

网络出版时间:2016-11-04

网络出版地址: <http://www.cnki.net/kcms/detail/61.1359.S.20161104.0924.016.html>

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

张雪婷¹, 杨文雄¹, 曹东²

(1. 甘肃省农业科学院小麦研究所, 甘肃兰州 730070; 2. 中国科学院西北高原生物研究所, 青海西宁 810000)

摘要: 为挖掘甘肃省冬小麦种质资源潜力, 对 74 份 2003—2014 年甘肃省不同生态区域通过审定的冬小麦品种进行了农艺性状和 SSR 分子标记的遗传多样性分析。结果表明, 陇中地区除穗粒重外, 其他农艺性状的遗传多样性指数 H' 值均高于陇南和陇东地区。其中, 生育期天数、穗长、穗下节长、穗粒重的 H' 值在全部分区域中均最高, 均大于 2.0。经主成分分析, 前三个主成分(株高因子、产量因子、生育期天数因子)对变异的贡献率达 86.303%; 陇中地区的品种与陇东、陇南地区在基因库上存在一定差异。利用 42 对 SSR 引物对参试品种的多态性进行检测, 结果显示, 每对引物检测到等位变异 1~17 个, 平均等位变异 7 个, 全部引物共检测到 298 个等位变异。经聚类分析, 参试品种间遗传相似系数(GS)的变异范围为 0.486~0.781, 平均值为 0.605。全部参试品种可分为 3 个大类, 7 个亚类。

关键词: 甘肃; 冬小麦; 育成品种; 农艺性状; 遗传多样性指数

中图分类号: S512.1; S330

文献标识码: A

文章编号: 1009-1041(2016)11-1464-10

Regional Performance and Genetic Diversity Analysis on Released Winter Wheat Varieties in Gansu Province

ZHANG Xueting¹, YANG Wenxiong¹, CAO Dong²

(1. Institute of Wheat Sciences, Gansu Academy of Agricultural, Lanzhou, Gansu 730070, China; 2. Northwest Institute of Plateau Biology, Chinese Academy of Sciences, Xining, Qinghai 810000, China)

Abstract: This article analyzed agronomic character's genetic diversity and SSR polymorphism of 74 registered winter wheat varieties in Gansu province from 2003—2014, which located in different Gansu areas. The agronomic character's results show that nine genetic diversity indices (H') of central Gansu area were higher than those of other areas, except spike grain weight. The H' indices of growth days, spike length, peduncle length and spike grain weight in each area was more than 2.0. Meanwhile, principle component analysis of agronomic characters indicated three principal components made 86.303% contribution to variation, which offered by height, yield, and duration. However, the gene bank of winter varieties in central Gansu area was different from that of varieties in Southern and Eastern areas. Furthermore, 42 pairs of primers were designed in genetic diversity by SSR markers. The result shows that each pair of SSR primer could be detected one to 17 alleles with an average of seven. A total of 298 alleles had been identified in all varieties. The value of genetic similarity (GS) varied from 0.486 to 0.781 with an average of 0.605. Based on GS, all the varieties had been divided into three categories and seven subclasses by clustering analysis.

Key words: Gansu; Winter wheat; Registered varieties; Agronomic traits; Genetic diversity

收稿日期: 2016-04-27

修回日期: 2016-06-28

基金项目: 甘肃省农业科学院创新团队项目(2014GAAS06)

第一作者 E-mail: zhxueting0225@163.com

通讯作者: 杨文雄(E-mail: yang.w.x@263.net)

优质的种质资源是培育高产稳产、品质优良、抗虫抗病小麦品种的重要基因来源。甘肃省地域辽阔,各地降水量不均,河西沙漠地区与陇南潮湿地区的年降水跨度达到 720 mm,且全境降雨时期主要集中在 7—9 月^[1-2]。这使得甘肃省既有温暖潮湿的陇南地区、气候温和的陇东地区,也有半干旱的陇中地区,更有灌溉发达的河西平原。自然气候的多样性丰富了冬、春小麦品种的遗传背景。对于自然条件复杂、农业基础设施落后的甘肃省,小麦供需虽大体平衡,但人均拥有量仅接近全国平均水平^[1-2]。小麦优良品种的选育与推广对甘肃省粮食生产及社会稳定依然具有重要意义。

了解和掌握种质资源多样性水平,对于资源发掘、种质创新具有重要作用。我国大多数省份都对其冬小麦育成或地方品种的遗传多样性进行了分析^[3-8],而有关甘肃省冬小麦在农艺性状或分子标记水平上的多样性程度却少有报道。截止 2014 年,甘肃省小麦种植面积达到 79 万 hm^2 ,其中半数以上为冬小麦。另据相关资料,21 世纪前 10 年河西走廊地区的民勤、武威、古浪等地区的冬季最低气温较 20 世纪 60 年代分别上升 3.3、2.7 和 3.3 $^{\circ}\text{C}$ ^[9]。随着河西走廊地区冬季气温的升高,原本种植春小麦的地区也渐渐适宜冬小麦生长。所以,甘肃省自然气候的复杂性塑造了遗传各异的冬小麦品种。为充分了解近些年(2003—2014 年)甘肃省冬小麦育成品种的遗传背景,为甘肃省冬小麦育种提供指导,有必要对其遗传多样性进行研究。本研究拟从农艺性状及分子水平分析近些年甘肃省审定、且在不同地域种植的冬小麦品种农艺性状及 SSR 多态性差异,并对这些品种农艺性状进行主成分分析及 SSR 分子标记的亲缘关系聚类分析,以期为该地区冬小麦新品种的选育提供理论参考。

1 材料与方法

1.1 供试材料

搜集甘肃省陇东、陇南、陇中地区冬小麦育种单位(如甘肃省农业科学院、天水市农科院、陇东学院等)在 2003—2014 年选育并通过全省审定的冬小麦品种,共计 74 份(表 1)。

1.2 试验方法

1.2.1 田间试验设计

于 2015 年 9 月在甘肃省农科院榆中育种试

验站,对来自全省不同区域(陇东、陇南、陇中)冬小麦品种进行播种。试验站海拔高度 1 570 m,全年降雨量 360 mm,蒸发量 1 440 mm,年平均气温 6.8 $^{\circ}\text{C}$,无霜期 120 d。每个品种种植 3 行,行长 2 m,行距 20 cm,每行播种 50 粒。试验区周围设 60 cm 保护行。播前施农家肥 22.5 $\text{t} \cdot \text{hm}^{-2}$ 、尿素 180 $\text{kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ 和磷酸二铵 360 $\text{kg} \cdot \text{hm}^{-2}$ 。按常规方法进行大田管理。

