

# 基于 SSR 标记的 104 份苦荞种质资源遗传多样性及群体结构分析

吴叶宁<sup>1</sup> 胡昊驰<sup>1</sup> 王春勇<sup>2</sup> 谢锐<sup>1</sup> 张永虎<sup>1</sup> 温蕊<sup>1</sup> 金晓蕾<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>内蒙古自治区农牧业科学院, 010031, 内蒙古呼和浩特; <sup>2</sup>唐山市农业科学研究院, 063001, 河北唐山)

**摘要** 利用 SSR 分子标记, 对我国 104 份苦荞地方种质资源进行遗传多样性及群体结构分析。结果显示, 9 对多态性较高的 SSR 引物在 104 份苦荞种质资源中共扩增出 22 个等位基因, 每对引物扩增等位基因数在 2~4 个, 平均每个位点为 2.444 个, 有效等位基因数 ( $N_e$ )、Shannon's 多样性指数 ( $I$ )、观测杂合度 ( $H_o$ ) 和期望杂合度 ( $H_e$ ) 平均值分别为 1.820、0.629、0.058 和 0.401, 多态性信息含量 (PIC) 范围为 0.0096~0.6115, 平均值为 0.3312。通过非加权类平均聚类法 (UPGMA) 进行聚类分析, 将 104 份苦荞种质资源分为 4 个组群, 内蒙古、云南、贵州和四川苦荞分布相似, 主要分布在组群 III 和 IV, 其余省份材料分布均匀, 存在较丰富的遗传多样性。通过群体结构分析及二维主坐标分析 (PCoA) 验证, 组群划分情况与聚类分析基本一致。本研究进一步明确了苦荞地方种质间的遗传多样性和亲缘关系, 筛选出 17 份亲缘关系单一的种质材料, 为苦荞种质资源的有效利用及新品种选育提供理论依据。

**关键词** 苦荞; SSR 分子标记; 种质资源; 遗传多样性; 群体结构

苦荞 [*Fagopyrum tataricum* (L.) Gaertn.] 属蓼科 (Polygonaceae) 荞麦属 (*Fagopyrum* Mill.), 为一年生双子叶草本植物, 是荞麦的 2 个栽培种之一<sup>[1]</sup>。我国是苦荞的起源地与集中分布区, 种植历史悠久, 种植面积和产量均居世界前列<sup>[2]</sup>。苦荞具有生育期短、抗旱、耐冷凉、耐贫瘠和适应性较强等特性<sup>[3]</sup>, 主要分布于我国西南、华北和西北等地区<sup>[4-5]</sup>。作为一种典型的药食同源小宗作物<sup>[6]</sup>, 苦荞不仅富含蛋白质、氨基酸、脂肪、膳食纤维、维生素和矿物质等营养物质, 还含有生物类黄酮、皂苷和 D-手性肌醇等生物活性物质, 具备消炎、抗氧化、抗动脉硬化、降“三高”、防治糖尿病及防癌抗癌等多种医药保健功效<sup>[7-11]</sup>。

种质资源收集与评价是作物育种工作的基础, 利用分子标记技术开展苦荞种质资源遗传多样性及亲缘关系研究, 对苦荞新品种选育与产业发展具有重要意义。简单重复序列 (simple sequence repeat, SSR) 分子标记因操作简便、多态性丰富且重复性高, 在近似品种鉴别方面优势突出, 成为当前研究首选的分子标记之一, 已广泛应用于水稻<sup>[12]</sup>、小麦<sup>[13]</sup>和玉米<sup>[14]</sup>等主要作物的遗传多样性研究。

随着苦荞全基因组及转录组测序数据的公布<sup>[15]</sup>, SSR 分子标记在苦荞种质资源研究中的应用愈发广泛。目前, 国内已有一些使用 SSR 分子标记技术开展苦荞遗传多样性研究的报道, 冷宇鑫等<sup>[16]</sup>采用 SSR 分子标记对 60 份贵州荞麦种质进行遗传多样性分析, 构建了 DNA 分子身份证数据库, 证实贵州省荞麦种质资源遗传多样性丰富; 李晓瑜等<sup>[17]</sup>以 318 份苦荞种质资源为材料, 利用 SSR 分子标记对 11 个农艺性状进行关联分析, 检测到 54 个 SSR 标记与苦荞种质资源农艺性状极显著关联, 为苦荞杂交组合亲本选配及分子标记辅助育种提供了依据; 蔡齐宗等<sup>[5]</sup>验证了苦荞基因组富含 SSR 位点, 其中单核苷酸重复和二核苷酸重复类型最为丰富, SSR 位点平均距离为 3.04 kb, 开发的 SSR 分子标记多态性良好; 左茜茜等<sup>[6]</sup>挖掘苦荞 8 条染色体基因组序列的 SSR 标记, 发现 42 份苦荞地方品种资源多样性较高, 验证了云贵川地区苦荞种质资源遗传多样性普遍高于其他区域的结论<sup>[18-20]</sup>; 马名川等<sup>[21]</sup>对 49 份山西省苦荞种质资源进行遗传多样性和遗传结构分析, 将其划分为 9 个群组, 群组间聚类分析显示资源地理来源地

