

网络出版时间:2025-09-15

网络出版地址:https://link.cnki.net/urlid/61.1359.S.20250912.1604.004

# 平顶山地区小麦种质资源 DNA 指纹图谱构建及遗传多样性分析

王二伟<sup>1</sup>, 马爱锄<sup>1</sup>, 王健胜<sup>2</sup>, 杨好好<sup>2</sup>, 王军峰<sup>3</sup>, 黄雅敏<sup>1</sup>, 耿若飞<sup>1</sup>, 蒋钦群<sup>1</sup>

(1. 平顶山市农业科学院, 河南平顶山 467001; 2. 平顶山学院, 河南平顶山 467000; 3. 平顶山市农业农村局, 河南平顶山 467001)

**摘要:**小麦种质资源是小麦新品种培育的重要基础。以平顶山地区 40 份小麦种质为材料, 利用 SSR 分子标记对其遗传多样性进行了分析。结果表明, 引物多态性条带百分比介于 35%~100% 之间, 平均为 74.5%, 29 对 SSR 引物共扩增出 164 个多态性条带, 单对 SSR 引物平均扩增 5.60 个, SSR 引物有效等位基因数、Nei's 基因多样性指数和 Shannon's 信息指数变化范围分别为 1.17~1.66、0.11~0.38 和 0.17~0.55, 平均值分别为 1.43、0.26 和 0.39。不同小麦种质间的遗传相似系数变化范围为 0.55~0.98, 平均为 0.77。基于遗传相似系数将 40 份小麦资源聚类为 5 个类群, 第 I 类群包含 3 个小麦种质, 第 II 类群包含 11 个小麦种质, 第 III 类群有 5 个小麦种质, 第 IV 类群有 3 个小麦种质, 第 V 类群包含的小麦种质数最多, 共有 18 个, 占参试种质数量的 45.0%。主成分分析结果与聚类分析结果基本一致。同时, 利用 SSR 标记构建了 40 个小麦种质的 DNA 指纹图谱。

**关键词:** 小麦; SSR 分子标记; DNA 指纹图谱; 遗传多样性

中图分类号: S512.1; S330

文献标识码: A

文章编号: 1009-1041(2025)10-1342-09

## DNA Fingerprint Construction and Genetic Diversity Analysis of Wheat Germplasms in Pingdingshan Region

WANG Erwei<sup>1</sup>, MA Aichu<sup>1</sup>, WANG Jiansheng<sup>2</sup>, YANG Haohao<sup>2</sup>, WANG Junfeng<sup>3</sup>,  
HUANG Yamin<sup>1</sup>, GENG Ruofei<sup>1</sup>, JIANG Qinqun<sup>1</sup>

(1. Pingdingshan Academy of Agricultural Science, Pingdingshan, Henan 467001, China; 2. Pingdingshan University, Pingdingshan, Henan 467000, China; 3. Pingdingshan Bureau of Agriculture and Rural Affairs, Pingdingshan, Henan 467001, China)

**Abstract:** Wheat germplasms are the important foundation for wheat breeding. In this study, the genetic diversity was analyzed for 40 wheat germplasms from Pingdingshan region using SSR molecular markers. Results showed that the percentage of polymorphic bands for SSR primers ranges from 35% to 100%, with an average of 74.5%. A total of 164 polymorphic bands were obtained by 29 pairs of SSR primers, with an average of 5.60 bands for a single pair of SSR primers. The effective number of alleles, Nei's gene diversity index, and Shannon's information index of SSR primers ranged from 1.17 to 1.66, from 0.11 to 0.38, and from 0.17 to 0.55, respectively, with the average values of 1.43, 0.26, and 0.39, respectively. The genetic similarity coefficient between different wheat germplasms is distributed between 0.55 and 0.98, with an average of 0.77. Based on the genetic similarity coefficient, the 40 wheat germplasms can be divided into five groups. Of them, group I contained three wheat germplasms; group II contained eleven wheat germplasms; group III contained five wheat germplasms; and group IV contained three wheat germplasms. Group V contained the largest number (eighteen) of wheat germplasms, accounting for 45.0% of the total wheat germplasms. The result of principal component analysis was basically consistent with the results of cluster analysis. In addition, DNA fingerprints of the 40 wheat germplasms were constructed with SSR primers.

收稿日期: 2024-07-28

修回日期: 2024-12-02

基金项目: 国家自然科学基金委-河南联合基金项目(U1804102)

第一作者 E-mail: wangerwei@163.com(王二伟)

通讯作者 E-mail: mac75@sohu.com(马爱锄)

**Keywords:** Wheat; SSR molecular marker; DNA fingerprint; Genetic diversity

小麦 (*Triticum aestivum* L.) 属于禾本科植物, 是全球重要粮食作物之一<sup>[1]</sup>。迄今为止, 世界 35% 以上人口都以小麦为主食, 2020 年全球小麦总产量达 7.6 亿吨以上。中国是世界上小麦主产国和消费国之一, 其中河南作为重要农业大省是中国小麦生产的最重要地区, 其小麦种植面积和产量均居全国前列。种质资源是培育小麦优良品种的重要基础, 因此开展河南地区小麦种质资源研究对该区域小麦产业层次提升以及保障国家粮食安全具有重要意义。

