

中国小麦地方品种的 SSR 遗传多样性分析

张玲丽,孙道杰,冯毅,王辉,宋喜悦

(西北农林科技大学 农学院,陕西 杨凌 712100)

[摘要] 【目的】揭示我国主要麦区小麦地方品种的遗传多样性。【方法】选用分布于小麦各染色体臂上的 42 对 SSR 引物,对我国 10 个麦区 81 个小麦地方品种的遗传变异情况进行分析。【结果】共检测到 316 个等位变异,单个引物扩增的等位变异为 1~17 个,平均为 7.5 个。参试小麦地方品种的多态信息含量 PIC 值为 0~0.90,平均为 0.63。平均等位变异数 A 基因组>D 基因组>B 基因组,平均 PIC 值各基因组间差异不大。遗传多样性最丰富的麦区是黄淮冬麦区和西南冬麦区。聚类分析结果表明,来自同一生态区的全部材料没有完全聚在一起,但冬麦区和春麦区材料间差异较明显。【结论】我国小麦地方品种具有较高的遗传变异,不同麦区间遗传多样性差异较大。

[关键词] 小麦地方品种;遗传多样性;遗传关系;SSR 标记

[中图分类号] S512.102.4

[文献标识码] A

[文章编号] 1671-9387(2010)07-0085-06

Analysis on genetic diversity of Chinese wheat landraces using SSR markers

ZHANG Ling-li, SUN Dao-jie, FENG Yi, WANG Hui, SONG Xi-yue

(College of Agronomy, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi 712100, China)

Abstract: 【Objective】Genetic diversity of Chinese wheat landraces was revealed. 【Method】A set of 42 wheat SSR molecular markers were used to assess genetic diversity of 81 Chinese wheat landraces from different wheat producing regions. 【Result】Among 42 SSR markers analyzed, 95.2% were polymorphic, and two SSR markers were monomorphic. A total of 316 alleles were detected with an average of 7.5 alleles per locus. Polymorphic information content (PIC) for all accessions ranged from 0 to 0.90 with an average of 0.63. The average number of alleles of the SSR markers for the A genome was greater than that of D genome and B genome. The PIC value for the three genomes of wheat was compared. The landrace cultivars from the Yellow and Huai River Valleys Facultative Wheat Zone and the Southwestern Autumn-Sown Spring Wheat Zone had the greatest genetic diversity. Clustering analysis generated by SSR analysis indicated that the genetic diversity of the landrace cultivars was not closely associated with their geographic regions of origin. However, the winter wheat landrace cultivars were significantly different from the spring wheat landrace cultivars. 【Conclusion】Present study showed that Chinese wheat landraces were more diverse than released varieties. Diverse genotypes could be a good alternative for wheat breeding program.

Key words: wheat landrace; genetic diversity; genetic relationship; SSR marker

小麦在我国已有 4 000 多年的栽培历史,在长期的进化和选择过程中,形成了适应不同生态环境

和耕作制度的地方小麦品种或农家种。目前已录入国家种质资源库保存的小麦地方品种有 13 000 多

* [收稿日期] 2009-12-25

[基金项目] 西北农林科技大学人才基金项目;西北农林科技大学唐仲英育种基金项目(A212020920)

[作者简介] 张玲丽(1970—),女,陕西凤翔人,副教授,博士,主要从事小麦遗传育种研究。E-mail:zhanglingli@126.com

[通信作者] 宋喜悦(1969—),男,内蒙古赤峰人,副教授,博士,主要从事两系杂交小麦研究。E-mail:songxiyue@126.com

份^[1],这些地方品种来源广泛,遍布我国 10 大小麦生态栽培区,是我国小麦遗传育种的基础基因资源。但是,我国虽拥有丰富的小麦地方品种资源,却对这些资源的遗传变异缺乏深入的研究,尤其是分子生物学方面的研究还比较薄弱。