1.2.2 农艺性状考察

每个品种抽取 20 个单株,对全生育期天数、株高、穗下节长、穗长、每穗有效小穗数、穗粒数、穗粒重、千粒重及每穗不孕小穗数进行调查。待品种成熟后收获计产。考察标准参见金善宝^[10]的方法。

1.2.3 DNA 提取

取新鲜的小麦嫩叶 5 g,添加液氮快速研磨,用 CTAB 法提取基因组 DNA^[11]。

1.2.4 SSR 引物的筛选、PCR 扩增及产物检测

选取位于小麦微卫星图谱^[12-13]中 42 条染色体臂上、扩增条带清晰且多态性较好的 42 对引物(由上海生工有限公司合成)用于 SSR 检测(表 2)。PCR 总反应体系 10 μL ,包含 30 $\text{mg} \cdot \text{L}^{-1}$ DNA 模板 1.8 μL 、10 $\text{mmol} \cdot \text{L}^{-1}$ dNTPs 0.26 μL 、10 \times 缓冲液(含 MgCl_2 20 $\text{mmol} \cdot \text{L}^{-1}$) 1.3 μL 、2 U $\cdot \mu\text{L}^{-1}$ Taq 酶 0.13 μL 、20 $\text{ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$ SSR 引物 1.2 μL 、ddH₂O 5.31 μL 。PCR 扩增程序:94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 4 min;94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 50 s,55~60 $^{\circ}\text{C}$ 退火 50 s,72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 50 s,35 个循环;72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 10 min。扩增产物用 8% 聚丙烯酰胺凝胶电泳分离,硝酸银银染后记录各品种的条带数目。

1.2.5 数据分析

分别计算各区域(陇东、陇南、陇中)种植的冬小麦品种农艺性状(全生育期天数、株高、穗下节长、穗长、小穗数、穗粒数、穗粒重、千粒重、不孕小穗数)的平均数(X_a)和标准差(s)。并根据以上结果,将各农艺性状分为 10 级。第 1 级 [$X_i < (X_a - 2s)$] 到第 10 级 [$X_i > (X_a + 2s)$],每 0.5 s 定为 1 级。农艺性状的遗传多样性指数 (H') = $-\sum P_i \times \ln P_i$,式中 P_i 为某性状第 i 级别内品种出现的频率^[14-15]。借助 SPSS 20.0 软件对参试品种的农艺性状进行主成分分析。SSR 多态性检测的聚类分析中,电泳条带出现时记为 1,不出现时记为 0。品种间相似系数(GS): $GS = 2N_{ij} / (N_i + N_j)$,其中 N_i 为第 i 个品种呈现的条带数,

N_j 为第 j 个品种呈现的条带数, N_{ij} 为两品种共有的条带数^[16]。对 GS 值按非加权组平均法 (UPGMA) 进行遗传相似性聚类分析^[17-18]。

2 结果与分析

2.1 不同区域冬小麦品种的农艺性状表现

甘肃省三个区域间冬小麦平均生育期天数及平均产量均差异显著(表 3)。其中, 平均生育期天数表现为陇东 > 陇中 > 陇南; 平均产量表现为陇南 > 陇中 > 陇东, 且陇南的平均产量较陇东地区高出 2 704.20 kg · hm⁻²。在三个区域中, 陇东地区的平均株高和平均穗下节长最大(分别为 104.86 和 41.99 cm), 其极差也最大(分别为

43.00 和 20.10 cm)。陇中地区的平均穗长最长(9.45 cm), 平均每穗小穗数最多(19.56 个), 均显著高于陇东地区。陇南地区的平均穗粒重和千粒重均最高(分别为 1.57 和 41.47 g)。而平均穗粒数在三个区域中皆高于 35.00 粒, 且彼此间无显著差异。每穗不孕小穗数在三个区域间均无显著差异, 但陇南地区的极差最小, 为 2.80。

2.2 不同区域冬小麦品种农艺水平上的遗传多样性

总体而言, 甘肃省不同区域小麦穗粒重和每穗不孕小穗数的变异系数差别较大, 而株高和每穗小穗数的变异系数最为接近。陇中地区的穗长、穗下节长、每穗小穗数、穗粒重、每穗不孕小穗

表 1 2003—2014 年 74 份通过甘肃省审定的冬小麦品种

Table 1 74 winter wheat varieties released in Gansu province from 2003 to 2014

编号 Code	审定名称 Name	审定年份 Released year	编号 Code	审定名称 Name	审定年份 Released year	编号 Code	审定名称 Name	审定年份 Released year
1	中梁 23 号 Zhongliang 23	2003	26	武都 16 号 Wudu 16	2007	51	兰天 27 号 Lantian 27	2010
2	平凉 42 号 Pingliang 42	2004	27	陇鉴 9821 Longjian 9821	2007	52	陇鉴 101 Longjian 101	2011
3	静麦 1 号 Jingmai 1	2004	28	陇鉴 301 Longjian 301	2008	53	静麦 3 号 Jingmai 3	2011
4	中梁 24 号 Zhongliang 24	2004	29	中梁 27 号 Zhongliang 27	2008	54	中梁 31 号 Zhongliang 31	2011
5	兰天 15 号 Lantian 15	2004	30	天选 43 号 Tianxuan 43	2008	55	天选 48 号 Tianxuan 48	2011
6	环冬 3 号 Huandong 3	2004	31	中天 1 号 Zhongtian 1	2008	56	天选 49 号 Tianxuan 49	2011
7	灵台 2 号 Lingtai 2	2004	32	陇育 1 号 Longyu 1	2008	57	陇育 4 号 Longyu 4	2011
8	中植 1 号 Zhongzhi 1	2004	33	陇鉴 9811 Longjian 9811	2009	58	灵台 3 号 Lingtai 3	2011
9	临农 826 Linnong 826	2004	34	陇鉴 386 Longjian 386	2009	59	兰天 28 号 Lantian 28	2011
10	临农 7230 Linnong 7230	2004	35	中梁 29 号 Zhongliang 29	2009	60	天选 50 号 Tianxuan 50	2012
11	陇鉴 9343 Longjian 9343	2005	36	天选 45 号 Tianxuan 45	2009	61	天选 51 号 Tianxuan 51	2012
12	兰天 17 号 Lantian 17	2005	37	兰天 24 号 Tianxuan 24	2009	62	兰天 29 号 Lantian 29	2012
13	西峰 27 号 Xifeng 27	2005	38	兰天 25 号 Tianxuan 25	2009	63	陇育 5 号 Longyu 5	2012
14	西峰 28 号 Xifeng 28	2005	39	陇育 2 号 Longyu 2	2009	64	泾麦 1 号 Jingmai 1	2012
15	平凉 43 号 Pingliang 43	2007	40	中植 2 号 Zhongzhi 2	2009	65	张冬 30 号 Zhangdong 30	2012
16	平凉 44 号 Pingliang 44	2007	41	平凉 45 号 Pingliang 45	2010	66	兰航选 01 Lanhangxuan 01	2012
17	静麦 2 号 Jingmai 2	2007	42	中梁 30 号 Zhongliang 30	2010	67	陇鉴 103 Longjian 103	2013
18	中梁 25 号 Zhongliang 25	2007	43	天选 46 号 Tianxuan 46	2010	68	兰天 30 号 Lantian 30	2013
19	中梁 26 号 Zhongliang 26	2007	44	天选 47 号 Tianxuan 47	2010	69	兰天 31 号 Lantian 31	2013
20	兰天 18 号 Lantian 18	2007	45	兰天 26 号 Lantian 26	2010	70	武都 17 号 Wudu 17	2013
21	兰天 19 号 Lantian 19	2007	46	陇育 3 号 Longyu 3	2010	71	天选 52 号 Tianxuan 52	2014
22	兰天 20 号 Lantian 20	2007	47	环冬 4 号 Huandong 4	2010	72	陇育 6 号 Longyu 6	2014
23	兰天 21 号 Lantian 21	2007	48	宁麦 9 号 Ningmai 9	2010	73	中植 3 号 Zhongzhi 3	2014
24	兰天 22 号 Lantian 22	2007	49	中植 4 号 Zhongzhi 4	2010	74	兰天 32 号 Lantian 32	2014
25	兰天 23 号 Lantian 23	2007	50	临农 9555 Linnong 9555	2010			

