

吕国锋, 范金平, 高德荣, 等. 1996–2015 年江苏省淮南麦区育成品种的遗传多样性分析[J]. 江苏农业学报, 2018, 34(6): 1225-1231.
doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2018.06.004

1996–2015 年江苏省淮南麦区育成品种的遗传多样性分析

吕国锋, 范金平, 高德荣, 张 勇, 陆成彬, 张晓祥, 王 慧, 刘业宇, 吴素兰, 张伯桥

(江苏里下河地区农业科学研究所/国家小麦改良中心扬州分中心, 江苏 扬州 225007)

摘要: 本研究以1996–2015年江苏省淮南麦区审定的45个品种为材料, 对其系谱进行追踪分析, 以品种间的亲缘系数(*COP*)为指标, 分析育成品种的亲缘关系和遗传多样性。结果表明, 69.90%的品种组合间存在亲缘关系, 全部品种间的*COP*变幅为0~0.937 5, 平均为0.187 5。45个品种通过聚类分析可分为扬麦158衍生品种、宁麦9号衍生品种和其他品种3类, 宁麦9号和扬麦158衍生品种的*COP*均值分别为0.454 3和0.315 6, 2类品种间的*COP*均值为0.114 2。扬麦158和宁麦9号对育成品种的遗传贡献分别为27.85%和18.19%。说明江苏省淮南麦区当前品种遗传多样性低, 扬麦158和宁麦9号是当前育成品种的骨干亲本。

关键词: 小麦; 亲缘系数; 遗传多样性; 骨干亲本

中图分类号: S512.1 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2018)06-1225-07

Genetic diversity analysis of winter wheat cultivars developed in Huainan region of Jiangsu province from 1996 to 2015

LYU Guo-feng, FAN Jin-ping, GAO De-rong, ZHANG Yong, LU Cheng-bin, ZHANG Xiao-xiang, WANG Hui, LIU Ye-yu, WU Su-lan, ZHANG Bo-qiao

(Institute of Agricultural Science of the Lixiahe District in Jiangsu Province/Yangzhou Sub-center of National Wheat Improvement Center, Yangzhou 225007, China)

Abstract: The coefficient of parentage (*COP*) of 45 winter wheat cultivars developed from 1996 to 2015 in Huainan region of Jiangsu province were used to estimate the genetic diversity of cultivars and the relationship between them. The results showed that 69.90% of all paired cultivars existed relationship, the *COP* values for all pairs of cultivars ranged from 0 to 0.937 5 with a mean of 0.187 5. Forty-five cultivars could be divided into three groups by cluster analysis, as Yangmai 158 derived cultivars, Ningmai 9 derived cultivars and other cultivars. The mean *COP* values of Yangmai 158 and Ningmai 9 groups were 0.454 3 and 0.315 6, respectively, and the mean *COP* value of cultivars between two groups was 0.114 2. The genetic contributions of Yangmai 158 and Ningmai 9 to the current cultivars were 27.85% and 18.19%, respectively. The genetic diversity of the current cultivars was low, Yangmai 158 and Ningmai 9 were the core parents of the current cultivars in Huainan region of Jiangsu province.

Key words: wheat; coefficient of parentage; genetic diversity; core parents

收稿日期: 2018-10-15

基金项目: 江苏省重点研发计划项目(BE2017340、BE2018350); 国家重点研发计划项目(2017YFD0100800)

作者简介: 吕国锋(1970-), 男, 宁夏永宁人, 硕士, 副研究员, 主要从事小麦遗传育种研究。(E-mail) lgf@wheat.org.cn

通讯作者: 张伯桥, (E-mail) zqb@wheat.org.cn

遗传多样性是农作物品种改良的基础, 品种间遗传距离估算对提高亲本选择、杂交组合选配和后代农艺性状预测效率有重要意义^[1]。品种间遗传距离可用表型性状差异^[2-3]、基因组位点多态性^[4-11]和亲缘系数(*COP*)^[12-15]等进行估算。*COP* 计算基

于品种的系谱信息,与表型性状差异估计相比,不受环境影响。*COP* 是从基因组整体角度反映个体或品种差异,而基因组位点多态性估算的遗传多样性依赖于标记对基因组的覆盖度和密度,且多数标记并不直接反映育种选择性状的差异。因此建立在系谱信息基础上的亲缘系数分析在小麦品种的遗传多样性结构^[4,13,15]、遗传多样性演变^[4,16-17]以及骨干亲本^[4,12-18]分析上广泛应用。