SSR (simple sequence repeats) 标记是近年来常用的一种 DNA 分子标记技术, 其通常包含 1~6 个核苷酸, 每个 SSR 两侧的序列一般都是相对保守的单拷贝序列<sup>[2]</sup>。在生物的基因组中, 这些重复序列一般以两种形式存在: 串联重复序列和散布重复序列。研究发现, SSR 中重复单位的数目存在着高度变异, 这些变异表现为微卫星数目的整倍性变异或重复单位序列中的序列有可能不完全相同<sup>[3-4]</sup>, 从而造成了多个位点的多态性。与其他分子标记相比, SSR 标记具有以下优点: (1) 具有多个等位基因的特性, 能够提供大量的信息; (2) 数量丰富, 揭示的多态性较高, 覆盖了整个基因组; (3) 以孟德尔方式遗传, 呈共显性。因此, 该标记在遗传多样性分析、指纹图谱绘制、目标基因定位等研究领域得到了较为广泛的应用<sup>[5-7]</sup>。

DNA 指纹图谱技术 (DNA-fingerprint) 由英国科学家 Jeffreys 于 1986 年首次提出, 该技术的特点是能够快速且精准地鉴别品种和品系, 已经在很多农作物的品种资源多样性和纯度鉴定的研究中广泛应用<sup>[8-10]</sup>。DNA 指纹图谱可以揭示基因组中的变异情况, 无论是个体还是群体, 都会拥有独特的 DNA 指纹图谱, 并能以此来区分不同材料<sup>[11]</sup>。目前, DNA 指纹图谱技术已经被广泛应用于多种研究。李宏博等<sup>[12]</sup>利用 42 个 SSR 标记构建了河北省 70 个小麦品种的 DNA 指纹图谱, 并对其遗传差异进行了分析, 为小麦品种改良和种质资源创新提供了参考。其他学者也利用分子标记进行了小麦种质指纹图谱的构建<sup>[8, 10, 12]</sup>。构建基于 SSR 标记技术的 DNA 指纹图谱对于种子纯度的鉴定、品种的特异性和真实性鉴别具有重要的意义。

小麦种质资源多样性的分析是直接影响小麦育种过程的基因改造工作, 对小麦品种选育具有重要的指导意义。通过研究小麦的遗传多样性, 能够对小麦种质资源的收集、分类、评价、育种、核

心种质的建立等工作提供理论依据和指导<sup>[13]</sup>。长久以来, 小麦育种遗传基础变窄, 导致品种间差异变小, 仅依靠传统的生物学性状很难将它们准确的区分和鉴别开, 这也是在小麦常规育种中, 亲本准确选择困难和育种水平没有突破性进展的主要原因之一, 从而导致小麦育种进展缓慢。同时, 伴随着小麦新品种的不断出现, 依靠田间表型鉴定已无法满足新品种保护的要求。在这种情况下, 与表型鉴定相关的各种辅助手段应运而生。通过分子标记技术辅助育种不仅可以在一定程度上缩短育种的年限, 提高育种的效率, 加快育种的进程, 同时也克服了很多传统育种方法中的困难<sup>[4]</sup>。遗传多样性分析和 DNA 指纹图谱构建是小麦遗传育种研究中的重要内容, 其不仅为了解小麦物种起源、品种分类、亲本选配及核心小麦资源构建等提供了科学依据, 也为研究、保护与利用现有小麦资源提供重要支撑。本研究利用 SSR 标记对河南省平顶山地区已有小麦种质资源进行检测分析, 旨在阐明这些小麦种质 DNA 水平的遗传差异及亲缘关系, 为小麦种质在育种中的高效利用和科学保护提供科学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

本研究材料共包括来自河南平顶山地区及从河南省内外引进的 40 份小麦种质, 种质材料信息详见表 1。2022 年 10 月将这些材料种植于河南省平顶山市农业科学院小麦基地, 每个材料设置 3 个重复, 每个重复种 3 行, 行长 2 m, 行距 25 cm, 田间管理与普通大田相同。

### 1.2 基因组 DNA 提取及 PCR 扩增

对每份种质随机选取 3 个单株采集叶片, 把采集好的样本装进预先写好序号的塑料密封袋中, 采用 SDS 法<sup>[14]</sup>提取 DNA, 用 TE 溶解 DNA 并进行 PCR 扩增。利用 SSR 引物进行 PCR 扩增反应。反应体系总体积为 15  $\mu$ L, 其中包括 1  $\mu$ L 基因组 DNA、2  $\mu$ L 引物、5  $\mu$ L 2  $\times$  Blue Taq PCR Mix 以及 7  $\mu$ L ddH<sub>2</sub>O。将做好的样品放置在 Eppendorf PCR 扩增仪上进行 PCR 扩增。SSR-PCR 扩增程序: 94  $^{\circ}$ C 预变性 3 min; 35 个循环 [94  $^{\circ}$ C 变性 1 min, T<sub>m</sub> (52~56  $^{\circ}$ C) 复性 1 min, 72  $^{\circ}$ C 延伸 1 min]; 72  $^{\circ}$ C 延伸 5 min。SSR 引物来自网站 <http://wheat.pw.usda.gov/ggpages/DEM/>, 引物由上海生物工程有限公司合成, 引物详细信息见表 2。