近年来,分子标记技术由于不受环境条件影响且遍布整个基因组,已被作为研究遗传变异的重要手段而广泛应用于小麦遗传多样性分析中^[2-5]。Zhang 等^[6]利用 SSR 标记对阿曼小麦地方品种群体的遗传多样性进行了研究。Ward 等^[2]和魏育明等^[7]分别利用 RFLP 和 SSR 技术,对我国四川小麦地方品种的遗传多样性进行了研究。Tian 等^[8]运用 AFLP 分子标记技术,比较分析了我国不同历史时期小麦品种的遗传多样性。与其他分子标记相比,SSR 分子标记在普通小麦中具有较高的多态性和良好的稳定性,且具有染色体特异性、共显性、操作简单等特点^[9-10],已被广泛应用于揭示小麦资源

的遗传多样性^[5-6]和种质资源鉴定^[11]等方面的研究中。

本研究采用 SSR 标记技术,对我国主要麦区的 81 个小麦地方品种的遗传多样性进行分析,旨在探讨我国小麦地方品种遗传变异的分布特点,以期有效利用地方品种资源提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材 料

供试材料为我国历史上主栽小麦地方品种,共计 81 份(表 1),分别来自我国小麦 10 大生态栽培区^[12],其中北部冬麦区(Ⅰ)6 份、黄淮冬麦区(Ⅱ)17 份、长江中下游冬麦区(Ⅲ)18 份、西南冬麦区(Ⅳ)9 份、华南冬麦区(Ⅴ)6 份、东北春麦区(Ⅵ)5 份、北部春麦区(Ⅶ)5 份、西北春麦区(Ⅷ)8 份、青藏春冬麦区(Ⅸ)2 份、新疆春冬麦区(Ⅹ)5 份。所有材料均由中国农业科学院作物科学研究所提供。

表 1 81 份供试材料的全国统编号、品种名称及所属麦区

Table 1 Accession code,name,wheat zone and growth habit of 81 wheat landraces from China

