

摘要: DNA分子标记技术可应用于芝麻种质资源的遗传多样性分析、遗传连锁图谱构建、分子标记辅助育种、基因定位、品种鉴定及亲缘关系研究等方面。综述了芝麻主要DNA分子标记(SSR、EST-SSR、ISSR、RAPD、AFLP、SRAP等)的研究与应用现状,并对其进行综合评价,以期为今后开展芝麻品种溯源提供研究思路。

关键词: 分子标记; 芝麻; 种质资源

中图分类号: S565.3 文献标志码: A 文章编号: 1004-3268(2015)08-0001-06

Application Advances of DNA Molecular Markers in Study of Sesame(*Sesamum indicum* L.) Germplasm Resources

WANG Beibei, WU Xingquan*, LIU Kaiying, ZHU Lina

(College of Bioengineering, Henan University of Technology, Zhengzhou 450001, China)

Abstract: The molecular markers have been developed and applied in genetic diversity analysis, genetic linkage map construction, marker-assisted selection breeding, qualitative and quantitative trait mapping, cultivar identification and genetic relationship studies of sesame germplasm resources. This paper summarizes the application and research status of the main molecular markers of sesame (SSR, EST-SSR, ISSR, RAPD, AFLP and SRAP markers) and carries on the comprehensive evaluation, in order to provide a clear instruction for researching of sesame product traceability.

Key words: molecular markers; *Sesamum indicum* L.; germplasm resources

芝麻(*Sesamum indicum* L.)是我国重要的优质油料作物、经济作物和出口创汇农产品,是人们生活中食用油的重要来源。芝麻栽培历史悠久,主产区主要集中在河南、湖北、安徽、江西、河北、山西等地。芝麻种质资源是指所有芝麻及其可遗传物质的总和。目前,我国已拥有近5200份芝麻种质资源,是世界上芝麻资源保存数量最多的国家之一^[1]。为了充分开拓和利用丰富多样的芝麻优异种质资源,首先必须把不同的个体加以区别。目前,区分芝麻不同种质资源最可靠的方法是DNA分子标记技术。DNA分子标记的优越性主要表现在可以利用植物的任何组织且仅需少量的组织就可以分析整个基因

组,不受外部环境条件影响。以RAPD、ISSR、SSR、EST-SSR、AFLP、SRAP等为代表的分子标记技术,以芝麻组织的DNA片段为检测对象,在鉴定中具有很高的准确性、稳定性和重复性,应用前景良好。

芝麻种质资源研究主要是芝麻种质资源的收集保存、鉴定与评价、核心种质构建。DNA分子标记是基因水平上进行种质资源鉴定的有效方法,可以直接反映种质资源的遗传多态性,其标记数量多、多态性高、遗传稳定且不受环境限制,现已广泛应用于作物遗传图谱构建、标记辅助育种、基因定位、品种鉴定、遗传多样性及亲缘关系研究等方面。近年来DNA分子标记在芝麻研究中也得到很好的应用,为

收稿日期:2015-02-02

基金项目:国家科技支撑计划项目(2013BAD17B00,2013BAD17B03)

作者简介:王贝贝(1988-),女,河南周口人,在读硕士研究生,研究方向:分子生物学。E-mail:wangbb121@126.com

*通讯作者:吴兴泉(1970-),男,黑龙江克山人,教授,博士,主要从事生物化学与分子生物学研究。

E-mail:wuxq70@126.com

芝麻种质的鉴定分析和有效利用提供了重要的理论依据。综述了当前芝麻主要 DNA 分子标记的研究与应用现状,结合各种分子标记自身的特点,探明每一种分子标记特定的应用范围,以期为芝麻新品种选育及芝麻品种溯源研究提供参考。

1 DNA 分子标记在芝麻研究中的应用

1.1 芝麻遗传多样性研究

遗传多样性是生物多样性的重要组成部分,了解芝麻的遗传多样性及其亲缘关系信息对于芝麻种质资源的收集、保存和育种等至关重要。DNA 分子标记是统计生物遗传多样性水平的有效工具,可以确定亲本之间的遗传差异和亲缘关系,从而确定亲本间的遗传距离并划分杂交优势,提高杂种优势潜力。近年来,DNA 分子标记技术在芝麻种质资源遗传多样性研究中取得了较大进展。

