

基于表型性状和 SNP 标记构建桂花主要品种资源的分子身份证

王一涵^{1,2}, 刘姣姣^{1,2}, 金沛权^{1,2}, 李书倩^{1,2}, 魏建芬³, 郭朋^{1,2}, 尚富德^{1,2*}

(1. 河南农业大学生命科学学院, 河南 郑州 450046; 2. 河南省桂花种质创新与资源利用工程研究中心, 河南 郑州 450046; 3. 杭州桂花国家种质资源库, 浙江 杭州 310020)

摘要:【目的】本研究旨在筛选核心单核苷酸多态性 (single-nucleotide polymorphism, SNP) 位点, 建立基于 KASP 平台的桂花品种基因型快速检测方法, 构建品种特异性分子身份证, 为桂花品种鉴定、溯源、知识产权保护等提供理论基础。【方法】实地调查主流桂花栽培品种的重要表型特征, 通过两轮严格筛选, 从基因组 SNP 中保留一组能够完全鉴别测序品种的最优 SNP 标记, 计算 SNP 位点的多态信息含量 (PIC)、期望杂合度 (H_e) 等信息。以‘日香桂’基因组为参考, 设计桂花特异性 KASP 引物并进行批量扩增, 根据基因分型结果建立品种指纹图谱, 评估核心 SNP 标记的品种鉴别力。结合品种表型信息和品种分子指纹码构建桂花品种资源的分子身份证。【结果】筛选出 14 个能够完全鉴别测序品种的核心 SNP 位点。各位点 PIC 值的变化范围为 0.246–0.375, 平均值为 0.335; H_e 的变化范围为 0.288–0.500, 平均值为 0.431。针对核心位点设计的 KASP 引物基因分型准确。根据扩增结果构建 DNA 指纹图谱, 可区分全部包括未测序品种在内的 90 个参试品种。对品种表型特征赋值, 结合指纹码构建由 34 位数字组成的桂花品种资源分子身份证。【结论】确定了 SNP1–SNP14 共 14 个核心 SNP 位点, 能够实现至少 90 个桂花品种的有效鉴别。结合品种群类型、表型特征和分子指纹码构建了 90 个品种的唯一性分子身份证, 并生成对应的条形码和二维码。

关键词: 桂花; 品种鉴别; 单核苷酸多态性; 表型; 分子身份证

中图分类号: S68 **文献标识码:** A

Construction of molecular ID for *Osmanthus fragrans* cultivars based on phenotypic traits and single nucleotide polymorphisms (SNPs)

WANG Yihan^{1,2}, LIU Jiaojiao^{1,2}, JIN Peiquan^{1,2}, LI Shuqing^{1,2}, WEI Jianfen³,
GUO Peng^{1,2}, SHANG Fude^{1,2*}

(¹College of Life Sciences, Henan Agricultural University, Zhengzhou 450046, China; ²Henan Engineering Research Center for *Osmanthus* Germplasm Innovation and Resource Utilization, Zhengzhou 450046, China; ³National *Osmanthus* Germplasm Resource Repository, Hangzhou 310020)

Abstract: 【Objective】 This study aimed to select genomic core single-nucleotide polymorphism (SNP) loci to establish a rapid SNP genotyping method for cultivar identification based on the KASP platform, and to construct molecular IDs for *Osmanthus fragrans* cultivars. This will provide a theoretical basis for the identification, traceability, and intellectual property protection of *O. fragrans* cultivars. 【Methods】 Field surveys were carried to investigate the important phenotypic characteristics of *O. fragrans* cultivars. Through two rounds of rigorous screening, we retained a set of core SNP markers that could fully

收稿日期: 2024-05-15 修回日期: 2024-06-07

基金项目: 国家自然科学基金项目 (32371911), 河南省重大公益专项 (201300110900)

第一作者: 王一涵 (yihanwang@vip.163.com), 副教授。

*通信作者: 尚富德 (shangfude@henau.edu.cn), 教授。