

K型小麦保持系遗传多样性的系统聚类分析

史晓芳¹, 逯腊虎¹, 张伟¹, 张婷¹, 袁凯¹, 杨斌¹, 张建诚²

(1.山西农业大学小麦研究所,山西临汾 041000;2.山西农业大学棉花研究所,山西运城 044000)

摘要:为了给K型小麦雄性不育系、保持系的选育及杂种组合选配提供依据,对25份K型小麦保持系品种的7个主要农艺性状进行了遗传多样性、相关性和聚类分析。结果表明,25份K型小麦保持系品种的7个主要农艺性状都表现出较大的变异性,变异系数从低到高依次为株高(7.12%)、千粒质量(7.49%)、每穗粒数(9.12%)、穗长(9.61%)、单株粒数(16.69%)、单株穗数(18.37%)、单株粒质量(20.61%)。相关性分析结果表明,3对性状达到了极显著正相关,分别为单株粒数与单株粒质量(相关系数 $r=0.732$)、单株穗数与单株粒数($r=0.577$)、单株粒质量与单株穗数($r=0.522$);4对性状呈显著正相关,分别是千粒质量与单株粒质量($r=0.371$)、穗长与每穗粒数($r=0.278$)、株高与穗长($r=0.269$)、穗长与单株粒数($r=0.211$);2对性状呈显著负相关,分别为株高与每穗粒数($r=-0.214$)、每穗粒数与单株穗数($r=-0.399$)。聚类分析结果显示,25份K型小麦保持系品种的遗传距离变化范围为1.15~26.25。在遗传距离12.50处,将供试品种划分为5个类群:I类群共有17个品种,第I类群在遗传距离7.50处,分为3个亚类;第II类群有1个品种,为石H09-7075,单株粒质量为8.59g,低于其他类群;第III类群1个品种为浚2016,株高为50.67cm,低于其他类群;第IV类群5个品种,包括衡4568、山农0911、周麦16等,单株穗数为9.27个,多于其他类群;第V类群为衡5011,株高为70.52cm,高于其他类群。

关键词:K型小麦保持系;农艺性状;遗传多样性;相关性分析;聚类分析

中图分类号:S512.1

文献标识码:A

文章编号:1002-2481(2024)02-0001-07

Phylogenetic Cluster Analysis of Genetic Diversity of K-Type Wheat Maintainer Lines

SHI Xiaofang¹, LU Lahu¹, ZHANG Wei¹, ZHANG Ting¹, YUAN Kai¹,YANG Bin¹, ZHANG Jiancheng²

(1. Institute of Wheat, Shanxi Agricultural University, Linfen 041000, China;

2. Institute of Cotton, Shanxi Agricultural University, Yuncheng 044000, China)

Abstract: In order to provide basis for breeding for male sterile line and maintainer line of K-type wheat and selection of hybrid combination, in this study, the genetic diversity, correlation, and cluster analysis of 7 main agronomic traits of 25 k-type wheat maintainer lines were carried out. The results showed that 7 main agronomic traits of 25 k-type wheat maintainer lines showed great variability, the variation coefficients from low to high were plant height(7.12%), 1000-grain weight(7.49%), grain number per spike(9.12%), spike length(9.61%), grain number per plant(16.69%), spike number per plant (18.37%), and grain weight per plant(20.61%). The correlation analysis showed that there were extremely significant positive correlations among the three pairs of traits, which were grain number per plant and grain weight per plant (correlation coefficient $r=0.732$), spike number per plant and grain number per plant($r=0.577$), and grain weight per plant and spike number per plant($r=0.522$), respectively. 4 significant positive correlations were found between 1000-grain weight and grain weight per plant($r=0.371$), spike length and grain number per spike($r=0.278$), plant height and spike length($r=0.269$), spike length and grain number per plant($r=0.211$). 2 significant negative correlations were found between plant height and grain number per spike($r=-0.214$), grain number per spike and spike number per plant($r=-0.399$). Cluster analysis showed that the genetic distance of 25 k-type wheat maintainer lines varied from 1.15 to 26.25. At the genetic distance of 12.50, the tested varieties were divided into 5 groups: there were 17 varieties in Group I, and Group I were divided into 3 sub-groups at the genetic distance of 7.50. There was one variety in Group II, ShiH09-7075, whose grain weight per plant was 8.59 g, lower than that of other groups. There was one variety in Group III, Jun 2016, whose plant height was 50.67 cm, lower than that of other groups. There were five varieties in Group IV, including Heng 4568, Shannong 0911, Zhoumai 16 and so on, whose spike number per plant was 9.27, more than that of other

