

## 基于 SNP 芯片的二系杂交小麦亲本遗传多样性分析

侯起岭,杨卫兵,秦志列,郝小聪,岳洁茹,苑少华,  
梁玉龙,庞斌双,赵昌平,张风廷,孙辉

(北京市农林科学院杂交小麦研究所,北京,100097)

**摘要:**二系杂交小麦是中国目前杂交小麦的主要类型。为解析二系杂交小麦亲本之间的遗传多样性和亲缘关系,本研究利用小麦 90K SNP(single nucleotide polymorphism)芯片对 123 份二系杂交小麦亲本进行全基因组扫描,分析品种间的遗传距离及多样性。结果表明,小麦 21 条染色体上 SNP 位点的多态性比率达到 82.40%。每条染色体分布 895~6 165 个多态性位点,这些多态性位点在亚基因组间分布呈现 B>A>D,在 7 个同源群间的分布呈现 5>3>1>2>7>6>4。123 个杂交小麦亲本间的遗传距离为 0.001~0.513,平均为 0.369。其中 60 个不育系的遗传距离在 0.001~0.499 之间,平均为 0.324;63 个恢复系的遗传距离在 0.002~0.513 之间,平均为 0.372;60 个不育系与 63 个恢复系之间的遗传距离在 0.225~0.511 之间,平均为 0.387。聚类分析可将所有材料分为 4 个不同类群。综合 SNP 和供试材料类型分析,不育系与恢复系之间的遗传距离最大,其次是恢复系之间,不育系之间遗传距离最小。基于遗传距离和亲缘关系分析发现,供试二系杂交小麦亲本遗传差异整体偏小,部分亲本有近交趋势,需要拓宽遗传基础和增加亲本的遗传多样性,以提高杂交小麦育种水平。

**关键词:** 杂交小麦;亲本;SNP;遗传差异

中图分类号:S512.1;S330

文献标识码:A

文章编号:1009-1041(2025)03-0311-11

## Genetic Diversity Analysis of Parental Lines of Two-Line Hybrid Wheat Based on SNP Array

HOU Qiling, YANG Weibing, QIN Zhilie, HAO Xiacong, YUE Jieru, YUAN Shaohua,  
LIANG Yulong, PANG Binshuang, ZHAO Changping, ZHANG Fengting, SUN Hui

(Hybrid Wheat Research Institute, Beijing Academy of Agriculture and Forestry Science, Beijing 100097, China)

**Abstract:** Two-line hybrid wheat is currently the main type of hybrid wheat in China. To analyze the genetic diversity and relationships between the parental lines of the two-line hybrid wheat, this study used the wheat 90K SNP(single nucleotide polymorphism) array to conduct a genome-wide screening of 123 parental lines of two-line hybrid wheat, and to estimate the genetic distance between lines and reveal their genetic diversity. The results showed that the polymorphism rate of SNP loci on the 21 wheat chromosomes reached up to 82.40%. The distribution of polymorphic loci on each chromosome ranged from 895 to 6 165, and the distribution of polymorphic markers among sub-genomes ranked as B>A>D, with the number of polymorphic markers distributed in 7 homoeologous groups in the order of 5>3>1>2>7>6>4. The genetic distance between the 123 hybrid wheat parental lines ranged from 0.001 to 0.513, with an average of 0.369. Among them, the genetic distance of the 60 male sterile lines ranged from 0.001 to 0.499, with an average of 0.324; the genetic distance of the 63 re-

收稿日期:2024-03-18

修回日期:2024-04-21

基金项目:现代农业产业技术体系建设专项(CARS-03-3);北京市农林科学院科技创新能力建设专项(KJCX20230125)

第一作者 E-mail:wheatqilinghou@163.com(侯起岭);shennong04@126.com(杨卫兵)

通讯作者 E-mail:lyezh@163.com(张风廷);sunhui802@163.com(孙辉)

storer lines ranged from 0.002 to 0.513, with an average of 0.372; and the genetic distance between the 60 male sterile lines with the 63 restorer lines ranged from 0.225 to 0.511, with an average of 0.387. The clustering results showed that all materials were divided into four different clusters. Integrated analysis of SNP and material types showed that the genetic distance between male sterile lines and restorer lines was the largest, followed by the difference between restorer lines, while the difference between male sterile lines was the smallest. Based on the analysis of genetic distance and relationships, it was found that the genetic differences among the two-line hybrid wheat parents are generally small, with some parents showing inbreeding tendencies. It is necessary to broaden the genetic background and increase the genetic diversity of the parents to improve the breeding level of hybrid wheat.

**Keywords:** Hybrid wheat; Parents; SNP; Genetic differences

小麦是世界重要粮食作物,也是中国第二大口粮作物。小麦杂种优势利用被认为是大幅度提高小麦综合生产能力的首选途径,对提高小麦单产有重要推动作用<sup>[1]</sup>。截止目前,中国共审定杂交小麦品种 33 个,其中两系杂交小麦 28 个,占比 84.85%。杂交小麦品种的持续创新使中国杂交小麦处于世界领先水平<sup>[2-3]</sup>。为了使杂交小麦新品种在产量、品质和抗性等方面取得更大的突破,了解目前亲本种质的遗传变异对后代的选择和杂交组合的配置至关重要。

单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphism, SNP)被称为第三代 DNA 遗传标记<sup>[4]</sup>,具备数量多、易于自动化和高通量检测等优势,在小麦基因定位、遗传多样性分析、分子标记辅助育种等方面发挥重要作用<sup>[5]</sup>。刘丽华等<sup>[6]</sup>利用 89 个 SSR 标记对 100 份冬性光温敏雄性不育小麦恢复系进行遗传多样性和群体结构分析,发现北方冬麦区和黄淮海冬麦区恢复系间存在较广泛的基因交流。陆静姣等<sup>[7]</sup>利用 SNP 标记对南方 104 个籼型两系杂交水稻亲本进行遗传差异分析,发现基于 SNP 分析的结果与系谱分析结果基本一致。刘易科等<sup>[8]</sup>利用 90K SNP 芯片对中国 240 个小麦品种(系)进行了遗传多样性分析,发现西南麦区和长江中下游麦区品种间遗传相似系数较高。谢静敏等<sup>[9]</sup>基于 55K SNP 芯片分析,发现青海省小麦品种之间的遗传关系较近,需要引进外来品种提高遗传多样性。马艳明等<sup>[5]</sup>利用小麦 55K SNP 芯片对 134 份新疆冬小麦地方品种及 54 份育成品种进行遗传多样性分析,发现育成品种与地方品种之间存在较大的遗传差异,地方品种可以提供丰富的遗传物质。