作者简介: 吴叶宁, 主要从事荞麦育种与栽培研究, E-mail: wuyening0806@163.com

金晓蕾为通信作者, 主要从事荞麦育种与栽培研究, E-mail: jinxiaolei123@126.com

基金项目: 2023 年创新基金项目—区域特色优势农作物种质资源创新与新品种选育—甜荞种质资源创新及新品种选育 (2023CXJJN05)

收稿日期: 2024-08-02; 修回日期: 2024-09-26; 网络出版日期: 2025-01-17

分化较为明显。

本研究采用 SSR 分子标记对 104 份不同来源的苦荞种质资源开展遗传多样性与群体结构分析，旨在揭示苦荞种质资源之间的遗传关系，探明苦荞资源与地域分布之间的关系，筛选出亲缘关系较单一的种质资源，为苦荞种质资源的进一步有效利用及新品种选育提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试材料

供试材料选自内蒙古自治区农牧业科学院作物科学研究所收集保存的苦荞种质资源，共计 104 份。其中 25 份来源于内蒙古，79 份来源于四川、贵州、云南和重庆等 9 个省份（表 1）。

表 1 供试材料信息  
Table 1 Test material information

材料编号 Material number	来源地 Origin	材料编号 Material number	来源地 Origin	材料编号 Material number	来源地 Origin	材料编号 Material number	来源地 Origin	材料编号 Material number	来源地 Origin
S1	江西	S32	云南	S60	贵州	S83	重庆	S110	四川
S4	四川	S34	云南	S61	贵州	S84	内蒙古	S111	四川
S5	山西	S35	贵州	S62	贵州	S85	内蒙古	S112	四川
S7	贵州	S36	四川	S63	贵州	S86	内蒙古	S113	四川
S10	四川	S37	甘肃	S64	陕西	S87	内蒙古	S114	四川
S12	四川	S38	甘肃	S65	陕西	S91	内蒙古	S115	四川
S13	四川	S39	甘肃	S66	陕西	S92	内蒙古	S116	四川
S14	贵州	S40	陕西	S67	陕西	S93	内蒙古	S117	四川
S15	贵州	S42	云南	S68	陕西	S94	内蒙古	S118	四川
S17	湖南	S43	云南	S69	陕西	S95	山西	S119	四川
S18	山西	S44	云南	S70	云南	S96	重庆	S120	四川
S20	山西	S45	贵州	S71	云南	S97	重庆	S122	内蒙古
S22	甘肃	S46	贵州	S72	内蒙古	S99	重庆	S125	内蒙古
S23	山西	S47	四川	S74	内蒙古	S100	重庆	S127	甘肃
S24	云南	S48	四川	S75	内蒙古	S102	贵州	S128	内蒙古
S25	云南	S49	贵州	S76	内蒙古	S104	重庆	S129	内蒙古
S26	云南	S50	贵州	S77	内蒙古	S105	重庆	S130	内蒙古
S27	云南	S53	贵州	S78	内蒙古	S106	重庆	S143	内蒙古
S28	云南	S54	贵州	S79	内蒙古	S107	重庆	S147	内蒙古
S29	云南	S55	云南	S80	内蒙古	S108	内蒙古	S148	甘肃
S30	云南	S56	四川	S82	陕西	S109	内蒙古		

### 1.2 苦荞基因组 DNA 的提取

每份材料取 15 粒种子播种于育苗盘中。待种子长出 2 片子叶后，随机采集 3 个单株，每株取 1 片子叶混合，液氮速冻后迅速研磨成粉末状，采用 CTAB 法<sup>[22]</sup>提取基因组 DNA。利用 1% 琼脂糖凝胶电泳初步检测所提取 DNA 的大小和质量，再用紫外分光光度计检测 DNA 的质量浓度，根据 A<sub>260</sub> 和 A<sub>280</sub> 处吸光度的比值检测 DNA 质量，将 DNA 样本置于 -80 °C 条件保存。

### 1.3 SSR 引物设计及多态性检测

利用 Primer Express 3.0 软件对 SSR 引物进行批量设计，随机选取 100 对设计的引物送至生工生物工程（上海）股份有限公司进行引物合成。选取表型差异较大的 15 份材料 DNA（S1、S4、S5、S7、