长江中下游麦区是中国小麦主产区之一,建国以来小麦生产经历了 6 次大的品种更换,第 1 次和第 2 次分别以引进品种南大 2419 和阿夫为主,第 3、第 4 和第 5 次则分别以江苏里下河地区农业科学研究所选育的扬麦 3 号、扬麦 5 号和扬麦 158 为主体品种^[19]。自 1993 年扬麦 158 育成以来,江苏淮南麦区又育成了 45 个品种,其中扬麦 11、扬麦 13、扬麦 16、宁麦 13 等品种的大面积种植,完成了本麦区第 6 次品种更换。庄巧生^[19]对长江中下游麦区

2000 年以前育成品种的系谱分析认为江东门、南大 2419 和阿夫在该麦区的小麦育种中起骨干亲本作用。喻俊杰等^[9]认为近 40 年江苏省小麦主栽品种的遗传多样性总体呈下降趋势。刘丽华等^[10]研究结果表明,2009–2014 年长江流域参试品系的遗传多样性低于其他麦区参试品系,遗传结构单一。本研究拟对江苏省淮南麦区扬麦 158 育成后,1996–2015 年育成品种的亲缘关系进行分析,探究这些品种的遗传多样性与亲缘关系,为该麦区小麦育种策略的制定提供参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料

以 1996–2015 年江苏省淮南麦区审定品种为研究材料,品种名称、系谱等信息来自江苏省种业信息网(http://www.jsseed.cn/query_sdpz)(表 1)。

表 1 1996–2015 年江苏省淮南麦区育成小麦品种的组合和审定时间

Table 1 Parental combination and released time of wheat cultivars developed in Huainan region of Jiangsu province from 1996 to 2015

序号	品种名称	系 谱	审定年份	序号	品种名称	系 谱	审定年份
1	宁麦 8 号	扬麦 5 号/扬麦 6 号	1996	24	华麦 2 号	95F88/徐麦 21	2007
2	扬麦 9 号	扬鉴 3/扬麦 5 号	1996	25	镇麦 168	苏麦 6 号/97G59	2007
3	苏麦 5 号	西风/扬麦 4 号	1997	26	宁糯麦 1 号	EH-5/扬麦 158	2008
4	宁麦 9 号	扬麦 6 号/西风	1997	27	宁麦 16	宁麦 8 号/宁麦 9 号	2008
5	扬辐麦 1 号	1-3058/扬麦 5 号	1999	28	扬辐麦 4 号	宁麦 8 号/宁麦 9 号	2008
6	苏麦 6 号	6698 白/扬麦 5 号	1999	29	宁麦 17	宁 9529/扬麦 5 号//宁 9529	2009
7	宁麦 10 号	上海 7 号//PRL“S”/VEE6	1999	30	扬麦 18	(4×宁麦 9 号/3/6×扬麦 158//88-128/南农 P045)	2009
8	扬麦 10	85-85//Y.C/扬麦 5 号/3/扬麦 158 ²	1999	31	扬糯麦 1 号	扬麦 9 号/CAW	2010
9	镇麦 3 号	K28 选系	2000	32	华麦 5 号	扬麦 158/PH82-2-2	2010
10	扬麦 11	扬 158 ³ /3/Y.C/鉴二//扬 85-85	2000	33	镇麦 9 号	苏麦 6 号/97G59	2010
11	生抗 2 号	Alondra/繁 60096	2000	34	扬麦 21	宁麦 9 号/红螯芒	2011
12	扬辐麦 2 号	(扬麦 158/1-9012) 辐射	2002	35	宁麦 18	宁麦 9 号 * 3/扬 93-111	2011
13	南农 9918	扬麦 158/92R137	2002	36	扬麦 20	扬麦 10/扬麦 9 号	2012
14	镇麦 4 号	扬麦 158/镇麦 1 号	2003	37	宁麦 20	宁麦 8 号/宁麦 9 号	2012
15	扬麦 16	91F138/扬 90-30	2004	38	宁麦 19	宁麦 8 号/扬麦 158//扬麦 158	2012
16	镇麦 5 号	扬麦 158/宁麦 9 号	2004	39	宁麦 21	宁麦 9 号/扬麦 158//宁麦 9 号	2013
17	宁麦 12	宁 90-30/扬麦 158	2004	40	苏麦 8 号	宁麦 9 号/扬麦 11	2013
18	宁麦 13	宁麦 9 号选系	2005	41	镇麦 10 号	苏麦 6 号/97G59	2013
19	扬麦 15	扬 89-40/川育 21526	2005	42	华麦 6 号	扬麦 13/苏麦 6 号	2013
20	镇麦 6 号	扬麦 158/镇麦 1 号	2005	43	华麦 7 号	扬麦 158/小偃 8788	2014
21	扬辐麦 3 号	(扬麦 158/1-9012) 辐射	2006	44	扬富麦 101	镇麦 4 号选系	2014
22	宁麦 14	宁麦 9 号选系	2006	45	镇麦 12	镇麦 168 选系	2015
23	扬麦 14	扬麦 158/扬麦 6 号	2007				