1.1.1 RAPD 标记 RAPD 标记应用最早,且其在芝麻种质资源鉴定中的有效性也已得到验证。Abdellatef 等^[2]证明,芝麻 RAPD 标记多态性丰富,适于在分子水平上进行芝麻种质资源遗传多样性分析。2011 年,Pham 等^[3]通过农艺性状鉴定和 RAPD 标记方法探讨了柬埔寨和越南芝麻品种的遗传多样性,结果表明,2 种方法都能检测到丰富的遗传多样性,并认为将这 2 种方法结合起来效果更好。同年,Akbar 等^[4]利用 RAPD 标记也证明了巴基斯坦不同地区的芝麻具有较高遗传多样性,为芝麻种质资源后期育种工作提供了重要依据。2012 年,Sarkar 等^[5]优化了利用 RAPD 标记分析芝麻栽培品种和野生品种遗传多样性的方法,同时得出两者均具有较高遗传多样性的结论。

1.1.2 ISSR 标记 ISSR 标记也已广泛应用于芝麻遗传多样性分析。2011 年,Parsaeian 等^[6]采用农艺性状鉴定和 ISSR 标记分析了伊朗和其他国家芝麻基因型间的遗传变异,结果表明,所有材料的农艺性状存在显著差异和相对较高的遗传相似系数;且 ISSR 标记结果显示,遗传多样性和遗传相似系数也较高。2011 年,Kumar 等^[7]依据表型、ISSR 标记和 SSR 标记对印度芝麻品种进行分析,认为 ISSR 和 SSR 标记更适于检测芝麻基因型间的遗传多样性。随后,Kumar 等^[8]利用 ISSR 标记鉴定了印度次大陆和其他国家芝麻的遗传多样性,结果表明,印度次大陆芝麻种质的遗传多样性高于其他国家。2013 年,Nyongesa 等^[9]利用 ISSR 标记对东非芝麻栽培种和野生种进行遗传多样性分析,扩增出的多态性条带

占 70.6%。综上所述,ISSR 标记适用于芝麻遗传多样性研究,可为芝麻分子标记相关研究提供依据。

1.1.3 SSR 标记 SSR 标记也能够用于芝麻品种间的遗传多样性研究。Cho 等^[10]采用 SSR 标记证明不同地区芝麻品种的遗传多样性与地理来源之间相关性不显著。2011 年,Nweke 等^[11]利用 2 对高多态性 SSR 标记分析了 30 个尼日利亚芝麻栽培种,结果显示,个体间遗传变异性较高。2012 年,Spandana 等^[12]利用 18 对 SSR 标记分析了 60 份芝麻品种,其中 5 对检测到多态性。Park 等^[13]采用 SSR 标记检测的结果也证明,芝麻核心收集品种的遗传多样性较高。2014 年,Surapaneni 等^[14]采用多态性 SSR 标记对芝麻登记品种和野生品种进行分析,结果显示多态性较高;通过 UPGMA 进行聚类分析,结果表明,所有芝麻品种可分为 2 类,遗传相似系数为 0.40~0.91,但不同地理种群间遗传分化程度不高。

此外,从国内外芝麻品种的遗传多样性和群体结构比较这一角度出发,岳文娣等^[15]利用多态性较强的 SSR 标记分析发现:国外芝麻种质资源的遗传多样性较丰富,而中国芝麻种质资源遗传基础较窄。Wu 等^[16]也认为,与原始野生种相比,中国芝麻栽培品种的遗传基础较为狭窄,并证明从 cDNA 文库中开发出的 SSR 和 InDel 标记经过筛选后能够用于芝麻遗传多样性和亲缘关系研究。Zhang 等^[17]将芝麻栽培品种应用 SSR 引物筛选,结果显示,92% 的引物能够有效扩增出 PCR 产物,且得到不同器官、不同发育阶段芝麻的转录组数据,认为 SSR 标记能够用于芝麻基因组学研究、遗传多样性和分子标记辅助育种等。除此之外,Wang 等^[18]开发出食用芝麻油的 59 个 cDNA-SSR 标记,成功用于 36 个供试芝麻材料的遗传多样性分析。可见,共显性的多态 cDNA-SSR 标记可为芝麻基因或基因组差异研究提供有效工具。

