

# 基于全基因组的河北省小麦品种遗传多样性分析

赵 檀<sup>1</sup>, 金柳艳<sup>1</sup>, 李 远<sup>1</sup>, 安浩军<sup>2</sup>, 邢志华<sup>2</sup>, 王睿辉<sup>1</sup>, 刘桂茹<sup>1</sup>, 温树敏<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>河北农业大学/河北省作物种质资源实验室/华北作物种质资源研究与利用省部级共建教育部重点实验室, 保定 071001; <sup>2</sup>保定市农业科学研究所, 保定 071001)

**摘要:**丰富的遗传变异对于提高作物的环境适应性和遗传改良进度至关重要。小麦是重要的粮食作物,河北省作为我国第三大小麦产区,在保障国家粮食安全中占有重要地位。建国以来,河北省审定了大量小麦品种,然而有关其遗传基础的研究却相对缺乏。本研究以1949年至2012年的169份河北省小麦品种为材料,利用覆盖小麦全基因组的SSR标记分析了供试小麦品种的遗传多样性。结果表明,供试河北省小麦品种的3个染色体组中,以B染色体组具有最高的遗传多样性,A组最低;7个同源群中,以第5、4群具有最高的多样性水平,而第7群最低;在21条染色体上的遗传多样性变化较大,以4A、2D具有较高的多样性水平,1A染色体最低。从品种的更新换代角度看,自1949年以来,尽管品种的等位基因频率在下降,河北省小麦品种的多样性水平基本呈现上升趋势。在此基础上,根据遗传相似系数,供试品种可聚为5大类,聚类结果既反映出河北省小麦品种多样性水平的复杂多样,也反映出品种的地域性分布特征。

**关键词:**小麦;河北省;遗传多样性;演变;SSR

## Genetic Diversity Analysis for Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.) Cultivars in Hebei Province Based on Genome-wide SSR Markers

ZHAO Tan<sup>1</sup>, JIN Liu-yan<sup>1</sup>, LI Yuan<sup>1</sup>, AN Hao-jun<sup>2</sup>, XING Zhi-hua<sup>2</sup>,  
WANG Rui-hui<sup>1</sup>, LIU Gui-ru<sup>1</sup>, WEN Shu-min<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>Agricultural University of Hebei/ Key Laboratory for Crop Germplasm Resources of Hebei/North China Key Laboratory for Crop Germplasm Resources of Education Ministry, Baoding 071001; <sup>2</sup>Agricultural Research Institute of Baoding, Baoding 071001)

**Abstract:** Diverse genetic variation is of great importance for crop ecological adaption and genetic improvement. Bread wheat (*Triticum aestivum* L.) is one of the most important staple food for human worldwide. Wheat coverage and production of Hebei province ranked third in China. However, systematically understanding for genetic diversity of wheat in this province is scarce. Therefore, the objective of present study is to investigate the genetic diversity of wheat in Hebei province based on genome-wide SSR markers. The results showed that among the wheat accessions studied, genetic diversity in A genome, the seventh homoeologous group and chromosome 1A was relatively poor. From the historical view, genetic diversity of Hebei wheat accessions presented a slowly increasing trend. Furthermore, based on genetic similarity, these wheat accessions could be clustered into five groups, which did not reflect, to some extent, the diverse characters for Hebei wheat cultivars, but also the specific breeding behavior in different institutes of Hebei.

**Key words:** bread wheat (*Triticum aestivum* L.); Hebei province; genetic diversity; changes; SSR

小麦是世界性的重要粮食作物。在我国小麦约占粮食总产的27%。河北省以其种植面积和总产

量占全国总数10%的水平(国家统计局, <http://www.stats.gov.cn/>, 2013), 居我国小麦主产区的第

收稿日期: 2014-03-27 修回日期: 2014-05-06 网络出版日期: 2014-12-11

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20141211.2229.026.html>

基金项目: 国家自然科学基金(31371617); 作物种质资源保护子项目(NB2013-2130135-25-02-10)

第一作者研究方向为小麦遗传育种和作物种质资源。E-mail: zhaotan19881213@163.com; 金柳艳为共同第一作者

通信作者: 王睿辉, 研究方向为小麦遗传育种和作物种质资源。E-mail: wangrh@hebau.edu.cn

3 位。与 1949 年建国初期相比,河北省小麦总产量提高近 10 倍(河北省农业厅, <http://www.heagri.gov.cn/>, 2012), 为我国粮食安全做出了重要贡献。人多地少的矛盾对粮食产量的进一步提高提出了更高要求。近几年,河北省小麦品种单产增幅仅维持在年均 5%~6% 的水平,难以实现突破性飞跃,归根到底与现有种质资源狭窄的遗传基础和关键性种质资源的缺乏有密切关系<sup>[1-3]</sup>。遗传基础狭窄,不仅影响到小麦品种改良的进度和成效,而且增加了品种应对各种胁迫的脆弱性<sup>[4-7]</sup>。

1949 年以来,河北省审(认)定的小麦品种有 200 多个,然而有关该省小麦种质资源状况的系统研究却相对缺乏。李兴普<sup>[1]</sup>分析了河北省 1949 - 1994 年之间 87 个审定小麦品种的矮秆基因来源,发现这些品种的矮秆基因主要来自日本品种农林 10 号和赤小麦。郎明林等<sup>[2]</sup>分析了建国以来北方冬麦区小麦品种的胚乳醇溶蛋白组成变化,发现河北省中南部品种与产量相关的醇溶蛋白谱带数目明显增加,而且品种的血缘主要集中在碧玉麦等 5 个骨干亲本上。刘玉平等<sup>[3]</sup>在对河北省 1998 - 2005 年间审定优质小麦的系谱调查中也发现,供试品种的亲本主要以藁城 8901 和 9411 为主。除此之外,有关河北省小麦资源遗传多样性研究,主要来自本课题组的工作。张茶等<sup>[8]</sup>用种子醇溶蛋白分析了河北省 118 个主栽小麦品种的遗传多样性,品种间的遗传相似系数平均值为 0.35 (变幅 0.043 ~ 0.86);李志波等<sup>[9]</sup>对河北省 125 个小麦品种 8 个主要农艺性状进行遗传多样性分析的结果表明,品种间的遗传多样性在不断增加,但略低于黄淮麦区品种的多样性;李远等<sup>[10]</sup>利用 86 对多态性 SSR 标记对河北省 125 个小麦品种遗传多样性分析的结果表明,该省小麦品种的遗传基础仍需进一步拓宽。