表 1 本研究所用小麦种质资源信息  
Table 1 Information of wheat germplasms in this study

序号 Code	种质 Germplasms	序号 Code	种质 Germplasms
1	烟农 16 号 Yannong 16	21	新麦 132 Xinmai 132
2	烟农 18 号 Yannong 18	22	新麦 133 Xinmai 133
3	烟农 21 号 Yannong 21	23	新麦 142 Xinmai 142
4	烟农 22 号 Yannong 22	24	新麦 224 Xinmai 224
5	平麦 156 Pingmai 156	25	新麦 1324 Xinmai 1324
6	平麦 257 Pingmai 257	26	新麦 1325 Xinmai 1325
7	平麦 359 Pingmai 359	27	新麦 1326 Xinmai 1326
8	平麦 465 Pingmai 465	28	新麦 1327 Xinmai 1327
9	平麦 482 Pingmai 482	29	绿麦 9 Lvmai 9
10	Pdsdq2320	30	绿麦 13 Lvmai 13
11	Pdsdq2379	31	青麦 2 Qingmai 2
12	Pdsdq3384	32	青麦 5 Qingmai 5
13	Pdsdq3567	33	百农 78 Bainong 78
14	Pdsdq3642	34	百农 124 Bainong 124
15	Pdsdq3679	35	百农 367 Bainong 367
16	Pdsdq3720	36	百农 457 Bainong 457
17	02BE396	37	WG494-12
18	10Y465	38	WG527
19	WG494-9	39	WG529
20	矮优 21-17 Aiyou 21-17	40	02BE396

表 2 本研究所用 SSR 引物序列及退火温度  
Table 2 Sequence and annealing temperature for SSR primers in this study

引物名称 Primer	引物序列 Sequence of primer		退火温度 T <sub>m</sub> /°C
	正向 Forward(5'→3')	反向 Reverse(5'→3')	
Primer10	CACCCGTTAATTCCGATAAAGA	AATGTCCAGCCTTCTCCTACAG	54
Primer20	ATCCAGCCAGTTTTGAAGTCTC	ACCACTATCTTGGTCAGCAGGT	56
Sn26	AGGTTTTTGCATGGTCCAGTT	GGCATTATAGGCCGTCTTGA	56
Sn31	GTCACATTCATATGGCAAACC	CTGCCTTTCAACCTCTTTGG	55
Sn45	GTAGCCAATGGAATTTGGAGC	TAAGGCCAACAGTTTCTCTG	56
Xbare83	AAGCAAGGAACGAGCAAGAGCAGTAG	TGGATTTACGACGACGATGAAGATGA	56
Xgpw311	CACTAGACGTTTGGCTTGCT	GACCTTCCCAACCCGTAGAC	53
Xgpw1108	TGCAAGTGCTCTTAGAATCTGAAC	TCTTGAACCTGAACCCCTTGC	56
Xgpw2124	ACAACGTGCTGCAGCTCCTTC	GATTAATTAAGCCAGGGACCG	56
Xgpw2271	AGATGAGATCCTCCCCGACT	AGATTTGGGGAACAAATCCC	54
Xgpw2328	ATCCCAACAAACACACTACCG	TTGTCTCCATGACTATGTGGG	56
Xgpw4101	TCCTAGATGGAGGTCTTGGC	TCCTCTCCCATTCTTGGAG	52
Xgpw4120	TGCCCTTGGGAGATATTGAA	CATGTTTGGTTGGGACTGTAA	56
Xgpw4175	AGAGCGAATTCATTATGAAC	TTCCTATGGACACCTCTAC	54
Xgpw4315	TCGGGGACAGAGGGTTCT	ACGTGCCAGGGAGGTATCTT	56
Xgpw4388	GTCGGGTTCTATACAAAGGG	TATTCCAAAGTTGCCATCCC	52
Xgpw4389	GTAAGTGGGCTGCCAGGTAA	TAAAACCTTGAGTGGCTCTGA	56
Xgpw4410	TTGAGGCGTGAAGATGAGC	ACAGGGCCAACAAATTCAGT	56
Xgpw4412	CCTGATGCCATAGTTTGTCTG	AGAAGGAAAATGCTCAAACCA	55
Xgpw4507	CCTCTGATGTGGGTGGAAGT	GTCGGCCTATAAGACCCCAT	56
Xgpw5193	AATTAGAGGGGTGAAAGGCTG	CCAAGGACTACATCAGAAACCC	55
Xgpw7052	ATTCGGCACCAGCATCTACT	GGTTTCGTACAACGGCACAT	56
Xgpw7272	CGACAAGCGGGTTAGAGA	CTGGCTGAACCTGCTCC	56
Xgpw7309	AAGACGCTCACTCTAGCCGC	CGGTCATCGGAATTTCAACT	54
Xgwm160	GAGTAATCGGGGACAGAGGC	CACCTTCTCTGGGCGTTG	56
Xgwm294	GTGAGCAATTTTGATTATACTG	TACCCTGATGCTGTAATATGTG	52
Xgwm357	TATGGTCAAAGTTGGACCTCG	AGGCTGCAGCTCTTCTTCAG	56
Xwmc24	TCAGGCATGCATAAGTACCGA	AGGCTGCAGCTCTTCTTCAG	53
Xwmc93	ACAACCTGCTGCAAAGTTGACG	CCAACCTGAGCTGAGCAACGAAT	56

### 1.3 数据统计及分析

将整理好的结果图片经过处理后进行电泳条带统计。在相同迁移水平上,按照多态性位点的位置依次记录,条带清楚的记为“1”,无条带或模糊的记为“0”,获得不同小麦种质的数据矩阵。利用软件 POPGEN32 计算小麦种质间的遗传距离和遗传相似系数以及 SSR 标记的主要遗传多样性参数,包括引物扩增总位点数、多态性位点数、多态性位点百分比、有效等位基因数、Nei's 多样性指数和 Shannon's 指数,采用非加权平均法 (UPMGA) 通过 NTSYS-pc2 进行聚类分析,利用遗传距离矩阵通过 GenAIEX 进行主成分分析。同时构建每个小麦种质 DNA 指纹图谱。