1.1.4 EST-SSR 标记 相对于 SSR 标记,EST-SSR 标记可直接获得基因表达信息,且具有更高的对相关物种的可转移性和通用性。为验证芝麻 EST-SSR 引物的有效性,探讨 EST-SSR 用于芝麻品种遗传差异研究的可行性,柯涛等^[19]用 12 份不同含油量的芝麻品系评价 34 对与油脂代谢相关的 EST-SSR 引物,结果表明,芝麻 EST-SSR 标记在芝麻品种鉴定与遗传多样性研究方面具有广阔应用前景。2013 年,Yepuri 等^[20]根据 GenBank 上的 EST-SSR 序列设计引物检测芝麻的遗传多样性,结果也证明 EST-SSR 标记有利于芝麻种质的遗传

多样性研究。

1.1.5 AFLP 标记 先前的研究认为, AFLP 标记具有较好的多态性^[21], 根据此结果, Laurentin 等^[22]于 2008 年对印度、西亚、苏丹和委内瑞拉的 10 份代表性芝麻种质进行遗传多样性分析, 检测到 95% 的 AFLP 标记具有多态性; 并在此基础上验证了该标记能够有效地评价芝麻种质的遗传多样性。2013 年, 高桐梅等^[23]利用 AFLP 标记检测豫芝 11 号、日本黑芝麻及其诱变后代的遗传多样性, 结果显示, 所有引物都能检测到多态性。综上所述, AFLP 标记也能有效用于芝麻遗传多样性研究。

1.1.6 SRAP 标记 2007 年, 张鹏等^[24]利用 SRAP 和 EST - SSR 标记分析发现, 国外芝麻种质遗传距离(0.228 7)较国内(0.163 8)更高, 即国外芝麻种质遗传多样性较丰富, 认为在芝麻育种方面需引进国外种质资源以扩大国内芝麻品种的遗传基础。2010 年, Zhang 等^[25]首次利用 SRAP 和 SSR 标记对中国芝麻核心种质进行遗传多样性分析, 证明 SRAP 和 SSR 标记均适用于评估芝麻遗传多样性。在此基础上, Zhang 等^[26]采用 SRAP 标记分析了 1950—2007 年中国芝麻主产区品种的遗传多样性和遗传基础演变趋势, 结果表明, 总体上我国芝麻种质遗传多样性较匮乏, 遗传基础较窄, 且近年来通过杂交选育的品种遗传基础较历史品种狭窄。此研究进一步说明, 当前芝麻育种的首要问题是拓宽种质遗传基础。

1.2 DNA 指纹分析鉴定芝麻品种

DNA 指纹分析是指对品种特异性 DNA 片段进行分析, 能够揭示品种个体特异性和稳定性。任何物种, 即使亲缘关系很近, 其 DNA 指纹也都具有不同程度的特异性, 故可用于品种鉴定。通过监测分析品种是否具有该品种特有的标记指纹片段, 可以有效地鉴定品种纯度和真伪。2007 年, 孙建等^[27]以空间诱变的 3 个芝麻品种(系)和原始对照种豫芝 4 号为材料, 首次利用 AFLP 标记对其进行 DNA 指纹分析, 结果显示, AFLP 标记引物能够有效扩增出 DNA 多态性条带, 且通过空间诱变能够在 DNA 水平上诱导芝麻遗传物质产生变异, 这也验证了空间诱变是一种有效的育种途径。另外, 指纹图谱具有快速、准确的优点, 可以用来评估种质资源和鉴定变种/杂种/亲本, 是鉴别品种(系)的有力工具。2009 年, 孙建等^[28]利用 SRAP 标记对江淮主产区 8 个芝麻品种进行 DNA 指纹分析, 结果显示, 84.37% 的引物能扩增出多态性条带, 且用 1 对引物 Em07/Mo09 便可将 8 个芝麻品种区分开来, 充分证明了

DNA 指纹分析在鉴定芝麻品种方面的可行性。2011 年, 刘红艳等^[29]用筛选后的 SSR 引物鉴定芝麻品种, 证明 SSR 标记具有 DNA 指纹鉴别能力, 且在芝麻 DNA 指纹分析方面具有一定的应用潜力。