1.2 试验方法

品种追溯其系谱信息 3 代。品种间 *COP* 的计算依据 Cox 等^[16]提出的假设和规则,同时参考王江春等^[14]的计算方法。计算原则如下:(1)一个品种分别从其双亲得到 1/2 的基因;(2)所有祖先种、亲本及其后代品种都是纯合的;(3)最早的祖先品种间的 *COP* 为 0;(4)系选品种、自然突变和诱导突变材料与其祖先品种的 *COP* 为 0.75;(5)同组合两品种间的 $COP = (0.75)^2 = 0.5625$;(6)含有部分相同亲本的品种 S 和 D 间的 $COP_{SD} = \sum [(1/2)^n]$, *n* 代表品种 S 和品种 D 的共同亲本与品种 S 间的世代和品种 D 间的世代数之和;(7)一个品种与其自身的 *COP* = 1.0,没有共同祖先两品种的 *COP* 为 0。(8)品种对后裔品种的遗传贡献率(*GC*)为共同祖先品种与所有后裔品种的 *COP* 均值。采用欧式距离的类平均法对品种间的 *COP* 矩阵进行聚类分析。

2 结果与分析

2.1 育成品种的亲本间亲缘关系

本研究中镇麦 3 号、宁麦 13、宁麦 14、镇麦 12、扬富麦 101 共 5 个品种是利用自然变异或品种本身存在的剩余变异通过系统选择育成。其余 40 个品种都是通过人工杂交育成的,其中,扬麦 10、扬麦 11 等 7 个品种是通过回交选育而成的;镇麦 168、镇麦 9 号等 7 个品种的双亲间存在亲缘关系;其余 26 个品种双亲间不存在亲缘关系。杂交育成的品种中苏麦 5 号、宁麦 9 号、宁麦 10 号、生抗 2 号、华麦 2 号、华麦 5 号、宁糯麦 1 号、扬麦 21、扬麦 15、华麦 7 号共 10 个品种含有外来种质血缘,占育成品种的 22.2%,这些品种引入的血缘与江苏淮南麦区 1995 年以前育成品种不同,拓宽了本麦区小麦品种的遗传基础。

2.2 育成品种间的亲缘系数

本研究的 45 个品种共组成 990 对组合,品种组合的 *COP* 变幅为 0~0.937 5,平均为 0.187 5,其中 69.90% 的品种组合存在亲缘关系,表明江苏省淮南麦区 1996–2015 年育成品种中多数品种相互间存在亲缘关系,且遗传相似程度较高。

根据同一品种与其存在亲缘关系的品种数多少可把研究品种分为 4 类(表 2)。镇麦 3 号、宁麦 10 号和生抗 2 号为第一类,这 3 个品种与其他品种的 *COP* 均为 0。其中镇麦 3 号的系谱无从追溯,无法

判断与其他品种的亲缘关系,宁麦 10 号为 CIMMYT 配制的组合,生抗 2 号的双亲分别来自 CIMMYT 和福建,因而这 3 个品种从系谱上与本麦区其他品种无亲缘关系。