为进一步掌握河北省小麦品种资源的遗传基础和遗传多样性状况,在小麦育种工作中更有针对性的选择亲本,促进遗传改良工作取得突破性进展,本研究在前期工作基础上,采用基于 SSR 标记的全基因组扫描的方法分析河北省小麦品种的遗传多样性。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

供试小麦品种包括 169 份河北省审定小麦品种和 1 个对照品种(中国春)(表 1),由中国农业科学院作物科学研究所、中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心、中国农业大学农学与生

物技术学院、河北省农林科学院粮油作物研究所、河北省农林科学院旱作农业科学研究所、河北省石家庄市农业科学研究院、河北省邯郸市农业科学院、河北省沧州市农林科学院、河北省邢台市农业科学研究院、河北省张家口市农业科学院、河北省保定市农业科学研究所和河北农业大学小麦育种课题组等单位提供。

### 1.2 基因组 DNA 提取与多态性 SSR 引物筛选

参照 P. J. Sharp 等<sup>[11]</sup>的 SDS 法提取小麦样品叶片基因组 DNA。选用来自小麦基因组的 SSR 标记,引物序列参照 M. S. Röder 等<sup>[12]</sup>、E. Pestsova 等<sup>[13]</sup>、P. K. Gupta 等<sup>[14]</sup>、D. J. Somers 等<sup>[15]</sup>,由上海生工生物工程有限公司(Shanghai Sangon Co. Ltd., 上海)合成。PCR 扩增采用 15  $\mu$ L 反应体系,包括: 1  $\times$  PCR buffer, dNTPs 0.5 mmol,  $Mg^{2+}$  1.6 mmol, Taq DNA 聚合酶 1U, DNA 模板 50 ~ 100 ng, 左右引物各 240 pmol, 加水至 15  $\mu$ L。标准 PCR 扩增程序,退火温度因引物而异,36 个循环。扩增产物经 8% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳进行引物的筛选,用 6% 变性聚丙烯酰胺凝胶电泳进行所有样品检测,银染法检测,在白炽灯下观察电泳结果,进行数据统计和照相。

### 1.3 数据处理

SSR 扩增带型在相同迁移率位置上有带赋值“1”,无带赋值“0”,缺失赋值“9”,统计分子数据。遗传多样性分析参照采用国际上通用的方法多态性信息量(PIC, polymorphism information content)的计算方法, PIC 是指一个标记依靠其可检测的等位基因数和它们的分布频率,从而得到该标记在一个群体中检测的多态性大小值。出现频率小的等位基因对 PIC 值的影响要小于那些高频率的等位基因。考虑到小麦品种(系)基因型的纯合性,现在大多采用 I. A. Anderson 等<sup>[16]</sup>的简化式。计算公式为:

$$PIC = 1 - \sum P_{ij}^2$$

其中,  $P_{ij}$  表示第  $i$  个标记第  $j$  个带型出现的频率。利用 Powermarker 软件对基因型数据进行统计分析,计算等位变异数、等位基因频率、基因多样性及多态性信息含量(PIC 值)等。

利用 SSR 分子数据建立的 0 - 1 数据矩阵,进行每个位点的等位变异丰富度( $A_{ij}$ )及小麦每个基因组的遗传丰富度( $R$ )、多样性指数( $Ht$ )计算<sup>[17-18]</sup>。遗传丰富度计算公式:

$$R = \sum P_{ij}/n$$

表 1 供试 170 个小麦品种编号、名称及审定时间

Table 1 List of wheat cultivars used in the present study

编号 No.	品种名称 Cultivar name	审定年份 Registration year	编号 No.	品种名称 Cultivar name	审定年份 Registration year	编号 No.	品种名称 Cultivar name	审定年份 Registration year
1	石家庄 4 号	1956	58	中麦 9 号	1997	115	科农 1093	2005
2	河北农大 3 号	1960	59	京 411	1997	116	小偃 81	2005
3	黑芒麦	1962	60	89H3 旱 940	1998	117	藁优 9618	2005
4	石家庄 52	1965	61	邯 4564	1998	118	河农 4198	2005
5	石家庄 34	1965	62	邯 4589	1998	119	金麦 1 号	2005
6	小红麦	1967	63	河农 85 - 9	1998	120	藁优 9908	2005
7	革选 1 号	1968	64	沧 6001	1998	121	石新 618	2005
8	邯选 2 号	1968	65	乐 639	1998	122	沧麦 119	2005
9	向阳 1 号	1969	66	8901 - 11	1998	123	廊研 43	2005
10	向阳 2 号	1969	67	高优 503	1998	124	科农 199	2006
11	邢选 1 号	1969	68	河农 341	1998	125	冀 5265	2007
12	向阳 4 号	1970	69	邯 5316	1999	126	中国春 (CK)	
13	衡水 6404	1971	70	梁麦 2 号	1999	127	石麦 18	2008
14	唐山 6898	1974	71	沧核 030	1999	128	石麦 19	2011
15	文胜 1 号	1975	72	唐 93 - 5015	1999	129	石麦 21	2009
16	冀麦 2 号	1976	73	邯优 3475	2000	130	石优 20	2009
17	科繁 51	1977	74	花 521	2000	131	中麦 12	2011
18	北京 13	1977	75	秦麦 3 号	2000	132	中麦 155	2012
19	冀麦 9 号	1977	76	衡 95 观 26	2001	133	中麦 175	2009
20	冀麦 6 号	1978	77	冀 6203	2001	134	婴泊 700	2012
21	冀麦 3 号	1978	78	邯 6172	2001	135	衡 136	2009
22	冀麦 7 号	1978	79	石家庄 8 号	2001	136	衡 216	2009
23	乐亭 183	1981	80	石新 733	2001	137	衡 4444	2012
24	鉴 26	1981	81	沧麦 026	2001	138	衡 0628	2008
25	冀麦 10 号	1982	82	中优 9507	2001	139	保麦 10 号	2008
26	冀麦 15 号	1982	83	冀 5385	2002	140	河农 827	2008
27	冀麦 16 号	1982	84	沧核 036	2002	141	河农 5290	2011
28	冀麦 14 号	1982	85	藁优 9409	2002	142	河农 6049	2008
29	冀麦 17 号	1983	86	石家庄 9 号	2002	143	河农 6425	2009
30	冀麦 18 号	1984	87	石家庄 13 号	2002	144	河农 7106	2012
31	冀麦 19 号	1984	88	石新 703	2002	145	河农 9206	2009
32	冀麦 20 号	1984	89	硬旱 2108	2002	146	轮选 061	2009
33	冀麦 21 号	1985	90	衡 7228	2003	147	轮选 987	2009
34	冀麦 22 号	1985	91	冀 5579	2003	148	石新 616	2008
35	邯麦 1 号	1986	92	石 4185	2003	149	丰优 68	2009
36	冀麦 23 号	1986	93	石家庄 10 号	2003	150	衡 4399	2008
37	冀麦 24 号	1986	94	石新 539	2003	151	河农 85 - 3	2009
38	冀麦 25 号	1986	95	邯麦 9 号	2003	152	冀 6358	2008
39	衡麦 1 号	1988	96	晶白麦 1 号	2003	153	冀糯 200	2011
40	冀麦 26 号	1988	97	白硬冬 2 号	2003	154	冀资黑小麦 1 号	2008
41	冀麦 27 号	1988	98	藁优 9415	2003	155	藁城 2018	2008
42	冀麦 28 号	1988	99	宝麦 3 号	2003	156	石新 811	2009
43	冀麦 29 号	1988	100	石家庄 11 号	2003	157	邢麦 6 号	2008
44	冀麦 31 号	1989	101	衡 4338	2004	158	邢麦 7 号	2012
45	原冬 3 号	1989	102	河农 822	2004	159	邯麦 12 号	2008
46	冀麦 30 号	1992	103	观 35	2004	160	邯麦 14 号	2011
47	冀麦 33 号	1992	104	石麦 12	2004	161	邯麦 13 号	2009
48	冀麦 36 号	1994	105	石麦 14	2004	162	农大 399	2012
49	冀麦 37 号	1996	106	NC2 号	2004	163	小山 8645	2009
50	冀麦 38 号	1996	107	良星 99	2004	164	小山 9659	2009
51	冀麦 41 号	1996	108	科农 213	2004	165	张春 6 号	2009
52	京冬 6 号	1996	109	师密 02 - 1	2004	166	张春 7 号	2009
53	京冬 8 号	1996	110	衡优 18	2004	167	沧麦 6003	2008
54	衡 4041	1997	111	北京 0045	2004	168	沧麦 6005	2012
55	石新 163	1997	112	石新 828	2005	169	农大 3432	2012
56	河农 972	1997	113	石麦 16	2005	170	沧麦 028	2009
57	71 - 3	1997	114	石麦 15	2005			

其中,  $P_{ij}$  表示第  $i$  个基因组上第  $j$  个位点的等位变异数目;  $n$  表示检测位点总数。

多样性指数计算公式:

$$Ht = \sum H_i/n$$

其中,  $H_i$  表示第  $i$  个引物对的多态性信息指数;  $n$  表示检测位点总数。

用 NTSYS-pc 2.11 软件计算品种的相似系数, 采用最长距离法对所有供试小麦品种进行树状聚类, 聚类图的绘制用 GGT2.0 和 MEGA5.0 等软件。

## 2 结果与分析

### 2.1 SSR 引物筛选

以随机选取的 8 个小麦品种, 进行多态性引物



图 1 标记 *Xgwm261* 在部分供试小麦品种中的扩增结果

Fig. 1 Amplification results for *Xgwm261* in part wheat cultivars

### 2.2 供试小麦品种的遗传多样性分析

231 对 SSR 引物的等位基因频率平均为 0.599, 其中标记 *Xwmc455* 和 *Xwmc557* 最高(为 0.965), *Xwmc445* 最低(为 0.235); 基因多样性的平均值为 0.510, 以标记 *Xwmc445* 的基因多样性最高(为 0.853), *Xwmc455* 和 *Xwmc557* 最低(为 0.068)。所有 231 对引物的多态性信息含量(PIC 值)平均值为 0.456, 以 *Xwmc445* 最高(为 0.836), *Xwmc455* 和 *Xwmc557* 最低(为 0.066)。统计标记的 PIC 值比例, 发现: 所有 PIC 值在 0.300 ~ 0.400 之间的标记所占比例为 20.35%, PIC 值在 0.500 以上的标记所占比例为 45.89%。利用 231 对多态性 SSR 引物, 从供试的 170 份小麦品种(含对照)共检测到 831 个等位变异(表 2), 单个引物扩增的等位基因数为 2 ~ 11 个(平均 3.56 个), 以引物 *Xbarc78* 扩增到的等位基因数最多(11 个)。

**2.2.1 A、B、D 3 个染色体组的多样性** 在供试小麦品种的 A、B、D 染色体组中, 231 对引物所检测到的 831 个等位变异中, B 染色体组分布的标记位点数目、等位变异数目和平均等位变异丰富度最高(分别为 90 个、355 个和 3.94), D 染色体组最少(分别为 57 个、189 个和 3.32); 而基因多样性指数和多态性信息含量(PIC 值)仍以 B 染色体组最高(分别为 0.55、

的筛选, 最终从 1559 对小麦 SSR 引物中筛选出多态性引物 231 对。在 231 对多态性 SSR 引物中, 以覆盖 B 染色体组的标记数目和所占比例最多(90 对, 占 39.0%), D 组最少(57 对, 占 24.7%)。在供试小麦品种的 7 个部分同源群中, 平均每个同源群有 33 对引物, 以第 7 群上标记的分布最多(45 对), 第 6 群分布最少(20 对)。标记在 7 个同源群(1 ~ 7)的数目分布顺序是: 7 > 3 > 5 = 2 > 4 > 1 > 6。在 21 条染色体中, 平均每条染色体有 11 个标记, 以 3A、7A、2B、7B 染色体的标记分布数目(16 个)最多, 6D(4 个)、4D(5 个)较少(图 1)。

