

# 山西省小麦育成品种遗传多样性分析

郑 军, 李晓华, 赵佳佳, 尚保华, 曹 勇, 马小飞, 张晓军,  
乔 玲, 乔麟轶, 郑兴卫, 张建诚  
(山西省农业科学院小麦研究所, 临汾 041000)

**摘要:**采用 102 对 SSR 标记, 对山西省 1949 年以来 162 个小麦育成品种进行遗传分析。研究表明, 标记的平均等位变异丰富度为 3.94, 多态信息含量(PIC)的变幅为 0~0.810, 平均多态信息含量为 0.446, 说明山西省小麦育成品种的遗传多样性较丰富, 其中 2000-2005 年审定品种的遗传多样性最高。根据 Nei's 遗传距离进行聚类分析, 将山西省小麦品种分为 8 个类群, 分类主要与育成年代和生态地理分布有关, 其中第Ⅲ、Ⅳ、Ⅴ、Ⅵ、Ⅶ和Ⅷ类群的遗传距离较大、遗传差异较明显。通过分析品种间穗粒数、千粒重和叶绿素含量相关的位点后发现, 不同年代的品种中优异等位变异频率随着年代逐渐增长, 但部分位点的优异等位变异频率仍然偏低, 表明重要农艺性状仍有较大的改良潜力。

**关键词:**山西省; 小麦育成品种; 遗传多样性; 优异等位变异

## Genetic Diversity Analysis of Wheat Cultivars in Shanxi Province

ZHENG Jun, LI Xiao-hua, ZHAO Jia-jia, SHANG Bao-hua, CAO Yong, MA Xiao-fei,  
ZHANG Xiao-jun, QIAO Ling, QIAO Lin-yi, ZHENG Xing-wei, ZHANG Jian-cheng  
(Institute of Wheat Research, Shanxi Academy of Agricultural Sciences, Linfen 041000)

**Abstract:** The genetic diversity of 162 wheat varieties in Shanxi province of China was surveyed using 102 SSR markers. The average allelic variation richness was 3.94, and the polymorphic information content (PIC) ranged from 0 to 0.810, with an average of 0.446. This dataset indicated the higher genetic diversity in wheat cultivars. Particularly, the highest genetic diversity was observed in cultivars that were commercially released during 2000-2005. According to the genetic distance, these 162 varieties were divided into eight groups. As expected, these varieties derived from geographic areas were grouped together. Out of these, the third, fourth, fifth, sixth, seventh and eighth groups represented the highest genetic difference. By analyzing the molecular markers that linked to grain numbers, thousand grain weight and chlorophyll content, the favorable allelic variations were often detected in modern but historical cultivars. Importantly, the lower allele frequency at particular agronomic traits highlights a need for improvement in wheat breeding in Shanxi.

**Key words:** Shanxi province; modern varieties; genetic diversity; favorable alleles

山西省小麦种质资源以抗旱和优质著称, 晋麦 47 作为黄淮麦区旱薄地、山西南部旱地和陕西东部旱地 3 组区试对照品种已 20 多年; 长 6878 多年来

作为北部冬麦区旱地组区试对照品种<sup>[1]</sup>; 临汾 5064 及其衍生系作亲本先后育成济南 17、济麦 19、新麦 26 等 40 多个优质品种<sup>[2]</sup>, 成为我国 3 大优质骨干

收稿日期: 2017-11-05 修回日期: 2017-11-28 网络出版日期: 2018-04-17

URL: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20180417.1628.050.html>

基金项目: 山西省农科院育种工程项目(17yzgc010); 山西省重点科技创新平台(201605D151002); 国家重点研发计划项目(2017YFD0100600)

第一作者研究方向为小麦遗传育种, E-mail: sxnkyzj@126.com。李晓华为共同第一作者

通信作者: 张建诚, 研究方向为小麦遗传育种与栽培, E-mail: zhangjc@126.com

郑兴卫, 研究方向为小麦基因资源挖掘与利用, E-mail: smileZXW@126.com

亲本之一。许多资源更具特色,刘秉华等<sup>[3]</sup>以太谷核不育为基础培育出著名的矮败小麦育种平台;地方品种平遥小白麦系选出的燕大 1817,成为北部冬麦区育成品种最多的骨干亲本<sup>[4]</sup>;黑小麦 76 号、河东乌麦 526 分别是我国通过审定的第 1 个春性黑小麦和半冬性黑小麦品种<sup>[1,5]</sup>。据不完全统计,我国以山西资源作为亲本选育出的品种数量超过 200 个。可见,山西小麦种质资源丰富,虽然已有一些资源得到挖掘和利用,必然还有很多未知的优异资源尚待鉴定和开发。SSR(Simple Sequence Repeat)标记,又称微卫星标记,目前广泛应用于小麦遗传多样性研究。郝晨阳等<sup>[6]</sup>利用 SSR 标记构建了中国小麦核心种质和微核心种质;盖红梅等<sup>[7]</sup>对大面积推广品种和骨干亲本,进行单元型区段的遗传解析。近年来,山东<sup>[8]</sup>、河南<sup>[9]</sup>、河北<sup>[10]</sup>、陕西<sup>[11]</sup>、甘肃<sup>[12]</sup>、新疆<sup>[13]</sup>等地已开展当地小麦种质资源遗传多样性研究,山西种质资源的遗传研究相对滞后,相关品种的遗传多样性和系谱分析都十分欠缺。李光蓉等<sup>[14]</sup>、姬虎太等<sup>[15]</sup>和陈卫国等<sup>[16]</sup>仅对山西省小麦品种的高分子量麦谷蛋白和品质特性进行了分析,但材料数量少,且多为中间品系,缺乏代表性。山西省小麦育种资源缺乏系统的遗传研究,已成为优异小麦资源利用的主要限制因素。为进一步挖掘山西小麦遗传资源,本研究采用 SSR 标记,系统研究了山西省小麦品种的遗传多样性,从分子水平上分析了种质资源的遗传规律和特点,有助于优异种质资源的挖掘和创新,促进小麦遗传改良的进程。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