表 2 42 对 SSR 引物的名称、染色体位点、退火温度及等位变异数

Table 2 Names, chromosome loci, annealing temperature, and allele number of 42 SSR primers

引物名称 及其位点 Name and loci	正向引物(5'-3') Forward primer(5'-3')	反向引物(5'-3') Reverse primer(5'-3')	退火温度 $T_m/^\circ\text{C}$	等位变异数 Allele number
Wmc24-1AS	GTGAGCAATTTTGATTATACTG	TACCCTGATGCTGTAATATGTG	60	8
Xgwm136-1AL	GACAGCACCTTGCCCTTTG	CATCGGCAACATGCTCATC	60	8
Xgwm636-2AS	CGGTAGTTTTTAGCAAAGAG	CCTTACAGTTCTTGGCAGAA	60	10
Xgwm10-2AL	CGCACCATCTGTATCATTCTG	TGGTCGTACCAAAGTATACGG	55	6
Xgwm369-3AS	CTGCAGGCCATGATGATG	ACCGTGGGTGTTGTGAGC	57	6
Xgwm480-3AL	TGCTGCTACTGTACAGAGGAC	CCGAATTGTCCGCCATAG	60	8
Xgwm4-4AS	GCTGATGCATATAATGCTGT	CACTGTCTGTATCACTCTGCT	57	1
Wms637-4AL	AAAGAGGTCTGCCGCTAACA	TATACGGTTTTGTGAGGGGG	55	1
Xgwm415-5AS	GATCTCCCATGTCCGCC	CGACAGTCGTCACCTGCCTA	60	4
Wms186-5AL	GCAGAGCTGGTTCAAAAAG	CGCTCTAGCGAGAGCTATG	60	9
Xgwm334-6AS	AATTTCAAAAAGGAGAGAGA	AACATGTGTTTTTAGCTATC	60	13
Xgwm169-6AL	ACCACTGCAGAGAACACATACG	GTGCTCTGCTCTAAGTGTGGG	57	10
Xgwm471-7AS	CGGCCCTATCATGGCTG	GCTTGCAAGTTCCATTTTGC	60	10
Xgwm 332-7AL	AGCCAGCAAGTCACCAAAAC	AGTGCTGGAAGAGTAGTGAAGC	60	12
Wms550-1BS	CCCACAAGAACCTTTGAAGA	CATTGTGTGTGCAAGGCAC	60	4
Xgwm124-1BL	GCCATGGCTATCACCCAG	ACTGTTCCGGTGCAATTTGAG	60	8
Xgwm148-2BS	GTGAGGCAGCAAGAGAGAAA	CAAAGCTTGACTCAGACCAAA	60	5
Xgwm501-2BL	GGCTATCTCTGGCGCTAAAA	TCCACAAAACAAGTAGCGCC	55	5
Xgwm264-3BS	GAGAAACATGCCAACAACA	GCATGCATGAGAATAGGAACTG	60	4
Xgwm566-3BL	TCTGTCTACCCATGGGATTTG	CTGGCTTCGAGGTAAGCAAC	60	6
Wmc413-4BS	CACTGGAAACATCTCTTCAACT	ACAGGAAAGGATGATGTTCTCT	57	4
Xgwm538-4BL	GCATTTCCGGGTGAACCC	GTTGCATGTATACGTTAAGCGG	60	8
Xgwm159-5BS	GGGCCAACACTGGAACAC	GCAGAAGCTTGTTGGTAGGC	55	7
Xgwm499-5BL	ACTTGTATGCTCCATTGATTGG	GGGGAGTGGAACACTGCATAA	60	17
Xgwm508-6BS	GTTATAGTAGCATATAATGGCC	GTGCTGCCATGATATTT	60	3
Xgwm219-6BL	GATGAGCGACACCTAGCCTC	GGGGTCCGAGTCCACAAC	60	11
Wms46-7BS	GCACGTGAATGGATTGGAC	TGACCCAATAGTGGTGGTCA	57	5
Xgwm333-7BL	GCCCGGTGCATGTAAAACG	TTTCAGTTTTCGTTAAGCTTTG	60	6
Wms106-1DS	CTGTTCTTGCGTGGCATTAA	AATAAGGACACAATTGGGATGG	60	10
Wms458-1DL	AATGGCAATTGGAAGACATAGC	TTCGCAATGTTGATTTGGC	55	5
Xgwm261-2DS	CTCCCTGTACGCCTAAGGC	CTCGCGCTACTAGCCATTG	60	8
Xgwm157-2DL	GTCGTCGCGTAAGCTTG	GAGTGAACACACGAGGCTTG	60	2
Xgwm161-3DS	GATCGAGTGATGGCAGATGG	TGTGAATTACTTGGACGTGG	60	5
Wms52-3DL	CTATGAGGCGGAGGTTGAAG	TGCGGTGCTCTTCCATTT	60	4
Xgwm608-4DS	ACATTGTGTGTGCGGCC	GATCCCTCTCCGCTAGAAGC	60	4
Xgwm194-4DL	GATCTGCTCTACTCTCTCC	CGACGCAGAACTTAAACAAG	57	1
Xgwm190-5DS	GTGCTTGCTGAGCTATGAGTC	GTGCCACGTGGTACCTTTG	60	8
Xgwm174-5DL	GGGTTCTATCTGGTAAATCCC	GACACACATGTTCTGCCAC	60	14
Barc196-6DS	GGTGGGTTTTATCGAATAGATTTGCT	GCGTTTCGTCAAGATTAATGCAGGTTT	58	7
Xgdm98-6DL	CCATCCATGAAATGGCG	GCCCTTCACTAGCCTTCATG	55	6
Xgwm295-7DS	GTGAAGCAGACCCACAACAC	GACGGCTGCGACGTAGAG	60	8
Xgwm437-7DL	GATCAAGACTTTTGATCTCTC	GATGTCCAACAGTTAGCTTA	60	15