序号 No.	全国统编号 Accession code	品种名称 Variety	麦 区 Wheat zone	序号 No.	全国统编号 Accession code	品种名称 Variety	麦区 Wheat zone
1	ZM010604	平遥小白麦 Pingyaoxiaobaimai	Ⅰ	42	ZM008622	红花麦 Honghuamai	Ⅳ
2	ZM000533	光葫芦头 Guanghulutou	Ⅰ	43	ZM011771	鱼鳅麦 Yuqiumai	Ⅳ
3	ZM017512	小红芒 Xiaohongmang	Ⅰ	44	ZM008365	成都光头 Chengduguangtou	Ⅳ
4	ZM001284	假红麦 Jiahongmai	Ⅰ	45	ZM011516	邻水三月黄 Linshuisanyuehuang	Ⅳ
5	ZM000482	红芒白 Hongmangbai	Ⅰ	46	ZM011513	蓬安三月黄 Pengansanyuehuang	Ⅳ
6	ZM001151	大芒麦 Damangmai	Ⅰ	47	ZM008764	白花麦 Baihuamai	Ⅳ
7	ZM002905	蚰子麦 Youzimai	Ⅱ	48	ZM008599	大肚黄 Daduhuang	Ⅳ
8	ZM002448	扁穗 Biansui	Ⅱ	49	ZM008708	线麦 Xianmai	Ⅳ
9	ZM002675	辉县红 Huixianhong	Ⅱ	50	ZM008557	南充红壳 Nanchonghongke	Ⅳ
10	ZM004160	蚂蚱麦 Mazhamai	Ⅱ	51	ZM007695	牛筋麦 Niujinmai	Ⅴ
11	ZM000153	半截芒 Banjiemang	Ⅱ	52	ZM007552	松蕊麦 Songruimai	Ⅴ
12	ZM002861	黄瓜先 Huangguaxian	Ⅱ	53	ZM007685	河婆六角麦 Hepoliujiuomai	Ⅴ
13	ZM012261	白大头 Baidatou	Ⅱ	54	ZM007540	白壳麦 Baikemai	Ⅴ
14	ZM002974	平原 50 Pingyuan50	Ⅱ	55	ZM007617	赤壳须麦 Chikexumai	Ⅴ
15	ZM001742	大粒半芒 Dalibanmang	Ⅱ	56	ZM007566	和尚麦 Heshangmai	Ⅴ
16	ZM001610	黄金棒 Huangjinbang	Ⅱ	57	ZM004398	早洋麦 Zaoyangmai	Ⅵ
17	ZM002769	四月糙 Siyuecao	Ⅱ	58	ZM004309	火麦子 Huomaizi	Ⅵ
18	ZM002685	三月黄 Sanyuehuang	Ⅱ	59	ZM004433	锦州火球 Jinzhouhuoqiu	Ⅵ
19	ZM002722	碱麦 Jianmai	Ⅱ	60	ZM004434	白芒 Baimang	Ⅵ
20	ZM002718	葫芦头 Hulutou	Ⅱ	61	ZM004401	大青芒 Daqingmang	Ⅵ
21	ZM001955	莱阳白秃头 Laiyangbaitutou	Ⅱ	62	ZM004456	小红麦 Xiaohongmai	Ⅶ
22	ZM000474	涿鹿冬麦 Zhuoludongmai	Ⅱ	63	ZM004550	火燎麦 Huoliaomai	Ⅶ
23	ZM000509	五花头 Wuhuatou	Ⅱ	64	ZM012628	榆林春小麦 Yulinchunxiaomai	Ⅶ
24	ZM017603	临浦早 Linpuzao	Ⅲ	65	ZM003509	白春小麦 Baichunxiaomai	Ⅶ
25	ZM002830	内乡白火麦 Neixiangbaihuomai	Ⅲ	66	ZM004471	芒麦 Mangmai	Ⅶ
26	ZM005871	江东门 Jiangdongmen	Ⅲ	67	ZM004721	白老芒麦 Bailaomangmai	Ⅷ
27	ZM006542	三月黄 Sanyuehuang	Ⅲ	68	ZM004710	小红麦 Xiaohongmai	Ⅷ
28	ZM006037	菜子黄 Caizihuang	Ⅲ	69	ZM004859	红光头 Hongguangtou	Ⅷ
29	ZM007243	金华白蒲 Jinhuaaipu	Ⅲ	70	ZM004746	榆中红麦 Yuzhonghongmai	Ⅷ
30	ZM005693	大黄皮 Dahuangpi	Ⅲ	71	ZM004737	和尚头 Heshangtou	Ⅷ

续表 1 Continued table 1

序号 No.	全国统编号 Accession code	品种名称 Variety	麦 区 Wheat zone	序号 No.	全国统编号 Accession code	品种名称 Variety	麦区 Wheat zone
31	ZM005705	望水白 Wangshuibai	Ⅲ	72	ZM005114	尕老汉 Galaohan	Ⅷ
32	ZM005713	白和尚头 Baiheshangtou	Ⅲ	73	ZM004861	酒泉金包银 Jiuquanjinbaoyin	Ⅷ
33	ZM005563	铜柱头 Tongzhutou	Ⅲ	74	ZM004862	白大头 Baidatou	Ⅷ
34	ZM010803	三月黄 Sanyuehuang	Ⅲ	75	ZM018468	无芒红麦 Wumanghongmai	Ⅸ
35	ZM005496	方六柱 Fangliuzhu	Ⅲ	76	ZM018413	下江白麦 Xiajiangbaimai	Ⅸ
36	ZM005591	淮麦 Huaimai	Ⅲ	77	ZM005171	小红冬麦 Xiaohongdongmai	X
37	ZM007431	浏阳有芒麦 Liuyangyoumang-mai	Ⅲ	78	ZM005255	白冬麦 Baidongmai	X
38	ZM011296	白和尚头 Baiheshangtou	Ⅲ	79	ZM005318	黑芒春麦 Heimangchunmai	X
39	ZM007356	三月黄 Sanyuehuang	Ⅲ	80	ZM005377	大头麦 Datoumai	X
40	ZM002824	红和尚头 Hongheshangtou	Ⅲ	81	ZM005412	白春麦 Baichunmai	X
41	ZM007357	崇阳红麦 Chongyanghongmai	Ⅲ				