供试材料选择山西省 1949 年以来审定的小麦品种 159 个(占审定总数 80.5%),以及山西省和黄淮冬麦区北片品种审定的对照品种:良星 99、烟农 19 和济麦 22,共 162 份。相关品种来源于各育种单位和本课题组保存(表 1)。

### 1.2 基因组 DNA 提取

种子萌发后生长至 3 叶期,每个品种混合取 3~5 株(TIANGEN 快捷型植物基因组 DNA 试剂盒(DP321))提取 DNA,1%琼脂糖电泳检测后,用紫外分光光度仪标定到 25ng/ $\mu$ L,放置 -20℃冰箱备用。

### 1.3 PCR 的扩增及产物的检测

实验使用 102 对引物,其中 75 对从中国小麦微核心种质构建的引物目录中随机选取<sup>[17]</sup>,根据文献[18-20]选取与穗粒数、千粒重、叶绿素含量紧密连锁的标记。PCR 扩增反应体系参照郝晨阳等<sup>[6]</sup>的方法进行。

### 1.4 SSR 数据处理

带型记录按分子量大小进行统计,依据分析软件的要求转换为相应的数据格式,等位变异数( $N_a$ , allele number)、有效等位变异数( $N_e$ , effective number of allele)、遗传距离(genetic distance)、遗传多样性指数(genetic diversity)等采用 Goudet<sup>[21]</sup>、Evanno 等<sup>[22]</sup>的方法进行统计和计算。

## 2 结果与分析

### 2.1 SSR 引物的 PCR 扩增结果

102 对引物扫描 162 个品种(表 2),共检测到 402 个等位变异,变幅为 1~8,平均值为 3.94 个。其中 wmc262、psp3071 和 gwm285 等 5 个标记可检测到 8 个等位变异,gwm186、gwm46 和 wmc396 等 7 个标记可检测到 7 个等位变异,超过  $N_a$  平均值的标记有 51 个,占 50%。各位点的  $PIC$  值介于 0~0.810 之间,平均值为 0.446,以 wmc262 最高(0.810),其中  $PIC$  值在 0.25 以下的标记所占比例为 23.5%, $PIC$  值大于 0.5 的标记占 51.9%,表明这些标记在山西省审定的品种中多态性较为丰富。

### 2.2 A、B、D 染色体组的遗传多样性

A、B 和 D 染色体组上标记分布,分别为 33 个、38 个和 31 个。B 染色体组检测到等位变异最多为 149 个,A 染色体组为 138 个,D 染色体组最少为 115 个。A、B 和 D 基因组平均等位变异数分别为 4.182、3.921 和 3.710( $A > B > D$ ); $PIC$  值分别为 0.500、0.463 和 0.497( $A > D > B$ );遗传多样性指数分别为 0.500、0.463 和 0.497( $A > D > B$ )。A 染色体组 SSR 位点变异最明显, $PIC$  值也较高,多样性最高;D 染色体组的多样性相对较低,但等位变异在品种间的分布较为均匀。

### 2.3 山西不同年代小麦育成品种的遗传多样性

对山西不同年代小麦育成品种的遗传多样性分析(表 3)可知,品种遗传多样性指数和  $PIC$  值在 20 世纪 70 年代最低,分别为 0.332 和 0.241,2000-2005 年间最高,分别为 0.469 和 0.427。