表 3 2003—2014 年甘肃省审定的冬小麦品种在不同区域的农艺性状表现

Table 3 Agronomic characters of released winter wheat varieties from different areas in Gansu province

性状 Character	区域 Area	材料份数 Accession	平均值±标准差 Average ± SD	最大值 Max.	最小值 Min.	极差 Range
生育期天数 Growth duration/d	陇东 Eastern Gansu	24	278.00±6.00 a	292.00	270.00	22.00
	陇南 Southern Gansu	20	252.00±18.00 c	284.00	199.00	85.00
	陇中 Central Gansu	30	261.00±12.00 b	285.00	235.00	50.00
株高 Plant height/cm	陇东 Eastern Gansu	24	104.86±9.21 a	115.00	87.00	28.00
	陇南 Southern Gansu	20	96.16±10.46 b	117.00	77.00	40.00
	陇中 Central Gansu	30	101.79±10.26 ab	124.00	81.00	43.00
穗下节长 Peduncle length/cm	陇东 Eastern Gansu	24	41.99±4.41 a	47.20	32.40	14.80
	陇南 Southern Gansu	20	35.87±4.48 b	45.80	30.11	15.69
	陇中 Central Gansu	30	37.68±5.73 b	47.50	27.40	20.10
穗长 Spike length/cm	陇东 Eastern Gansu	24	8.09±0.90 b	9.95	6.00	3.95
	陇南 Southern Gansu	20	8.46±0.71 b	9.70	7.10	2.60
	陇中 Central Gansu	30	9.45±1.08 a	12.35	7.60	4.75
每穗小穗数 Spikelets per spike	陇东 Eastern Gansu	24	17.92±1.06 b	20.80	16.10	4.70
	陇南 Southern Gansu	20	18.77±1.37 ab	20.60	14.50	6.10
	陇中 Central Gansu	30	19.56±1.56 a	21.80	16.50	5.30
穗粒数 Grains per spike	陇东 Eastern Gansu	24	35.42±6.34 a	43.00	22.00	21.00
	陇南 Southern Gansu	20	38.89±5.38 a	54.70	33.60	21.10
	陇中 Central Gansu	30	38.23±5.91 a	48.44	27.30	21.14
穗粒重 Spike grain weight/g	陇东 Eastern Gansu	24	1.34±0.31 a	1.87	0.50	1.37
	陇南 Southern Gansu	20	1.57±0.21 a	1.92	1.07	0.85
	陇中 Central Gansu	30	1.56±0.38 a	2.43	0.90	1.53
千粒重 1 000-grain weight/g	陇东 Eastern Gansu	24	35.80±4.40 b	46.29	28.23	18.06
	陇南 Southern Gansu	20	41.47±2.99 a	47.72	37.13	10.59
	陇中 Central Gansu	30	39.70±4.63 a	49.36	31.87	17.49
每穗不孕小穗数 Sterile spikelets per spike	陇东 Eastern Gansu	24	2.67±0.70 a	4.78	1.33	3.45
	陇南 Southern Gansu	20	2.05±0.77 a	3.70	0.90	2.80
	陇中 Central Gansu	30	2.34±0.98 a	4.30	1.00	3.80
产量 Yield/(kg·hm ⁻²)	陇东 Eastern Gansu	24	3 665.70±466.95	4 351.80	2 623.50	1 728.30
	陇南 Southern Gansu	20	6 369.90±951.60	7 488.00	3 945.00	3 543.00
	陇中 Central Gansu	30	5 580.45±1 063.05	7 424.25	2 802.00	4 622.25

平均值后的字母不同表示地区间差异显著 ($P < 0.05$)。

Averages with different letters are significantly different among the areas at 0.05 level.

数、产量变异程度高于陇东与陇南地区,特别是穗粒重与产量的变异系数分别高达 24.27% 和 19.05%。所考察的农艺性状中,每穗不孕小穗数在三个区域变异程度最大,表现为陇中(41.71%) > 陇南(37.49%) > 陇东(26.20%)(图 1)。

在冬小麦 10 个农艺性状中,除每穗不孕小穗数外,陇中地区其余性状的 H' 值皆高于其他区域

(图 2),说明陇中地区多个农艺性状的遗传多样性较陇南、陇东丰富。其中生育期天数、穗长、穗下节长、穗粒重的 H' 值均大于 2.0。

2.3 冬小麦品种农艺性状的主成分分析

主成分分析表明,前 3 个主成分的累积贡献率为 86.303%(表 4),达到了累计贡献率 $\geq 85\%$ 的标准^[19-20],可解释绝大部分信息。

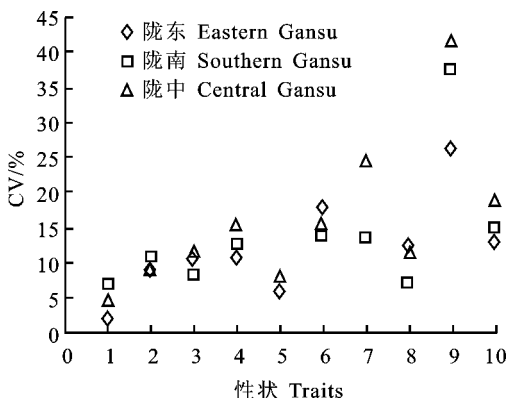


图 1 2003—2014 年甘肃省审定的冬小麦品种在不同种植区域主要农艺性状的变异系数 (CV)

1~10 in horizontal axis refer to growth days, plant height, peduncle length, spike length, spikelets per spike, grains per spike, 1 000-grain weight, sterile spikelets per spike and yield. The same as in fig. 2.