表 2 某一品种与其余品种的 *COP*

Table 2 *COP* value of one cultivar with other cultivars

品种名称	有亲缘关系品种数	有亲缘关系组合 <i>COP</i> 均值	品种名称	有亲缘关系品种数	有亲缘关系组合 <i>COP</i> 均值
宁麦 10 号	0	0	宁糯麦 1 号	36	0.250 2
镇麦 3 号	0	0	扬糯麦 1 号	36	0.143 0
生抗 2 号	0	0	华麦 5 号	36	0.250 4
宁麦 9 号	16	0.620 8	镇麦 9 号	36	0.358 0
宁麦 13	16	0.510 4	扬麦 20	36	0.341 4
宁麦 14	16	0.510 4	镇麦 10 号	36	0.358 0
扬麦 18	16	0.593 8	华麦 6 号	36	0.158 2
扬麦 21	16	0.362 5	华麦 7 号	36	0.250 4
扬麦 9 号	36	0.247 7	扬富麦 101	36	0.218 2
扬辐麦 1 号	36	0.223 4	镇麦 12	36	0.287 5
苏麦 6 号	36	0.273 2	宁麦 8 号	41	0.284 3
扬麦 10	36	0.412 6	苏麦 5 号	41	0.182 7
扬麦 11	36	0.436 3	镇麦 5 号	41	0.327 3
扬辐麦 2 号	36	0.208 0	扬麦 14	41	0.285 7
南农 9918	36	0.250 2	宁麦 16	41	0.252 7
镇麦 4 号	36	0.274 5	扬辐麦 4 号	41	0.252 7
扬麦 16	36	0.250 2	宁麦 17	41	0.270 1
宁麦 12	36	0.251 1	宁麦 18	41	0.233 6
扬麦 15	36	0.100 4	宁麦 20	41	0.252 8
镇麦 6 号	36	0.256 7	宁麦 19	41	0.377 3
扬辐麦 3 号	36	0.208 0	宁麦 21	41	0.274 9
华麦 2 号	36	0.250 2	苏麦 8 号	41	0.320 0
镇麦 168	36	0.367 1			

宁麦 9 号、宁麦 13、宁麦 14、扬麦 18 和扬麦 21 共 5 个品种构成第二类,这 5 个品种为宁麦 9 号的系选或回交育成的品种,因而其仅和与宁麦 9 号相关的 16 个品种存在亲缘关系。这些品种组合的 *COP* 变幅为 0.362 5~0.620 8,均值为 0.519 6。

扬麦 9 号、扬辐麦 1 号、苏麦 6 号等 25 个品种组成第三类,这些品种亲本之一均为扬麦 158 或其衍生品种,无宁麦 9 号血缘,因而其仅和与扬麦 158

相关的 36 个品种存在亲缘关系。这些品种组合 *COP* 变幅为 0.100 4~0.436 3, 均值为 0.265 0, 其中与扬麦 15 构成组合的 *COP* 均值最低, 与扬麦 11 构成组合的 *COP* 均值最高。扬麦 11 为扬麦 158 回交育成品种, 与扬麦 158 遗传相似度高, 扬麦 15 的亲本之一扬 89-40 的亲本为扬麦 4 号(扬麦 158 的亲本之一), 根据 *COP* 的计算原则, 扬麦 15 构成组合的 *COP* 低于扬麦 11。

宁麦 8 号、苏麦 5 号、镇麦 5 号等 12 个品种组成第四类, 这些品种双亲为扬麦 158 和宁麦 9 号或与两品种存在亲缘关系的品种, 因而与本研究中的其他 41 个品种均存在亲缘关系, 这类品种间 *COP* 变幅为 0.182 7~0.377 3, 均值为 0.276 2, 以宁麦 19 最高, 苏麦 5 号最低。宁麦 19 父母本分别为扬麦 158 和宁麦 9 号, 而苏麦 5 号的父母本为西风(宁麦 9 号的亲本)和扬麦 4 号(扬麦 158 的亲本), 因此苏麦 5 号的 *COP* 低于宁麦 19。

2.3 育成品种的聚类分析

2.3.1 基于 *COP* 矩阵的品种聚类 以品种组合的

COP 矩阵对本研究品种进行聚类分析, 45 个品种可聚为 3 类(图 1)。第 I 类包含 14 个品种, 为宁麦 9 号衍生品种, 其又可分成 2 个亚类, 亚类一包含扬麦 21、宁麦 21、宁麦 14、宁麦 13、宁麦 18、扬麦 18 和宁麦 9 号, 均是宁麦 9 号系选或回交育成品种; 亚类二包含宁麦 20、扬辐麦 4 号、宁麦 16、苏麦 8 号、镇麦 5 号、扬麦 14 和宁麦 8 号, 都是以宁麦 9 号为亲本杂交育成的品种。第 II 类包含 7 个品种, 可分为 2 个亚类, 亚类一是由生抗 2 号、镇麦 3 号和宁麦 10 号组成, 与本研究其他 42 个品种的 *COP* 为 0; 亚类二包含华麦 6 号、扬糯麦 1 号、扬麦 15 和苏麦 5 号, 与其他品种虽然存在亲缘关系, 但 *COP* 小。第 III 类包含 24 个品种, 均为扬麦 158 衍生品种, 表明扬麦 158 衍生品种是目前江苏省淮南麦区的主体品种。第 III 类又可分为 2 个亚类, 亚类一包含镇麦 168、镇麦 9 号等父母本均与扬麦 158 存在亲缘关系的品种以及扬麦 10、扬麦 11 等以扬麦 158 为轮回亲本回交育成的品种; 亚类二是镇麦 6 号、扬富麦 101 等以扬麦 158 为亲本通过品种间杂交育成的品种。