收稿日期:2023-04-06

基金项目:山西省重点研发计划项目(201903D211004-2);国家重点研发计划项目(2016YFD0101602);山西省农业科学院生物育种工程项目(17YZGC013)

作者简介:史晓芳(1985-),女,山西临汾人,助理研究员,主要从事小麦遗传育种研究工作。

通信作者:逯腊虎(1975-),男,山西临汾人,研究员,主要从事小麦遗传育种研究工作。

groups. There was one variety in Group V, Heng5011, whose plant height was 70.52 cm, higher than that of other groups.

Key words: K-type wheat maintainer lines; agronomic traits; genetic diversity; correlation analysis; cluster analysis

杂种优势为植物进化选择的结果,在作物育种以及生产环节中得到了广泛应用^[1]。国内外大量研究证实,利用小麦杂种优势是实现小麦稳产增产的重要途径^[2],种植小麦杂交种可大幅度提高小麦单位面积产量、改善小麦蛋白质和淀粉含量等品质特性^[3-4]。MUKAI等^[5]最早育成粘果山羊草(*Aegilops kotschy*)细胞质雄性不育系,简称K型不育系。K型小麦细胞质不育系是有应用潜力的理想不育类型^[6],在小麦杂种优势利用研究中占有一席之地^[7]。为了更好地利用K型小麦细胞质雄性不育系,何蓓如等^[8]又通过杂交、回交多年选育,在1BL/1RS(小麦-黑麦异代换系和异易位系)保持系中导入斯卑尔脱小麦的染色体片段,选育出非1BL/1RS类型,解决了单倍体出现频率高及品种欠佳等问题^[9]。研究表明,非1BL/1RS类型K型不育系具有易恢复、易保持、农艺性状优良等优点^[10];恢复基因不仅存在恢复系中,也存在保持系中^[11-12]。齐智等^[13]对K型小麦育性恢复基因的遗传特点及育性稳定性进行了研究,结果表明,K型小麦雄性不育性以主基因遗传为主,同时受多基因和环境的影响。蔡健等^[14]对21个K型小麦保持系品种进行了遗传多样性研究,把21个保持系品种划分为6个类群,并把系谱来源不清的品种划分到相应的杂种优势群。

有关小麦K型不育系育性恢复的遗传机理已有较多的报道^[15-17],但目前对非1BL/1RS类型K型不育系保持系品种的研究还不系统深入^[18]。基于此,本研究对K型小麦不育系RS53A^[19]的保持系品种(系)主要农艺性状间的差异性、相关性、遗传距离进行统计分析,旨在了解这些保持系品种的亲缘关系远近和品种间遗传差异,有望为合理利用小麦K型保持系品种(系)提供一定的理论依据。

1 材料和方法

1.1 试验品种

小麦K型雄性不育系是改良系RS53A,测交所用的父本品种来源于山西农业大学小麦研究所杂优课题组收集保存的种质资源。恢复度以F₁自交结实率表示。自交结实率计算方法分为国内法和国际法,根据国内法恢复度的大小分为5个等级:全可育,恢复度在80%以上;高可育,恢复度50%~80%;半不育,恢复度20%~50%;高不育,恢复度0~20%;全不育,恢复度为0^[20]。依据这种方法,选取测交鉴定结果保持度在0~20%的父本品种25份为研究对象,包括全不育品种16份、高不育品种9份,父本品种见表1。

表1 K型不育系测交组合的自交结实率及保持度分级
Tab.1 Self-setting rate and retention grade of test cross combinations of K-type male sterile lines %