## 2 结果与分析

### 2.1 小麦基因组 SSR 分子标记多态性分析

从 125 对 SSR 引物中筛选获得 29 对多态性丰富、带型清晰、重复性好的特异性引物,并被用于小麦种质遗传多样性分析。由表 3 可知,利用 29 对引物在 40 份小麦种质间共检测出了 220 个等位变异,单对引物检测出 3~14 个等位变异,等位变异平均数为 7.6 个。其中 Xgpw4412 扩增出的位点最多,为 14 个,而 Snp31 扩增的位点是最少的,为 3 个,多数引物扩增出的位点数变化范围为 6~8,如 Xgpw1108、Xgpw5193 和 Xgwm4389 等。对于多态性位点百分比而言,除了 Snp31 为 35.0%,Xgpw4315 为 57.5%,Xgwm4412 为 57.0%,Xgwm7052 为 40.0%,其余引物的多态性位点百分比都在 60.0% 以上,平均值为 74.5%。有效等位基因数变化范围为 1.17~1.66,平均为 1.43; Nei's 多样性指数变化范围为 0.11~0.38,平均值是 0.26; Shannon's 指数变化为 0.17~0.55,平均值为 0.39。利用 Xgpw4315 共扩增出 9 个等位变异位点,多态性位点 5 个,多态性位点百分

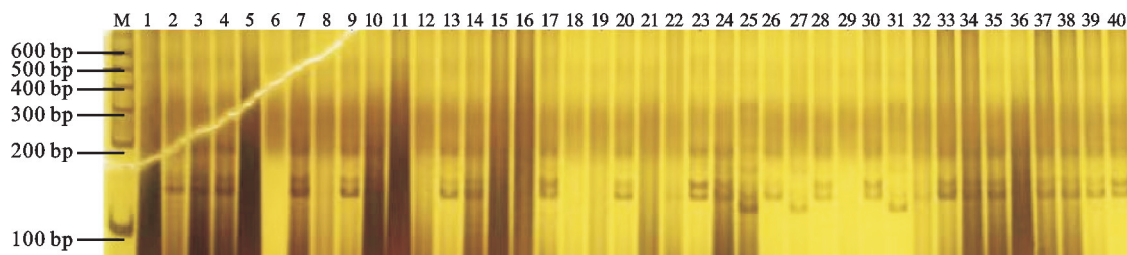
比达到了 57.5%,该引物的有效等位基因数、Nei's 多样性指数和 Shannon's 指数分别为 1.32、0.19、0.29(图 1)。综合来看,所检测到的遗传多样性参数值均较大的有 Xgpw2271 和 Xgpw5193,说明这些引物在反映小麦种质的遗传多样性中表现相对较好,更适合在育种实践中应用。

### 2.2 不同小麦种质亲缘关系分析

遗传相似系数可以反映不同小麦种质间亲缘关系的远近。基于 SSR 标记检测数据估算出 40 份小麦种质间的遗传相似系数(表 4)。不同小麦种质间的遗传相似系数存在明显差异,其变化范围为 0.55~0.98,平均值为 0.77,表明 40 份小麦种质的遗传差异水平相对较高。在 40 份小麦材料中,新麦 132 与 WG494-12 之间的遗传相似系数最小,为 0.55,说明新麦 132 与 WG494-12 的亲缘关系最远。而遗传相似系数最大值达到 0.98,存在于小麦 Pdseq3720 和百农 78 之间,这意味着相对于其他的小麦种质而言,它们的亲缘关系是最近的。另外,小麦种质间遗传相似系数接近平均遗传相似系数的种质占总数的 9.6%,例如平麦 156 与 Pdseq2379、烟农 18 号与 Pdseq3384、Pdseq3384 与 10Y465 等。

### 2.3 不同小麦种质聚类分析

利用 SSR 数据计算得到 40 份小麦种质间的遗传距离,其值变化范围为 0.02~0.84,平均值为 0.40。以此为基础,构建 40 份小麦种质遗传聚类图。结果(图 2)表明,40 份种质可划分为 5 个类群。第 I 类群包含的小麦种质数量为 3 个,占参试种质数量的 7.5%;第 II 类包含 11 个种,占参试种质数量的 27.5%质;第 III 类群有 5 个小麦,占参试种质数量的 12.5%;而第 IV 类群包括 3 个小麦种质,占参试种质数量的 7.5%;第 V 类群囊括了 18 个小麦种质,占参试种质数量的 45.0%。



M: DNA marker; 1~40 为 40 份小麦种质序号。以下图、表同。

M: DNA marker; 1-40 represent the code of wheat germplasms. The same in belows.