1.2 SSR 分析

1.2.1 SSR 引物来源 已从作图的小麦 SSR 引物^[13-15]中选取扩增带型清晰、重复性好、均匀分布于小麦 42 条染色体臂上、单位点扩增的 42 对引物用于试验。引物由上海生工公司合成。

1.2.2 PCR 反应 每份材料随机选取 10 个单株，每单株称取等量幼嫩叶混合，参照 Plaschke 等^[16]的方法提取总基因组 DNA，进行 PCR 扩增。PCR 反应体系为 25 μL:10×Buffer 2.5 μL,5 mmol/L MgCl₂ 2 μL,2.5 mmol/L dNTPs 0.5 μL,2 μmol/L 上、下游引物各 3 μL,2 U Taq 酶 0.5 μL,30 ng/μL 模板 DNA 2 μL,纯水补足 25 μL。反应在 PTC-200 型 PCR 扩增仪(MJ Research, Inc.)上进行。反应程序为:94 ℃预变性 5 min;94 ℃变性 1 min,55 ℃或 60 ℃复性 1 min,72 ℃延伸 1 min,34 个循环;最后 72 ℃延伸 10 min。扩增产物在 60 g/L 脲变性聚丙烯酰胺凝胶上电泳,银染法检测。

1.2.3 数据分析 记录每个样品在每个引物位点上各个等位变异的有无,在相同迁移率位置上,有带的赋值为 1,无带的赋值为 0。根据 Anderson 等^[17]

的方法,计算每个 SSR 位点的多态信息含量(PIC),利用 NTYSSYS-PC 2.10 软件^[18]计算品种间的遗传距离,并进行聚类分析。

2 结果与分析

2.1 SSR 引物的多态性分析

从表 2 可以看出,在 42 对 SSR 引物中,有 40 对引物在小麦地方品种间扩增为多态,2 对引物(Xgwm4 和 Xgwm194)在小麦地方品种间扩增为单态。共检测到 316 个等位变异,单个引物位点扩增的等位变异数为 1~17,平均每个位点为 7.5 个。42 个引物位点的 PIC 值为 0~0.90,平均为 0.63。

检测到等位变异数最多的引物位点为 Xgwm499-5BL 和 Xgwm437-7DL,均有 17 个等位变异。PIC 值在 0.80 以上的引物位点有 11 个,分别为 Wmc24-1AS、Xgwm337-1DS、Xgwm261-2DS、Xgwm480-3AL、Xgwm610-4AL、Xgwm499-5BL、Xgwm174-5DL、Xgwm334-6AS、Xgwm219-6BL、Xgwm471-7AS 和 Xgwm437-7DL。

表 2 42 对 SSR 引物检测到的等位变异数以及各位点的 PIC 值

Table 2 Number of alleles detected at 42 SSR loci and the PIC value at each locus							
引 物 Primer	位 点 Location	等位变异数 No. of alleles	PIC 值 PIC value	引 物 Primer	位点 Location	等位变异数 No. of alleles	PIC 值 PIC value
Xgwm135	1AL	8	0.67	Wmc24	1AS	9	0.83
Xgwm124	1BL	8	0.59	Xgwm18	1BS	4	0.72
Xgwm458	1DL	5	0.66	Xgwm337	1DS	11	0.83
Xgwm265	2AL	2	0.05	Xgwm636	2AS	12	0.62
Xgwm501	2BL	5	0.52	Xgwm148	2BS	5	0.52
Xgwm157	2DL	2	0.27	Xgwm261	2DS	14	0.82
Xgwm480	3AL	10	0.85	Xgwm369	3AS	7	0.64
Xgwm566	3BL	6	0.68	Xgwm264	3BS	4	0.58
Xgwm664	3DL	4	0.42	Xgwm161	3DS	5	0.61
Xgwm610	4AL	8	0.81	Xgwm4	4AS	1	0
Xgwm538	4BL	7	0.62	Wmc413	4BS	4	0.66
Xgwm194	4DL	1	0	Xgdm129	4DS	4	0.62