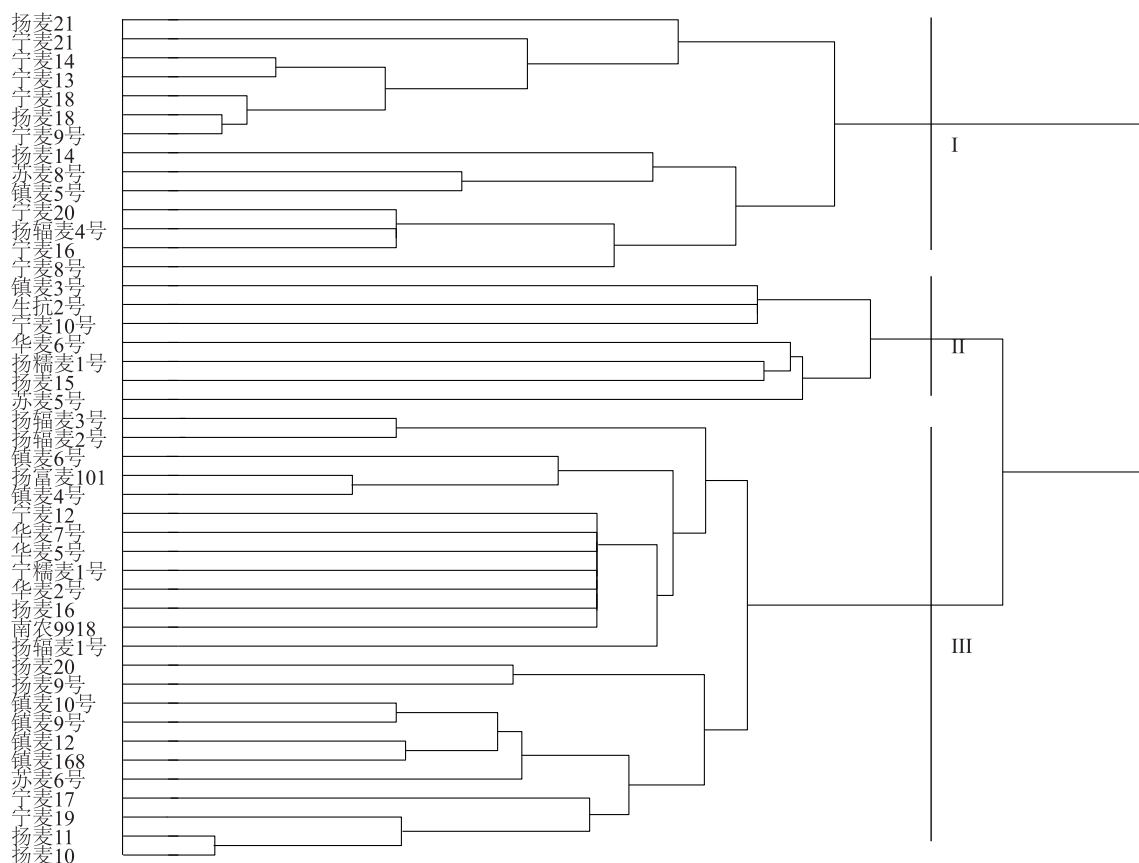


图 1 基于 *COP* 矩阵的品种聚类结果

Fig.1 Cultivars clustering based on *COP* matrix

2.3.2 扬麦 158、扬麦 5 号和宁麦 9 号对育成品种的遗传贡献 由图 1 和表 3 可以看出,类群 I 以宁麦 9 号、扬麦 158 和扬麦 5 号衍生品种为主,其中宁麦 9 号衍生品种数占类群 I 品种数的 78.57%,对类群 I 品种的遗传贡献率达 58.48%,宁麦 9 号在类群 I 品种的培育中起主要作用。类群 II 品种中只有扬糯麦 1 号和华麦 6 号 2 个品种为扬麦 5 号衍生品种,且遗传贡献率低,表明类群 II 品种与江苏省淮南麦区当前主要亲本的遗传相似性低。类群 III 中扬麦 158 和扬麦 5 号衍生品种分别占类群 III 品种的 87.50% 和 41.67%,扬麦 158 对类群 III 品种的遗传贡献率为 44.83%,远大于扬麦 5 号,因此扬麦 158 在类群 III 品种的培育中起主要作用。45 个育成品种