Fig. 1 Variation coefficients (CV) of agronomic characters of winter wheat varieties in different areas released in Gansu province

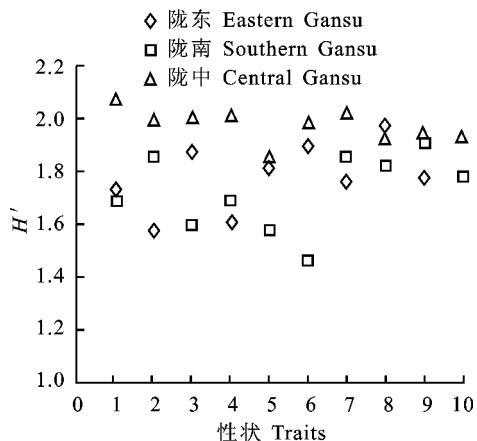


图 2 2003—2014 年甘肃省审定的冬小麦品种在不同种植区域主要农艺性状的遗传多样性指数 (H')

Fig. 2 Genetic diversity index (H') of agronomic characters of winter wheat varieties in different areas released in Gansu province

第一主成分特征值为 3.516, 贡献率为 37.987, 以株高、穗下节长两个性状分量的载荷值最大。因这两个性状都与株高有关, 故把第一主成分称为株高因子。而与之相对应的每穗小穗数、穗粒数和穗粒重 3 个产量性状的特征向量载

荷值为负, 且绝对值远远小于株高、穗下节长, 说明株高与产量存在一定程度的负相关。因此, 在实际生产中株高不易偏高, 否则对提高产量不利。故第一主成分偏低较好。

第二主成分特征值为 2.079, 贡献率为 28.410%, 以穗粒数、穗粒重两个性状分量的载荷值最大。因这两个性状与产量构成有关, 故称第二主成分为产量因子。而与之相对应的生育期天数、株高、穗下节长、每穗不孕小穗数的特征向量载荷值为负值, 在一定程度上与产量因子呈负相关。所以在追求高产的同时, 应选育成熟期与株高适中、每穗不孕小穗数少的材料。为追求产量的总体提升, 第二主成分越大越好。

第三主成分特征值为 1.328, 贡献率为 19.906%, 生育期天数分量载荷值虽为负值, 但绝对值最大, 故把第三主成分称为生育期因子。除此之外的其他农艺性状, 特别是每穗小穗数、穗粒数、穗粒重的载荷值较大。由此说明, 生育期天数与产量存在一定程度的负相关。所以, 适当缩短生育期对提升产量有利。这可能是由于甘肃省绝大多数冬小麦品种的生长环境较为干旱, 植株群体需要迅速地从营养生长过渡到生殖生长, 并尽可能在干旱环境中繁殖更多后代。但生育期天数也不宜过短, 否则各时期生长发育不充分 (尤其是孕穗期与灌浆期), 降低了产量。故第三主成分适中较好。

根据以上各主成分的选择标准, 在今后甘肃省冬小麦育种工作中, 应筛选株高低、穗粒数、穗粒重高以及生育期适中的材料。

利用多个农艺性状降维后得到的前三个主成分, 对适宜种植在不同区域的冬小麦品种绘制三维主成分图。图 3 显示, 甘肃省近年来审定的冬小麦品种分化成陇东和陇南两个富集区; 这两个富集区存在一定程度的相互渗透, 反映出这两个地区品种的农艺性状较为相似、品种间的基因库较为相近的特点。相反, 适于陇中种植的品种, 虽与陇东、陇南富集区少有渗透, 但其绝大部分散落在主成分三维分布图的边缘, 说明陇中地区的品种与陇东、陇南地区在基因库上存在一定差异。此外, 从图 3 中各品种分布的密集程度来看, 这些品种的农艺性状遗传多样性并不大。所以, 在今后的冬小麦育种工作中, 若想寻求某个农艺性状的突破, 特别是产量上的突破, 必须扩大骨干亲本的范围。

表 4 2003—2014 年甘肃省审定冬小麦品种 10 个主要农艺性状的主成分分析

Table 4 Principal component analysis of ten agronomic characters of released wheat varieties in Gansu province

参数 Parameter	性状 Character	第一主成分 Prin 1	第二主成分 Prin 2	第三主成分 Prin 3
特征值 Eigvector		3.516	2.079	1.328
贡献率 Contribution/%		37.987	28.410	19.906
累计贡献率 Cumulative contribution/%		37.987	66.397	86.303
特征向量 Characteristic vector	生育期天数 Growth duration	0.518	-0.207	-0.624
	株高 Plant height	0.878	-0.176	0.094
	穗长 Spike length	0.168	0.195	0.073
	穗下节长 Peduncle length	0.924	-0.120	0.066
	每穗小穗数 Spikelets per spike	-0.050	0.033	0.304
	穗粒数 Grains per panicle	-0.085	0.839	0.226
	穗粒重 Grain weight per spike	-0.296	0.799	0.145
	千粒重 1 000-grain weight	-0.072	0.109	0.088
	每穗不孕小穗数 Sterile spikelets per spike	0.131	-0.838	0.024
	产量 Yield	-0.403	0.065	0.032

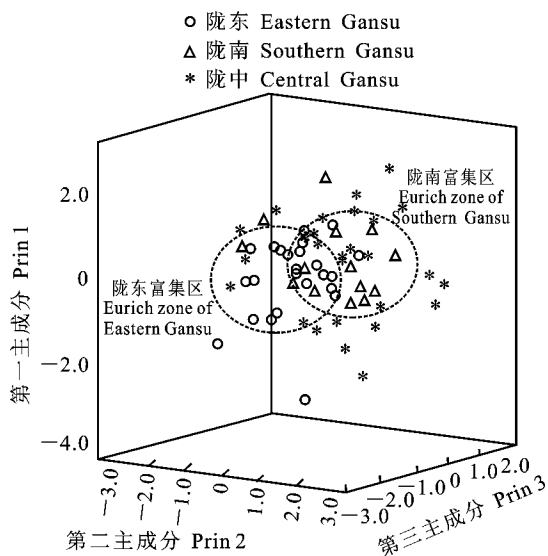


图 3 基于农艺性状主成分分析的三维散点图

Fig. 3 Scatter diagram by principal component analysis based on agronomic characters