0.50), 但 A 染色体组最低(分别为 0.48、0.43)(表 2)。总体看来, 以 B 组多样性最高, A 组最低。

表 2 供试小麦品种在 A、B、D 染色体组的遗传多样性

Table 2 Genetic diversity among A, B and D genomes in wheat cultivars

多样性指标 Item of genetic diversity	染色体组 Genome			总和 平均 Total Mean
	A	B	D	
标记位点数目 NOL	84	90	57	231
等位变异数 NOA	287	355	189	831
平均等位变异丰富度 AGR	3.42	3.94	3.32	3.56
基因多样性指数 GDI	0.48	0.55	0.50	0.51
多态性信息含量 PIC	0.43	0.50	0.45	0.46

NOL: No. of loci, NOA: No. of alleles, AGR: Average genetic richness, GDI: Genetic diversity indexes, PIC: Polymorphic information content. The same as below

**2.2.2 不同同源群的遗传多样性** 在供试小麦品种的 7 个(1 ~ 7)部分同源群中, 平均每个同源群有 SSR 标记 118.71 个, 其中以第 6 群最少(66 个)、第 7 群最多(144 个); 平均等位变异丰富度以第 4 群(4.29)的最高, 第 7 群(3.20)最低(表 3); 基因多样性指数和多态性信息含量最大的是第 5 群(分别

为0.56、0.51),第7群最小(分别为0.46、0.41)。综合来看,供试小麦品种在7个部分同源群的遗传多样性大小顺序为5>4>3>2>6>1>7。可以看出,河北省小麦品种在第4、5同源群染色体上保持着较高的遗传多样性,而第7群的遗传多样性则相对较低(表3,图2)。

表3 供试小麦品种在7个部分同源群的遗传多样性

Table 3 Genetic diversity among seven homoeologues in wheat cultivars

部分同源群 Homoeologous group	等位 变异数 NOA	平均等位 变异丰富度 AGR	基因多样性 指数 GDI	多态性 信息含量 PIC
1	104	3.59	0.49	0.44
2	113	3.32	0.52	0.46
3	134	3.53	0.53	0.47
4	133	4.29	0.54	0.49
5	137	4.03	0.56	0.51
6	66	3.30	0.50	0.44
7	144	3.20	0.46	0.41
平均	118.71	3.61	0.51	0.46

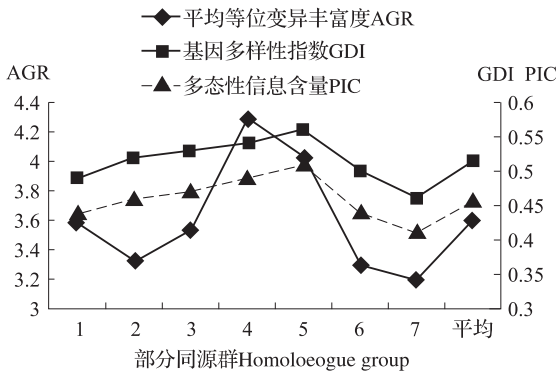


图2 供试小麦品种7个部分同源群的遗传多样性

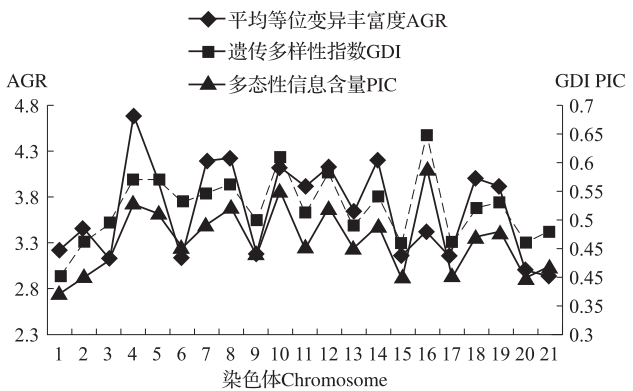
Fig.2 Genetic diversity among the seven homoeologous groups in wheat cultivars

2.2.3 不同染色体的遗传多样性 在21条染色体中,供试小麦品种各染色体的等位变异数目平均值为39.57,以4A染色体最高(70个),6D最低(12个);标记位点数目平均值为11,染色体3A、7A、2B、7B的标记位点数目最高(16个/位点),6D最低(4个/位点);等位基因型频率平均值为0.59,以1A最高(0.7),2D最低(0.45);等位变异丰富度平均值3.65,以4A最高(4.67),7D最低(2.92);基因多样性指数平均值为0.52,以2D最高(为0.65),1A最低(为0.40);多态性信息含量平均值为0.46,以2D最高(为0.59),以1A最低(为0.37)(表4)。总体来看,4A、2D染色体的多样性水平较高,1A的多样性水平较低(表4,图3)。

表4 供试小麦品种在21条染色体上的遗传多样性

Table 4 Genetic diversity among 21 chromosomes in wheat cultivars

染色体 Chromosoms	等位变 异数 NOA	平均等位变 异丰富度 AGR	基因多样 性指数 GDI	多态性信 息含量 PIC
1A	29	3.22	0.40	0.37
2A	38	3.45	0.46	0.40
3A	50	3.13	0.49	0.43
4A	70	4.67	0.57	0.53
5A	36	4.00	0.57	0.51
6A	25	3.13	0.53	0.45
7A	67	4.19	0.54	0.49
1B	53	4.22	0.56	0.52
2B	51	3.19	0.50	0.44
3B	62	4.13	0.61	0.55
4B	43	3.91	0.51	0.45
5B	58	4.14	0.58	0.52
6B	29	3.63	0.49	0.45
7B	67	4.19	0.54	0.49
1D	22	3.14	0.46	0.40
2D	24	3.43	0.65	0.59
3D	22	3.14	0.46	0.40
4D	20	4.00	0.52	0.47
5D	43	3.91	0.53	0.48
6D	12	3.00	0.46	0.40
7D	38	2.92	0.48	0.42
平均	39.57	3.65	0.52	0.46



横坐标1~21分别对应1A、1B、1D、……、7A、7B、7D染色体  
Numbers 1 through 21 refer to as chromosomes