S10、S12、S13、S14、S15、S17、S18、S20、S22、S23 和 S24）作为 PCR 扩增模板，用于验证引物的多态性。PCR 反应总体积为 10 μL，包含 5 μL 2× Taq PCR Master Mix（南京诺唯赞生物科技股份有限公司），正向引物（10 μmol/L）1.0 μL，反向引物（10 μmol/L）1.0 μL，DNA 模板 1.0 μL 和 2.0 μL ddH<sub>2</sub>O。PCR 扩增反应程序：95 °C 预变性 2 min；94 °C 变性 40 s，56 °C 退火 45 s，72 °C 延伸 1 min，27 个循环；最后 72 °C 延伸 7 min。反应结束后，在产物中加入 2 μL 缓冲液（0.5×TBE）并离心，以 50~500 bp DNA 分子量为标准，利用毛细管电泳，对扩增产物进行多态性检测。从具有多态性的引物中选择多态性最高的 9 对作为参试引物。采用 6%~8% 的非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳，电泳缓冲液

为 0.5×TBE，左右端空格避免边缘效应，电泳上样量 1.5 μL，两端各设置 1 个 50 bp 标记，电泳条件为：首先在 120 V、400 mA 下运行 20 min，随后在 180 V、400 mA 下运行 1 h 20 min，扩增片段移动至凝胶中部时停止电泳。取出凝胶后用银染法染色，并将其放置在凝胶成像仪上拍照观察。

#### 1.4 数据处理

根据 SSR 扩增产物在电泳凝胶上的迁移位置，人工判读条带，有扩增条带记为“1”，无扩增条带记为“0”，构建二元数据矩阵，并计算多态性条带百分率。利用 GenAlEx 6.51b2 软件分析单个 SSR 位点在样本整体的等位基因数 ( $N_a$ )、有效等位基因数 ( $N_e$ )、Shannon's 多样性指数 ( $I$ )、观测杂合度 ( $H_o$ ) 和期望杂合度 ( $H_e$ )。

使用 Powermarker 3.25 软件计算各位点的多态性信息含量 (PIC)，PIC 与扩增的等位基因数目和频率有关，反映出 SSR 对品种的区分度，PIC 平均值与材料的遗传基础丰富水平呈正关系，当  $PIC \geq 0.50$  时，材料遗传基础为高度多态性； $0.25 \leq PIC < 0.50$  时为中度多态性； $PIC < 0.25$  时为低度多态性<sup>[23-24]</sup>。使用非加权类平均聚类法 (UPGMA) 绘制聚类图。

使用 Structure 2.3.1 软件分析供试材料的群体

遗传结构，将群体数目预测值  $K$  设置为 1~20，MCMC (Markov chain Monte Carlo) 和不作数迭代次数分别设置为 50 000 和 100 000，每个  $K$  值重复运行 20 次；将运行结果导入在线程序 structure Harvester (<http://taylor0.biology.ucla.edu/structureHarvester/>) 进行最佳群体数预测， $\Delta K$  出现最大值时即为最佳分群；同时得出  $Q$  值，当某一资源材料在某一组群中的百分比  $Q$  值越大，则该资源材料亲缘关系相对较为单一，否则认为该资源材料亲缘关系较复杂<sup>[25]</sup>，使用 Structure 2.3.1 软件绘制群体遗传结构图。

利用 GenAlEx 6.51b2 软件计算遗传距离矩阵，在此基础上进行二维主坐标分析，并绘制前 2 个主成分的 PCoA (principal coordinates analysis) 二维散点图。

## 2 结果与分析

### 2.1 SSR 引物的多态性分析

从 100 对 SSR 引物中筛选出 9 对条带清晰且多态性较好的引物。扩增结果 (表 2) 显示，9 对引物在 104 份苦荞种质资源中共扩增出 22 个等位基因，每对引物扩增等位基因数在 2~4 范围内，平均每个位点为 2.444 个。有效等位基因数的平均值为

表 2 SSR 引物扩增多态性信息  
Table 2 Polymorphic information of SSR primers

引物 Primer	引物序列 (5'→3') Primer sequence	等位 基因数 $N_a$	有效等位 基因数 $N_e$	Shannon's 多样性指数 $I$	观测 杂合度 $H_o$	期望 杂合度 $H_e$	多态性 信息含量 PIC
P13	F: AAATTCGGGCATAGATTCTGA R: TTCGATCCATCTTTTGGGAG	2	1.413	0.468	0.010	0.292	0.2497
P21	F: ACTCTTCCTCAGCGCTTCAC R: TCCTTGCCTAGTCCAGCAGT	4	3.081	1.204	0.077	0.675	0.6115
P43	F: AATTTGTTGGCACACAAGCA R: GTTGGGACAAGAAGGACTCG	3	1.420	0.506	0.048	0.296	0.2573
P52	F: CGATCCCGTAAAGATCTCGTC R: CGAGTTTCGAACTCCTGACC	2	1.010	0.031	0.010	0.010	0.0096
P53	F: TCCATGTTTGAGGGGCTAAG R: AAATTCTTGCGCATTGCATA	3	2.086	0.870	0.058	0.521	0.4499
P68	F: AAGGGCAAGATTGCTTACCA R: GTCAGGATCCATTGTGGGAT	2	1.874	0.659	0.087	0.466	0.3576
P69	F: AAGGCAAGGGTATAAAGGGAA R: GAACAGGAACCCGAATACGA	2	1.649	0.582	0.077	0.393	0.3161
P76	F: CATAACATCCGCCAACAAG R: GTTAAGGCAAACCTCGGTCCA	2	1.969	0.685	0.048	0.492	0.3711
P99	F: AGTGAAATTTTGGTGGACGC R: TCGTACTTTCCAAACGCTACA	2	1.874	0.659	0.106	0.466	0.3576
	平均值 Mean	2.444	1.820	0.629	0.058	0.401	0.3312