2.4 SSR 分子标记鉴定结果

2.4.1 分子标记的多态性

为进一步揭示近年来甘肃省育成冬小麦品种的遗传多样性,选用 42 对 SSR 引物对全部参试品种进行 SSR 标记多态性分析。结果(表 2)表明,有 39 对引物扩增为多态,3 对引物(Xgwm4、Wms637、Xgwm194)扩增为单态,每对引物检测到等位变异 1~17 个,平均等位变异为 7 个。全部引物共检测到 298 个等位变异。Xgwm499、Xgwm437、Xgwm174 位点标记的多态性较为丰富,等位变异分别为 17、15、14 个。

2.4.2 SSR 标记揭示的品种间遗传相似系数

根据 42 对 SSR 引物标记下各品种条带的有无,得到品种间 SSR 遗传相似系数(GS)的变化范围为 0.486~0.781,GS 平均值为 0.605。全部品种中,陇鉴 386 与中梁 30 号的 GS 值最低,为 0.486;而陇鉴 101 与天选 48 号的 GS 值最高,为 0.781。

2.4.3 品种间的聚类分析

利用 SSR 标记,按 UPGMA 法^[21-22]对参试品种进行聚类,74 份冬小麦品种可分为 3 个大类(GS=0.519),7 个亚类(GS=0.531)。第 I 类群含 17 个品种,分为 2 个亚类(图 4)。第 1 亚类有 8 个品种,大部分来自陇东地区,其中平凉 42、平凉 43 号亲缘关系较为密切,查阅系谱发现两者拥有共同的母本长武 131。第 2 亚类有 9 个品种,其中兰天 17、兰天 20、兰天 24 号的母本均含 Yr26 抗锈基因,故三者 in 聚类图中归为一小组;而天选 47、天选 49 号具有相同的父本中梁 22 号。第 II 类群仅有陇中地区的临农 7230 一个品种。该品种来自甘肃省高寒阴湿区的临夏(地理位置划归为陇中地区),其母本为临夏农科所自育品系 919-18/15,父本为利用率较低的锦阳 87-31,特异的生态环境与较少利用的亲本使其有别于其他品种,单独成类。第 III 类群含 56 个品种,占全部参试品种的 76%。该类群又可分为 4 个亚类。第 1 个亚类含 6 个品种,其中兰天 15、兰天 19、兰天 27、兰天 31 号的亲缘关系较为密切,查阅系谱发现其亲本均以兰天 10 号为父本。第 2 个亚类含 9 个品种,以来自陇南及陇东地区的

品种居多。第 3 个亚类含 21 个品种,除兰天 21 号适宜生长在陇南地区外,陇中地区的品种数量是陇东地区的一倍。其中,陇鉴 9811、陇鉴 9821、中梁 25 号、中梁 31 号含有共同的亲本洮 157。

图 4 显示,这 4 个品种聚为更近的一组。第 4 个亚类含 20 个品种,来自甘肃省各个冬小麦种植区,这可能由于某些区域的环境类似,使这些品种具有了相似的标记位点。

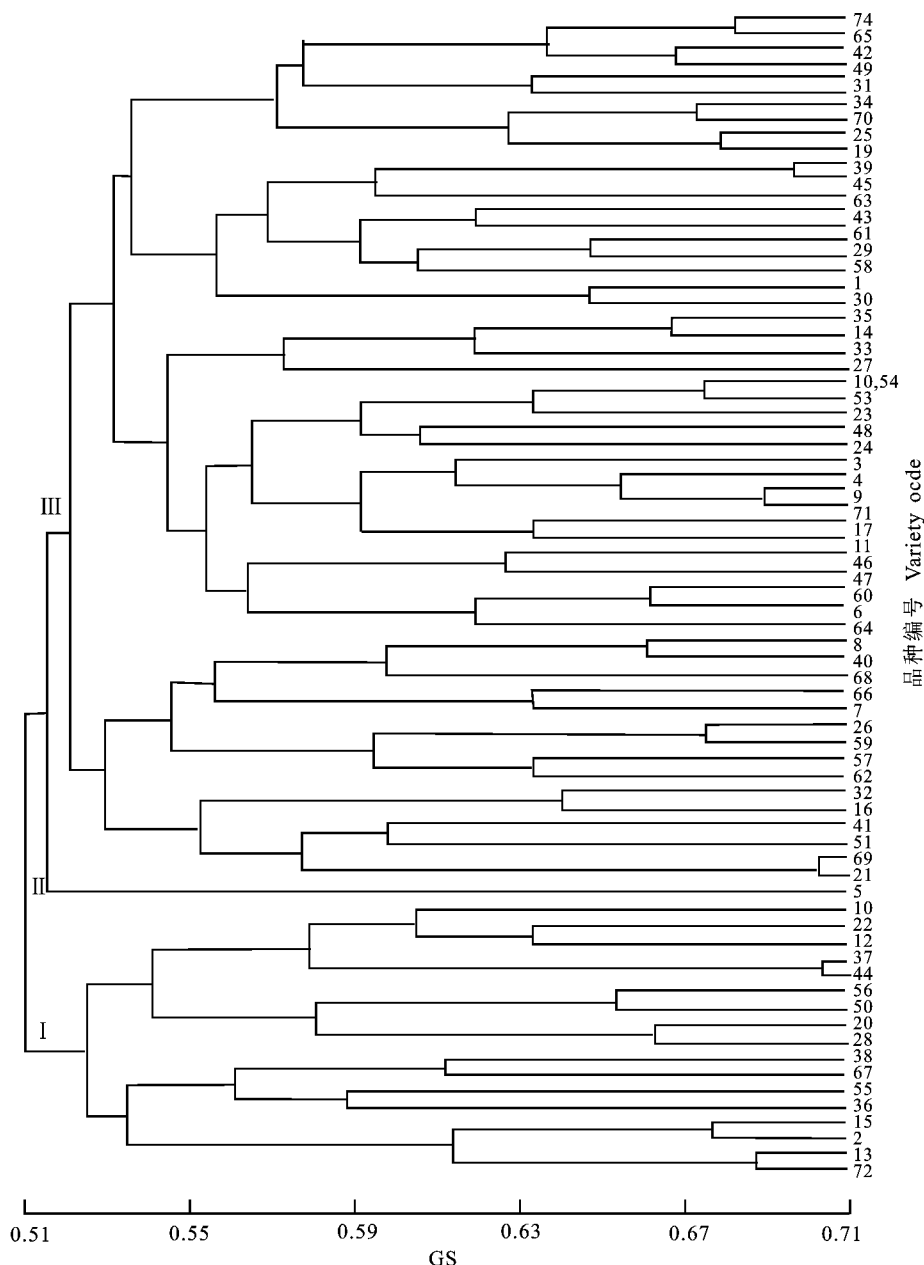


图 4 基于 SSR 标记遗传相似系数(GS)的聚类分析

Fig. 4 Cluster analysis of genetic similarity(GS) based on SSR markers

3 讨论

3.1 农艺水平的遗传多样性状况

育种工作的基础是拥有大批遗传特性各异的种质资源,对种质资源的搜集、挖掘、分类、保护、利用及创新具有重要的生物学和生态学意义。小麦种植面积占我国粮食作物总面积的 22%。为