目前,已有利用 90K SNP 芯片进行小麦产量相关性状全基因组关联分析的报道<sup>[10]</sup>,尚未见有

关利用小麦 90K SNP 芯片对二系杂交小麦亲本开展遗传多样性研究的报道。本研究利用小麦 90K SNP 标记技术对二系杂交小麦 60 个不育系和 63 个恢复系进行遗传差异和亲缘关系分析,探讨二系杂交小麦在改良过程中基因多样性的变化趋势,以期为杂交小麦育种提供理论参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试材料及 DNA 提取

选用 123 份杂交小麦亲本(表 1),其中不育系 60 份(编号 YS001~YS060),恢复系 63 份(YF001~YF063),均为北京市农林科学院杂交小麦研究所选育的材料。采用 2023 年 6 月收获的花授粉种子,于 2023 年 11 月用培养皿发芽,植株长至一叶一心时,取适量小麦叶片,按 CTAB 法提取基因组 DNA<sup>[11]</sup>。

### 1.2 供试材料基因分型

利用北京市农林科学院杂交小麦研究所自主研发的 Affymetrix BAAFS Wheat 90K SNP 芯片对 123 个供试品系进行全基因组扫描。针对 SNP 芯片的原始扫描结果,利用 Affymetrix 的 Axiom Analysis Suite 软件分型。

### 1.3 数据分析

利用 Power Marker V3.25 计算多态信息含量(PIC)和品系之间的 Nei's (1983) 遗传距离。根据 Nei's (1983) 的遗传距离进行邻近法(Neighbor-Joining Algorithm)聚类分析,通过 MEGAX 软件(<http://www.megasoftware.net/>)构建树状图,结合 iTOL (<https://itol.embl.de/tree/>)网站进行聚类图的修饰和亚群区分。利用 TASSEL5.2.51 对供试品种进行主成分分析(PCA),利用 ggplot2 绘制主成分分析图。

表 1 供试两系杂交小麦亲本信息

Table 1 Parents for two-line hybrid wheat tested

亲本编号 Parent code	亲本名称 Parent name	生态类型 Ecological type	亲本类型 Line type	亲本编号 Parent code	亲本名称 Parent name	生态类型 Ecological type	亲本类型 Line type
YS001	BS366-2	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF003	05Y 花 68-1 05Y hua68-1	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS002	BS102	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF004	CP1867	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS003	BS106	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF005	07Y 花 91-5 07Y hua91-5	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS004	BS107	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF006	07Y 花 91-13 07Y hua91-13	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS005	BS108-1	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF007	08Y 花 71-15 08Y hua71-15	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS006	BS109	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF008	CP2819	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS007	BS122	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF009	CP2939	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS008	BS127	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF010	CP2185	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS009	BS143	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF011	CP2343-111	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS010	BS184	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF012	CP2353	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS011	BS138	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF013	CP4601	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS012	BS105	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF014	CP5011	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS013	BS120	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF015	CP5447	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS014	BS156	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF016	CP7655	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS015	BS119	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF017	CP8457	弱春性 Weak spring	恢复系 Restorer line
YS016	BS366-1	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF018	CP8471	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS017	BS210	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF019	14Y 花 26-16 14Y hua26-16	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS018	BS1453	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF020	14Y 花 26-26 14Y hua26-26	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS019	BS1086	半冬性 Semi-winter	不育系 Male sterile line	YF021	14Y 花 50-2 14Y hua50-2	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS020	BS1745-1	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF022	14Y 花 74-1 14Y hua74-1	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS021	BS93-32	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF023	CP7651	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS022	BS1252	半冬性 Semi-winter	不育系 Male sterile line	YF024	CP7937	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS023	BS201	半冬性 Semi-winter	不育系 Male sterile line	YF025	CP895	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS024	BS206	半冬性 Semi-winter	不育系 Male sterile line	YF026	CP923	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS025	BS212-2	半冬性 Semi-winter	不育系 Male sterile line	YF027	CP1115	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS026	BS224	半冬性 Semi-winter	不育系 Male sterile line	YF028	CP1540	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS027	BS230	弱春性 Weak spring	不育系 Male sterile line	YF029	CP1546	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS028	BS236	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF030	CP1552	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS029	BS237	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF031	CP1587	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS030	BS248	弱春性 Weak spring	不育系 Male sterile line	YF032	CP8773	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS031	BS251	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF033	04J37	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS032	BS252	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF034	CP730	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line

(续表 1 Continued table 1)

亲本编号 Parent code	亲本名称 Parent name	生态类型 Ecological type	亲本类型 Line type	亲本编号 Parent code	亲本名称 Parent name	生态类型 Ecological type	亲本类型 Line type
YS033	BS259	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF035	B2183	春性 Spring	恢复系 Restorer line
YS034	BS260	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF036	D002	春性 Spring	恢复系 Restorer line
YS035	BS263	半冬性 Semi-winter	不育系 Male sterile line	YF037	GLDS	冬性 Winter	恢复系 Restorer line
YS036	BS265	半冬性 Semi-winter	不育系 Male sterile line	YF038	BY149	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS037	BS270	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF039	C96-8	冬性 Winter	恢复系 Restorer line
YS038	BS271	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF040	PH11521	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS039	BS277	半冬性 Semi-winter	不育系 Male sterile line	YF041	CA0533	冬性 Winter	恢复系 Restorer line
YS040	BS278	半冬性 Semi-winter	不育系 Male sterile line	YF042	ZY855	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS041	BS281	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF043	H11-5274	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS042	BS285	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF044	JM418	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS043	BS288-2	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF045	JS1	冬性 Winter	恢复系 Restorer line
YS044	BS289	春性 Spring	不育系 Male sterile line	YF046	CP279	冬性 Winter	恢复系 Restorer line
YS045	BS290	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF047	CP806	冬性 Winter	恢复系 Restorer line
YS046	BS291-2	半冬性 Semi-winter	不育系 Male sterile line	YF048	TS046466	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS047	BS292	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF049	86E22	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS048	BS293	冬性 Winter	不育系 Male sterile line	YF050	F3	弱春性 Weak spring	恢复系 Restorer line
YS049	BS294	半冬性 Semi-winter	不育系 Male sterile line	YF051	G35	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS050	BS297	半冬性 Semi-winter	不育系 Male sterile line	YF052	CMM	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS051	BS299	弱春性 Weak spring	不育系 Male sterile line	YF053	XM36	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS052	BS413	半冬性 Semi-winter	不育系 Male sterile line	YF054	XM46	弱春性 Weak spring	恢复系 Restorer line
YS053	BS414	半冬性 Semi-winter	不育系 Male sterile line	YF055	FN28	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS054	BS415	半冬性 Semi-winter	不育系 Male sterile line	YF056	PA0518	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS055	BS417	半冬性 Semi-winter	不育系 Male sterile line	YF057	LX145	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS056	BS419	半冬性 Semi-winter	不育系 Male sterile line	YF058	JN13-105	冬性 Winter	恢复系 Restorer line
YS057	BS420	半冬性 Semi-winter	不育系 Male sterile line	YF059	JCM11	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS058	BS421	半冬性 Semi-winter	不育系 Male sterile line	YF060	JM596	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line
YS059	BS422	半冬性 Semi-winter	不育系 Male sterile line	YF061	EA13	春性 Spring	恢复系 Restorer line
YS060	BS424	半冬性 Semi-winter	不育系 Male sterile line	YF062	C13071	春性 Spring	恢复系 Restorer line
YF001	04Y 花 23-5 04Y hua23-5	半冬性 Semi-winter	恢复系 Restorer line	YF063	CA12123	冬性 Winter	恢复系 Restorer line
YF002	05Y 花 101-2 05Y hua101-2	弱春性	恢复系 Restorer line				