1.820; Shannon's 多样性指数范围为 0.031~1.204, 平均值为 0.629; P99 的观测杂合度最大, 为 0.106, P13 和 P52 最小 (0.010); 期望杂合度的变化范围为 0.010~0.675, 平均值为 0.401; 9 对引物的 PIC 范围为 0.0096~0.6115, 其中 P21 最高, 为 0.6115, P52 最低, 为 0.0096。本研究中, 筛选出的 9 对引物检测 104 份苦荞种质资源的平均 PIC 值为 0.3312, 说明种质遗传基础较丰富, 呈中度多态性。

### 2.2 苦荞种质资源 UPGMA 聚类分析

采用非加权类平均聚类法 (UPGMA) 绘制聚类图, 对 104 份供试材料进行聚类分析 (图 1), 结果发现供试材料可聚为 4 个组群, 组群 I 包含 29 份资源, 组群 II 包含 6 份资源, 组群 III 包含 34 份资源, 组群 IV 包含 35 份资源, 4 个组群的种质分布见表 3。从来源地看, 内蒙古与云南苦荞分布相似, 主要分布于组群 III 和 IV, 四川苦荞主要分布于组群

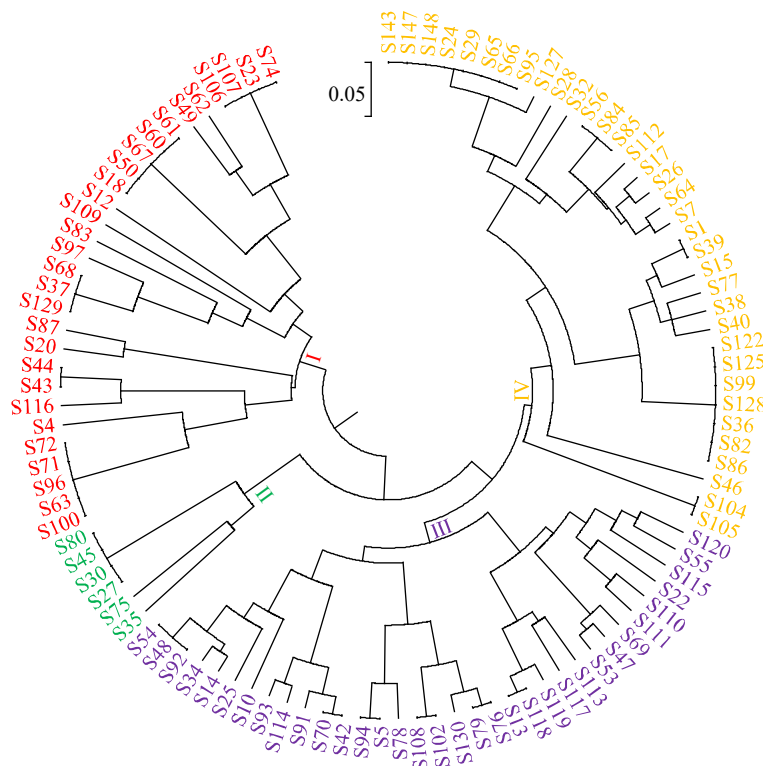


图 1 104 份苦荞种质资源 UPGMA 聚类分析

Fig.1 UPGMA cluster analysis of 104 tartary buckwheat germplasm resources

表 3 基于 UPGMA 聚类分析划分的 4 个组群种质构成

Table 3 Germplasm composition of four groups based on UPGMA cluster analysis

组群 Group	种质总数 Total germplasms	比例 Percentage (%)	种质来源 (数量) Origin of germplasms (number)
I	29	27.89	甘肃 (1); 贵州 (6); 内蒙古 (5); 山西 (3); 陕西 (2); 四川 (3); 云南 (3); 重庆 (6)
II	6	5.77	贵州 (2); 内蒙古 (2); 云南 (2)
III	34	32.69	甘肃 (1); 贵州 (4); 内蒙古 (9); 山西 (1); 陕西 (1); 四川 (13); 云南 (5)
IV	35	33.65	甘肃 (4); 贵州 (3); 湖南 (1); 江西 (1); 内蒙古 (9); 山西 (1); 陕西 (5); 四川 (3); 云南 (5); 重庆 (3)