表 1 162 个山西小麦育成品种材料及审定年份

Table 1 162 wheat varieties bred in Shanxi and the approval of the year

编号 Code	品种 Variety	审定年份 (年) Year	编号 Code	品种 Variety	审定年份 (年) Year	编号 Code	品种 Variety	审定年份 (年) Year	编号 Code	品种 Variety	审定年份 (年) Year
1	晋麦 1 号	1973	42	晋麦 53 号	1996	83	长 4640	2005	125	运早 805	2011
2	晋麦 5 号	1973	43	晋麦 54 号	1997	84	晋麦 77 号	2006	126	尧麦 16	2011
3	晋麦 8 号	1973	44	晋麦 56 号	1998	85	运麦 218	2006	127	冬黑 1 号	2004
4	晋麦 11 号	1980	45	晋麦 57 号	1998	86	晋麦 78 号	2006	128	冬黑 10 号	2004
5	晋麦 12 号	1980	46	晋麦 58 号	1998	87	晋麦 79 号	2006	129	太 5902	2008
6	晋麦 13 号	1980	47	晋麦 59 号	1998	88	晋麦 80 号	2006	130	太 113	2016
7	晋麦 16 号	1982	48	晋麦 60 号	1999	89	晋麦 81 号	2006	131	晋作 80	2016
8	晋麦 17 号	1982	49	晋麦 61 号	1999	90	晋麦 82 号	2007	132	晋太 114	2016
9	晋麦 18 号	1983	50	晋麦 62 号	1999	91	临汾 8050	2007	133	晋太 1310	2016
10	晋麦 19 号	1983	51	晋麦 63 号	1999	92	晋麦 84 号	2008	134	晋太 9923	2008
11	晋麦 20 号	1984	52	晋麦 65 号	2000	93	晋麦 85 号	2008	135	晋太 182	2013
12	晋麦 21 号	1985	53	晋麦 66 号	2000	94	晋麦 70	2001	136	晋太 102	2014
13	晋麦 22 号	1985	54	晋麦 67 号	2000	95	晋农 207	2002	137	太春 3473	2014
14	晋麦 23 号	1985	55	晋麦 68 号	2000	96	长麦 6135	2008	138	晋春 9 号	1988
15	晋麦 24 号	1987	56	晋麦 71 号	2001	97	临 Y7287	2009	139	晋春 13 号	1996
16	晋麦 25 号	1988	57	晋麦 72 号	2002	98	晋麦 87 号	2009	140	晋春 14 号	1999
17	晋麦 27 号	1989	58	运早 719	2009	99	太 13606	2009	141	晋春 15 号	2004
18	晋麦 28 号	1989	59	晋麦 88 号	2009	100	长麦 5973	2009	142	晋麦 75 号	2002
19	晋麦 29 号	1989	60	山农 129	2009	101	临远 8 号	2010	143	晋麦 86 号	2008
20	晋麦 30 号	1990	61	晋麦 73 号	2002	102	长麦 251	2011	144	汾 4439	2006
21	晋麦 31 号	1990	62	晋麦 74 号	2002	103	长 8744	2011	145	汾 4846	2006
22	晋麦 32 号	1990	63	临汾 615	2002	104	晋麦 90 号	2011	146	汾黑麦 1831	2005
23	晋麦 33 号	1990	64	长 6878	2002	105	晋麦 91 号	2011	147	运黑 28 号	2004
24	晋麦 35 号	1990	65	晋太 170	2002	106	晋麦 92 号	2013	148	吕早 1608	2004
25	晋麦 36 号	1991	66	长治 5608	2002	107	晋麦 94 号	2014	149	邯 6172	2002
26	晋麦 37 号	1991	67	临优 145	2003	108	晋麦 95 号	2014	150	长 4853	2013
27	晋麦 38 号	1991	68	临汾 138	2003	109	晋麦 96 号	2014	151	长麦 5079	2005
28	晋麦 39 号	1991	69	长 6154	2003	110	晋麦 97 号	2014	152	长 6452	2005
29	晋麦 40 号	1991	70	运早 21-30	2003	111	晋麦 98 号	2014	153	长 5222	2009
30	晋麦 41 号	1992	71	河东 TX-006	2003	112	晋麦 99 号	2015	154	长 7016	2007
31	晋麦 42 号	1992	72	临丰 3 号	2004	113	良星 67	2016	155	长麦 6135	2010
32	晋麦 44 号	1992	73	晋太 65	2003	114	运早 137	2016	156	长 6990	2016
33	晋麦 43 号	1992	74	临远 3158	2004	115	NC206	2009	157	长 6794	2016
34	晋麦 45 号	1993	75	临抗 11 号	2004	116	中早 110	2002	158	长 7080	2016
35	晋麦 46 号	1994	76	泽优 2 号	2004	117	舜麦 1718	2011	159	黑小麦 76 号	1997
36	晋麦 47 号	1995	77	临优 2018	2005	118	晋麦 83 号	2007	160	良星 99	2006
37	晋麦 48 号	1995	78	临优 2069	2005	119	运早 20410	2007	161	烟农 19	2001
38	晋麦 49 号	1996	79	晋春 3 号	1974	120	长麦 6686	2007	162	济麦 22	2006
39	晋麦 50 号	1996	80	临选 2035	2005	121	临旱 6 号	2006			
40	晋麦 51 号	1996	81	运早 2335	2005	122	临 Y8161	2017			
41	晋麦 52 号	1996	82	长 6359	2005	124	中麦 175	2007			

表 2 102 对 SSR 标记检测到的等位变异数、*PIC* 值Table 2 The number of alleles and *PIC* values detected by 102 SSR makers