中,扬麦 158 衍生品种最多,遗传贡献率最大,扬麦 5 号衍生品种数多于宁麦 9 号,但遗传贡献率低于宁麦 9 号。本研究中扬麦 5 号衍生品种中只有宁麦 8 号、扬辐麦 1 号、苏麦 6 号和扬麦 9 号是直接以扬麦 5 号为亲本育成的,其余 12 个品种是以前衍生品种宁麦 8 号、扬麦 9 号和苏麦 6 号为亲本育成的,因此扬麦 5 号的遗传贡献率低,而宁麦 9 号衍生品种中宁麦 13、宁麦 14、扬麦 18、宁麦 18 和宁麦 21 是宁麦 9 号的系选或回交育成品种,因此宁麦 9 号虽然衍生品种数少,但遗传贡献率高。因此,扬麦 158、扬麦 5 号和宁麦 9 号在江苏淮南麦区当前育成品种起骨干亲本作用。

表 3 江苏淮南麦区当前育成品种的主要核心亲本对 3 组品种的遗传贡献

Table 3 The genetic contributions of core parents to three groups of wheat cultivars in Huainan region of Jiangsu Province

组别	扬麦 158		扬麦 5 号		宁麦 9 号		累计遗传贡献率 (%)
	衍生品种数	遗传贡献率 (%)	衍生品种数	遗传贡献率 (%)	衍生品种数	遗传贡献率 (%)	
类群 I	5	12.67	4	8.93	11	58.48	80.08
类群 II	0	0	2	7.14	0	0	7.14
类群 III	21	44.83	10	12.76	0	0	57.59
全部	26	27.85	16	10.69	11	18.19	56.74

2.3.3 不同类群品种的亲缘关系 从表 4 可以看出,宁麦 9 号和扬麦 158 衍生品种类群内品种 *COP* 均值分别为 0.454 3 和 0.315 6,两类群间的 *COP* 均值为 0.114 2,表明这 2 个品种衍生品种群内品种具有较高的遗传相似性,而类群间品种的亲缘关系相对较远。

表 4 不同类群品种内和品种间 *COP* 均值

Table 4 Average value of *COP* of cultivars within and between three groups

品种	宁麦 9 号 衍生品种	扬麦 158 衍生品种	其他品种
宁麦 9 号衍生品种	0.454 3	0.114 2	0.045 5
扬麦 158 衍生品种		0.315 6	0.075 5
其它品种			0.019 3

3 讨论

3.1 江苏省淮南麦区小麦品种的遗传多样性

1996–2015 年江苏省淮南麦区育成品种中

69.9% 的品种组合存在亲缘关系,高于河南省 2008 年 57 个生产推广品种的 47.04%^[15]。本研究 45 个品种间 *COP* 均值(0.187 5)远大于四川(0.080 0)^[12]、山东(0.062 5)^[14] 和河南(0.041 3)^[15],同时大于近年来河南、河北和山东区试参试品系的 *COP*^[20],2009–2014 年长江中下游麦区参试品系的 *COP* 也大于同期其他麦区的参试品系^[10]。这些研究结果都表明江苏淮南麦区当前品种的遗传多样性低于中国其他小麦主产区品种。

品种间杂交是常规育种的重要途径,选用相同生态区的大面积广适性品种作为亲本是各育种单位的主要选择。本研究中扬麦 158 和宁麦 9 号衍生品种分别为 26 和 11 个,分别占育成品种的 57.7% 和 24.4%,这是造成江苏省淮南麦区品种遗传多样性低的原因之一。少数优良种质大量使用造成育成品种遗传多样性下降的现象在中国河南^[20]、四川^[6]、山东^[14]、美国和加拿大硬红春以及美国硬红冬^[16-17] 品种中都有所表现。此外本研究中,宁麦 16、扬辐麦 4 号和宁麦 20 来自宁麦 8 号/宁麦 9 号组合,镇

麦 168、镇麦 9 号、镇麦 10 和镇麦 12 从苏麦 6 号/扬 99G56 组合中育成,这些同组合品种的遗传相似性高,降低了品种的遗传多样性,同组合品种也是造成美国东部软白麦品种遗传多样性下降的原因^[4]。另外本研究中还有 11.1% 和 15.6% 的品种分别是通过系统选择和回交育成的,系统选择和回交育种育成品种间的遗传相似性高于单交育成品种^[21],因此系统选择和回交育种方法的大量应用是造成品种间遗传多样性低的另一原因。