III, 其余省份材料分布较平均, 存在着较丰富的遗传多样性。

### 2.3 苦荞种质资源群体结构分析

对供试材料进行群体结构分析 (图 2), 当  $K=4$  时  $\Delta K$  出现最大值, 由此判断可将 104 份苦荞种质资源划分为 4 个组群。  $K=4$  时的群体遗传结构如图

3 所示, 4 个组群分别命名为 A、B、C 和 D, 表 4 为各组群中资源来源情况, 表 5 为 104 份材料在各组群中的  $Q$  值分布。104 份资源材料中有 20 份  $Q$  值  $< 0.6$ , 84 份  $Q$  值  $\geq 0.6$ , 说明各组群中大多数资源材料亲缘关系相对单一。组群 B 中  $Q$  值  $\geq 0.9$  的材料数共 17 份 (S18、S23、S49、S50、S60、S61、

S62、S63、S67、S71、S72、S74、S96、S97、S100、S106 和 S107），占组群 B 种质总数的 85%，为 4 个组群中  $Q$  值  $\geq 0.9$  种质占比最高的组群，说明组群 B 中的材料亲缘关系最为单一。与 UPGMA 聚类分析对比，组群 I 与组群 B 中有 19 份材料相同，组群 II 与组群 D 中有 5 份材料相同，组群 III 与组群 D 中有 25 份材料相同，组群 IV 与组群 A 和组群 C 中分别有 14 和 19 份材料相同，群体结构分析与聚类分析结果基本一致。

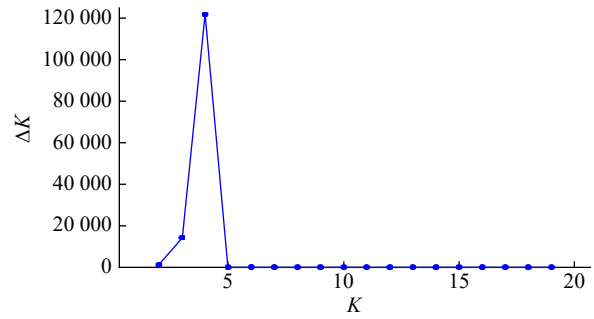


图 2  $K$  与  $\Delta K$  的变化趋势  
Fig.2 Change trends of  $K$  and  $\Delta K$

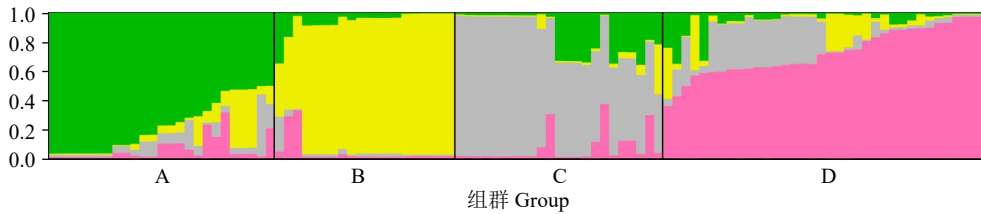


图 3 104 份苦荞种质资源群体遗传结构 ( $K=4$ )  
Fig.3 Population genetic structure of 104 tartary buckwheat germplasm resources ( $K=4$ )

表 4 基于群体结构分析划分的 4 个组群种质构成

Table 4 Germplasm composition of four groups based on population structure analysis

组群 Group	种质总数 Total germplasms	比例 Percentage (%)	种质来源 (数量) Origin of germplasms (number)
A	25	24.04	甘肃 (3); 贵州 (1); 江西 (1); 内蒙古 (11); 陕西 (3); 四川 (2); 云南 (2); 重庆 (2)
B	20	19.23	贵州 (7); 内蒙古 (3); 山西 (2); 陕西 (1); 四川 (1); 云南 (1); 重庆 (5)
C	23	22.12	甘肃 (3); 贵州 (2); 湖南 (1); 内蒙古 (5); 山西 (1); 陕西 (3); 四川 (3); 云南 (3); 重庆 (2)
D	36	34.61	贵州 (5); 内蒙古 (6); 山西 (2); 陕西 (1); 四川 (13); 云南 (9)

表 5 基于群体结构分析划分的 4 个组群  $Q$  值分布

Table 5  $Q$ -value distribution of four groups based on population structure analysis

组群 Group	种质总数 Total germplasms	种质数量 Number of germplasms			
		$Q < 0.6$	$0.6 \leq Q < 0.8$	$0.8 \leq Q < 0.9$	$Q \geq 0.9$
A	25	6	19	12	7
B	20	2	18	17	17
C	23	5	18	10	9
D	36	7	29	14	7