序号	Number	测交组合	Testcross combination	国内法	National	国际法	International	保持度分级	Retention rating
1		KRS53A/衡4568		0		0		Cs	
2		KRS53A/华育116		0		0		Cs	
3		KRS53A/华育198		0		0		Cs	
4		KRS53A/浚2016		0		0		Cs	
5		KRS53A/平安9号		0		0		Cs	
6		KRS53A/山农0911		0		0		Cs	
7		KRS53A/石H09-7075		0		0		Cs	
8		KRS53A/徐麦9169		0		0		Cs	
9		KRS53A/许科316		0		0		Cs	
10		KRS53A/益科麦5号		0		0		Cs	
11		KRS53A/众麦998		0		0		Cs	
12		KRS53A/周麦16		0		0		Cs	
13		KRS53A/周麦18		0		0		Cs	
14		KRS53A/周麦22		0		0		Cs	
15		KRS53A/周麦30		0		0		Cs	
16		KRS53A/周麦32		0		0		Cs	

续表1 K型不育系测交组合的自交结实率及保持度分级
 Tab.1(Continued) Self-setting rate and retention grade of test cross combinations of K-type male sterile lines %

序号	Number	测交组合	Testcross combination	国内法	National	国际法	International	保持度分级	Retention rating
17		KRS53A/衡5011		0.43		0.43		Hs	
18		KRS53A/豫安x208		0.48		0.95		Hs	
19		KRS53A/周麦27		2.65		5.75		Hs	
20		KRS53A/存麦8号		4.7		18.38		Hs	
21		KRS53A/邢麦11		5.05		16.51		Hs	
22		KRS53A/聊麦19		8.65		15.87		Hs	
23		KRS53A/硬早2018		11.11		17.13		Hs	
24		KRS53A/泰山4606		17.12		36.94		Hs	
25		KRS53A/石H083-366		17.44		37.21		Hs	

注:Cs全不育;Hs高不育。

Note: Cs. Complete sterility; Hs. High sterility.

1.2 试验方法

试验于2020—2022年度在山西临汾市山西农业大学小麦研究所内试验田进行,2020年10月5日和2021年10月6日种植父本品种25份,试验品种设为双行区,宽窄行,宽行25 cm,窄行23 cm,行长2 m,株距5 cm。栽培管理措施同常规大田。

1.3 测定项目及方法

在小麦收获期,2020年6月12号和2021年6月13日,每份保持系品种在田间选取20个单株收获,进行室内考种,测定株高、穗长、单株穗数、单株粒数、每穗粒数、单株粒质量、千粒质量等7个性状。

1.4 数据分析

以2a试验的25个保持系品种的7个农艺性状平均数,作为原始数据,运用Excel 2003和IBM SPSS Statistics 24.0软件包对试验数据进行农艺性状间的差异比较、相关性分析和聚类分析^[21]。

自交结实率(国内法)=基部结实粒数/(小穗数×2)×100%^[22]

(1)

自交结实率(国际法)=总结实粒数/(小穗数×2)×100%^[23]

(2)

2 结果与分析

16个组合的国内法和国际法的自交结实率均为0,这些组合包括KRS53A/衡4568、KRS53A/华育116、KRS53A/华育198和KRS53A/浚2016等,其恢复度为0,表现为全不育。9个组合的国内法的自交结实率为0.43%~17.44%,这些组合包括KRS53A/衡5011、KRS53A/豫安x208和KRS53A/周麦27等,表现为高不育。对25个保持系品种(系)的7个农艺性状间进行了差异性、相关性和系

统聚类分析。

2.1 供试品种农艺性状间的差异性

为了解供试品种的农艺性状表现和差异情况,对高不育和全不育品种7个农艺性状基本参数进行差异显著性分析。

2.1.1 株高 从表2可以看出,全不育品种的株高分布在50.67~70.17 cm,高不育品种的株高分布在59.42~70.52 cm,二者差异显著($P<0.05$)。全不育品种的标准差为4.89 cm,高不育品种标准差为3.40 cm。全不育品种的变异系数为7.97%,高不育品种的变异系数为5.31%。