引物 Primer	位点 Locus	等位变异数 <i>N<sub>a</sub></i>	多态性信息指数 <i>PIC</i>	引物 Primer	位点 Locus	等位变异数 <i>N<sub>a</sub></i>	多态性信息指数 <i>PIC</i>	引物 Primer	位点 Locus	等位变异数 <i>N<sub>a</sub></i>	多态性信息指数 <i>PIC</i>
wmc24	1A	5	0.668	cf116	2D	3	0.424	wmc149	5B	5	0.641
barc17	1A	5	0.584	wmc18	2D	4	0.580	wmc508	5B	1	0
cfa2129	1A	7	0.713	gwm155	3A	6	0.617	gwm191	5B	1	0
cfa2226	1A	3	0.155	gwm218	3A	5	0.603	gwm234	5B	5	0.695
wmc134	1B	5	0.711	cfa2193	3A	6	0.686	wmc415	5B	4	0.543
gwm124	1B	2	0.063	wmc50	3A	1	0	cf1266	5D	4	0.528
wmc128	1B	3	0.534	psp3144	3B	6	0.512	barc322	5D	4	0.659
gwm413	1B	7	0.680	gwm285	3B	8	0.793	cf178	5D	5	0.668
wmc419	1B	1	0	wmc236	3B	3	0.389	cf167	5D	3	0.574
gwm403	1B	1	0	gwm156	3B	1	0	gwm174	5D	8	0.772
gwm268	1B	1	0	gwm247	3B	2	0.272	cf182	6A	2	0.362
wmc156	1B	1	0	cf164	3D	3	0.466	psp3071	6A	8	0.727
gwm11	1B	5	0.568	gwm161	3D	4	0.532	cf11	6A	3	0.219
gwm259	1B	5	0.698	cf1127	3D	1	0	wmc201	6A	5	0.626
barc181	1B	5	0.544	cf1223	3D	5	0.564	cfe273	6A	2	0.312
cf172	1D	4	0.612	gwm341	3D	1	0	barc354	6B	5	0.742
cf183	1D	5	0.547	wmc262	4A	8	0.810	barc24	6B	5	0.666
cf132	1D	4	0.564	gwm165	4A	3	0.382	barc178	6B	5	0.447
wmc147	1D	5	0.445	gwm610	4A	5	0.687	cf15	6D	3	0.456
gwm232	1D	1	0	wmc258	4A	3	0.317	cf145	6D	1	0
gwm337	1D	8	0.806	gwm495	4B	6	0.748	psp3200	6D	4	0.487
gwm312	2A	6	0.717	gwm513	4B	4	0.636	gdm127	6D	2	0.218
gwm372	2A	5	0.554	cfa2091	4B	1	0	cfa2110	7A	2	0.259
gwm95	2A	5	0.570	wmc47	4B	3	0.358	cfa2019	7A	3	0.223
gwm512	2A	3	0.479	cf1106	4D	1	0	cfa2123	7A	4	0.506
gwm311	2A	1	0	wmc331	4D	3	0.371	wmc168	7A	4	0.386
gwm249	2A	1	0	cf123	4D	3	0.491	wmc17	7A	5	0.575
gwm122	2A	1	0	cf184	4D	7	0.764	gwm46	7B	7	0.637
gwm501	2B	5	0.402	gwm186	5A	7	0.760	wmc396	7B	7	0.719
gwm148	2B	6	0.711	gwm327	5A	5	0.660	wmc517	7B	6	0.774
gwm120	2B	7	0.766	gwm126	5A	3	0.287	gwm213	7B	1	0
wmc361	2B	3	0.236	gwm291	5A	6	0.765	gwm295	7D	3	0.406
cf153	2D	5	0.727	wmc247	5B	3	0.344	gwm428	7D	4	0.667
wmc503	2D	4	0.278	gwm271	5B	3	0.420	psp3123	7D	3	0.411

表 3 不同年代山西小麦育成品种的遗传多样性

Table 3 Genetic diversity within wheat varieties that were released at decades

年代 Age	资源份数 No. of resources	平均等位变异 Average allelic variation	遗传多样性指数 Genetic diversity index	多态信息含量 <i>PIC</i>
1970s	7	1.746	0.332	0.241
1980s	19	2.500	0.398	0.347
1990s	34	2.907	0.427	0.381
2000-2005 年	38	3.510	0.469	0.427
2006-2011 年	35	3.500	0.456	0.416
2012-2017 年	29	2.853	0.421	0.377



## 2.4 山西小麦育成品种群体结构分组分析

对 162 个小麦育成品种进行  $K = 10$  次重复的划分结果测试,将每个  $K$  值对应的  $\ln P(D)$  值与  $(\Delta K)$  平均数绘制折线图(图 1)。 $K = 3$  时,10 次运行重复间标准差最小,重复性最好, $\Delta K$  值最高。可将 162 个育成品种资源分为 3 大组群(图 2),组群分布与育种年代和生态地理分布相关。组群 I 包含 67 个种质资源,大部分为 2005 年以后审定品种,且多为南部中熟冬麦区品种,包括临 Y8168、运早 137 和晋麦 80 号;组群 II 包含 59 个种质资源,南部中熟冬麦区主要集中在该类群,其中旱地品种较多,主要包括临抗 11、运早 21-30 和运麦 218;组群 III 包含 36 个种质资源,多为 20 世纪 90 年代及以前的育成品种,如晋麦 1 号、晋麦 5 号和晋麦 22 号等较早审定的品种。