续表 2 Continued table 2

引 物 Primer	位 点 Location	等位变异数 No. of alleles	PIC 值 PIC value	引 物 Primer	位点 Location	等位变异数 No. of alleles	PIC 值 PIC value
Xgwm186	5AL	9	0.69	Xgwm415	5AS	3	0.38
Xgwm499	5BL	17	0.81	Xgwm159	5BS	7	0.61
Xgwm174	5DL	16	0.88	Xgwm190	5DS	8	0.79
Xgwm169	6AL	10	0.79	Xgwm334	6AS	14	0.88
Xgwm219	6BL	11	0.88	Xgwm508	6BS	2	0.25
Xgdm98	6DL	6	0.47	Xgwm325	6DS	7	0.72
Xgwm332	7AL	12	0.76	Xgwm471	7AS	12	0.84
Xgwm333	7BL	6	0.74	Xgwm537	7BS	5	0.79
Xgwm437	7DL	17	0.90	Xgwm295	7DS	8	0.74

注:L.长臂,S.短臂;Xgwm、Wmc 和 Xgdm 等引物的染色体定位分别参照 Röder 等^[13]、Gupta 等^[14]和 Pestsova 等^[15]的方法进行。
Note:L. Long arm;S. Short arm;The chromosomal locations of Xgwm,Wmc, and Xgdm markers were previously described by Röder et al.^[13],Gupta et al.^[14],and Pestsova et al.^[15].

2.2 小麦基因组间的遗传多样性分析

所用的 42 个引物位点在小麦 A、B、D 3 个基因组中均匀分布,每个基因组均为 14 个引物位点(表 3)。从检测到的等位变异数来看,A 基因组拥有的

平均等位变异最多,为 8.4 个,其次为 D 基因组(7.7 个),B 基因组最少(6.5 个)。但 A、B 和 D 3 个基因组的平均 PIC 值差异不大,在 0.56~0.64 变化。

表 3 小麦地方品种在基因组水平上的遗传变异分析

Table 3 Genetic diversity within genomes

基因组 Genome	引物位点数 No. of loci	等位变异数 No. of alleles		PIC 值 PIC values per locus	
		平均 Mean	范围 Range	平均 Mean	范围 Range
A	14	8.4	1~14	0.63	0~0.88
B	14	6.5	2~17	0.64	0.25~0.88
D	14	7.7	1~17	0.56	0~0.88

2.3 不同麦区小麦的遗传多样性比较

本研究选用的材料都是我国主要麦区历史上的主栽小麦地方品种,各麦区间参试品种的数量不等,除青藏春冬麦区(Ⅸ)只有 2 份材料外,其余麦区的材料均在 5 份以上。因此,在分析不同麦区间遗传多样性时不考虑青藏春冬麦区(Ⅸ)。

从表 4 可以看出,除青藏春冬麦区(Ⅸ)外,其余各麦区检测到的等位变异差异较大。从引物位点的多态性表现来看,在黄淮冬麦区(Ⅱ),引物位点的多态性频率最高,达 95.2%;其次为北部冬麦区(Ⅰ)、