1A, 1B, 1D, ..., 7A, 7B and 7D, respectively

图3 供试小麦品种21条染色体的遗传多样性

Fig.3 Genetic diversity among the twenty-one chromosomes in wheat cultivars

2.3 不同年代育成品种的遗传多样性

1949年以来,河北省小麦经历了6次的品种更新换代<sup>[19]</sup>:第1次品种更新在1950-1964年,第2次在1965-1970年,第3次在1971-1980年,第4次在1981-1990年,第5次在1991-2000年,第6次自2001年至今。按品种更新换代时间,对供试小麦进行了遗传多样性分析(图4)。结果表明,除

SSR 标记的等位基因频率随品种更新年代而表现减少外,标记的等位变异丰富度、等位基因数、基因多样性指数和多态性信息含量均表现出增加的趋势;等位基因数变幅为 437 ~ 829,平均值为 662.33 个;

基因多样性指数在 0.350 ~ 0.496 之间,平均值为 0.446;多态性信息含量变化范围为 0.188 ~ 0.443,平均值为 0.389;等位变异丰富度变幅为 1.852 ~ 3.513,平均值为 2.806(表 5)。

表 5 供试河北省小麦品种在不同年代的多样性变化

Table 5 Genetic diversity among different renewed periods of wheat cultivars

年代 Periods	品种数目 NOC	等位基因数 NOA	多态性信息含量 PIC	等位变异丰富度 AGR	基因多样性指数 GDI	等位基因频率 AF
1950 - 1964	3	437	0.188	1.852	0.350	0.698
1965 - 1970	9	597	0.388	2.530	0.430	0.668
1971 - 1980	10	632	0.390	2.678	0.447	0.655
1981 - 1990	23	728	0.415	3.085	0.470	0.632
1991 - 2000	30	751	0.426	3.182	0.485	0.618
2001 - 2012	95	829	0.443	3.513	0.496	0.614

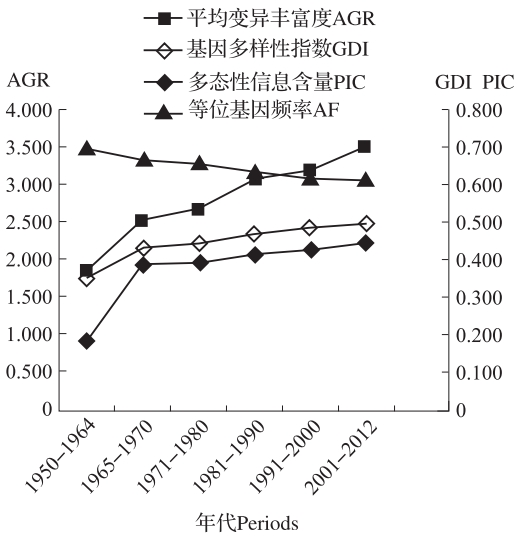


图 4 供试河北省小麦品种在不同年代的多样性变化

Fig. 4 Genetic diversity among the six renewed periods of wheat cultivars

## 2.4 品种间的遗传距离及聚类分析

利用 NTSYS 软件计算了品种的遗传相似系数,169 份小麦品种的平均相似系数 0.494,品种间最大相似系数为 0.920(京冬 6 号与京冬 8 号),最小的为 0.267(冀糯 200 与向阳 2 号)。根据品种间的相似系数,供试 169 份河北省小麦品种可聚为 5 类(图 5)。

第 I 类包括 67 个品种,这些品种又可分为 5 个亚类。第 I-1 亚类包括沧 6003 等 12 个品种,这些品种主要为黑龙江流域的品种,多为节水抗旱类型品种。第 I-2 亚类包括衡水 6404 等 7 个品种,主要为 20 世纪 60、70 年代的品种,多以西北 54、胜利麦等为亲本。第 I-3 亚类包括冀麦 6 号、京冬 8 号等 8

个品种,这些品种主要分布在冀中北地区,具有较好的抗寒性。第 I-4 亚类包括衡 4041 等 9 个品种,品种遗传基础(亲本来源、选育单位)较为多样化,本研究的对照(中国春)亦在此类。第 I-5 亚类包括 14 个品种,主要为河北省农林科学院粮油作物研究所和旱作农业研究所选育的品种,而且其主要适应的生态区为冀中南中高水肥地。第 I-6 亚类包括 9 个品种,以河北农业大学品种为主(占 2/3)。第 I-7 亚类包括梁麦 2 号等 8 个品种,品种类型较为多样,春性(张春 7 号)、优质(冀优 2018)、矮败轮选品种(如轮选 061)等均在此类。

第 II 类包括 21 个品种,本类品种的类型较为多样,既包含参试冀中南水地组的品种,又包含冀中北和品质优良的品种。又可分为 2 个亚类:II-1 亚类包括冀麦 30 等 10 个品种,其中 6 个品种为 80 年代审定品种;II-2 亚类包括 11 个品种,优质品种占 6 个(如晶白麦 1 号、中优 9507 等)。

第 III 类包括 47 个品种,又可分为 5 个亚类。第 III-1 亚类包括京 411、冀麦 38 等 12 个品种,第 III-2 亚类包括冀麦 22 等 5 个 80 年代的品种。第 III-3 亚类包括文胜 1 号、河北农大三号等 7 个携带有早洋麦(Early Premium)血缘的品种。第 III-4 亚类包括京冬 8、中麦 155 等 10 个品种,大部分为省外(主要是北京市)选育、在河北省审定的品种,其系谱除早期的一些骨干亲本(如阿夫乐尔、西北 54 等)外,还包括来自山西、山东的一些资源,大部分品种具有较好的抗寒性。第 III-5 亚类包括衡 4399、邯 6172 等 13 个品种,这些品种的适宜种植区均在冀中南水肥地。