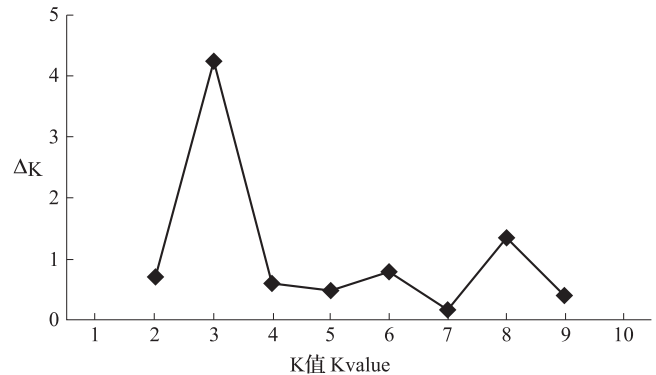


图 1 利用作图法推断合理组群数划分

Fig. 1 Graphical method allowing detection of the true number of populations

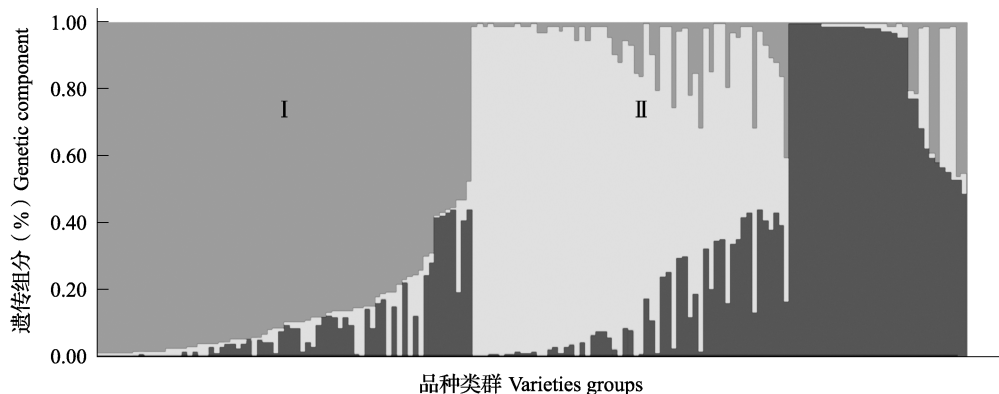


图 2 山西小麦育成品种资源的类群划分

Fig. 2 Population distribution of wheat varieties in this study

## 2.5 山西小麦育成品种聚类分析

基于 Nei's 遗传距离的 UPGMA 聚类图(图 3)显示,102 对 SSR 标记在遗传距离 0.501 处将 162 个品种分为 8 个类群,主要与育成年代和生态地理分布有关。第 I 类群包含 66 个品种,其中包含 20 世纪 90 年代前的品种,如晋麦 1 号、晋麦 5 号、晋麦 12 号、晋麦 13 号和晋麦 22 号等;旱地品种,如运早 21-30、运早 805、临早 6 号和晋麦 47 号等;山西南部中熟冬麦区品种晋麦 31 号、晋麦 61 号和晋麦 65 号等;第 II 类群包含材料最多,共 71 个,可分为山西中部晚熟冬麦区品种(包括长 6794、长 5079 和长 7016 等)、北部春麦品种(晋太 102、晋农 207 和冬黑 1 号)和优质小麦品种(临优 145、临汾 138 和临优 2069 等);第 III、IV、V、VI、VII 和 VIII 类群共包含 25 个品种,遗传距离和遗传背景差异较大,分别单独聚为一类,其中春性材料有晋春 3 号、晋春 9 号和晋春 15 号等品种,以及优质材料临优 2018。值得注意的是,晋麦 21 号与山东育成的良星 99、烟农 19 和良

星 67 聚为一类,可能是该品种 20 世纪 80 年代末在山东获得较大面积推广的原因。

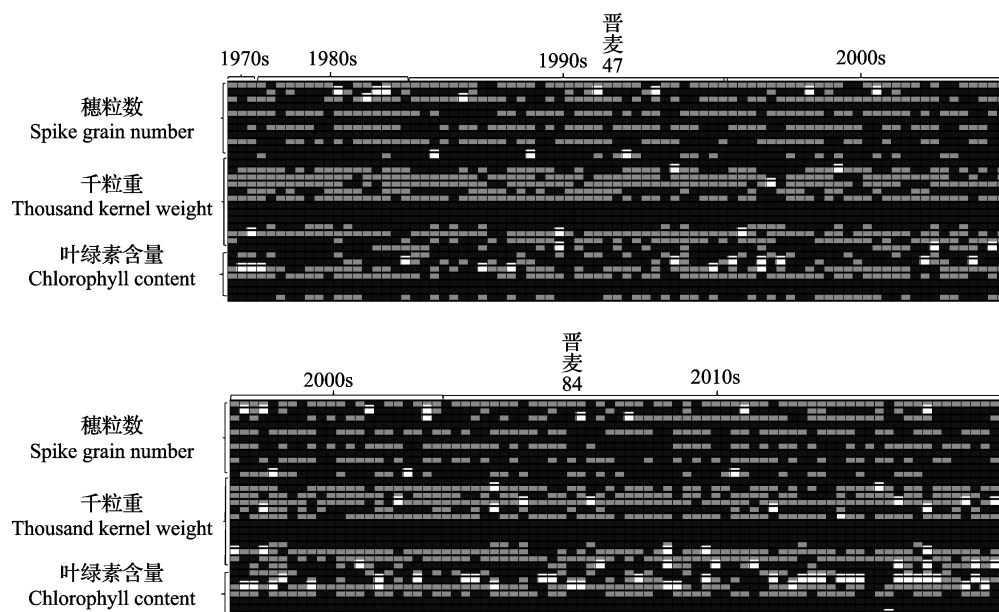
## 2.6 山西不同年代小麦育成品种与农艺性状相关的优异等位变异分析

产量三要素为千粒重、穗粒数、穗数,其中千粒重和穗粒数的遗传力较高;叶绿素含量是抗旱相关的重要指标,而山西小麦以抗旱著称。因此,选择千粒重、穗粒数和叶绿素含量 3 个性状进行相关标记的分析。试验结果表明,20 世纪 70 年代至今,优异等位变异的频率随着年代逐渐增长(图 4),3 个性状中穗粒数性状改良效果最为明显,1970-2016 年 *barc322* 优异等位变异频率增幅最大,为 37%,还有 *gwm337* 的优异等位频率,由 20 世纪 70 年代的 25% 增加至 2012-2016 年间的 43%。标记 *cfe273* 已证明和穗粒数密切相关,该位点在欧洲和美洲品种中经历了强烈的人工选择,优异等位变异频率快速上升<sup>[23]</sup>,但在山西育种过程中未受到选择(图 5)。千粒重相关等位变异可分为 3 类,第 1 类在所有材料