更好地挖掘小麦种质资源,我国大部分小麦种植省份都对该地区的主栽品种或常年在育种实践中应用的地方品种进行了遗传多样性研究。陕西省曾对 1 225 份入国家库的小麦地方品种的株高、穗粒数、千粒重进行了分析,这些性状遗传多样性指数(H')较高,分别为 2.063、1.939、2.019^[5]。青海省进入 21 世纪小麦品种的表型变异程度更

为丰富,其农艺性状 H' 值是 20 世纪 70 年代的 1.41 倍^[8]。而新疆冬春小麦生态区中,春小麦农艺性状 H' 值仅为 0.9,反映出该地区春小麦农艺性状变异较小,品种基因型较为单一^[23]。甘肃省生态环境复杂,陇南地区温暖潮湿,陇东及陇中地区干旱少雨,而河西绿洲灌区农业离不开较高灌水量的维系,故多变的气候因素形成了表型变异丰富的小麦品种。本研究发现,2003—2014 年甘肃省冬小麦种植区域中,陇中地区的农艺性状变异系数及遗传多样性指数皆最高,其平均值分别为 15.84%、1.937。由此反映出陇中地区冬小麦的遗传背景较陇南、陇东更为丰富。因此,可根据育种需要,在这些多样性指数较高、性状变异较多的地区,筛选出类型差异较大的小麦种质材料。

3.2 基于农艺性状的主成分分析

甘肃小麦平均产量不到 $3\ 000\ \text{kg} \cdot \text{hm}^{-2}$,远低于全国小麦主产区平均水平,全省各地区皆以追求高产为首要目的^[1-2]。品种的众多性状间存在正向或负向的互作关系,其协调发展是提高产量及品质的最佳途径。但在种质资源的筛选过程中,常常由于群体大、性状多,评选难度较大,主观偏差在所难免。所以本研究引入统计学方法,将试验中出现的众多农艺性状转化为少数且能提供原性状 85% 以上信息的几个独立因子,用以分析近些年甘肃省审定品种的农艺特性,从而数量化且更具科学性地建立筛选体系,避免人为误差。依据入选的三个主成分特征,在今后甘肃省冬小麦育种工作中,应选择穗粒数多、株高矮、千粒重及生育期适中的材料。比如,中梁 25 号的生育期适中,大穗,每穗小穗数及穗粒数多;陇鉴 9811 和武都 16 号的生育期和株高适中,穗下节长,每穗小穗数及穗粒数多,千粒重适中,不孕小穗数少,这几个品种需改良的性状相对较少,可加以利用。同时,本研究依据陇中地区的品种散落在主成分三维散点图的边缘,得出陇中地区的冬小麦品种与陇东、陇南地区在基因库上存在一定差异。这与 2.2 部分得出的陇中地区冬小麦品种在多个农艺性状上的遗传多样性较陇南、陇东丰富的结论基本一致。但主成分分析法也存在一定局限性,它适用于从众多因子中降维得到主要因子,对于评选指定的少量因子则不太可行^[19-20]。

3.3 分子水平的遗传多样性状况

SSR 标记具有染色体组特异性,在小麦基因组中的多态性极高,已被广泛地应用于种质资源

遗传多样性、种质资源亲缘关系、种子纯度等方面的分析研究。在我国,倪中福等^[24]曾用 65 对 SSR 引物对我国不同生态区的 23 个冬春小麦品种(系)D 染色体组的遗传多样性进行了研究,发现不同材料间的遗传相似系数(GS)平均为 0.572。耿惠敏等^[3]通过 43 对 SSR 引物对河南省 40 个审定小麦品种的遗传多样性进行分析,发现其品种间 GS 值变幅为 0.507~0.769,平均 GS 值为 0.596。张志清等^[6]曾利用 46 对 SSR 引物对四川省推广面积 6.67 万 hm^2 以上的主栽小麦品种的遗传多样性进行分析,发现品种间 GS 值为 0.451~0.767,平均 GS 值为 0.601。赵檀等^[25]利用 SSR 标记,分析 1949—2012 年河北省 169 份小麦材料的遗传多样性,结果表明,该省小麦品种的等位基因频率下降,而多样性水平的上升趋势则较为缓慢。本试验通过 42 对 SSR 引物对 2003—2014 年甘肃省通过审定的 74 个冬小麦品种进行遗传多样性分析发现,GS 值为 0.486~0.781,平均 GS 值为 0.605。一般而言,品种间的亲缘关系越远,遗传相似系数越小^[21]。综上所述可知,河南、四川、甘肃省的平均 GS 值均在 0.600 左右,略有偏大,说明各省的品种间遗传变异不够丰富,遗传基础较为狭窄。所以,对于甘肃省育种工作来说,扩大骨干亲本,引入和筛选具有不同遗传背景、优异性状互补的种质资源,依然是高产稳产、抗病优质育种的前提。

参考文献:

- [1] 刘效华,虎梦霞,王世红. 甘肃小麦生产中存在的问题及解决途径[J]. 甘肃农业科技, 2010(7): 48.
LIU X H, HU M X, WANG S H. The existing problems and solving ways of wheat production in Gansu province [J]. *Gansu Agricultural Science and Technology*, 2010(7): 48.
- [2] 杨文雄. 甘肃省粮食稳步发展分析及对策[J]. 农业展望, 2012, 8(9): 36.
YANG W X. Analysis and countermeasure of steady development on food in Gansu province [J]. *Agricultural Outlook*, 2012, 8(9): 36.
- [3] 耿惠敏,刘红彦,宋玉立,等. 40 个河南省审定小麦品种遗传多样性的 SSR 标记分析[J]. 西北农业学报, 2005, 14(2): 27.
GENG H M, LIU H Y, SONG Y L, et al. SSR analysis of genetic diversity among forty released wheat cultivars in Henan province [J]. *Acta Agricultura Boreali-occidentalis Sinica*, 2005, 14(2): 27.
- [4] 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.
PU Y Y, CHEN C, LI S S. Genetic diversity of recent wheat cultivars in Shandong province using SSR markers [J]. *Molecular Plant Breeding*, 2011, 9(4): 443.
- [5] 陈雪燕,王亚娟,熊景吾,等. 陕西省小麦地方品种主要性状的