## 2 结果分析

### 2.1 多态性 SNP 位点的分布

根据小麦中国春的全基因组序列(IWGSC Ref Seq v1.0),在小麦 21 条染色体上筛选到 83 294 个 SNP 位点,98.4% SNP 位点已知物理位置,其平均物理距离为 0.20 Mb,最大为 0.48 Mb,最小为 0.11 Mb。123 个小麦亲本间,共有 68 626 个 SNP 位点,占小麦总 SNP 位点的比率为 82.40%;每条染色体分布 895~6 165 个多态性位点,4D 染色体上最少(895),3B 染色上最多(6 165),平均每条染色体 3 268 个(图 1a)。SNP 位点在 A、B 和 D3 个亚基因组间分布不均匀,B 基因组最多,有 29 615 个,占比 43.15%;A 基因组次之,有 26 720 个,占比 38.94%;D 基因组最少,有 12 291 个,占比 17.91%。按照同源群进行统计发现,

SNP 位点在 7 个同源群中的分布数量在 6 942~11 849 之间,第 5 同源群最多(11 849),第 4 同源群最少(6 942),表现为 5>3>1>2>7>6>4 (图 1b,图 2)。

### 2.2 SNP 位点多态性信息含量及亲本间遗传距离分析

基于 SNP 数据计算品种的多态性信息含量(PIC),123 个新本的 PIC 为 0.000~0.375,平均为 0.282(表 2),主要分布于 0.24~0.39 之间(图 3)。不育系与恢复系之间 PIC 平均为 0.294,最高 0.375,最低 0.000(表 2),主要分布于 0.30~0.39 之间(图 3a)。60 个不育系的 PIC 平均为 0.258,最高 0.375,最低 0.000(表 2),主要分布于 0.21~0.39 之间(图 3b);63 个恢复系的 PIC 平均为 0.296,最高 0.375,最低 0.000(表 2),主要分布于 0.21~0.39 之间(图 3c)。

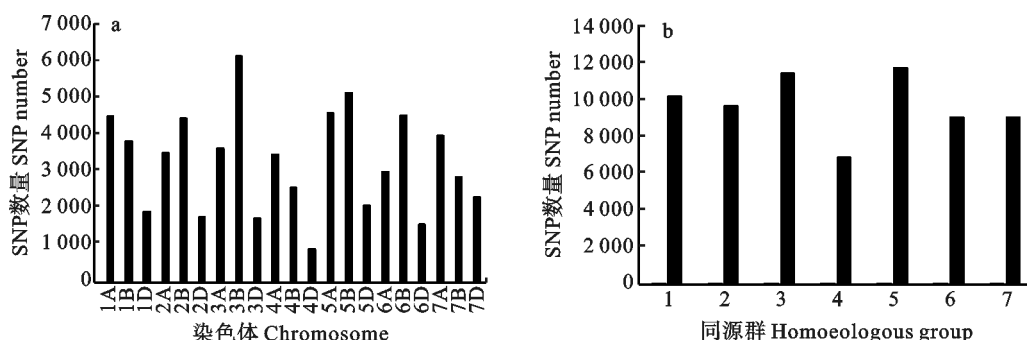


图 1 SNP 多态性位点在染色体(a)和同源群(b)的分布

Fig. 1 Distributions of SNPs on individual chromosome(a) and homoeologous group(b)

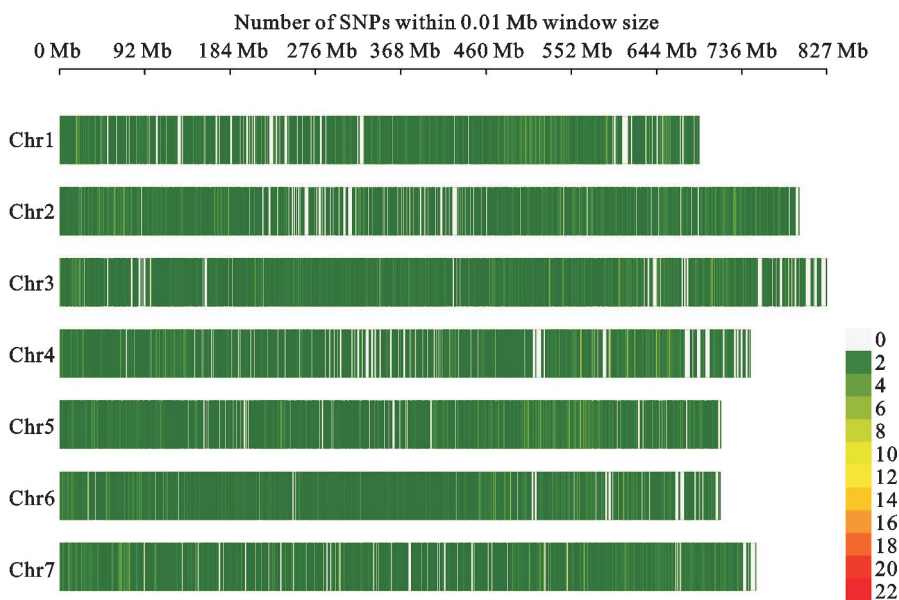


图 2 SNPs 在染色体上的分布图

Fig. 2 Distribution of SNPs on chromosomes

表 2 不育系和恢复系遗传差异比较

Table 2 Comparison of genetic differences between male sterile and restorer lines