西南冬麦区(Ⅳ)、新疆冬春麦区(Ⅹ)和长江中下游冬麦区(Ⅲ),其多态性频率均在 90.0%以上;其余麦区引物的多态性频率均较低,在 85.7%~88.1%。

从平均等位变异数来看,黄淮冬麦区(Ⅱ)、长江中下游冬麦区(Ⅲ)和西南冬麦区(Ⅳ)的平均等位变异数较多,分别为 4.6、4.4 和 4.6;其次为北部冬麦区(Ⅰ)、西北春麦区(Ⅷ)和新疆冬春麦区(Ⅹ),变幅在 3.3~3.6;华南冬麦区(Ⅴ)和东北春麦区(Ⅵ)最小,分别为 2.8 和 2.7。

表 4 不同麦区小麦地方品种中检测到的等位变异数及 PIC 值

Table 4 Number of alleles and PIC values of the landraces among different agro-ecological zones

麦区 Zone	品种数 No. of landraces	位点数 No. of loci	多态性频率/% Frequency of poly-morphic loci	等位变异数 No. of alleles per locus		PIC 值 PIC value	
				平均 Mean	变幅 Range	平均 Mean	最大值 Highest
I	6	42	92.9	3.4	1~7	0.56	0.84
II	17	42	95.2	4.6	1~12	0.59	0.88
III	18	42	90.5	4.4	1~11	0.52	0.89
IV	9	42	92.9	4.6	1~8	0.58	0.84
V	6	42	85.7	2.8	1~5	0.46	0.75
VI	5	42	85.7	2.7	1~6	0.46	0.79
VII	5	42	88.1	3.1	1~7	0.51	0.84
VIII	8	42	88.1	3.6	1~11	0.53	0.89
X	5	42	92.9	3.3	1~7	0.56	0.84