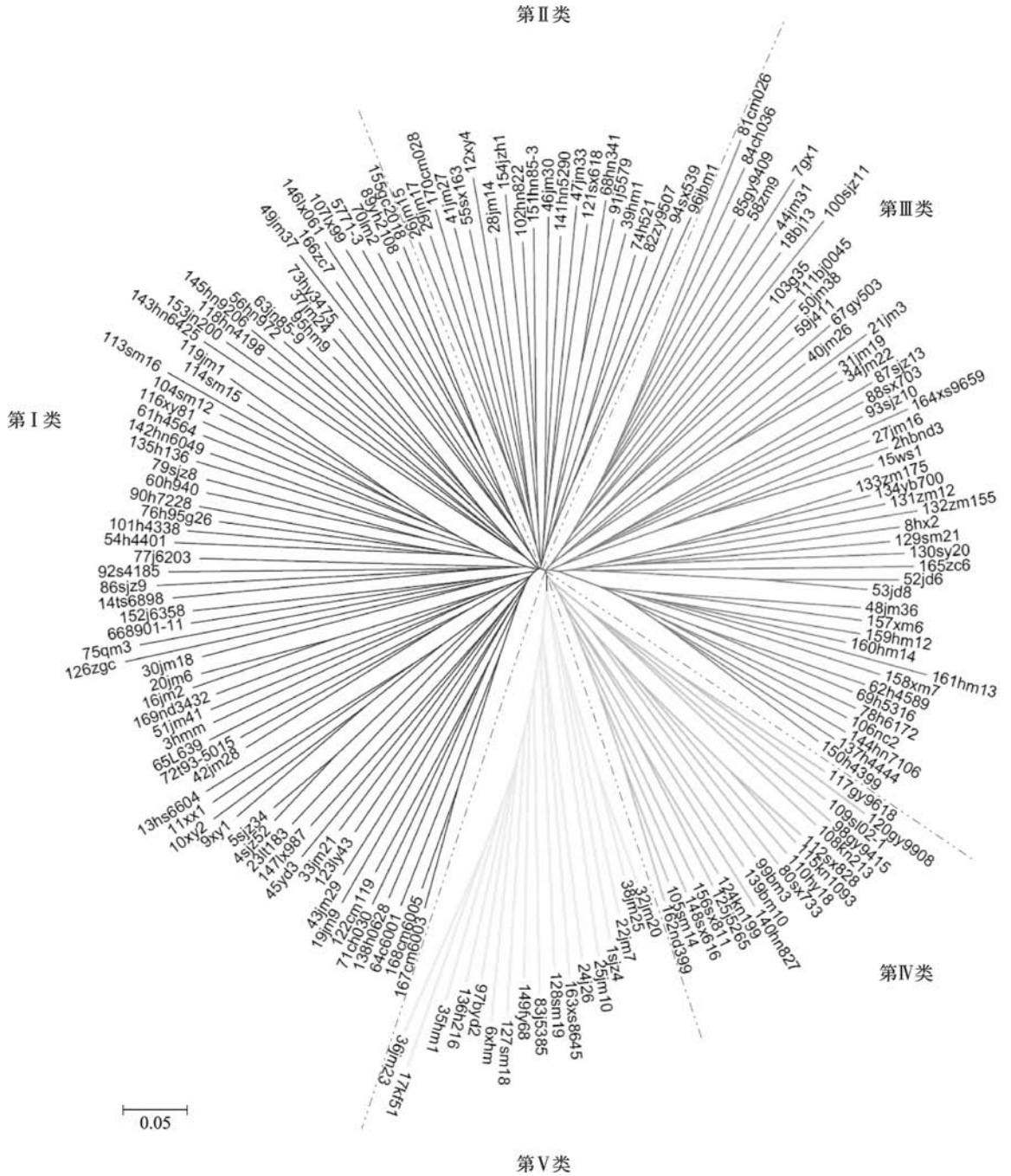


图 5 河北省小麦品种基于遗传相似系数聚类结果  
 Fig. 5 Cluster analysis for the 170 Hebei wheat cultivars including Chinese spring as control based on genetic similarity index

第 IV 类包括 18 个品种,可分为 3 个亚类。第 IV-1 亚类包括师粟 02-1、科农 213 等 5 个品种,全为参加冀中南优质组审定的品种。第 IV-2 亚类包括农大 399 等 5 个品种,主要来自河北省农科院粮油所和中科院农业资源研究中心(原石家庄现代化所)。第 IV-3 亚类包括保麦 10、河农 827 等 8 个品种,这些品种的系谱除石新 616 和石新 811 外不能直接查到石 4185 的血缘外,保麦 10 号、河农 827、科

农 199、石麦 14 号、农大 399 均直接以石 4185 作亲本(父本或母本),冀 5265 的母本为石 4185 的后代,父本科农 9204 的亲本亦具有与石 4185 父辈相近的血缘关系。石新 616、石新 811 均以石新 733 为母本,而追踪石新 733 的血缘,则存在碧蚂麦、大拇指矮的痕迹。

第 V 类包括冀麦 20、冀麦 25 等 17 个品种,这些品种血缘的主要来自洛夫林、欧柔和燕大 1817 等

骨干亲本。

### 3 讨论

#### 3.1 遗传多样性评价指标的选择

在遗传多样性评价体系中,等位变异数、多态性信息含量、遗传丰富度和遗传多样性指数都被普遍应用。在遗传多样性分析中,主要看重遗传丰富度和遗传多样性指数这两个指标:遗传丰富度是全部性状级别的总数或者相对值,遗传多样性指数是由性状的级别数和各级材料份数的分布均匀度决定的,材料在各性状级别中分布越均匀,多样性指数越高;同时,各性状级别越多,多样性指数越高<sup>[20-21]</sup>。本研究从河北省小麦品种在不同染色体组、部分同源群、染色体以及品种更新年代等的多样性分析结果来看,遗传丰富度和遗传多样性指数尽管紧密相关,所反映的问题却不完全相同:有的遗传丰富度相似,而多样性指数却相差较大(例如染色体 6A 和 3D 的遗传丰富度分别为 3.13 和 3.14,但是多样性指数却分别为 0.53 和 0.46);也存在遗传多样性指数相似而丰富度相差甚远的情况(例如染色体 2B 和 4B 的遗传多样性指数分别为 0.50 和 0.51,但是遗传丰富度却为 3.19 和 3.91)。因此,仅仅用遗传丰富度或者遗传多样性指数作为遗传变异程度的评判标准是不全面的,虽然遗传多样性指数包含了丰富度的成分,但是多样性指数更多的是强调等位变异的分布。对于种质资源遗传多样性的评价,有必要对这两个指标进行权衡<sup>[20]</sup>。