图 1 引物 Xgpw4315 对 40 份小麦种质的扩增结果

Fig. 1 Amplification for the 40 wheat germplasms by primer Xgpw4315

表 3 40 份小麦种质的 SSR 扩增结果  
Table 3 SSR amplification of the 40 wheat germplasms

引物 Primer	扩增总位点数 TNA	多态性位点数 NPA	多态性位点 百分比 PPA/%	有效等位 基因数 Ne	Nei's 多样性 指数 H	Shannon's 指数 I
Primer10	4	3	77.5	1.47	0.29	0.44
Primer20	6	5	80.0	1.39	0.26	0.39
Snp26	5	4	75.0	1.44	0.27	0.41
Snp31	3	1	35.0	1.28	0.16	0.22
Snp45	5	4	75.0	1.39	0.25	0.39
Xbarc83	7	5	67.5	1.35	0.23	0.35
Xgpw311	9	8	90.0	1.60	0.35	0.52
Xgpw1108	6	4	62.5	1.46	0.26	0.38
Xgpw2124	10	8	82.5	1.62	0.34	0.49
Xgpw2271	7	6	92.5	1.66	0.38	0.55
Xgpw2328	6	5	77.5	1.50	0.29	0.44
Xgpw4101	6	4	60.0	1.42	0.24	0.35
Xgpw4120	5	4	80.0	1.56	0.32	0.47
Xgpw4175	9	7	80.0	1.46	0.28	0.42
Xgpw4315	9	5	57.5	1.32	0.19	0.29
Xgpw4388	13	10	77.5	1.39	0.25	0.38
Xgpw4389	7	6	80.0	1.50	0.30	0.45
Xgpw4410	10	9	90.0	1.31	0.21	0.35
Xgpw4412	14	8	57.0	1.19	0.14	0.23
Xgpw4507	9	7	82.5	1.27	0.20	0.33
Xgpw5193	8	8	100	1.66	0.38	0.55
Xgpw7052	12	5	40.0	1.17	0.11	0.17
Xgpw7272	6	4	67.5	1.39	0.24	0.37
Xgpw7309	9	7	80.0	1.40	0.26	0.41
Xgwm160	5	3	60.0	1.47	0.26	0.37
Xgwm294	8	6	77.5	1.32	0.22	0.35
Xgwm357	8	7	88.0	1.39	0.25	0.40
Xwmc24	7	5	77.5	1.47	0.29	0.43
Xwmc93	7	6	90.0	1.60	0.35	0.52
平均 Mean	7.6	5.6	74.5	1.43	0.26	0.39

TNA: Total number of alleles; NPA: Number of polymorphic alleles; PPA: Percentage of polymorphism; Ne: Effective number of alleles; H: Nei's diversity; I: Shannon's index.

### 2.4 小麦种质的主成分分析

基于 SSR 检测数据对 40 份小麦种质进行主成分分析,具体结果见图 3。图 3 中的点代表了不同小麦种质,从它们所在位置距离的远近可以直观反映出其亲缘关系的远近,距离越近说明小麦间遗传关系越近,反之,距离越远,则亲缘关系越远。主成分分析可以大致将 40 份小麦种质划分为 4 个类群,该结果与聚类分析主要结果基本一致。

### 2.5 小麦种质 DNA 指纹图谱构建

基于 SSR 标记检测结果构建了 40 份小麦种质的 DNA 指纹图谱。为保证 DNA 指纹图谱的精准性和区分性,研究选取了 29 对带型清晰、多态性好的 SSR 引物来构建小麦种质 DNA 指纹图谱,结果发现,利用 29 对 SSR 引物共扩增出了 220 个有效基因位点,在不同小麦种质间,其中 127 个位点的差异较为明显,利用这个图谱可将这 40 份小麦种质进行有效区分。



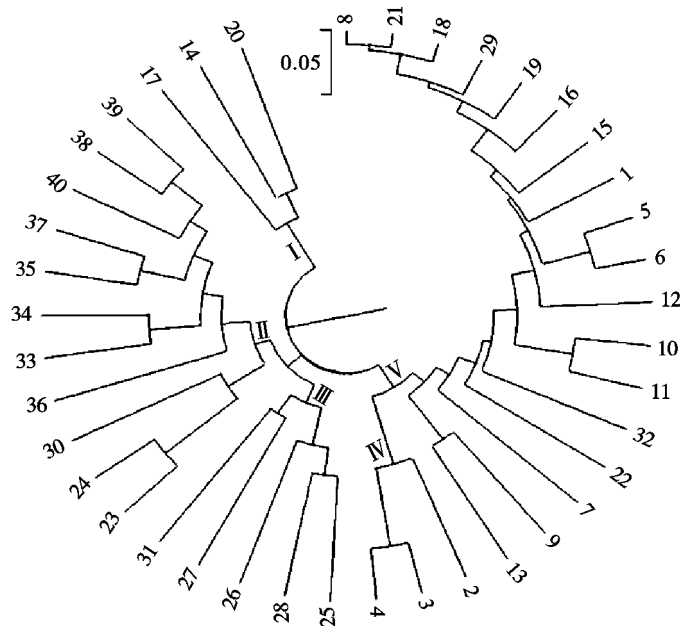


图 2 基于 SSR 标记的 40 份小麦种质聚类结果

Fig. 2 Dendrogram of the 40 wheat germplasms based on SSR markers

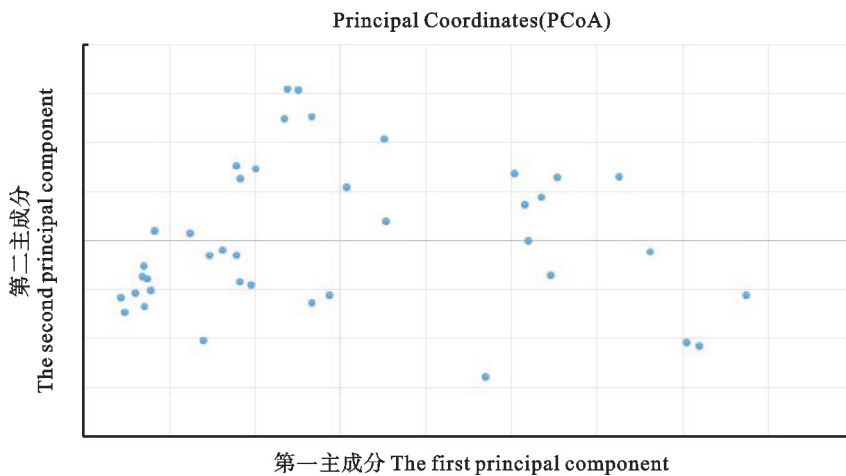


图 3 基于 SSR 标记的 40 份小麦种质主成分分析图

Fig. 3 Principal components analysis of the 40 wheat germplasms based on SSR markers