图3 山西小麦育成品种聚类图

Fig. 3 Dendrogram of wheat varieties in Shanxi



黑色代表各位点优异等位变异, 灰色代表各位点非优异等位变异, 白色为缺失  
 Black represents the favorable alleles, gray represents the non-favorable alleles, white is missing

图4 农艺性状相关的优异等位变异在不同品种中的分布

Fig. 4 The favorable alleles for agronomic traits in different varieties

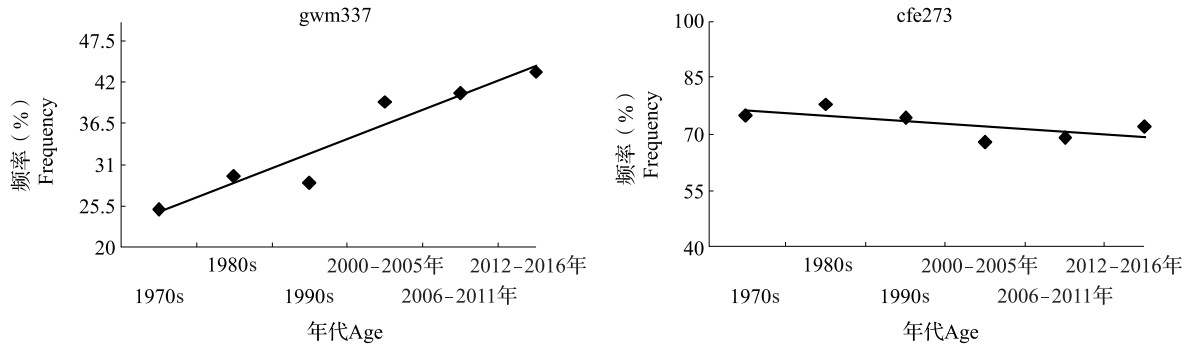


图5 穗粒数相关 gwm337 和 cfe273 优异等位变异频率变化  
Fig. 5 The allele frequency at markers gwm337 and cfe273 that linked to grain numbers

中基本都是优异等位变异,在育种过程中一直保留,如 gwm156、gwm403 和 gwm11;第2类优异等位变异频率由于育种过程的选择逐渐增加,如 wmc147 和 gwm372,其优异等位变异频率分别由20世纪70年代的50%、6%增加至77%、37%;第3类非优等位变异频率较高,其频率未随着育种过程增加,如 gwm174 和 gwm234,优异等位变异一直未超过20%,这也暗示了山西省小麦育种仍有较大的潜力,这类位点应是今后遗传改良的主要目标。

### 3 讨论

SSR 标记已广泛应用于小麦遗传图谱构建和遗传多样性分析<sup>[24-27]</sup>。近年来开发的9 K和90 K芯片具有密度大、成本低、高通量等优点,大大提高了人们对小麦基因组的研究效率<sup>[28]</sup>。与SSR相比,SNP芯片多样性低,导致其对驯化和育种高压选择的位点检测能力较低,部分同源群基因也干扰其准确性。SSR标记为共显性,具有多态性高、检测快速、操作简便的优点<sup>[20]</sup>。此外,SSR变异与临近基因的交换重组密切相关,在基因组中的分布密度与基因岛和重组热点高度相关<sup>[29]</sup>。在遗传多样性和分子标记辅助育种等方面的研究中,SSR标记依然具有一定的优势,Zhang等<sup>[30]</sup>、Hao等<sup>[31]</sup>和邱丽娟等<sup>[32]</sup>采用SSR标记成功构建了我国水稻、小麦、大豆核心种质和微核心种质,并很好地分析了材料地域分布和亲缘关系。文献报道小麦核心种质的平均等位变异数为17.6个,平均PIC值为0.690。黄淮冬麦区近年来大面积推广品种的平均等位变异数为4.15个,平均PIC值为0.561<sup>[33]</sup>。山东<sup>[8]</sup>、陕西<sup>[11]</sup>、河南<sup>[9]</sup>、河北<sup>[34]</sup>和江苏<sup>[35]</sup>分别对各省育成品种进行了遗传多样性分析,平均等位变异数分别为2.770、4.180、6.000、3.930和3.560,平均PIC值分别为0.489、0.481、0.404、0.415和0.456。本研

究分析了山西省1949年以来审定小麦品种159个(占审定总数80.5%),发现山西品种平均等位变异数为3.940,平均PIC值为0.446,PIC值仅高于江苏省。2005年至今,育成品种的PIC值为0.407,低于山东省(0.489);表明山西省在今后的育种过程中应加强种质资源交流。此外,近年来育成品种的遗传多样性有所下降,分析其原因可能是2000年后育种目标多为对主推品种的改良导致。