#### 3.2 现代育种对染色体组和同源群多样性的影响

在小麦染色体组遗传多样性比较分析中,尽管在遗传丰富度上 A 染色体组高于 D 染色体组,但多样性指数分析时,A 染色体组却显著降低。这说明在长期的育种过程中,A 染色体组上可能存在着控制某些重要性状的关键基因,在现代育种中 A 染色体组的选择压力偏大一些。进一步对 7 个部分同源群进行多样性分析,第 1 群和第 7 群在多样性指数上都相对较低。尤其是第 1 群,在与第 3 群拥有相似的遗传丰富度的情况下,其多样性指数却明显下降(图 3)。把遗传丰富度与多样性指数相结合,结果仍是第 1 群和第 7 群多样性较低。同样这说明现代育种的选择压力在这两个同源群上比较强烈。在小麦的 21 条染色体上,其遗传多样性水平高低程度也不一致。在我国地方品种中,4A、2D 最高、1A 最低。根据已有对小麦农艺性状 QTL 定位的结果,1A 染色体上是目前为止定位 QTL 数目最多的染色

体<sup>[22-23]</sup>,很显然该染色体在育种过程中所接受的选择压力最大。因此,在河北省小麦遗传改良研究中,应重点加强拓宽 A 染色体组以及第 1 群、第 7 群的多样性。

#### 3.3 河北省小麦遗传多样性状况及演变趋势

小麦遗传多样性的降低已成为世界范围内的共识<sup>[24-29]</sup>。在我国小麦初选核心种质中的 1586 份选育品种中,以 20 世纪 50 年代的品种具有最高的遗传多样性,到 90 年代降至最低<sup>[30]</sup>。在小麦主产区的河南、山东等省份,小麦育成品种的多样性也表现出类似的下降趋势<sup>[31-33]</sup>。研究表明,作物遗传多样性的降低与品种选育过程中高强度的人工选择以及品种系谱中地方品种所占比例下降有关<sup>[19, 28, 34-36]</sup>。河北省不仅是我国重要的小麦种植区,也是一个严重缺水、气候特征南北差异较大的省份。河北省种植的小麦品种除少数为国外、省外引进的品种外,绝大多数为本省小麦育种单位育成的品种。本研究中,河北省小麦品种的遗传多样性水平低于山东<sup>[37]</sup>,与欧洲品种相近(0.46),但低于东亚各国小麦品种的平均值(0.52)<sup>[38]</sup>。这说明河北省小麦品种的遗传多样性水平虽然有所上升但是还有待拓宽。因此,在小麦育种工作中,要从丰富的种质资源中挖掘重要的基因,通过引进外省甚至国外的优异种质资源,使其在河北省小麦育种中发挥更大的作用,便于扩大河北省小麦品种的遗传基础。

同时,从品种多样性历史变化的角度看,本研究结果与之前包括我国地方品种、育成品种以及河南、山东等地小麦品种的多样性研究结果不同<sup>[31-32, 37, 39-41]</sup>,也与本课题组之前的结果略有出入<sup>[8-10]</sup>。在我国地方品种、育成品种以及河南、山东、江苏等省份的小麦品种中,其遗传多样性都有一个增降的变化<sup>[31-32, 37, 39-41]</sup>。本课题组之前的研究中,根据农艺性状计算的多样性指数虽然也呈上升趋势,但在 90 年代后的增加趋势开始趋于变缓<sup>[10]</sup>。而利用少量 SSR 标记的分析结果得出,河北省小麦品种的遗传多样性在 2000 年之前呈趋于上升,之后呈下降趋势<sup>[10]</sup>。造成这种差异的原因一方面可能与分析手段有关,另一方面也可能反映出河北省小麦品种的遗传多样性状况的独特性。农艺性状是作物生长发育习性、植物学特征、产量性状等方面的综合特征,是品种基因型与环境互作的最终表现,而基于 DNA 分子标记的遗传多样性分析则是以品种间 DNA 分子的多态性为基础的,几乎不受环境的影响。但同时,分子标记毕竟是一段较小的 DNA 序



列,不能完全代表作物的染色体组特征,当用数量不同的标记时,分析的结果也可能不同。李远等<sup>[10]</sup>用 86 对多态性 SSR 引物与本研究用 231 对多态性 SSR 引物的分析结果存在明显差异。本研究中,在反映品种遗传多样性的各个指标中,除等位基因频率持续下降外,其余指标一直表现增加趋势(尽管程度不同)(表 5,图 4),与 J. Orabi 等<sup>[42]</sup>对欧洲品种分析的结果相类似。这一方面反映出河北省小麦品种可能的确具有较高的多样性,另一方面也可能与该省独特的地理位置和生态气候特点有关。