1.3 芝麻遗传图谱的构建

研究发现, 利用分子标记绘制植物种质资源的遗传图谱, 能建立种质资源数据库, 也可用于种质鉴别^[30]。目前, 国内外学者已建立了小麦、水稻、大豆、花生等的遗传连锁图谱, 并成功应用于 QTL 定位、分子标记辅助育种等方面。但芝麻遗传连锁图谱的构建研究相对较少。2009 年, Wei 等^[31]从 284 个多态性标记(EST - SSR、AFLP 和 RSAMPL)中筛选出 220 个构建了芝麻遗传连锁图谱, 为芝麻标记辅助育种提供了参考。2011 年, Wei 等^[32]进一步验证了 EST - SSR 标记能够成功扩增出 DNA 片段, 且多态性丰富, 说明 EST - SSR 标记适用于芝麻基因组学研究和高分辨率遗传图谱构建等。2012 年, 刘红艳等^[33]利用 12 对 SSR 核心引物对参加国家芝麻区域试验的 43 个品种(系)进行扩增, 获得 30 个多态性标记, 初步构建出 DNA 指纹图谱。结果证明, 多态性 SSR 标记能够将 43 个品种(系)完全区分开, 而且供试品种(系)具有很好的特异性和一定的一致性, 说明所构建的 DNA 指纹图谱是有效的。2013 年, Zhang 等^[34]用 SLAF 标记构建出芝麻高密度遗传连锁图谱。2013 年, Zhao 等^[35]通过大量的引物筛选, 最终检测到 9 对与 SiMs1 位点相连接的 AFLP 标记, 并构建出芝麻隐性雄性不育 SiMs1 位点的遗传连锁图谱。

1.4 芝麻 QTL 定位

利用合适的作图群体和覆盖全基因组的分子标记连锁图进行 QTL 定位是芝麻遗传学研究的重点。分子标记能够对某一特定 DNA 区域内的目的基因进行定位, 进而获得目的基因。2013 年, Zhang 等^[36]利用多态性标记对 6 世代芝麻种皮颜色进行 QTL 定位, 结果表明, 芝麻种皮颜色受主基因 + 多基因模型控制。这是国内外首次对芝麻进行 QTL 分析, 为芝麻遗传学和标记辅助育种的后续研究提供了重要依据。2013 年, 丁霞^[37]以不同芝麻品种杂交组配获得的 2 组 6 世代群体和 216 份芝麻核心种质构成的自然群体为研究对象, 采用分子标记方法对芝麻株高构成相关性状进行 QTL 定位研究, 通过 Win-QTLCart 2.5 和 QTLNetwork 2.0 软件分别定位到 12 个和 14 个芝麻株高相关性状的 QTL 位点, 为芝麻重要农艺性状的定位和分子标记辅助育种提供了重要参考。

1.5 芝麻分子标记辅助育种

分子标记辅助育种是基于分子标记从基因水平上对育种材料进行选择,不仅可以定位目标基因,也可以利用与目标基因紧密连锁的分子标记追踪目标基因,其操作简单、省时高效。因此,利用分子标记间接选择育种材料将会事半功倍。2009 年,Uzun 等^[38]首次报道了与芝麻生长习性相关的 ISSR 分子标记,该标记可望用于芝麻分子标记辅助育种。2011 年,Tabatabaei 等^[39]运用 RAPD 标记揭示了伊朗芝麻品种群间的遗传多样性较其他国家高,认为该标记可以有效评价伊朗芝麻种质资源的遗传变异,为芝麻分子标记育种提供了有利条件。2014 年,Wei 等^[40]从芝麻转录组数据库中开发并筛选出 21 个 SNP 和 16 个 InDel 标记,对 36 个芝麻商业品种进行遗传多样性分析,结果显示,90.0% 的标记能够扩增出多态性条带,且这些新开发的分子标记也适用于芝麻分子标记辅助育种和品种鉴定。2014 年,Ranjana 等^[41]报道 SCAR 标记和 SSR 标记也能够用于标记辅助育种研究。

1.6 其他应用

随着分子标记技术的发展,学者也同时利用几种 DNA 分子标记进行芝麻种质资源的其他方面研究,以达到相互参照、相互补充的目的。2009 年,Sharma 等^[42]利用 RAPD 和 ISSR 标记对芝麻品种基因型特征进行比较分析。由于 RAPD 可重复性较差,ISSR 标记较 RAPD 标记更适于分析不同芝麻基因型间的遗传多样性,且已公布的物种特异性 RAPD 和 ISSR 标记将有望转化成 SCAR 标记,以达到开发新的物种特异性标记的目的。2012 年,张艳