叶绿素含量是抗旱相关的重要指标<sup>[36]</sup>。因此,本研究采用穗粒数、千粒重和叶绿素含量相关的标记分析不同年代育成品种中优异等位变异的频率,发现随着年代逐渐增长,各性状的遗传背景具有不同程度的改良,但总体增幅不大,在今后的育种过程中应引进优异资源加以改良。对供试材料分析后发现优异等位变异在品种间具有一定的差异,晋麦84作为黄淮北部麦区少有的大穗大粒品种,其千粒重常年稳定在50g左右<sup>[37]</sup>,优异等位变异频率为69.2%,远高于同期审定的其他品种。作为黄淮北部旱地对照品种晋麦47具有较多的优异区段,3种重要农艺性状的优异等位变异频率为48%,远超同期审定品种的28.7%,可能是该品种经久不衰的原因所在。本研究选择102个标记,其中包括与重要性状连锁的31个标记进行遗传多样性的分析,从整体上能较好地反映山西小麦品种的分布和遗传多样性,试验结果与遗传育种进程规律一致。由于小麦是异源六倍体,具有21对染色体,要全面分析品种间染色体区段差异,本文的标记数量仍然过少。因此,下一步工作应加强重要农艺性状的QTL定位和基因克隆,从而获得更多的连锁分子标记用于指导实际的育种工作。