### 2.4 苦荞种质 SSR 标记的二维主坐标分析(PCoA)

对 104 份苦荞种质资源的 SSR 标记分析数据进行二维主坐标分析 (图 4)，将供试材料划分为 4 个部分，划分结果与群体结构划分的 4 个组群一一对应，其中紫色部分对应组群 A，蓝色部分对应组群 B，红色部分对应组群 C，绿色部分对应组群 D，此结果进一步验证了群体结构分析的准确性。

## 3 讨论

亲本材料的选择以及育种材料遗传多样性与

亲缘关系的明确，对育种工作至关重要。本研究采用 15 份苦荞材料对 100 对合成 SSR 引物进行多态性分析，结果显示 58 对引物呈现多态性，占比达 58%。经优化筛选，最终选定 9 对引物对 104 份苦荞种质资源进行 PCR 扩增，扩增所得 PIC 范围为 0.0096~0.6115，平均值为 0.3312，表明 104 份苦荞种质资源遗传基础较为丰富，呈中度多态性。该数值低于高帆等<sup>[18]</sup>和冷宇鑫等<sup>[16]</sup>所得苦荞 SSR 标记的 PIC 平均值 (分别为 0.88 和 0.69)，与李晓瑜等<sup>[17]</sup>和李春花等<sup>[26]</sup>所得苦荞 SSR 标记的 PIC 平均值 (分别为 0.46 和 0.34) 基本相当，这可能与材料和 SSR 引物选择差异以及检测方法不同有关。

本研究运用 UPGMA 聚类分析方法，将 104 份苦荞种质资源划分为 4 个组群。从地理来源角度分析，内蒙古、云南、贵州和四川的苦荞种质分布情况相似，主要集中于组群 III 和 IV，表明内蒙古与云贵川地区的苦荞亲缘关系较近，其余省份的苦荞种质分布相对均匀，说明可能存在同物异名情况。综

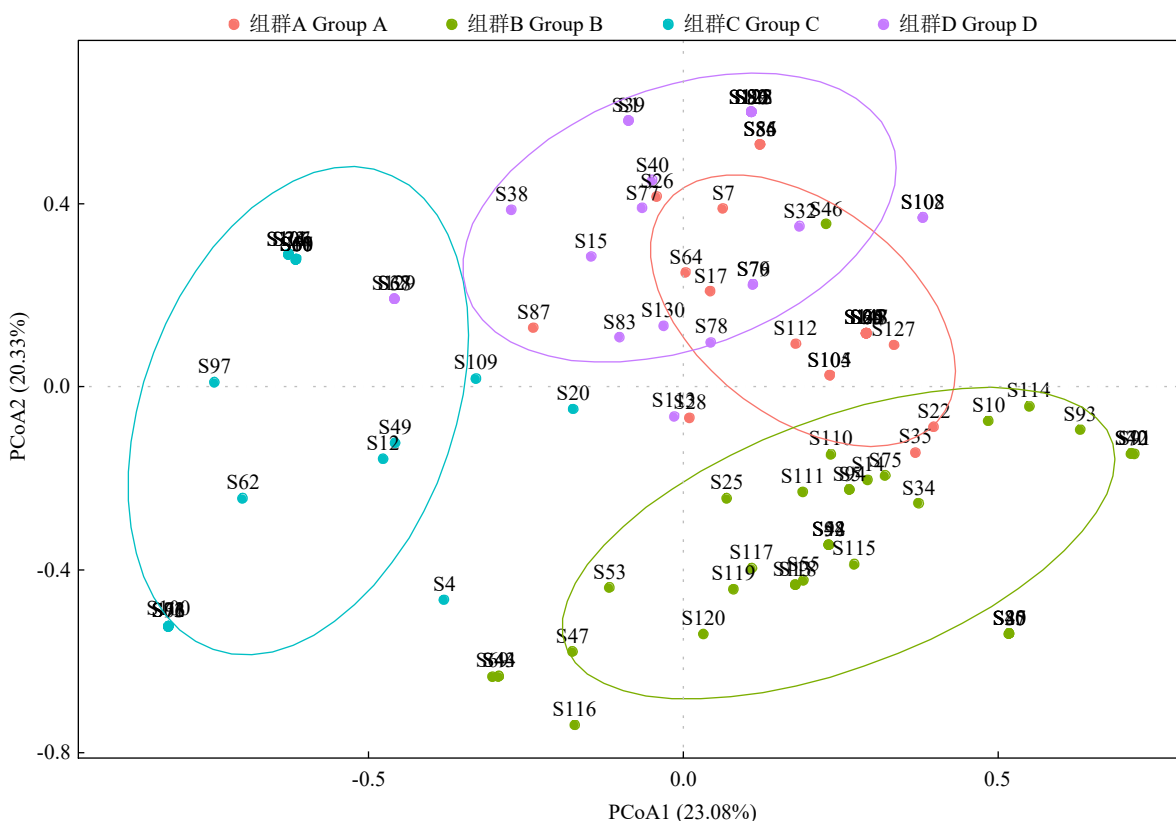


图 4 104 份苦荞种质资源的主坐标分析二维散点图

Fig.4 Principal coordinate analysis two-dimensional scatter plot of 104 tartary buckwheat germplasm resources