### 3 讨论

小麦作为中国重要粮食作物之一,其对保障中国粮食安全具有重要意义<sup>[15-16]</sup>,而提高小麦育种水平是保证小麦产业提升的关键。长期的杂交选育已使品种遗传多样性逐步降低,育种基础日益狭窄,导致小麦育种进程缓慢,这已成为小麦育种家普遍的共识。小麦种质资源是小麦育种的重要基础,其遗传多样性分析对小麦种质资源的高效利用非常关键,其也是小麦种质引进、保护、利用及挖掘小麦优异基因资源的重要基础<sup>[16]</sup>,对于拓宽小麦遗传基础和亲本选配具有非常重要的意义。

SSR 标记已被前人广泛应用于小麦遗传多样性分析中<sup>[1,17-25]</sup>。杨艳红等<sup>[10]</sup>利用 84 对 SSR 引物对 119 份小麦品种作分析共获得 170 个基因位点,每对引物检测出 1~5 个基因位点,喻俊杰等<sup>[26]</sup>在利用 SSR 标记对江苏省小麦品种遗传多样性分析中发现,每对 SSR 标记检测位点变化范围为 2~11 个,平均每个标记检测到 3.93 个基因位点。丁明亮等<sup>[27]</sup>在对云南省小麦品种遗传多样性分析中发现,单个 SSR 标记检测到 1~9 个等位变异,平均每个 SSR 标记检测到 3.96 个等位变异。与前人比较不难发现,本研究中 SSR 标记在检测基因位点数达到 220 个,单对 SSR 引物

扩增位点数平均为 7.6,明显高于其他研究<sup>[10,12]</sup>,这也表明本研究选用的 SSR 标记具有更高的检测效率。本研究也对 SSR 引物检测中的相关参数进行了分析,结果显示,SSR 标记的有效等位基因数、Nei's 多样性指数和 Shannon's 指数变化范围分别为 1.17~1.66、0.11~0.38 和 0.17~0.55,这与王春平等<sup>[28]</sup>的试验结果不同。由于不同研究针对的小麦材料不同,因此其研究结果对其他小麦材料具有一定的局限性,虽然前人利用 SSR 分子标记针对小麦遗传多样性开展了较多的研究,但将 SSR 标记应用于平顶山地区小麦研究的仍未见报道。本研究将为 SSR 标记在平顶山地区小麦种质分析中的有效利用提供一定基础。

遗传多样性分析一直是小麦种质资源研究的重要内容。本研究获得的 40 份小麦种质遗传相似系数变化范围为 0.55~0.98,平均值是 0.77,该结果与前人研究结果存在一定差异。例如王晨晨等<sup>[29]</sup>用 84 对 SSR 引物对 47 份矮抗 58 及衍生小麦品种进行分析,得到的遗传相似系数变化范围为 0.54~0.92,平均值是 0.73。陈天青等<sup>[30]</sup>研究发现 55 份贵州品种(系)之间的遗传相似系数变化范围为 0.13~0.63,平均值为 0.33。刘路平等<sup>[31]</sup>对国家黄淮冬麦区 42 个小麦品种(系)遗传多样性分析中发现,品种间遗传相似系数变化范围为 0.15~0.88,平均值为 0.52。通过比较可以发现,本研究检测的小麦种质遗传相似性系数均小于王晨晨等<sup>[29]</sup>、刘路平等<sup>[31]</sup>研究,这也表明与前人研究相比,本研究小麦种质的遗传多样性较小,造成这些差异的原因可能与研究材料选择有关。由于本研究所用小麦材料绝大部分来自平顶山、新乡等河南省内区域,只有极个别来自山东等其他省份,来源地较少可能导致其遗传基础较窄,研究群体遗传多样性水平较低。前人基于遗传相似性系数开展不同小麦种质聚类分析的研究较多<sup>[22-23,26]</sup>。本研究在对 40 份小麦种质进行聚类分析的同时,也对其作了主成分分析,两种分析互相印证,获得了基本一致的结果。

DNA 指纹图谱保护小麦种质产权方面发挥着越来越重要的作用<sup>[8,10,12]</sup>。对于小麦 DNA 指纹图谱来说,所用 SSR 引物及其数量不同表现出的特异性也存在差异,这不仅决定了所能区分的小麦种质数量,还影响着 DNA 指纹图谱的有效性和精确性。本研究选用了 29 对 SSR 引物扩增的 127 个有效基因位点进行了指纹图谱的构建,

与杨艳红等<sup>[10]</sup>、李红琴等<sup>[32]</sup>构建的小麦指纹图谱分子身份证相比,本研究构建的 DNA 指纹图谱相对更精确和更具有区分性,这将为平顶山地区小麦种质的保护和利用提供有效依据。