类型	多态性信息含量 Polymorphic information content			遗传距离 Genetic distance		
	平均值 Mean	最大值 Max. value	最小值 Min. value	平均值 Mean	最大值 Max. value	最小值 Min. value
不育系和恢复系 Between male sterile lines and restorer lines	0.294	0.375	0	0.387	0.511	0.225
不育系 Male sterile lines	0.258	0.375	0	0.324	0.499	0.001
恢复系 Restorer lines	0.296	0.375	0	0.372	0.513	0.002

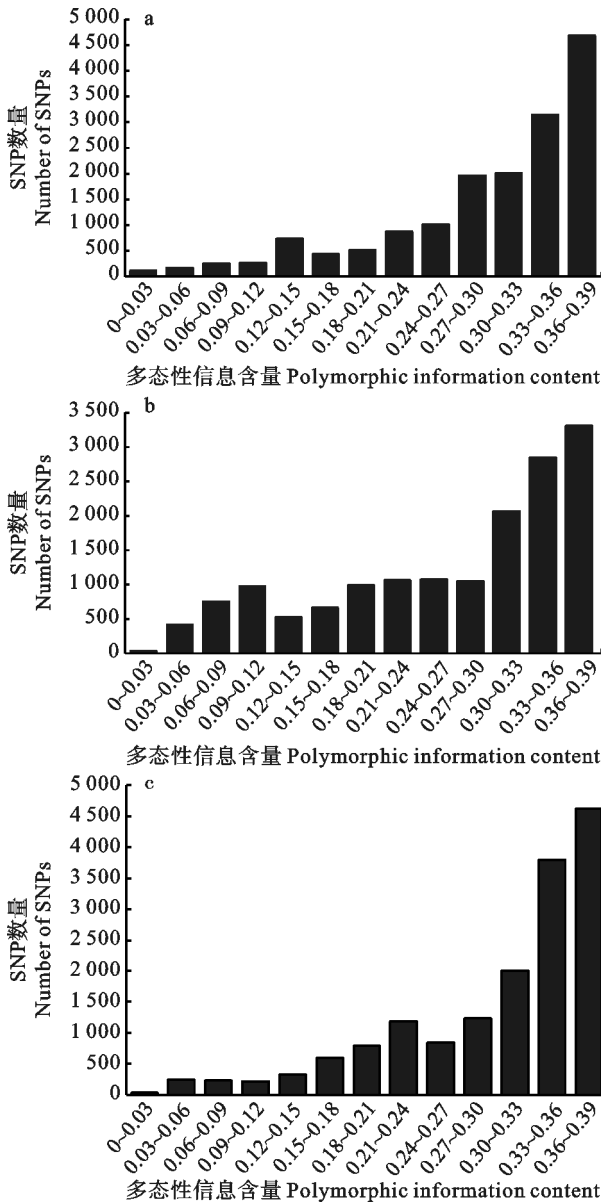


图 3 SNP 位点在不育系和恢复系间(a), 不育系(b)和恢复系(c)中多态性信息含量(PIC)的分布

Fig. 3 Distribution of polymorphic information content in male sterile lines and restorer lines(a), male sterile lines(b), restorer lines(c), based on SNP loci

利用 SNP 分型数据计算杂交小麦 123 个亲本间的遗传距离, 共获得 9 456 个遗传距离值, 在 0.001~0.513 之间, 平均值为 0.369(表 2)。恢复系 YF041(CA0533)与 YF035(B2183)间的遗传距离最大(0.513)。不育系 YS013(BS120)与 YS002(BS102)间的遗传距离最小(0.001)。

60 个不育系与 63 个恢复系间的遗传距离为 0.225~0.511, 平均 0.387。恢复系 YF041(CA0533)与不育系 YS003(BS106)间的遗传距离最小(0.225), 这两个亲本均为冬性, 来源于北部冬麦区。恢复系 YF055(FN28)与不育系 YS032(BS252)间的遗传距离最大(0.511), 前者来源于黄淮麦区, 半冬性, 后者来源于北部冬麦区, 冬性。不育系与恢复系间遗传距离分布在 0.375~0.405 之间密度最大, 主要分布在 0.345~0.435 之间, 占比 37.25%(图 4a)。

60 个不育系间的遗传距离在 0.001~0.499 之间, 平均为 0.324, YS013(BS120)与 YS002(BS102)的遗传距离最小(0.001), 两者均是 BS366 的改良系。YS041(BS281)与 YS044(BS289)的遗传距离最大(0.499), BS281 是冬性, 来源于北部冬麦区, BS289 是利用国外春麦材料改良的, 春性。不育系遗传距离分布在 0.330~0.360 之间密度最大, 主要分布在 0.300~0.420 之间, 占比 14.87%(图 4b)。

63 个恢复系间的遗传距离在 0.002~0.513 之间, YF041(CA0533)与 YF035(B2183)的遗传距离最大(0.513), 二者差异较大, 分别为冬性和春性。YF006(07Y 花 91-13)与 YF026(CP923)的遗传距离最小(0.002), 二者来源于同一组合, 都是半冬性。不育系与恢复系间遗传距离分布在 0.362~0.392 之间密度最大, 主要分布在 0.332~0.452, 占比 19.90%(图 4c)。

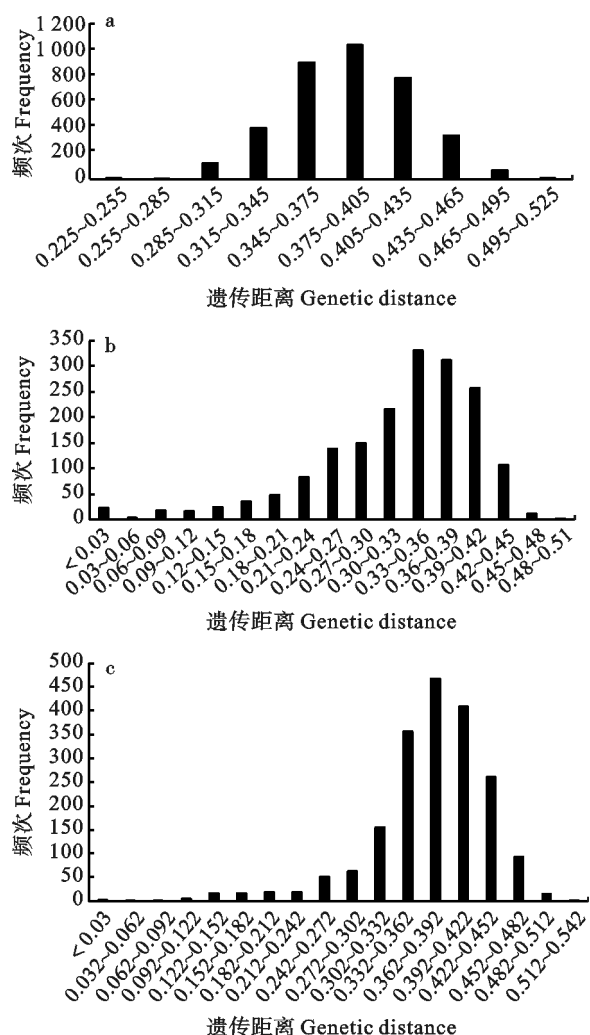


图 4 不育系和恢复系间(a),不育系间(b)和恢复系(c)间遗传距离的次数分布

Fig. 4 Distribution of genetic distances among male sterile lines and restorer lines(a), male sterile lines(b), and restorer lines(c)