**致谢:**本文在材料征集的过程中得到山西省农科院柴永峰、马惠英、任杰成、张东旭、闫金龙和任永康等老师的大力协助,谨致热忱!

## 参考文献

- [1] 徐兆飞, 山西小麦. 北京: 中国农业出版社, 2006: 3-18
- [2] 庄巧生. 中国小麦品种改良及系谱分析. 北京: 中国农业出版社, 2003: 534-535
- [3] 刘秉华, 杨丽, 王山荭, 孟凡华. 矮败小麦群体改良的方法与技术. 作物学报, 2002, 28(1): 69-71
- [4] 韩俊, 张连松, 李静婷, 石丽娟, 解超杰, 尤明山, 杨作民, 刘广田, 孙其信, 刘志勇. 小麦骨干亲本“胜利麦/燕大 1817”杂交组合后代衍生品种遗传构成解析. 作物学报, 2009, 35(8): 1395-1404
- [5] 孙善澄, 孙玉, 袁文业, 阎文泽, 裴自友, 张美荣, 白云凤. 优质黑粒小麦 76 的选育及品质分析. 作物学报, 1999, 25(1): 50-54
- [6] 郝晨阳, 董玉琛, 王兰芬, 游光霞, 张洪娜, 盖红梅, 贾继增, 张学勇. 我国普通小麦核心种质的构建及遗传多样性分析. 科学通报, 2008, 53(8): 908-915
- [7] 盖红梅, 王兰芬, 游光霞, 郝晨阳, 董玉琛, 张学勇. 基于 SSR 标记的小麦骨干亲本育种重要性研究. 中国农业科学, 2009, 42(5): 1503-1511
- [8] 彭芹, 戴双, 郭骞欢, 程敦公, 李豪圣, 刘爱峰, 刘建军, 赵世杰, 宋健民. 1950 年以来山东省主推小麦品种的遗传多样性演变. 分子植物育种, 2012, 10(2): 228-237
- [9] 曹廷杰, 谢菁忠, 吴秋红, 陈永兴, 王振忠, 赵虹, 王西成, 詹克慧, 徐如强, 王际睿, 罗明成, 刘志勇. 河南省近年审定小麦品种基于系谱和 SNP 标记的遗传多样性分析. 作物学报, 2015, 41(2): 197-206
- [10] 李瑞奇, 杨鑫雷, 张艳, 马峙英, 李雁鸣. 河北省冬小麦品种 SSR 标记遗传多样性分析. 植物遗传资源学报, 2014, 15(3): 526-533
- [11] 李学军, 潘玉朋, 王小利, 李立群, 王培, 冯毅, 王辉. 陕西育成小麦品种的遗传多样性演变. 西北农林科技大学学报: 自然科学版, 2011, 4(39): 48-54
- [12] 张雪婷, 杨文雄, 曹东. 甘肃省近年来育成冬小麦品种农艺性状的区域表现及遗传多样性分析. 麦类作物学报, 2016, 36(11): 1464-1473
- [13] 王宏飞, 李宏琪, 丛花, 章艳凤, 肖菁, 宋羽, 严勇亮. 新疆小麦地方品种遗传多样性的 SSR 分析. 中国农业科技导报, 2010, 12(6): 98-104
- [14] 李光蓉, 杨足君, 畅志坚. 山西小麦品种(系)的高分子谷蛋白亚基遗传变异分析. 四川农业大学学报, 2000, 18(2): 113-116
- [15] 姬虎太, 张建华, 王敏, 吕雪梅, 曹勇, 裴雪霞, 张定一. 山西省小麦品种(系)蛋白质品质的差异. 麦类作物学报, 2011, 31(6): 1077-1081
- [16] 陈卫国, 王曙光, 史雨刚, 孙黛珍. 山西省不同来源小麦品种(系)的 HMW-GS 组成分析. 中国农业大学学报, 2015, 20(4): 19-28
- [17] 郝晨阳, 王兰芬, 张学勇, 游光霞, 董玉琛, 贾继增, 刘旭, 尚勋武, 刘三才, 曹永生. 我国育成小麦品种的遗传多样性演变. 中国科学 C 辑: 生命科学, 2005, 35(5): 408-415
- [18] Zhang D, Hao C, Wang L, Zhang X. Identifying loci influencing grain number by microsatellite screening in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). Planta, 2012, 236: 1507-1517
- [19] Wang L, Ge H, Hao C, Dong Y, Zhang X. Identifying loci influencing 1,000-kernel weight in wheat by microsatellite screening for evidence of selection during Breeding. PLoS One, 2012, 7(2): e29432
- [20] Somers D J, Isaac P, Edwards K. A high-density microsatellite consensus map for bread wheat (*Triticum aestivum* L.). Theoretical Applied Genetics, 2004, 109: 1105-1114
- [21] Goudet J. FSTAT (Ver. 1.2): A computer program to calculate F-statistics. Journal of Heredity, 1995, 86: 485-486
- [22] Evanno G, Regnaut S, Goudet J. Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. Molecular Ecology, 2005, 14: 2611-2620
- [23] Roberto A B, Matthew B, Zhang X Y. Diverse approaches to achieving grain yield in wheat. Functional Integrative Genomics, 2011, 11: 37-48
- [24] Błaszczyk L, Chelkowski J, Korzun V, Kraic J, Ordon F, Ovesnó J, Purnhauser L, Tar M, Vida G. Verification of STS markers for leaf rust resistance genes of wheat by seven European laboratories. Cellular Molecular Biology Letters, 2004, 9(4B): 805-817
- [25] Zhang H, Lang J, Ma S, Zhang B. Genetic analysis and SSR mapping on an new stem stripe rust resistance gene *YrY206* in *Aegilops tauschii*. Chinese Journal of Biotechnology, 2008, 24(8): 1475-1479
- [26] 张成林, 郭志慧, 张新全, 白史且, 张昌兵, 李平, 马啸. 利用 SSR 标记对垂穗披碱草和老芒麦进行物种鉴定和遗传变异分析. 植物遗传资源学报, 2016, 17(3): 416-422
- [27] 田再民, 张立平, 王丽辉, 赵昌平, 单福华, 吕爱枝, 龚学臣. 小麦“BS20 × Fu3”DH 群体 SSR 遗传图谱的构建及不育基因的 QTL 定位. 植物遗传资源学报, 2015, 16(4): 857-867
- [28] Cavanagh C R, Chao S, Wang S, Huang B E, Stephen S, Kiani S, Forrest K, Saintenac C, Brown-Guedira G L, Akhunova A, See D, Bai G, Pumphrey M, Tomar L, Wong D, Kong S, Reynolds M, Silva M L, Bockelman H, Talbert L, Anderson J A, Dreisigacker S, Baenziger S, Carter A, Korzun V, Morrell P L, Dubcovsky J, Morrell M K, Sorrells M E, Hayden M J, Akhunov E. Genome-wide comparative diversity uncovers multiple targets of selection for improvement in hexaploid wheat landraces and cultivars. Proceedings of the National Academy of Sciences, 2013, 110(20): 8057-8062
- [29] Ott A, Trautshold B, Sandhu D. Using microsatellites to understand the physical distribution of recombination on soybean chromosomes. PLoS One, 2011, 6(7): e22306
- [30] Zhang P, Li J, Li X, Liu X, Zhao X, Lu Y. Population structure and genetic diversity in a rice core collection (*Oryza sativa* L.) investigated with SSR markers. PLoS One, 2011, 6(12): e27565
- [31] Hao C Y, Zhang X Y, Wang L F, Dong Y S, Shang X W, Jia J Z. Genetic diversity and core collection evaluations in common wheat germplasm from the Northwestern Spring Wheat Region in China. Molecular Breeding, 2006, 17: 69-77
- [32] 邱丽娟, 李英慧, 关荣霞, 刘章雄, 王丽侠, 常汝镇. 大豆核心种质和微核心种质的构建、验证与研究进展. 作物学报, 2009, 35(4): 571-579
- [33] 武玉国, 吴承来, 秦保平, 王振林, 黄玮, 杨敏, 尹燕桦. 黄淮冬麦区 175 个小麦品种的遗传多样性及 SSR 标记与株高和产量相关性状的关联分析. 作物学报, 2012, 38(6): 1018-1028
- [34] 赵檀, 金柳艳, 李远, 安浩军, 邢志华, 王睿辉, 刘桂茹, 温树敏. 基于全基因组的河北省小麦品种遗传多样性分析. 植物遗传资源学报, 2015, 16(1): 45-53
- [35] 喻俊杰, 金艳, 张勇, 徐辰武. 江苏主栽小麦品种遗传多样性的 SSR 分析. 麦类作物学报, 2015, 35(10): 1372-1377
- [36] Khamssi N N, Najaphy A. Comparison of photosynthetic components of wheat genotypes under rain-fed and irrigate conditions. Photochemistry and Photobiology, 2012, 88: 76-80
- [37] 席吉龙, 杨娜, 郝佳丽, 张建诚, 李永山, 席天元, 武雪萍. 播期和密度对晋麦 84 号旗叶光合特性及产量的影响. 山西农业科学, 2017, 45(8): 1253-1257