欣等^[43]利用 EST - SSR、SRAP 和 AFLP 标记对芝麻核心种质 DNA 进行扩增,结果显示,AFLP 标记在供试种质中多态性最高;另外,利用标记 - 性状关联分析法检测到 8 个标记对 10 份抗病材料全部成功扩增,其中 2 个 SSR 标记 (SSR023 - 2 和 SSR012 - 1) 的符合率较高,这对芝麻抗病相关分子标记和芝麻抗性遗传改良等研究具有重要意义。2013 年,Wei 等^[44]利用 79 个标记 (SSR、SRAP、AFLP) 对芝麻含油量、蛋白质含量、油酸和亚油酸含量等营养品质性状进行关联分析,获得了 1 批与上述品质性状相关的 SSR、SRAP 和 AFLP 分子标记。2014 年,Wang 等^[45]首次报道了芝麻全基因组序列,并以此开发出 SNP 和 InDel 分子标记用于芝麻遗传多样性分析,每个样本均能检测到 SNP 和 InDel 标记位点,且多态性较高。2014 年,Wei 等^[46]首次报道芝麻全基因组序列用于开发 SSR 标记,以检测芝麻的遗传多样性,结果显示,筛选出的多态性 SSR 引物能够将供试芝麻品种按地理来源明显区分开。2014 年,Li 等^[47]利用 112 个 SSR 标记对全球 369 份芝麻种质进行关联分析发现,油含量相关标记与蛋白质含量相关标记呈显著负相关;等位基因效应分析也表明,与高含油量相关的等位基因呈现低蛋白质含量,反之亦然。

2 适用于芝麻种质研究的 DNA 分子标记的比较

目前,应用于芝麻种质资源研究的主要 DNA 分子标记为 SSR、EST - SSR、ISSR、RAPD、AFLP、SRAP 等(表 1)。由于 SSR 标记具有丰富的多态性且稳定

表 1 常用 DNA 分子标记特点及应用情况

标记类型	主要原理	多态性水平	遗传特性	试验周期	可靠性	应用情况
RAPD	PCR 扩增	高	显性	短	中	遗传多样性 ^[2-5,42] 、标记辅助育种 ^[39]
ISSR	PCR 扩增	高	显性	短	高	遗传多样性 ^[6-9,42] 、标记辅助育种 ^[38]
SSR	PCR 扩增	高	共显性	短	高	遗传多样性 ^[10-18,47] 、标记辅助育种 ^[41] 、品种鉴定 ^[29] 、遗传图谱构建 ^[33]
EST - SSR	PCR 扩增	高	显性	短	高	遗传多样性 ^[19-20,43] 、遗传图谱构建 ^[31-32]
AFLP	限制性酶切、PCR 扩增	非常高	共显性、显性	长	高	遗传多样性 ^[21-23,43] 、品种鉴定 ^[27] 、遗传图谱构建 ^[31,35]
SRAP	PCR 扩增	高	显性	短	高	遗传多样性 ^[24-26,43] 、品种鉴定 ^[28]

性高,因而在遗传多样性研究中应用较广;此外,其操作简便、重复性好,在作物品种鉴定和纯度分析上也很有应用潜力。一般来说,EST - SSR 标记在揭示作物多态性方面的效果较基因组 SSR 标记差,但是其在芝麻遗传多样性分析方面也发挥着重要作用。ISSR 标记既利用了基因组中丰富的 SSR 序列信息,同时又克服其他分子标记的诸多缺点,如

RAPD 标记稳定性较差、AFLP 标记操作复杂和 SSR 标记需预先根据其靶序列设计引物等,但与 RAPD 标记相似,ISSR 标记不能鉴别检测位点的纯合与杂合状态。RAPD 标记是最早应用在中国芝麻种质资源研究中的分子标记,现已广泛应用于种质资源鉴定,但其稳定性和重复性均不及 AFLP 标记,且无法鉴定杂合子。AFLP 标记融合了 RFLP 与 RAPD 标