### 2.3 聚类分析

根据 123 个杂交小麦亲本的 SNP 芯片数据,利用 Power Marker V3.25 得到 123 个供试材料两两之间的遗传距离矩阵,并构建聚类图(图 5),发现供试材料可分为 4 个类群,Group1 包含 39 个亲本,18 个为恢复系,21 个为不育系;Group 2 包含 22 个亲本,10 个为恢复系,12 个为不育系;Group 3 包含 47 个亲本,21 个为恢复系,26 个为不育系;Group 4 包含 15 个亲本,14 个为恢复系,1 个为不育系。

由表 3 可知,Group 1 中 39 个亲本分为 5 个亚类。第 1 亚类包括 11 个品系,均为恢复系,均为冬性或半冬性,遗传距离平均值 0.265,变化

范围 0.105~0.372,变异系数为 59.61%。第 2 亚类包括 8 个品系,7 个恢复系和 1 个不育系(BS288-2),均为冬性或半冬性,遗传距离平均值 0.324,变化范围 0.003~0.410,变异系数为 23.99%。第 3 亚类包括 10 个品系,均为不育系,均为冬性或半冬性,遗传距离平均值 0.229,变化范围 0.014~0.284,变异系数为 33.33%。第 4 亚类包括 8 个品系,均为不育系,均为冬性或半冬性,遗传距离平均值 0.262,变化范围 0.007~0.376,变异系数为 30.75%。第 5 亚类包括 2 个品系(BS285 和 BS294),均为不育系,冬性,来源于北部冬麦区,遗传距离为 0.294。

Group 2 包含 22 个亲本,分为 2 个亚类。第 1 亚类包括 12 个品系,均为不育系,都是 BS366 的改良系,遗传距离平均值 0.134,变化范围 0~0.299,变异系数为 76.93%。第 2 亚类包括 10 个品系,均为恢复系,冬性或半冬性,大部分来源于黄淮麦区,遗传距离平均值 0.385,变化范围 0.157~0.481,变异系数为 17.24%。

Group 3 包含 47 个亲本,分为 5 个亚类。第 1 亚类有 10 个品系,8 个不育系和 2 个恢复系(CA0533, XM36),冬性或半冬性,遗传距离平均值 0.291,变化范围 0.154~0.386,变异系数为 21.81%。第 2 亚类有 6 个品系,均为恢复系,冬性或半冬性,遗传距离平均值 0.277,变化范围 0.143~0.409,变异系数为 30.57%。第 3 亚类有 10 个品系,均为恢复系,半冬性或春性,其中部分材料是 BY149 的改良系,遗传距离平均值 0.236,变化范围 0.005~0.373,变异系数为 34.81%。第 4 亚类有 18 个品系,均为不育系,半冬性或弱春性,大部分是 BS366 与黄淮种质选育的后代品系,遗传距离平均值 0.247,变化范围 0.001~0.352,变异系数为 24.57%。第 5 亚类包含 3 个品系,CP2939、CP7651 和 F3,均为恢复系,半冬性或弱春性,遗传距离平均值 0.252。

Group 4 包含 15 个亲本,分为 2 个亚类。第 1 亚类包含 8 个品系,均为恢复系,半冬性,遗传距离平均值 0.233,变化范围 0.020~0.360,变异系数为 39.36%。第 2 亚类包含 7 个品系,包含 6 个恢复系和 1 个不育系(BS201),恢复系为弱春性或半冬性,BS201 为冬性,遗传距离平均值 0.226,在 0.010~0.337 之间,变异系数为 46.15%。

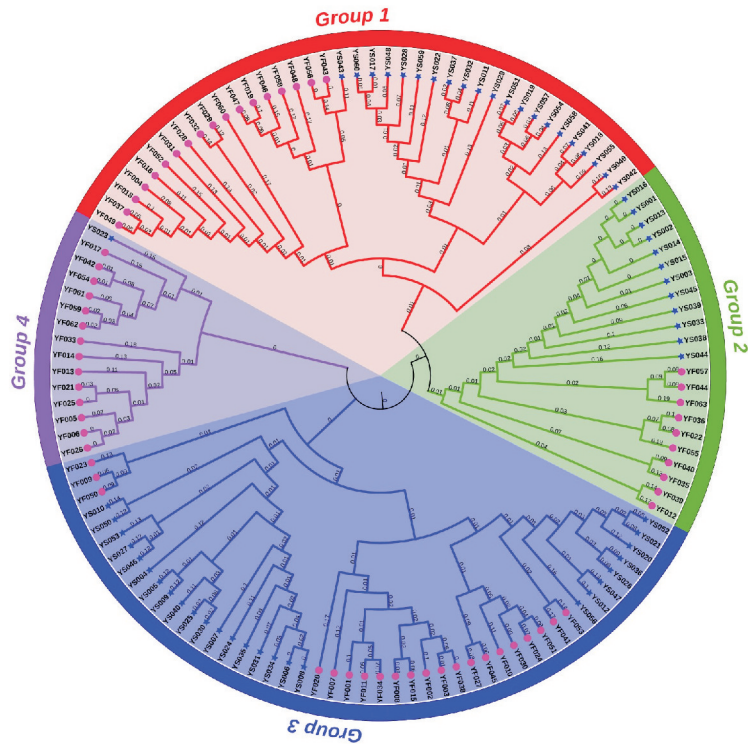


图 5 123 个杂交小麦亲本的 SNP 数据聚类图

Fig. 5 Phylogenetic tree of 123 wheat lines based on SNP

表 3 各类群小麦遗传距离

Table 3 Wheat lines and their genetic distances in different groups

类群 Group	品系个数 Number of line	亚类 Sub-group	遗传距离 Genetic distance			
			平均 Mean	最大 Max.	最小 Min.	变异系数 CV/%
Group 1	39	1	0.265	0.372	0.105	59.61
		2	0.324	0.410	0.003	23.99
		3	0.229	0.408	0.014	33.33
		4	0.262	0.376	0.007	30.75
		5	0.294			
Group 2	22	1	0.134	0.299	0.000	76.93
		2	0.385	0.481	0.157	17.24
Group 3	47	1	0.291	0.386	0.154	21.81
		2	0.277	0.409	0.143	30.57
		3	0.236	0.373	0.005	34.81
		4	0.247	0.352	0.001	24.57
		5	0.252	0.298	0.155	27.30
Group 4	15	1	0.233	0.360	0.020	39.36
		2	0.226	0.010	0.337	46.15