### 参考文献

- [1] 李兴普. 不同矮秆基因小麦农艺性状的遗传差异[J]. 华北农学报,1995,10(1):1-5
- [2] 郎明林,卢少源,张荣芝. 中国北方冬麦区主栽品种醇溶蛋白组成的遗传演变分析[J]. 作物学报,2001,27(6):958-966
- [3] 刘玉平,李亚军,陈希勇,等. 河北省审定优质麦主要性状分析[J]. 河北农业科学,2006,10(2):50-53
- [4] 郭爱国,赤国彤,王焕如. 小麦抗病性基因推导方法的发展及应用[J]. 河北农业大学学报,1993,16(2):98-104
- [5] 杨文香,刘大群. 小麦抗叶锈基因的定位及分子标记研究进展[J]. 中国农业科学,2004,37(1):65-71
- [6] 王冬梅,冯晶,王凤涛,等. 2010-2011 年度四省小麦区试品种遗传多样性和抗条锈性分析[J]. 植物保护,2013,39(1):21-28
- [7] 相吉山,杨欣明,李秀全,等. 小麦骨干亲本南大 2419 对衍生品种(系)HMW-GS 的贡献分析[J]. 植物遗传资源学报,2013,14(6):1053-1058
- [8] 张茶,梁虹,王睿辉,等. 河北省主栽小麦品种醇溶蛋白遗传多样性分析[J]. 中国农学通报,2008,1(24):191-196
- [9] 李志波,王睿辉,张茶,等. 河北省小麦品种基于农艺性状的遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报,2009,10(3):436-442
- [10] 李远,赵檀,王睿辉,等. 河北省小麦品种基于 SSR 标记的遗传多样性研究[J]. 河北农业大学学报,2012,4(35):1-5
- [11] Sharp P J, Chao S, Gale M D. The isolation, characterization and application in *Triticeae* of a set of wheat RFLP probes identifying each homoeologous chromosome arm [J]. Theor Appl Genet. 1989,78:342-348
- [12] Röder M S, Korzun V, Gill B S, et al. The physical mapping of microsatellite markers in wheat [J]. Genome, 1998,41:278-283
- [13] Pestsova E, Salina E, Börner A, et al. Microsatellite confirm the authenticity of inter-varietal chromosome substitution lines of wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. Theor Appl Genet, 2000,101:95-99
- [14] Gupta P K, Balyan H S, Edwards K J, et al. Genetic mapping of 66 new microsatellite (SSR) loci in bread wheat [J]. Theor Appl Genet, 2002,105:413-422
- [15] Somers D J, Isaac P, Edwards K. A high-density microsatellite consensus map for bread wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. Theor Appl Genet, 2004,109(6):1105-1114
- [16] Anderson I A, Churchill G A, Autrique J E, et al. Optimizing parental selection for genetic linkage maps [J]. Genome, 1993,36:181-186
- [17] Mashall D R, Allard R W. Isozyme polymorphisms in natural population of *Avena fatua* and *A. barbata* [J]. Heredity, 1970,25:347-382
- [18] Nei M, Li W H. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonuclease [J]. Proc Nati Acad Sci USA, 1979,76:5269-5273
- [19] 庄巧生. 中国小麦品种改良及系谱分析 [M]. 北京:中国农业出版社,2003:138-169
- [20] 张学勇,庞斌双,游光霞,等. 中国小麦品种资源 *Glu-1* 位点组成概况及遗传多样性分析 [J]. 中国农业科学,2002,35(11):1302-1310
- [21] 董玉琛,曹永生,张学勇,等. 中国普通小麦初选核心种质的产生 [J]. 作物品种资源学报,2003(41):1-8
- [22] 王健胜. 小麦—冰草多粒衍生系 3228 主要产量性状的遗传分析及 QTL 定位 [D]. 杨凌:西北农林科技大学,2009,9-13
- [23] 陈丹. 小麦—冰草多粒新种质的遗传与利用基础研究 [D]. 北京:中国农业科学院,2012,3-11
- [24] Fu Y B, Peterson G W, Richards K W, et al. Allelic reduction and genetic shift in the Canadian hard red spring wheat germplasm released from 1845 to 2004 [J]. Theor Appl Genet, 2005,110:1505-1516
- [25] Huang X Q, Börner A, Röder M S, et al. Assessing genetic diversity of wheat (*Triticum aestivum* L.) germplasm using microsatellite markers [J]. Theor Appl Genet, 2002,105:699-707
- [26] Paull J G, Chalmers K J, Karakousis A, et al. Genetic diversity in Australian wheat varieties and breeding material based on RFLP data [J]. Theor Appl Genet, 1998,96:435-446
- [27] Roussel V, Koenig J, Beckert M, et al. Molecular diversity in French bread wheat accessions related to temporal trends and breeding programmes [J]. Theor Appl Genet, 2004,108:920-930
- [28] Smale M, Reynolds M P, Warburton M, et al. Dimensions of diversity in modern spring bread wheat in developing countries from 1965 [J]. Crop Sci, 2002,42:1766-1779
- [29] 谢炜,郭青云,郭小敏,等. 同名地方品种小红芒和小红芒麦形态学和 HMW-GS 组成的演变分析 [J]. 植物遗传资源学报,2011,12(3):381-388
- [30] 郝晨阳. 五十年来我国小麦育成品种的遗传多样性演变及西北春麦区核心种质的构建 [D]. 兰州:甘肃农业大学,2004
- [31] 程水永. 不同区域小麦种质资源遗传多样性研究 [D]. 郑州:河南农业大学,2010
- [32] 蒲艳艳,程凯,李斯深. 山东省近期育成小麦品种遗传多样性的 SSR 分析 [J]. 分子植物育种,2011,9(4):443-449
- [33] 李学军,潘玉朋,王小利,等. 陕西育成小麦品种的遗传多样性演变 [J]. 西北农林科技大学学报:自然科学版,2011,39(4):48-54
- [34] 杨松杰. 我国小麦品种(系)矮秆基因的分子检测 [D]. 乌鲁木齐:新疆农业大学,2004
- [35] 周阳,何中虎,张改生,等. 1BL/1RS 易位系在我国小麦育种中的应用 [J]. 作物学报,2004,30(6):531-535
- [36] Reif J C, Zhang P, Dreisigacker S, et al. Wheat genetic diversity trends during domestication and breeding [J]. Theor Appl Genet, 2005,110:859-864
- [37] 彭芹,戴双,郭骞欢,等. 1950 年以来山东省主推小麦品种的遗传多样性演变 [J]. 分子植物育种,2012,10(2):228-237
- [38] 王兰芬, Balfourier F, 郝晨阳,等. 欧洲与东亚小麦品种遗传多样性的比较分析 [J]. 中国农业科学,2007,40(12):2667-2678
- [39] 张玲丽,孙道杰,冯毅,等. 中国小麦地方品种的 SSR 遗传多样性分析 [J]. 西北农林科技大学学报:自然科学版,2010,38(7):85-90,97
- [40] 陈先红,徐利远,彭正松,等. 中国西南地区小麦品种(系)遗传多样性的 SSR 分析 [J]. 麦类作物学报,2008,28(1):6-10
- [41] 傅体华,王春梅,任正隆. 四川育成小麦品种的 SSR 遗传多态性及系谱关系 [J]. 四川农业大学学报,2007,25(1):1-7
- [42] Orabi J, Jahoor A, Backes G. Changes in allelic frequency over time in European bread wheat (*Triticum aestivum* L.) varieties revealed using DArT and SSR markers [J]. Euphytica, 2014,197(3):447-462