3.2 骨干亲本的形成

南大 2419 和阿夫是长江中下游麦区建国以来育成品种的骨干亲本^[19],以其为亲本育成的扬麦 1 号、扬麦 2 号、扬麦 3 号、扬麦 5 号和扬麦 158 是该麦区第 3、第 4 和第 5 次品种更替主体品种。本研究结果表明,当前江苏省淮南麦区育成品种中扬麦 158 衍生品种占 57.7%,而扬麦 158 衍生品种中扬麦 11、扬麦 16 和扬麦 20 已替代扬麦 158 成为该麦区的主体品种,促成该麦区的第 6 次品种更换。扬麦 158 和宁麦 9 号对江苏省淮南麦区当前育成品种的遗传贡献率分别为 27.85% 和 18.19%,都大于豫麦 2 号对河南省 57 个主栽品种的遗传贡献^[15],并超过了 Ciano67 和 Mentana 对巴西小麦品种的遗传贡献^[13],表明扬麦 158 和宁麦 9 号已成为继南大 2419 和阿夫之后该麦区小麦育种的骨干亲本。骨干亲本可衍生大面积推广品种,又能造就下一代骨干亲本^[22],这一现象在中国不同麦区均有存在,如黄淮冬麦区的矮孟牛^[14,23]、小偃 6 号^[24]和豫麦 2 号^[18]以及西南冬麦区的繁六^[6,12,25]等品种都是相应麦区新的骨干亲本,新骨干亲本的不断形成是中国各麦区小麦育种和生产不断发展的内在推动因素。

3.3 外来种质的利用

本研究直接用外来种质做亲本育成的品种占 22.2%,包括 CIMMYT、日本、澳大利亚种质,还包括中国黄淮冬麦区和西南冬麦区种质,此外还有以扬麦 6 号(含黄淮麦区种质早熟 5 号)和 92R137(含小麦-簇毛麦易位系 6VS/6AL)为亲本育成的品种,这些种质中只有西风(载体品种宁麦 9 号)、早熟 5 号(载体品种扬麦 6 号)和小麦-簇毛麦易位系 6VS/6AL(载体品系 92R137)得到较多利用,但育成的品种中只有宁麦 9 号以及宁麦 9 号衍生品种宁麦 13 和扬辐麦 4 号在生产上有较大面积种植,其他种质

对本研究育成品种的遗传贡献小,还未得到充分利用,因此把以上品种作为外源种质的载体品种通过杂交重组加快外来血缘向本麦区品种中渗入,可增加本麦区小麦品种的遗传多样性。

已有研究结果表明,宁麦 9 号与扬麦 158 在每穗粒数^[26]、千粒质量^[26]、小麦黄花叶病毒病抗性^[26-27]、小麦赤霉病抗性主效 QTL 位点^[28]、品质^[26,29]等多个性状上存在差异,本研究结果表明,宁麦 9 号与扬麦 158 作为亲本虽然衍生大量品种,但 2 个品种衍生品种间的亲缘关系较远,因此加强 2 个类群间品种杂交,进一步促进宁麦 9 号和扬麦 158 所携带的有利基因向江苏省淮南麦区小麦品种基因库渗入,对拓宽江苏淮南麦区小麦品种的遗传基础有重要意义。

参考文献:

- [1] BEER S C, SOUZA E, SORRELLS M E. Prediction of genotype performance from ancestral relationship in Oat [J]. Crop Sci, 1995, 35: 69-73.
- [2] 刘三才,郑殿升,曹永生,等.中国小麦选育品种与地方品种的遗传多样性[J].中国农业科学,2000,33(4):20-24.
- [3] 任欣欣,姚占军,岳艳丽,等.黄淮海麦区四省份小麦品种的农艺性状及遗传多样性分析[J].华北农学报,2010,25(1):94-98.
- [4] KIM H S, WARD R W. Genetic diversity in Eastern U.S. soft winter wheat (*Triticum aestivum* L. em. Thell.) based on RFLPs and coefficient of parentage [J]. Theor Appl Genet, 1997, 94: 472-479.
- [5] 庞瑞华,王玲,李小宁,等.信阳地区水稻资源的遗传多样性分析[J].江苏农业科学,2016,44(7):113-116.
- [6] 张志清,郑有良,魏育明,等.四川主栽小麦品种遗传多样性的 SSR 标记研究[J].麦类作物学报,2002,22(2):5-9.
- [7] 曹廷杰,谢菁忠,吴秋红,等.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[J].作物学报,2015,41(2):197-206.
- [8] 周丽霞,吴翼,肖勇.基于 SSR 分子标记的油棕遗传多样性分析[J].南方农业学报,2017,48(2):216-221.
- [9] 喻俊杰,金艳,张勇,等.江苏主栽小麦品种遗传多样性的 SSR 分析[J].麦类作物学报,2015,35(10):1372-1377.
- [10] 刘丽华,庞斌双,刘阳娜,等.2009-2014 年国家冬小麦区域试验品系的遗传多样性及群体结构分析[J].麦类作物学报,2016,36(2):165-171.
- [11] 肖政,苏家乐,刘晓青,等.杜鹃花种质资源遗传多样性的 SRAP 分析[J].江苏农业学报,2016,32(2):442-447.
- [12] 陈玉清,郑有良,周永红.应用亲缘系数分析四川小麦种质资源的遗传多样性[J].南京师范大学学报(自然科学版),2002,25(2):22-27.

- [13] BERED F, BARBOSA-NETO J F, CARVALHO F I F. Genetic variability in common wheat germplasm based on coefficient of parentage[J]. *Genetics and Molecular Biology*, 2002, 25(2): 211-215.
- [14] 王江春, 胡延吉, 余松烈, 等. 建国以来山东省小麦品种及其亲本的亲缘系数分析[J]. *中国农业科学*, 2006, 39(4): 664-672.
- [15] 徐晓丹, 冯 晶, 蔺瑞明, 等. 河南小麦主栽品种亲缘系数分析[J]. *麦类作物学报*, 2011, 31(4): 653-659.
- [16] COX T S, MURPHY J P, RODGERS D M. Changes in genetic diversity in the red winter wheat regions of the United States[J]. *Proc Natl Acad Sci*, 1986, 53: 5583-5586.
- [17] MERCADO L A, SOUZA E, KEPHART K D. Origin and diversity of North American hard spring wheat[J]. *Theor Appl Genet*, 1996, 93: 593-599.
- [18] 詹克慧, 高 翔, 范 平, 等. 河南审定小麦品种的骨干亲本分析[J]. *河南农业大学学报*, 2006, 40(1): 11-14.
- [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: 12.
- [20] 吕晓欢, 冯 晶, 蔺瑞明, 等. 2009–2010 年河南、河北、山东三省小麦区试品种(系)的亲缘系数分析[J]. *麦类作物学报*, 2013, 33(3): 455-460.
- [21] 姜 朋, 陈小霖, 张平平, 等. 宁麦 9 号对其衍生品种的遗传贡献[J]. *作物学报*, 2014, 40(5): 830-837.
- [22] 盖红梅, 王兰芬, 游光霞, 等. 基于 SSR 标记的小麦骨干亲本育种重要性研究[J]. *中国农业科学*, 2009, 42(5): 1503-1511.
- [23] 于海霞, 肖 静, 田纪春. 小麦骨干亲本矮孟牛及其衍生后代遗传解析[J]. *中国农业科学*, 2012, 45(2): 199-207.
- [24] 李 琼, 王长有, 刘新伦, 等. 小偃 6 号及其衍生品种(系)遗传多样性的 SSR 分析[J]. *麦类作物学报*, 2008, 28(6): 950-955.
- [25] 邓 梅, 何员江, 苟璐璐, 等. 小麦骨干亲本繁 6 产量相关性状关键基因组区段的遗传效应[J]. *作物学报*, 2018, 44(5): 706-715.
- [26] 姚金保, 马鸿翔, 张平平, 等. 小麦优良亲本宁麦 9 号的研究与利用[J]. *核农学报*, 2012, 26(1): 17-21.
- [27] ZHU X B, WANG H Y, GUO J, et al. Mapping and validation of quantitative trait loci associated with wheat yellow mosaic by movement resistance in bread wheat[J]. *Theor Appl Genet*, 2012, 124(1): 177-188.
- [28] 朱展望, 徐登安, 程顺和, 等. 中国小麦品种抗赤霉病基因 *Fhb1* 的鉴定与溯源[J]. *作物学报*, 2018, 44(4): 473-482.
- [29] 张 晓, 张伯桥, 江 伟, 等. 扬麦系列品种品质性状相关基因的分子检测[J]. *中国农业科学*, 2015, 48(19): 3779-3793.

(责任编辑: 陈海霞)