- 遗传多样性研究[J]. 麦类作物学报, 2007, 27(3): 456.
CHEN X Y, WANG Y J, LUO J W, *et al.* Genetic diversity in main characters of wheat landraces in Shaanxi province [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2007, 27(3): 456.
- [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.
ZHANG Z Q, ZHENG Y L, WEI Y M, *et al.* Analysis on genetic diversity among Sichuan wheat cultivars based on SSR markers [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2002, 22(2): 5.
- [7] 王宏飞, 李宏琪, 丛花, 等. 新疆小麦地方品种遗传多样性的 SSR 分析[J]. 中国农业科技导报, 2010, 12(6): 98.
WANG H F, LI H Q, CONG H, *et al.* Genetic diversity of wheat landraces from Xinjiang region using SSR markers [J]. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 2010, 12(6): 98.
- [8] 李红琴, 刘宝龙, 刘登才, 等. 青海省审定小麦品种的农艺性状多样性分析[J]. 麦类作物学报, 2011, 31(6): 1040.
LI H Q, LIU B L, LIU D C, *et al.* Analysis on agronomic trait diversity in wheat cultivars registered in Qinghai province [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2011, 31(6): 1040.
- [9] 杨晓玲, 丁文魁, 刘明春, 等. 河西走廊东部近 50 年气候变化特征及区内 5 站对比分析[J]. 干旱地区农业研究, 2011, 29(5): 259.
YANG X L, DING W K, LIU M C, *et al.* Change characteristics of temperature in eastern Hexi corridor in recent 50 years [J]. *Journal of Arid Land Resources and Environment*, 2011, 29(5): 259.
- [10] 金善宝. 中国小麦品种志[M]. 北京: 中国农业出版社, 1997: 1-14.
JIN S B. Chinese Wheat Varieties [M]. Beijing: China Agriculture Press, 1997: 1-14.
- [11] 中国科学院上海植物生理研究所. 现代植物生理学实验指南[M]. 北京: 科学出版社, 1999: 337.
Shanghai Institute of Plant Physiology, CAS. Experimental Guide of Modern Plant Physiology [M]. Beijing: Science Press, 1999: 337.
- [12] RÖDER M S, KORZUN V, WENDEHAKKE K, *et al.* A microsatellite map of wheat [J]. *Genetics Society of America*, 1998, 149: 2007.
- [13] GUPTA K, BALYAN S, EDWARDS J, *et al.* Genetic mapping of 66 new microsatellite(SSR) loci in bread wheat [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2002, 105: 413.
- [14] 张嘉楠, 昌小平, 郝晨阳, 等. 北方冬麦区小麦抗旱种质资源遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2010, 11(3): 253.
ZHANG J N, CHANG X P, HAO C Y, *et al.* Genetic diversity of common wheat germplasm resources with drought resistance in Northern China [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2010, 11(3): 253.
- [15] 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.
WANG L F, BALFOURIER F, HAO C Y, *et al.* Comparison of genetic diversity level between European and East-Asian wheat collections using SSR markers [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2007, 40(12): 2667.
- [16] NEI M, LI W. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 1979, 76: 5269.
- [17] 韩凤龙, 李正玲, 胡琳, 等. 用于河南省小麦品种特异性和一致性鉴定的 SSR 分子标记研究[J]. 中国农业科学, 2010, 43(18): 3698.
HAN F L, LI Z L, HU L, *et al.* Distinctness and uniformity evaluation of wheat varieties in Henan by SSR molecular analysis [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2010, 43(18): 3698.
- [18] 黄玮, 杨敏, 秦保平, 等. 利用 SSR 分子标记分析彩色小麦的亲缘关系与遗传多样性[J]. 作物学报, 2012, 38(6): 1135.
HUANG W, YANG M, QIN B P, *et al.* Relationships and genetic diversity of colored-grain wheat detected by SSR markers [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2012, 38(6): 1135.
- [19] 徐黎黎, 李伟, 郑有良. 东方小麦主要农艺性状分析[J]. 麦类作物学报, 2006, 26(6): 15.
XU L L, LI W, ZHENG Y L. Analysis on main agronomic characters in *Triticum turanicum* Jakubz [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2006, 26(6): 15.
- [20] 庄萍萍, 李伟, 魏育明, 等. 波斯小麦农艺性状相关性及其主成分分析[J]. 麦类作物学报, 2006, 26(4): 11.
ZHUANG P P, LI W, WEI Y M, *et al.* Correlation and principle component analysis in agronomic traits of *Triticum carthlicum* Nevski [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2006, 26(4): 11.
- [21] 王升星, 朱玉磊, 张海萍, 等. 小麦育种亲本材料 SSR 标记遗传多样性及其亲缘关系分析[J]. 麦类作物学报, 2014, 34(5): 621.
WANG S X, ZHU Y L, ZHANG H P, *et al.* Genetic diversity of wheat breeding parents by SSR markers [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2014, 34(5): 621.
- [22] 王林海, 田志强, 董中东, 等. SSR 标记技术在小麦品种遗传多样性上的应用[J]. 河南农业大学学报, 2007, 41(1): 5.
WANG L H, TIAN Z Q, DONG Z D, *et al.* Application of SSR marker technology in the study of the genetic diversity of wheat cultivars [J]. *Journal of Henan Agricultural University*, 2007, 41(1): 5.
- [23] 王小国, 梁红艳, 张薇. 新疆春小麦种质资源农艺性状和品质性状的遗传多样性分析[J]. 新疆农业科学, 2012, 49(5): 796.
WANG X G, LIANG H Y, ZHANG W. Analysis of genetic diversity of Xinjiang spring wheat agronomic characters and quality characters [J]. *Xinjiang Agricultural Sciences*, 2012, 49(5): 796.
- [24] 倪中福, 张义荣, 梁荣奇, 等. 普通小麦 D 染色体组微卫星分子标记遗传差异研究[J]. 作物学报, 2003, 29(1): 145.
NI Z F, ZHANG Y R, LIANG R Q, *et al.* Genetic diversity of D-genome revealed by SSR markers in wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2003, 29(1): 145.
- [25] 赵檀, 金柳艳, 李远, 等. 基于全基因组的河北省小麦品种遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2015, 16(1): 45.
ZHAO T, JIN L Y, LI Y, *et al.* Genetic diversity analysis for bread wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars in Hebei province based on genome-wide SSR markers [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2015, 16(1): 45.