#### 参考文献:

- [1]BHATTA M, SHAMANIN V, SHEPELEV S, *et al.* Genetic diversity and population structure analysis of synthetic and bread wheat accessions in Western Siberia [J]. *Journal of Applied Genetics*, 2019, 60(3/4): 283.
- [2]TAUTZ D, RENZ M. Simple sequences are ubiquitous repetitive components of eukaryotic genomes [J]. *Nucleic Acids Research*, 1984, 12(10): 4127.
- [3]RÖDER M S, PLASCHKE J, KÖNIG S U, *et al.* Abundance, variability and chromosomal location of microsatellites in wheat [J]. *Molecular & General Genetics*, 1995, 246(3): 327.
- [4]PRASAD M, VARSHNEY R K, ROY J K, *et al.* The use of microsatellites for detecting DNA polymorphism, genotype identification and genetic diversity in wheat [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2000, 100(3): 584.
- [5]聂兴华, 郑瑞杰, 赵永廉, 等. 利用荧光 SSR 分子标记评估中国粟属植物遗传多样性[J]. *中国农业科学*, 2021, 54(8): 1739.  
NIE X H, ZHENG R J, ZHAO Y L, *et al.* Genetic diversity evaluation of *Castanea* in China based on fluorescently labeled SSR [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2021, 54(8): 1739.
- [6]李群, 王栋, 张文兰, 等. 基于 SSR 标记的世界豌豆种质遗传多样性分析[J]. *植物遗传资源学报*, 2021, 22(3): 684.  
LI Q, WANG D, ZHANG W L, *et al.* Genetic diversity analysis of pea germplasm resources of the world by SSR markers [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2021, 22(3): 684.
- [7]李儒剑, 万吉丽, 尹晓佳, 等. SSR 分子标记法快速进行常规稻种子纯度检测的研究及应用[J]. *杂交水稻*, 2022, 37(3): 11.  
LI R J, WAN J L, YIN X J, *et al.* Research and application of SSR-based method for rapid seed purity assessment of conventional rice [J]. *Hybrid Rice*, 2022, 37(3): 11.
- [8]王健胜, 侯桂玲, 王二伟, 等. 基于 SSR 标记的 100 份国内外小麦种质遗传多样性分析及 DNA 指纹图谱构建[J]. *山东农业科学*, 2023, 55(9): 17.  
WANG J S, HOU G L, WANG E W, *et al.* Genetic diversity analysis and DNA fingerprint construction of 100 wheat germplasm from home and abroad based on SSR markers [J]. *Shandong Agricultural Sciences*, 2023, 55(9): 17.
- [9]廖宏泽, 孙曼曼, 黄小娟, 等. 基于简化基因组测序技术的油茶 SNP 标记开发及指纹图谱构建[J]. *中南林业科技大学学报*, 2024, 44(4): 128.  
LIAO H Z, SUN M M, HUANG X J, *et al.* Development of SNP markers and construction of DNA fingerprint in teaoil *Camellia* germplasm based on simplified genome sequencing [J]. *Journal of Central South University of Forestry & Technology*, 2024, 44(4): 128.
- [10]杨艳红, 尹华燕, 高雨, 等. 黄淮麦区主要推广小麦品种(系) DNA 指纹图谱构建及遗传多样性分析[J]. *山东农业大学学报(自然科学版)*, 2018, 49(3): 371.  
YANG Y H, YIN H Y, GAO Y, *et al.* Establishment of DNA fingerprinting and genetic diversity analysis of main wheat cultivars in Huanghuai Region [J]. *Journal of Shandong Agricultural University (Natural Science Edition)*, 2018, 49(3): 371.