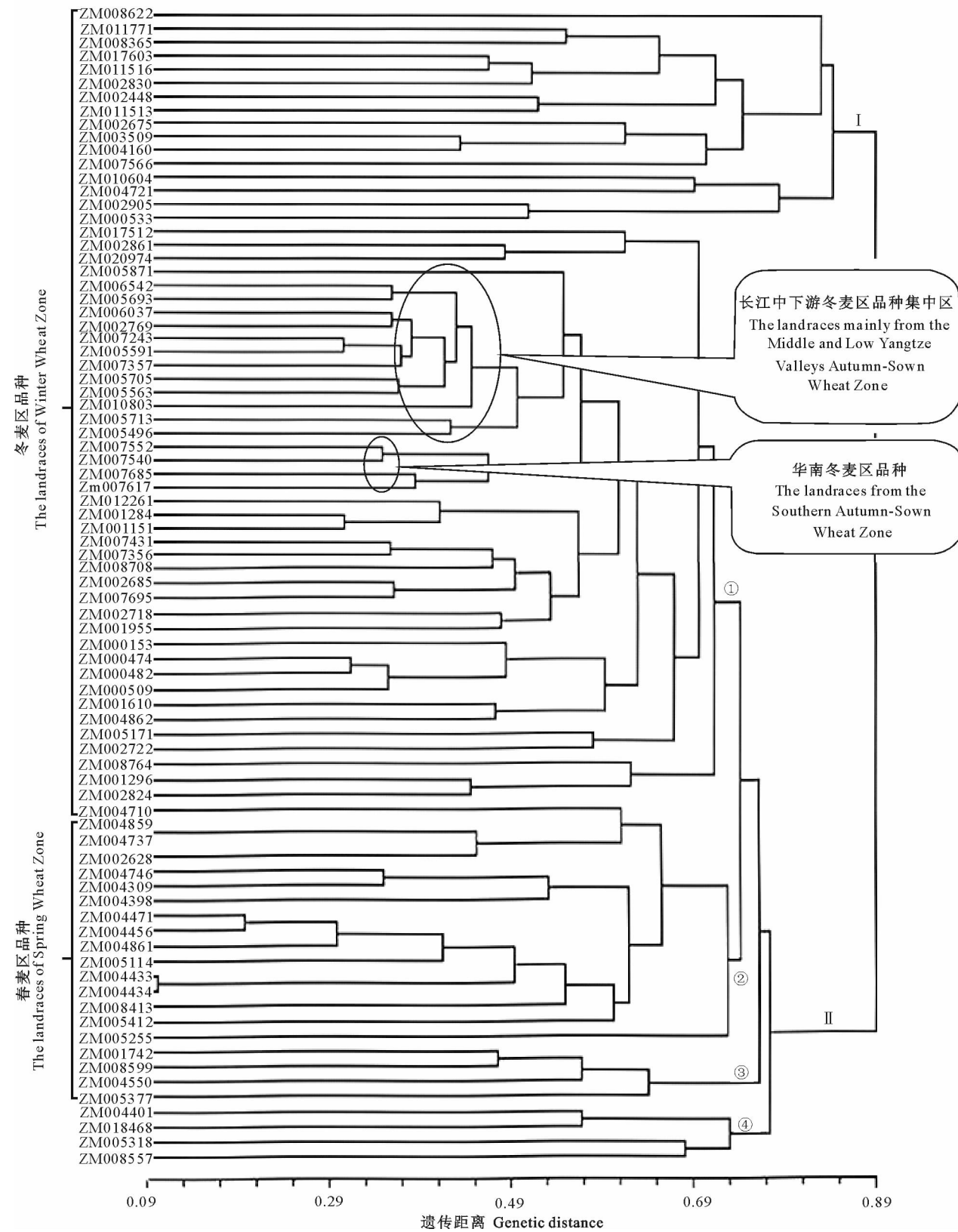


图 1 81 个小麦地方品种的聚类结果

Fig.1 Dendrogram of the 81 wheat landraces based on SSR analysis

2.4 不同麦区小麦地方品种的聚类分析

根据 81 个小麦地方品种的遗传距离,按 UPG-

MA 法进行聚类分析,将参试材料分为 2 大群(图 1):第 I 群基本上为冬麦区品种,包括 55.6%的西

南冬麦区品种,33.3%的北部冬麦区品种和 23.5%的黄淮冬麦区品种;第Ⅱ群又分为 4 个亚群:Ⅱ-①亚群全为冬麦区品种;Ⅱ-②亚群基本为春麦区品种;Ⅱ-③和Ⅱ-④亚群兼有冬、春麦区的个别品种,包含 3 个冬麦区的品种和 5 个春麦区的品种。除Ⅱ-①亚群中 66.7%的长江中下游冬麦区品种聚在一起及 66.7%的华南冬麦区品种聚在一起外,其余各个麦区的大多数品种并没有聚在一起,如黄淮冬麦区共有 17 个品种,其中有 23.5%的品种分散在第Ⅰ群,70.6%的品种分散在Ⅱ-①亚群中,还有一个品种 ZM001742 归属于Ⅱ-③亚群中(占 55.9%)。

3 讨 论

3.1 不同基因组的遗传多样性分布

本研究表明,中国小麦地方品种遗传变异的分布在基因组水平上具有较大差异:平均等位变异数 A 基因组(8.4 个)>D 基因组(7.7 个)>B 基因组(6.5 个)。Zhang 等^[19]利用 SSR 标记对中国小麦 43 个骨干亲本及育成品种的遗传多样性进行了研究,结果发现,B 基因组等位变异数(5.2 个)>D 基因组(4.9 个)>A 基因组(4.7 个)。经比较发现,在 3 个基因组水平上,中国小麦地方品种的等位变异数均高于现代育成品种;同时,小麦地方品种在 A 基因组上的 PIC 值(0.63)高于育成品种(0.53)。现代育种使小麦品种的遗传多样性降低,尤其是 A 基因组遗传多样性的下降趋势明显高于 B 和 D 基因组。由此可见,我国小麦地方品种中可能还蕴藏着许多新的或稀有的等位变异有待发掘、研究和利用,这对拓宽我国小麦的遗传基础具有重要意义。