2.4 供试材料亲缘关系分析

基于 SNP 标记通过 TASSEL5.2.51 构建亲缘关系 G 矩阵, G 矩阵结果中(图 6), 每一个小方格代表第一个到最后一个样本两两之间的亲缘关

系值, 该值越大越接近红色, 即两个体亲缘关系越近。结果表明, 供试材料大部分个体之间亲缘关系较远, 部分个体亲缘关系较近, 与遗传距离分析结果一致。

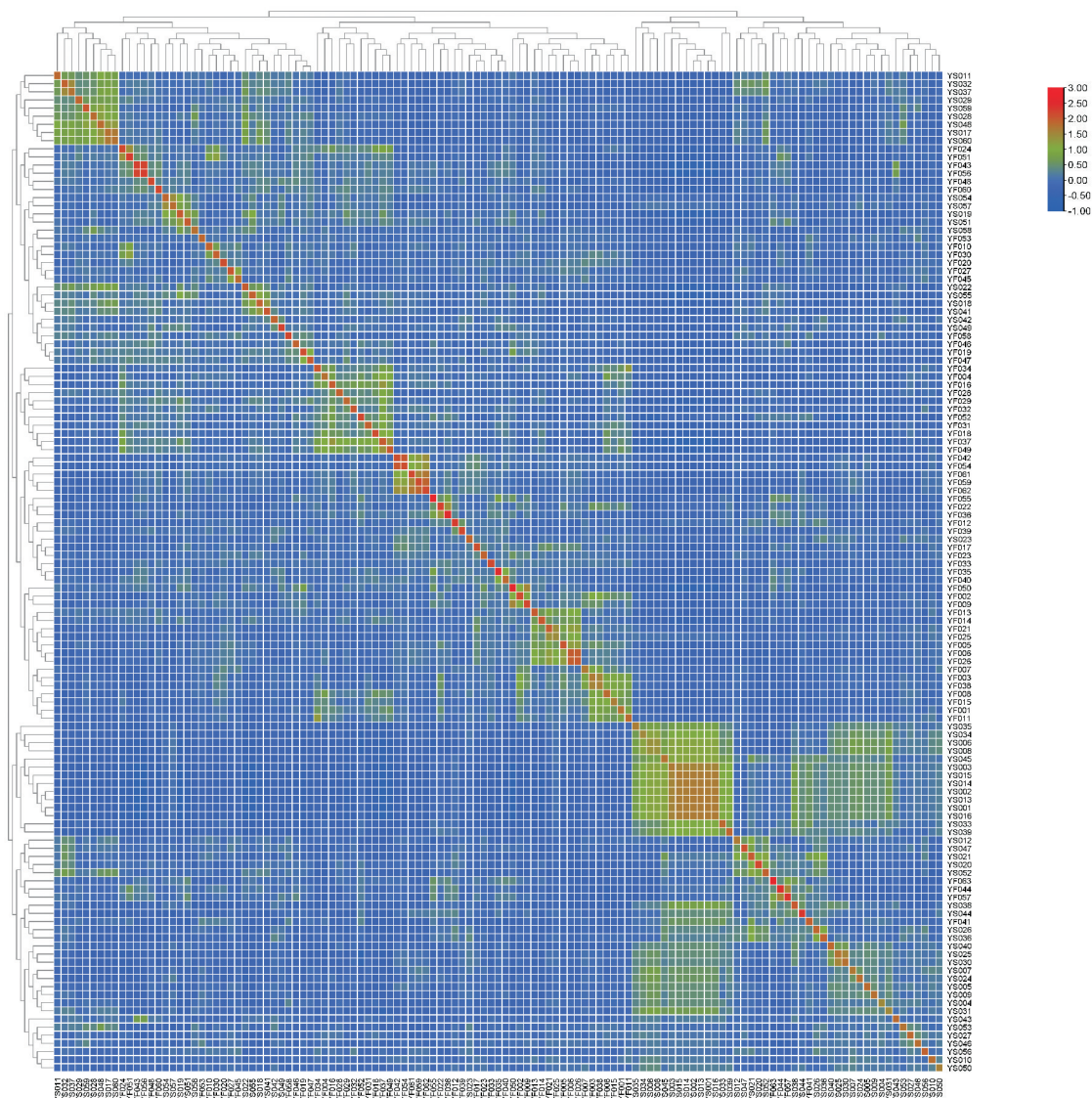


图 6 基于 SNP 位点的 G 矩阵可视化结果  
 Fig. 6 Visualization of G matrix based on SNP loci

### 3 讨论

多个研究结果表明,小麦和水稻杂种优势与亲本间的遗传差异有关,遗传差异大的亲本更容易选配出强优势组合<sup>[12-15]</sup>。本研究发现,BS366、BS1453 和 BS237 等骨干冬性不育系与供试恢复系的遗传距离较大,这与它们是目前生产上配制组合较多、审定品种较多、应用面积较大、父本类型较多的两系不育系相一致;07Y 花 91-5、07Y 花 91-13、CP730 和 CP8457 等骨干恢复系与供试不育系的遗传距离较大,这与它们是目前生产上配制组合较多、开花习性好和恢复度较高的恢复系相一致。BS366-2 与 63 个恢复系间的平均遗传距离为 0.374,大于 0.35 的有 47 个,占比 78.33%;

BS366-1 与 63 个恢复系间的平均遗传距离为 0.409,大于 0.35 的有 60 个,占比 95.24%;BS1453 与 63 个恢复系间的平均遗传距离为 0.378,大于 0.35 的有 50 个,占比 79.37%;BS237 与 63 个恢复系间的平均遗传距离为 0.376,大于 0.35 的有 47 个,占比 78.33%。07Y 花 91-5 与 60 个不育系间的平均遗传距离为 0.395,大于 0.35 的有 54 个,占比 90.00%;07Y 花 91-13 与 60 个不育系间的平均遗传距离为 0.395,大于 0.35 的有 51 个,占比 85.00%;CP8457 与 60 个不育系间的平均遗传距离为 0.388,大于 0.35 的有 54 个,占比 90.00%;CP730 与 60 个不育系间的平均遗传距离为 0.395,大于 0.35 的有 58 个,占比 96.67%;JM418 与 60 个不育系间的平均遗传距离为 0.409,大于 0.35