上, 104 份苦荞种质资源具有较为丰富的遗传多样性。通过群体遗传结构分析, 104 份苦荞种质资源同样被划分为 4 个组群, 其中组群 A 含 25 份种质, 组群 B 含 20 份, 组群 C 含 23 份, 组群 D 含 36 份。进一步分析发现, 组群 I 与组群 B 有 19 份种质重合, 组群 II 与组群 D 有 5 份重合, 组群 III 与组群 D 有 25 份重合, 组群 IV 与组群 A、组群 C 分别有 14 份、19 份种质重合。在 104 份种质资源中, 20 份  $Q$  值  $< 0.6$ , 84 份  $Q$  值  $\geq 0.6$ , 表明各组群内多数资源材料的亲缘关系相对单一, 基因渗透较少。其中, 组群 B 中有 17 份种质 (S18、S23、S49、S50、S60、S61、S62、S63、S67、S71、S72、S74、S96、S97、S100、S106 和 S107)  $Q$  值  $\geq 0.9$ , 占组群 B 材料总数的 85%, 为 4 个组群中  $Q$  值  $\geq 0.9$  种质占比最高者, 显示出这 17 份种质亲缘关系极为单一, 适合作为后期亲本筛选及新品种选育的材料。

采用二维主坐标分析 (PCoA) 对群体遗传结构进行验证, 结果基本一致。组群 B 中的资源材料均位于蓝色区域内, 与其他区域几乎无重叠, 证明组群 B 内种质资源亲缘关系单一, 且与其他组群材

料亲缘关系较远。

#### 4 结论

104 份苦荞地方种质遗传基础较丰富, 呈中度高多态性, 内蒙古与云贵川苦荞亲缘关系较近。筛选出 17 份 (S18、S23、S49、S50、S60、S61、S62、S63、S67、S71、S72、S74、S96、S97、S100、S106 和 S107) 亲缘关系单一的种质资源, 后续可用于亲本筛选, 有助于培育优良的后代杂交创新品种。

#### 参考文献

- [1] 邓琳琼, 张以忠. 苦荞 EMS 诱变群体的创建及农艺性状分析. 湖北农业科学, 2015, 54(14): 3343-3347.
- [2] 赵钢, 唐宇, 王安虎. 发展中国的苦荞生产. 作物杂志, 2002(4): 11-12.
- [3] Weisskopf A, Fuller D Q. Buckwheat: origins and development. Agricultural and Food Sciences, 2013, 33: 242-257.
- [4] 白永亮, 林柔敏, 吴采瑛, 等. 基于黄酮积累的苦荞萌发工艺优化及其抗氧化活性研究. 广东农业科学, 2022, 49(4): 135-142.
- [5] 蔡齐宗, 王佳蕊, 陈庆富, 等. 苦荞全基因组 SSR 位点鉴定及分子标记开发. 河南农业大学学报, 2022, 56(3): 392-400.
- [6] 左茜茜, 宋英杰, 马心妍, 等. 苦荞全基因组 SSR 位点挖掘及遗传多样性分析. 中国农业科技导报, 2022, 24(4): 38-51.
- [7] Zhang W L, Yang Q H, Xia M J, et al. Effects of nitrogen level on the physicochemical properties of Tartary buckwheat (*Fagopyrum tataricum* (L.) Gaertn.) starch. International Journal of Biological