3.2 不同麦区小麦品种的遗传多样性分布

本研究发现,黄淮冬麦区和西南冬麦区小麦的遗传多样性最高。黄淮冬麦区地方品种的遗传多样性较高,这可能与该区所处的地理位置和久远的栽培历史有关。黄淮冬麦区是我国小麦主产区,该区小麦的种植面积占全国的 45%,小麦总产量占全国总产量的 48%左右^[12]。该区地处我国南方冬麦区和北方冬麦区的过渡地带,加之黄淮流域悠久的农业种植历史,在长期的种植选择和自然选择下,形成了具有丰富遗传变异的、数量众多的小麦地方品种。西南冬麦区的种植面积及产量在全国小麦生产中所占比例较小(分别占 2.1%和 1.1%),但该区平坝少,丘陵坡地多,海拔高差大,同一地区常有不同的小气候带形成^[12],这些复杂多样的地势和气候条件,可能是导致该区小麦地方品种具有丰富遗传变

异的主要原因。

本研究聚类结果表明,冬麦区(包括北部冬麦区、黄淮冬麦区、长江中下游冬麦区、西南冬麦区和华南冬麦区)和春麦区(包括东北春麦区、西北春麦区和北部春麦区)小麦分别归属于不同的类群或亚群,表明冬麦区小麦地方品种和春麦区地方品种是 2 个相对独立的遗传群体;来自同一麦区的材料并没有紧密地聚在一起,表明我国小麦地方品种具有一定程度的地域特性,但这种地域特性并不是特别明显,临近麦区间很有可能发生过种质的交流。

[参考文献]

- [1] 董玉琛,郑殿生. 中国小麦遗传资源 [M]. 北京:中国农业出版社,2000.
Dong Y C, Zheng D S. Chinese wheat genetic resources [M]. Beijing: China Agricultural Press, 2000. (in Chinese)
- [2] Ward R W, Yang Z L, Kim H S, et al. Comparative analysis of RFLP diversity in landraces of *Triticum aestivum* and collections of *T. tauschii* from China and Southwest Asia [J]. Theoretical and Applied Genetics, 1998, 96(2): 312-318.
- [3] Cao W, Scoles G, Hucl P, et al. Phylogenetic relationships of five morphological groups of hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L. em Thell.) based on RAPD analysis [J]. Genome, 2000, 43: 724-727.
- [4] Ben A I M, Borner A, Röder M S. Detection of genetic diversity in Lybian wheat genotypes using wheat microsatellite markers [J]. Genet Resour Crop Evol, 2001, 48(6): 579-585.
- [5] Roussel V, Koenig J, Beckert M, et al. Molecular diversity in French bread wheat accession related to temporal trends and breeding programmes [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2004, 108(5): 920-930.
- [6] Zhang P, Dreisigacker S, Buerkert A, et al. Genetic diversity and relationship of wheat landraces from Oman investigated with SSR markers [J]. Genet Resour Crop Evol, 2006, 53(7): 1-10.
- [7] 魏育明, 郑有良, 周永红, 等. 四川小麦地方品种和主栽品种 SSR 多态性比较研究 [J]. 四川农业大学学报, 2001, 19(2): 117-121.
Wei Y M, Zheng Y L, Zhou Y H, et al. Comparison of genetic variations among Sichuan wheat landraces and cultivars based on SSR analysis [J]. Journal of Sichuan Agricultural University, 2001, 19(2): 117-121. (in Chinese)
- [8] Tian Q Z, Zhou R H, Jia J Z. Genetic diversity trend of common wheat (*Triticum aestivum* L.) in China revealed with AFLP markers [J]. Genet Resour Crop Evol, 2005, 52(3): 325-331.
- [9] 贾继增, 张正斌, Devos K, 等. 小麦 21 条染色体 RFLP 作图位点遗传 [J]. 中国科学: C 辑, 2001, 31(1): 13-20.
Jia J Z, Zhang Z B, Devos K, et al. Genetic diversity based on RFLP map of 21 chromosomes of wheat [J]. Science in China: Series C, 2001, 31(1): 13-20. (in Chinese) (下转第 97 页)