的有 54 个,占比 90.00%。目前在生产上推广面积较大的两个高产耐盐碱品种京麦 188(BS212-2×CP730)和京麦 189(BS237×CP8457)的亲本的遗传距离为 0.393 和 0.398,说明遗传差异是产生杂种优势的基础,这与本研究结果较一致,供试材料在配制组合时可以参考目前的聚类分类结果,尽量选择遗传距离远的亲本。

利用分子标记分析杂交小麦亲本的遗传差异<sup>[16-17]</sup>、预测杂种优势<sup>[18-20]</sup>、研究杂种优势群划分<sup>[21]</sup>、开展分子标记辅助育种<sup>[22-23]</sup>是目前杂交小麦研究的热点。AFLP、SSR 等分子标记和基因组预测技术已广泛应用于小麦遗传差异鉴定和杂种优势预测<sup>[19,24-25]</sup>。前人利用 SNP 标记在小麦品种遗传多样性和亲缘关系分析中做了大量探索,发现与亲本来源和地理分布较吻合。卢茂昂等<sup>[26]</sup>利用小麦 55K SNP 芯片技术,发现 150 份小麦种质的遗传距离表现为河南省>四川省>山东省>江苏省>安徽省。曹廷杰等<sup>[27]</sup>利用 Illumina 90k iSelect SNP 标记技术分析河南省 2002—2013 年审定的 96 个小麦品种遗传多样性,发现多数品种亲缘关系较近,遗传多样性不够丰富。宋晓明等<sup>[28]</sup>利用 55K SNP 芯片技术对 48 份黄淮海区优质强筋小麦品种进行遗传多样性分析,发现 85.19%品种间的遗传距离集中在 0.30~0.45 之间,需要进一步拓宽遗传基础。陈向东等<sup>[20]</sup>以 30 个小麦品种(系)为亲本构建双列杂交群体,利用亲本 SNP 遗传距离预测杂种优势,发现强优势组合的双亲 SNP 遗传距离相对较远,黄淮海区品种与西南麦区或国外品种间易产生较高的特殊配合力。

本研究利用 SNP 分子标记技术对 123 份二系杂交小麦亲本遗传差异分析表明,恢复系与不育系间的遗传距离大于恢复系间和不育系间的遗传距离。不育系内有大概 30 份材料是 BS366 的改良系,这与 SNP 标记聚类结果一致,也与亲缘关系和亲本类型分析结果基本一致,说明 SNP 标记是进行杂交小麦亲本遗传差异分析的有效方法。恢复系间遗传距离大于不育系间遗传距离,北方冬麦区与黄淮冬麦区恢复系间存在广泛的基因交流,这与前人的研究结果一致<sup>[6]</sup>。本研究中,SNP 位点在 D 亚基因组的分布明显少于 A 和 B 亚基因组,这与小麦 3 个亚基因组的遗传多样性不对称,D 基因组的遗传多样性远低于 A 和 B 的观点一致<sup>[29]</sup>。因此,利用或引进 D 基因组遗传多

样性丰富的材料可能有助于未来小麦杂种优势的利用。

不育系与恢复系间较大的遗传差异是杂种优势产生的基础,这与中国两系杂交小麦育种实际相符,要进一步提高小麦杂种优势,必须进一步扩大亲本的遗传差异,尤其是增加不育系的遗传多样性。杂交小麦选育过程中双亲必须满足株高适宜、育性稳定、花期相遇和制种性状优良等关键性状的协同,在未来杂交小麦亲本选育过程中,对后代材料的选育既要根据株高、育性和开花习性等做好表型选择,同时利用标记进行基因型选择,采取传统育种和分子育种相结合的方法,才能实现高效小麦杂种优势利用的育种目标。

#### 参考文献:

- [1]赵昌平.中国二系杂交小麦研究进展与展望[J].科学通报,2022,67(26):3119.  
ZHAO C P. Research progress and prospects of two-line hybrid wheat in China [J]. *Chinese Science Bulletin*, 2022, 67 (26):3119.
- [2]袁国强,陶军,何员江,等.杂交小麦研究进展与展望[J].四川农业大学学报,2023,41(6):974.  
YUAN G Q, TAO J, HE Y J, *et al.* Research progress and prospect on hybrid wheat [J]. *Journal of Sichuan Agricultural University*, 2023, 41(6):974.
- [3]张胜全,叶志杰,任立平,等.“十五”以来我国杂交小麦审定品种分析[J].作物杂志,2022(1):39.  
ZHANG S Q, YE Z J, REN L P, *et al.* Analysis of approved varieties of hybrid wheat in China since the 1980s [J]. *Crops*, 2022(1):39.
- [4]AKHUNOV E D, AKHUNOVA A R, ANDERSON O D, *et al.* Nucleotide diversity maps reveal variation in diversity among wheat genomes and chromosomes [J]. *BMC Genomics*, 2010, 11:702.
- [5]马艳明,娄鸿耀,陈朝燕,等.新疆冬小麦地方品种与育成品种基于 SNP 芯片的遗传多样性分析[J].作物学报,2020,46(10):1539.  
MA Y M, LOU H Y, CHEN Z Y, *et al.* Genetic diversity assessment of winter wheat landraces and cultivars in Xinjiang via SNP array analysis [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2020, 46 (10):1539.
- [6]刘丽华,王立新,赵昌平,等.光温敏二系杂交小麦恢复系遗传多样性和群体结构分析[J].中国生物化学与分子生物学报,2009,25(9):867.  
LIU L H, WANG L X, ZHAO C P, *et al.* Genetic diversity and alterations of population structure in restorers of dual cross-line hybrid wheat with thermo-photoperiod sensitive male sterile [J]. *Chinese Journal of Biochemistry and Molecular Biology*, 2009, 25(9):867.
- [7]陆静姣,杨远柱,周斌,等.基于 SNP 标记的南方籼型两系杂交水稻亲本遗传差异的分析[J].杂交水稻,2014,29(5):53.  
LU J J, YANG Y Z, ZHOU B, *et al.* Analysis on genetic difference among the parents of two-line indica hybrid rice in southern China by SNP markers [J]. *Hybrid Rice*, 2014, 29 (5):53.