记的优点,多态性强,易分辨,稳定性好,重复性强,可作为物理图谱和遗传图谱的联系桥梁。而 SRAP 标记具备了 AFLP 标记覆盖范围广和重复性好的优点,也不需要 RFLP 标记要求的高纯度和高浓度 DNA,且 SRAP 标记的高频率共显性与其在基因组中均匀分布的特性使其优于 AFLP 标记,成为构建遗传图谱的良好标记体系;另外,SRAP 标记简便、稳定、多态性高且重复性较好,也适宜于遗传作图。研究表明,SRAP 标记是评价遗传多样性、品种鉴定、基因定位、基因克隆和基因组学研究的有效工具。

3 小结

近年来,越来越多的 DNA 分子标记应用于芝麻研究且应用范围逐渐扩大。目前,不但植物育种者在遗传研究和品种选育方面大量应用 DNA 分子标记技术,植物新品种保护国际联盟(UPOV)和国际种子检验协会(ISTA)对其在品种登记和鉴定方面的应用也表现出浓厚兴趣。由于形态特征鉴定在品种鉴别中的局限,UPOV 一直考虑将 DNA 分子标记技术应用于品种登记中,ISTA 则负责对这项技术在品种鉴定中的应用进行研究。由此可见,DNA 分子标记技术应用于芝麻品种鉴定及溯源分析方面是当前又一研究热点。

总体来看,目前我国在芝麻研究方面应用 DNA 分子标记主要以开展遗传育种研究为主。在该方面 DNA 分子标记技术优势明显,以品种真实性和纯度检测为例,形态鉴定周期长且易受外界环境影响,而 DNA 分子标记则能够弥补这一缺陷,但各种分子标记自身存在一定的优点或缺点,且相互渗透、相互融合。迄今为止,分子标记技术在芝麻的遗传多样性、品种鉴定、遗传图谱构建、QTL 定位及标记辅助育种等方面得到了广泛应用,但今后仍需针对各种分子标记进行系统研究,在不同品种范围内比较其鉴定能力,以获得尽可能多的品种多态性数据。随着 DNA 分子标记技术的不断发展和完善,相信该技术在芝麻新品种选育及芝麻品种溯源研究中将具有广阔的应用前景。

参考文献:

- [1] 车卓,张艳欣,孙建,等.芝麻核心收集品中育成品种(系)的遗传多样性分析[J].植物遗传资源学报,2009,10(3):373-377.
- [2] Abdellatef E,Sirelkhatem R,Ahmed M,*et al*. Study of genetic diversity in Sudanese sesame (*Sesamum indicum* L.) germplasm using random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers [J]. African Journal of Biotechnology, 2008,7(24):4423-4427.
- [3] Pham T D,Geleta M,Bui T M,*et al*. Comparative analysis of genetic diversity of sesame (*Sesamum indicum* L.) from Vietnam and Cambodia using agro-morphological and molecular markers [J]. Hereditas,2011,148(1):28-35.
- [4] Akbar F,Rabbani M A,Masood M S,*et al*. Genetic diversity of sesame (*Sesamum indicum* L.) germplasm from pakistan using RAPD markers [J]. Pakistan Journal of Botany,2011,43(4):2153-2160.
- [5] Sarkar R S,Poddar R,Basu D,*et al*. Optimization of RAPD method and its application for the analysis of genetic variability in cultivated and wild Indian sesame [J]. Indian Journal of Scientific Research,2012,3(2):47-54.
- [6] Parsaeian M,Mirlohi A,Saeidi G. Study of genetic variation in sesame (*Sesamum indicum* L.) using agro-morphological traits and ISSR markers [J]. Genetika, 2011, 47 (3):314-321.
- [7] Kumar V,Sharma S N. Comparative potential of phenotypic,ISSR and SSR markers for characterization of sesame (*Sesamum indicum* L.) varieties from India [J]. Journal of Crop Science and Biotechnology, 2011, 14 (3): 163-171.
- [8] Kumar H,Kaur G,Banga S. Molecular characterization and assessment of genetic diversity in sesame (*Sesamum indicum* L.) germplasm collection using ISSR markers [J]. Journal of Crop Improvement,2012,26:540-557.
- [9] Nyongesa B O,Were B A,Gudu S,*et al*. Genetic diversity in cultivated sesame (*Sesamum indicum* L.) and related wild species in East Africa [J]. Journal of Crop Science and Bio-technology,2013,16(1):9-15.
- [10] Cho Y,Park J. Evaluation of the genetic diversity and population structure of sesame (*Sesamum indicum* L.) using microsatellite markers [J]. Genes and Genomics, 2011,33(2):187-195.
- [11] Nweke F N,Ubi B E,Kunert K. Sesame cultivars and its relationship with morpho-agronomic traits [J]. Journal of Crop Improvement,2011,25(5):572-596.
- [12] Spandana B,Reddy V P,Prasanna G J,*et al*. Development and characterization of microsatellite markers (SSR) in sesamum (*Sesamum indicum* L.) species [J]. Applied Biochemistry and Biotechnology,2012,168(6):1594-1607.
- [13] Park J H,Suresh S,Cho G T,*et al*. Assessment of molecular genetic diversity and population structure of sesame (*Sesamum indicum* L.) core collection accessions using simple sequence repeat markers [J]. Plant Genetic Resources Characterization and Utilization,2014,12(1):112-119.
- [14] Surapaneni M,Yepuri V,Vemireddy L R,*et al*. Development and characterization of microsatellite markers in Indian sesame (*Sesamum indicum* L.) [J]. Molecular Breeding,2014,34(3):1185-1200.
- [15] 岳文娣,魏利斌,张体德,等.芝麻种质资源 SSR 标记遗传多样性与群体结构分析[J].作物学报,2012,38(12):2286-2296.
- [16] Wu K,Yang M,Liu H Y,*et al*. Genetic analysis and molecular characterization of Chinese sesame (*Sesamum indicum* L.) cultivars using insertion-deletion (InDel)