- [11]张学勇,李大勇. 小麦及其近亲基因组中的 DNA 重复序列研究进展[J]. 中国农业科学, 2000, 33(5): 14.  
ZHANG X Y, LI D Y. Repetitive DNA sequences in wheat and its relatives [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2000, 33(5): 14.
- [12]李宏博,庞斌双,刘丽华,等. 河北区试小麦品种(系)DNA 指纹图谱构建及遗传差异分析[J]. 生物技术通报, 2015, 31(6): 93.  
LI H B, PANG B S, LIU L H, *et al.* Construction of DNA fingerprinting and analysis of genetic diversity for wheat varieties (lines) in regional test of Hebei [J]. *Biotechnology Bulletin*, 2015, 31(6): 93.
- [13]付雪丽,景琦,陈旭,等. 我国小麦种子供需现状与产业发展趋势[J]. 中国种业, 2023(2): 20.  
FU X L, JING Q, CHEN X, *et al.* Current situation of wheat seed supply and demand in China and its industrial development trend [J]. *China Seed Industry*, 2023(2): 20.
- [14]DELLAPORTA S L, WOOD J, HICKS J B. A plant DNA miniprep: Version II [J]. *Plant Molecular Biology Reporter*, 1983, 1(4): 19.
- [15]马艳明,冯智宇,王威,等. 新疆冬小麦品种农艺及产量性状遗传多样性分析[J]. 作物学报, 2020, 46(12): 1997.  
MA Y M, FENG Z Y, WANG W, *et al.* Genetic diversity analysis of winter wheat landraces and modern bred varieties in Xinjiang based on agronomic traits [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2020, 46(12): 1997.
- [16]何中虎,庄巧生,程顺和,等. 中国小麦产业发展与科技进步[J]. 农学报, 2018, 8(1): 99.  
HE Z H, ZHUANG Q S, CHENG S H, *et al.* Wheat production and technology improvement in China [J]. *Journal of Agriculture*, 2018, 8(1): 99.
- [17]FARHANGIAN-KASHANI S, AZADI A, KHAGHANI S, *et al.* Association analysis and evaluation of genetic diversity in wheat genotypes using SSR markers [J]. *Biologia Futura*, 2021, 72(4): 441.
- [18]侯广云,王文美,井立玲,等. 小麦品种及突变体八个农艺性状的遗传模型分析[J]. 核农学报, 1994, 8(1): 20.  
HOU G Y, WANG W M, JING L L, *et al.* Genetic model analysis of eight agronomic characters of wheat varieties and mutants [J]. *Journal of Nuclear Agricultural Sciences*, 1994, 8(1): 20.
- [19]王秋云,冯雯杰,张巧玲,等. 56 份人工合成六倍体小麦的遗传多样性分析[J]. 麦类作物学报, 2021, 41(8): 960.  
WANG Q Y, FENG W J, ZHANG Q L, *et al.* Genetic diversity analysis of 56 synthetic hexaploid wheats [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2021, 41(8): 960.
- [20]WANG X, LUO G, YANG W, *et al.* Genetic diversity, population structure and marker-trait associations for agronomic and grain traits in wild diploid wheat *Triticum urartu* [J]. *BMC Plant Biology*, 2017, 17(1): 112.
- [21]徐默然,蔺瑞明,王凤涛,等. 103 份小麦品种(系)抗条锈性和遗传多样性评价及基因检测[J]. 中国农业科学, 2020, 53(4): 748.  
XU M R, LIN R M, WANG F T, *et al.* Evaluation of resistance to stripe rust and genetic diversity and detection of resistance genes in 103 wheat cultivars (lines) [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2020, 53(4): 748.
- [22]许娜丽,王新华,马冬花,等. 251 份小麦种质资源的主要农艺与品质性状遗传多样性分析[J]. 南方农业学报, 2021, 52(9): 2404.  
XU N L, WANG X H, MA D H, *et al.* Genetic diversity analysis of main agronomic and quality traits of 251 wheat germplasm resources [J]. *Journal of Southern Agriculture*, 2021, 52(9): 2404.
- [23]赵小庆,史功赋,张向前,等. 内蒙古地区典型春小麦亲缘关系的 SRAP 分析[J]. 分子植物育种, 2020, 18(8): 2606.  
ZHAO X Q, SHI G F, ZHANG X Q, *et al.* Genetic relationship of spring wheat varieties in Inner Mongolia Region by SRAP markers [J]. *Molecular Plant Breeding*, 2020, 18(8): 2606.
- [24]张思妮,王震,赵丹阳,等. 人工合成小麦农艺性状与 SSR 标记的关联分析[J]. 农业生物技术学报, 2018, 26(4): 564.  
ZHANG S N, WANG Z, ZHAO D Y, *et al.* Association analysis of agronomic traits with SSR markers in synthetic hexaploid wheat (*Triticum aestivum*) [J]. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 2018, 26(4): 564.
- [25]郑永胜,王丽媛,段丽丽,等. 350 份小麦种质的 SSR 遗传多样性分析[J]. 山东农业科学, 2020, 52(12): 1.  
ZHENG Y S, WANG L Y, DUAN L L, *et al.* Genetic diversity analysis of 350 wheat germplasm by SSR markers [J]. *Shandong Agricultural Sciences*, 2020, 52(12): 1.
- [26]喻俊杰,金艳,张勇,等. 江苏主栽小麦品种遗传多样性的 SSR 分析[J]. 麦类作物学报, 2015, 35(10): 1372.  
YU J J, JIN Y, ZHANG Y, *et al.* Analysis on genetic diversity of Jiangsu wheat cultivars using SSR markers [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2015, 35(10): 1372.
- [27]丁明亮,周国雁,方艺瑾,等. 云南省小麦育成品种(系)遗传多样性分析[J]. 西南农业学报, 2020, 33(3): 494.  
DU M L, ZHOU G Y, FANG Y J, *et al.* Genetic diversity analysis of wheat bred cultivars (lines) in Yunnan Province [J]. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2020, 33(3): 494.
- [28]王春平,罗坤,赵惠燕,等. 14 份小麦种质资源抗麦长管蚜遗传多样性的 SSR 分析[J]. 核农学报, 2011, 25(4): 639.  
WANG C P, LUO K, ZHAO H Y, *et al.* Genetic diversity of wheat germplasm resistance to the aphid (*Sitobion avenae* F.) by SSR markers [J]. *Journal of Nuclear Agricultural Sciences*, 2011, 25(4): 639.
- [29]王晨晨,王玉泉,张海惠,等. 基于 SSR 标记分析矮抗 58 衍生品种的遗传多样性[J]. 种子, 2021, 40(11): 137.  
WANG C C, WANG Y Q, ZHANG H H, *et al.* Genetic diversity analysis of Aikang 58 and its derivatives based on SSR markers [J]. *Seed*, 2021, 40(11): 137.
- [30]陈天青,隋建枢,张立异,等. 贵州小麦育种核心种质的遗传多样性分析[J]. 西南农业学报, 2015, 28(5): 1879.  
CHEN T Q, SUI J S, ZHANG L Y, *et al.* Genetic diversity of core wheat breeding germplasm in Guizhou [J]. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2015, 28(5): 1879.
- [31]刘路平,朱传杰,简俊涛,等. 黄淮麦区小麦新品种(系)的遗传多样性分析[J]. 麦类作物学报, 2013, 33(6): 1128.  
LIU L P, ZHU C J, JIAN J T, *et al.* Genetic diversity of new wheat cultivars (lines) in Huang-Huai area [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2013, 33(6): 1128.
- [32]李红琴,刘宝龙,张波,等. 青海省审定小麦品种 SSR 遗传多样性分析及分子身份证的建立[J]. 作物杂志, 2020(3): 60.  
LI H Q, LIU B L, ZHANG B, *et al.* Analysis of genetic diversity and establishment of molecular ID of the wheat cultivars registered in Qinghai using SSR [J]. *Crops*, 2020(3): 60.