- [8]刘易科,朱展望,陈冷,等.基于 SNP 标记揭示我国小麦品种(系)的遗传多样性[J].作物学报,2020,46(2):307.  
LIU Y K,ZHU Z W,CHEN L,*et al.* Revealing the genetic diversity of wheat varieties(lines) in China based on SNP markers [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2020,46(2):307.
- [9]谢静敏,侯万伟,张小娟.青海省小麦品种基于 55K SNP 芯片的遗传多样性分析[J].麦类作物学报,2022,42(11):1344.  
XIE J M,HOU W W,ZHANG X J. Genetic diversity analysis of wheat in Qinghai Province based on 55K SNP array [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2022,42(11):1344.
- [10]MURRAY M G,THOMPSON W F. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA [J]. *Nucleic Acids Research*, 1980,8(19):4322.
- [11]刘丽华,刘丽娜,周悦,等.基于高效 SNP 芯片的小麦产量相关性状全基因组关联分析[J].麦类作物学报,2023,43(11):1405.  
LIU L H,LIU Y N,ZHOU Y,*et al.* Genome-wide association analysis of wheat yield related traits based on efficient SNP array [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2023,43(11):1405.
- [12]陈晓杰,杨保安,范家霖,等.小麦杂种优势利用研究进展[J].种子,2022,41(1):66.  
CHEN X J,YANG B A,FAN J L,*et al.* Advances in utilization of heterosis in wheat [J]. *Seed*, 2022,41(1):66.
- [13]刘琦,齐娟,吴佳洁,等.小麦雄性不育基因的鉴定和杂种优势利用[J].科学通报,2022,67(26):3100.  
LIU Q,QI J,WU J J,*et al.* Progress in identifying male sterility genes and utilizing heterosis in wheat [J]. *Chinese Science Bulletin*, 2022,67(26):3100.
- [14]李任华,徐才国,何予卿,等.水稻亲本遗传分化程度与籼粳杂种优势的关系[J].作物学报,1998,24(5):564.  
LI R H,XU C G,HE Y Q,*et al.* Relationship between the extent of genetic differentiation in parental lines and heterosis of *Indica-Japonica* hybrid rice [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 1998,24(5):564.
- [15]关攀锋,逯腊虎,刘刚,等.一个小麦强优势组合的杂种优势遗传基础解析[J].科学通报,2022,67(26):3207.  
GUAN P F,LU H L,LIU G,*et al.* Genetic basis of heterosis in a common wheat cross with strong-heterosis [J]. *Chinese Science Bulletin*, 2022,67(26):3207.
- [16]吴卫,郑有良,魏育明,等.利用 SSR 标记分析小麦强优势组合亲本遗传差异[J].西南农业学报,2002,15(3):1.  
WU W,ZHENG Y L,WEI Y M,*et al.* Parental diversity of the crosses with strong heterosis in wheat based on SSR markers [J]. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2002,15(3):1.
- [17]刘丽华,庞斌双,李宏博,等.2009—2015 年北京冬小麦区域试验品系的 DNA 指纹分析[J].作物杂志,2016(5):13.  
LIU L H,PANG B S,LI H B,*et al.* SSR analysis of winter wheat lines of Beijing regional trials from 2009 to 2015 [J]. *Crops*, 2016(5):13.
- [18]ZHAO Y,ZENG J,FERNANDO R,*et al.* Genomic prediction of hybrid wheat performance [J]. *Crop Science*, 2013,53(3):802.
- [19]ZHAO Y,LI Z,LIU G,*et al.* Genome-based establishment of a high-yielding heterotic pattern for hybrid wheat breeding [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2015,112(51):15624.
- [20]陈向东,吴晓军,方方,等.基于 SNP 遗传距离和配合力的小麦杂种优势预测[J].科学通报,2022,67(26):3221.  
CHEN X D,WU X J,FANG F,*et al.* Heterosis prediction of wheat based on SNP genetic distance and combining ability [J]. *Chinese Science Bulletin*, 2022,67(26):3221.
- [21]朱献文,徐云碧,李健,等.小麦杂种优势群的创制[J].科学通报,2022,67(26):3152.  
ZHU X W,XU Y B,LI J,*et al.* Establishment of heterotic groups for hybrid wheat breeding [J]. *Chinese Science Bulletin*, 2022,67(26):3152.
- [22]侯起岭,赵昌平,杨卫兵,等.小麦光温敏雄性不育系穗发芽抗性鉴定及相关分子标记验证[J].麦类作物学报,2020,40(9):1023.  
HOU Q L,ZHAO C P,YANG W B,*et al.* Identification and validation of six molecular markers for PHS tolerance in photo-thermal sensitive male sterile lines of wheat [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2020,40(9):1023.
- [23]杨澜,任勇,蒋琪琪,等.杂交小麦亲本矮秆基因鉴定及其对杂种优势的影响[J].西南大学学报(自然科学版),2023,45(3):47.  
YANG L,REN Y,JIANG Q Q,*et al.* Identification of wheat hybrid parents' dwarf genes and their effects on heterosis [J]. *Journal of Southwest University (Natural Science Edition)*, 2023,45(3):47.
- [24]ALMANZA-PINZÓN M I,KHAIRALLAH M,FOX P N,*et al.* Comparison of molecular markers and coefficients of parentage for the analysis of genetic diversity among spring bread wheat accessions [J]. *Euphytica*, 2003,130(1):77.
- [25]郝晨阳,董玉琛,王兰芬,等.我国普通小麦核心种质的构建及遗传多样性分析[J].科学通报,2008,53(8):908.  
HAO C Y,DONG Y C,WANG L F,*et al.* Construction and genetic diversity analysis of common wheat core germplasm in China [J]. *Chinese Science Bulletin*, 2008,53(8):908.
- [26]卢茂昂,彭小爱,张玲,等.基于 55K SNP 芯片揭示小麦育种亲本遗传多样性[J].作物学报,2023,49(6):1708.  
LU M A,PENG X A,ZHANG L,*et al.* Genetic diversity of wheat breeding parents revealed by 55K SNP-based microarray [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2023,49(6):1708.
- [27]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.  
CAO T J,XIE J Z,WU Q H,*et al.* Genetic diversity of registered wheat varieties in henan province based on pedigree and single-nucleotide polymorphism [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2015,41(2):197.
- [28]宋晓朋,孔子明.基于 SNP 标记解析黄淮麦区部分强筋品种的遗传多样性[J/OL].分子植物育种, <https://kns.cnki.net/kcms2/detail/46.1068.S.20230601.1355.004.html>, 2023:1.  
SONG X M,KONG Z M. Genetic diversity analysis of high-quality wheat varieties in huanghuai wheat region based on SNP markers[J/OL]. *Molecular Plant Breeding*, <https://kns.cnki.net/kcms2/detail/46.1068.S.20230601.1355.004.html>, 2023:1.
- [29]郝明,张连全,黄林,等.渗入杂交与小麦杂种优势[J].科学通报,2022,67(26):3165.  
HAO M,ZHANG L Q,HUANG L,*et al.* Introgressive hybridization and wheat heterosis [J]. *Chinese Science Bulletin*, 2022,67(26):3165.