- and simple sequence repeat (SSR) markers [J]. BMC Genetics, 2014, 15 : 35.
- [17] Zhang H Y, Wei L B, Miao H M, et al. Development and validation of genic-SSR markers in sesame by RNA-seq [J]. BMC Genomics, 2012, 13 : 316.
- [18] Wang L H, Zhang Y X, Qi X Q, et al. Development and characterization of 59 polymorphic cDNA-SSR markers for the edible oil crop *Sesamum indicum* (pedaliaceae) [J]. American Journal of Botany, 2012, 99 (10) : e394-e398.
- [19] 柯涛,毛晗,董彩华,等.芝麻 EST – SSR 引物的开发与利用 [J].中国油料作物学报,2013,35(1):43-47.
- [20] Yepuri V, Surapaneni M, Kola V S, et al. Assessment of genetic diversity in sesame (*Sesamum indicum* L.) genotypes, using EST-derived SSR markers [J]. Journal of Crop Science and Biotechnology, 2013, 16 (2) : 93-103.
- [21] Laurentin H, Karlovsky P. AFLP fingerprinting of sesame (*Sesamum indicum* L.) cultivars: Identification, genetic relationship and comparison of AFLP informativeness parameters [J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 2007, 54 (7) : 1437-1446.
- [22] Laurentin H, Ratzinger A, Karlovsky P. Relationship between metabolic and genomic diversity in sesame (*Sesamum indicum* L.) [J]. BMC Genomics, 2008, 9 (1) : 1-11.
- [23] 高桐梅,卫双玲,李春明,等.芝麻太空诱变效应及 AFLP 标记检测 [J].华北农学报,2013,28 (1) : 227-233.
- [24] 张鹏,张海洋,郭旺珍,等.以 SRAP 和 EST – SSR 标记分析芝麻种质资源的遗传多样性 [J].作物学报,2007,33(10):1696-1702.
- [25] Zhang Y X, Zhang X R, Hua W, et al. Analysis of genetic diversity among indigenous landraces from sesame (*Sesamum indicum* L.) core collection in China as revealed by SRAP and SSR markers [J]. Genes and Genomics, 2010, 32 (3) : 207-215.
- [26] Zhang Y X, Sun J, Zhang X R, et al. Analysis on genetic diversity and genetic basis of the main sesame cultivars released in China [J]. Agricultural Sciences in China, 2011, 10 (4) : 509-518.
- [27] 孙建,涂玉琴,张秀荣.芝麻空间诱变品系(种)的 DNA 指纹分析 [J].中国农业科学,2007,40 (12) : 2696-2701.
- [28] 孙建,张艳欣,车卓,等.我国江淮产区主要芝麻品种的 SRAP 指纹图谱分析 [J].中国油料作物学报,2009,31(1):9-13.
- [29] 刘红艳,杨敏敏,左阳,等.芝麻 SSR 检测体系的优化与应用 [J].中国农学通报,2011,27(21):138-143.
- [30] 朱岩芳,祝水金,李永平,等. ISSR 分子标记技术在植物种质资源研究中的应用 [J].种子,2010,29 (2) : 55-59.
- [31] Wei L B, Zhang H Y, Zheng Y Z, et al. A genetic linkage map construction for sesame (*Sesamum indicum* L.) [J]. Genes and Genomics, 2009, 31 (2) : 199-208.
- [32] Wei W L, Qi X Q. Characterization of the sesame (*Sesamum indicum* L.) global transcriptome using Illumina paired-end sequencing and development of EST-SSR markers [J]. BMC Genomics, 2011, 12 : 451.
- [33] 刘红艳,吴坤,杨敏敏,等.国家芝麻区域试验新品种(系)的 DNA 指纹分析 [J].作物学报,2012,38 (4) : 596-605.