- Macromolecules, 2019, 129: 799-808.
- [8] 蒋高华, 蔡冰, 彭兴华, 等. 苦荞麦化学成分及药理活性研究进展. 药物化学, 2018, 6(2): 20-28.
- [9] 冉盼, 杨丽娟, 崔娅松, 等. 自交可育甜荞、金苦荞、米苦荞不同品系总黄酮、粗蛋白及其蛋白组分含量研究. 广西植物, 2022, 42(5): 874-885.
- [10] 贺润丽, 杨晓琳, 王永辉, 等. 山西省代县药用植物资源调查研究. 山西中医药大学学报, 2020, 21(6): 444-447, 451.
- [11] 孙美玲, 冯晓光, 侯雪飞, 等. 水晶冰菜总黄酮大孔树脂纯化工艺及体外降糖活性研究. 河南农业大学学报, 2021, 55(5): 936-944.
- [12] 郑卓, 张天舒, 李华, 等. 基于 SSR 分子标记吉安地区的水稻亲缘关系鉴定分析. 井冈山大学学报(自然科学版), 2024, 45(1): 48-53.
- [13] 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. 山东农业科学, 2023, 55(9): 17-24.
- [14] 李松, 施德林, 董云武, 等. 基于 SSR 标记的云南 35 个玉米自交系遗传多样性分析. 云南农业大学学报(自然科学), 2023, 38(5): 732-738.
- [15] Zhang L J, Li X X, Ma B, et al. The tartary buckwheat genome provides insights into rutin biosynthesis and abiotic stress tolerance. Molecular Plant, 2017, 10(9): 1224-1237.
- [16] 冷宇鑫, 闵义, 付阳云, 等. 贵州荞麦重要种质的遗传多样性分析及分子身份证构建. 华中农业大学学报, 2024, 43(3): 148-157.
- [17] 李晓瑜, 方小梅, 伍浩天, 等. 苦荞种质资源主要农艺性状 SSR 标记关联分析. 作物学报, 2022, 48(12): 3091-3107.
- [18] 高帆, 张宗文, 吴斌. 中国苦荞 SSR 分子标记体系构建及其在遗传多样性分析中的应用. 中国农业科学, 2012, 45(6): 1042-1053.
- [19] 杨学文, 丁素荣, 胡陶, 等. 104 份苦荞种质的遗传多样性分析. 作物杂志, 2013(6): 13-18.
- [20] 张久盘, 常克勤, 杨崇庆, 等. 基于 ITS 和 RLKs 序列的苦荞种质资源遗传多样性分析. 南方农业, 2020, 14(3): 149-152.
- [21] 马名川, 张丽君, 刘璋, 等. 基于 SSR 标记的山西省不同地区苦荞遗传多样性分析. 山西农业大学学报(自然科学版), 2021, 41(3): 25-31.
- [22] Doyle J J, Doyle J L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. Phytochemical Bulletin, 1987, 19(1): 11-15.
- [23] 谷静丛, 王冲, 王国琴, 等. 110 份普通玉米自交系的 SSR 聚类分析. 华北农学报, 2014, 29(6): 101-105.
- [24] Botstein D, White R L, Skolnick M, et al. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. American Journal of Human Genetics, 1980, 32(3): 314-331.
- [25] 刘秀云, 李慧, 刘志国, 等. 基于 SSR 标记的 255 个枣品种亲缘关系和群体遗传结构分析. 中国农业科学, 2016, 49(14): 2772-2791.
- [26] 李春花, 陈蕊坤, 王艳青, 等. 利用 SSR 标记构建云南苦荞种质资源分子身份证. 分子植物育种, 2019, 17(5): 1575-1582.

## Genetic Diversity and Population Structure Analysis of 104 Tartary Buckwheat Germplasm Resources Based on SSR Markers

Wu Yening<sup>1</sup>, Hu Haochi<sup>1</sup>, Wang Chunyong<sup>2</sup>, Xie Rui<sup>1</sup>, Zhang Yonghu<sup>1</sup>, Wen Rui<sup>1</sup>, Jin Xiaolei<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>Inner Mongolia Academy of Agricultural and Animal Husbandry Sciences, Hohhot 010031, Inner Mongolia, China;

<sup>2</sup>Tangshan Academy of Agricultural Sciences, Tangshan 063001, Hebei, China)

**Abstract** Using SSR molecular markers, genetic diversity and population structure analysis were conducted on 104 local tartary buckwheat germplasm resources in China. The results showed that nine pairs of highly polymorphic SSR primers amplified a total of 22 alleles in the 104 tartary buckwheat germplasm resources. The number of alleles amplified per primer pair ranged from two to four, with an average of 2.444 alleles per locus. The average values for effective allele number ( $N_e$ ), Shannon's diversity index ( $I$ ), observed heterozygosity ( $H_o$ ), and expected heterozygosity ( $H_e$ ) were 1.820, 0.629, 0.058, and 0.401, respectively. The polymorphic information content (PIC) ranged from 0.0096 to 0.6115, with an average of 0.3312. UPGMA clustering analysis divided the 104 tartary buckwheat germplasm resources into four groups. The tartary buckwheat from Inner Mongolia, Yunnan, Guizhou, and Sichuan showed similar distributions, primarily clustered in group III and IV. Materials from other provinces were more evenly distributed, demonstrating rich genetic diversity. Population structure analysis and two-dimensional principal coordinate analysis (PCoA) further confirmed that the grouping results were largely consistent with the cluster analysis. This study further clarified the genetic diversity and phylogenetic relationships among local germplasms of tartary buckwheat, and screened 17 genetically pure germplasm materials. This provides a theoretical basis for the effective utilization of tartary buckwheat germplasm resources and the breeding of new varieties.

**Key words** Tartary buckwheat; SSR molecular markers; Germplasm resources; Genetic diversity; Population structure