- [34] Zhang Y X, Wang L H, Xin H G, et al. Construction of a high-density genetic map for sesame based on large scale marker development by specific length amplified fragment (SLAF) sequencing [J]. BMC Plant Biology, 2013, 13 : 141.
- [35] Zhao Y Z, Yang M M, Wu K, et al. Characterization and genetic mapping of a novel recessive genic male sterile gene in sesame (*Sesamum indicum* L.) [J]. Molecular Breeding, 2013, 32 (2) : 901-908.
- [36] Zhang H Y, Miao H M, Wei L B, et al. Genetic analysis and QTL mapping of seed coat color in sesame (*Sesamum indicum* L.) [J]. PLoS One, 2013, 8 (5) : e63898.
- [37] 丁霞.芝麻株高相关性状遗传分析和 QTL 定位 [D].北京:中国农业科学院,2013.
- [38] Uzun B, Çağrancı M I. Identification of molecular markers linked to determinate growth habit in sesame [J]. Eu-phytica, 2009, 166 (3) : 379-384.
- [39] Tabatabaei I, Pazouki L, Bihamta M R, et al. Genetic variation among Iranian sesame (*Sesamum indicum* L.) accessions vis-a-vis exotic genotypes on the basis of morpho-physiological traits and RAPD markers [J]. Australian Journal of Crop Science, 2011, 5 (11) : 1396-1407.
- [40] Wei L B, Miao H M, Li C, et al. Development of SNP and InDel markers via de novo transcriptome assembly in *Sesamum indicum* L. [J]. Molecular Breeding, 2014, 34 (4) : 2205-2217.
- [41] Prasad R, Gangopadhyay G. Selection of prospective parents among Indian and exotic sesame (*Sesamum indicum* L.) for marker assisted breeding [J]. Indian Journal of Genetics and Plant Breeding, 2014, 74 (2) : 197-204.
- [42] Sharma S N, Kumar V, Mathur S. Comparative analysis of RAPD and ISSR markers for characterization of sesame (*Sesamum indicum* L.) genotypes [J]. Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology, 2009, 18 (1) : 37-43.
- [43] 张艳欣,王林海,黎冬华,等.芝麻茎点枯病抗性关联分析及抗病载体材料挖掘 [J].中国农业科学,2012,45(13):2580-2591.
- [44] Wei W L, Zhang Y X, Lu H X, et al. Association analysis for quality traits in a diverse panel of Chinese sesame (*Sesamum indicum* L.) germplasm [J]. Journal of Integrative Plant Biology, 2013, 55 (8) : 745-758.
- [45] Wang L H, Han X L, Zhang Y X, et al. Deep resequencing reveals allelic variation in *Sesamum indicum* [J]. BMC Plant Biology, 2014, 14 : 225.
- [46] Wei X, Wang L H, Zhang Y X, et al. Development of simple sequence repeat (SSR) markers of sesame (*Sesamum indicum*) from a genome survey [J]. Molecules (Basel, Switzerland), 2014, 19 (4) : 5150-5162.
- [47] Li C, Miao H M, Wei L B, et al. Association mapping of seed oil and protein content in *Sesamum indicum* L. using SSR markers [J]. PLoS One, 2014, 9 (8) : e105757.