2.1.2 穗长 由表2可知,全不育品种的穗长平均为8.49 cm,高不育品种的穗长平均为8.54 cm,二者差异不显著。全不育品种的标准差为0.75 cm,高不育品种的标准差为1.01 cm。全不育品种的变异系数(8.86%)低于高不育品种的变异系数(11.86%)。

2.1.3 千粒质量 从表2可以看出,全不育品种的千粒质量分布在34.56~48.81 g,高不育品种的千粒质量分布在39.34~47.84 g,二者差异不显著。全不育品种的变异系数为8.63%,高不育品种的变异系数为6.38%。

2.1.4 每穗粒数 由表2可知,全不育品种的每穗粒数平均为42.29粒,高不育品种的每穗粒平均为39.51粒,二者差异显著($P<0.05$)。全不育品种的标准差为3.09粒,高不育品种的标准差为4.33粒。全不育品种的变异系数比高不育品种小。

2.1.5 单株穗数 由表2可知,全不育品种的单株穗数为5.50~10.67,高不育品种的单株穗数分布在6.33~9.67,二者差异极显著($P<0.01$)。全不育品种的变异系数大于高不育品种的变异系数。

2.1.6 单株粒数 从表2可以看出,全不育品种的

单株粒数分布在 232.50~424.83 粒,高不育品种的 (P<0.05)。全不育品种的变异系数为 18.28%,高不育品种的变异系数为 13.39%。

表 2 保持系品种 7 个农艺性状的表现及变异
Tab.2 Performance and variation of 7 agronomic traits of maintainer lines

品种 Variety	参数 Parameter	株高/cm Plant height	穗长/cm Spike length	千粒质量/g 1000-grain weight	每穗粒数 Grain number per spike	单株穗数 Spike number per plant	单株粒数 Grain number per plant	单株粒质量/g Grain weight per plant
全不育品种 Complete sterility variety	最小值	50.67	7.08	34.56	36.34	5.50	232.50	8.59
	最大值	70.17	9.75	48.81	49.76	10.67	424.83	19.32
	均值	61.36 bA	8.49aA	42.26aA	42.29bA	7.00bB	292.67bA	12.41bA
	标准差	4.89	0.75	3.65	3.09	1.45	53.50	2.62
	CV/%	7.97	8.86	8.63	7.31	20.73	18.28	21.07
高不育品种 High sterility variety	最小值	59.42	7.25	39.34	34.53	6.33	238.67	9.97
	最大值	70.52	10.85	47.84	48.19	9.67	368.33	17.64
	均值	64.06aA	8.54aA	42.39aA	39.51aA	7.52aA	294.83aA	12.55aA
	标准差	3.40	1.01	2.70	4.33	1.05	39.48	2.79
	CV/%	5.31	11.86	6.38	10.95	14.00	13.39	22.22
全部品种 All materials	最小值	50.67	7.08	34.56	34.53	5.50	232.50	8.59
	最大值	70.52	10.85	48.81	49.76	10.67	424.83	19.32
	均值	62.34	8.51	42.31	41.29	7.19	293.45	12.46
	标准差	4.44	0.82	3.17	3.76	1.32	48.97	2.57
	CV/%	7.12	9.61	7.49	9.12	18.37	16.69	20.61

注:不同大写字母表示品种间性状差异达到 0.01 极显著水平,不同小写字母表示品种间性状差异达到 0.05 显著水平。

Note: Different capital letters indicated extremely significant difference at 0.01 levels, different small letters indicated significant difference at 0.05 levels.

2.1.7 单株粒质量 由表 2 可知,全不育品种的单株粒质量为 8.59~19.32 g,高不育品种的单株粒质量为 9.97~17.64 g,二者差异显著(P<0.05)。全不育品种的变异系数为 21.07%,高不育品种的变异系数为 22.22%。

从表 2 可以看出,25 份保持系品种的 7 个农艺性状的变异系数依次为:单株粒质量(20.61%)>单株穗数(18.37%)>单株粒数(16.69%)>穗长

(9.61%)>每穗粒数(9.12%)>千粒质量(7.49%)>株高(7.12%),说明 25 份保持系品种在单株粒质量、单株穗数、单株粒数等性状上具有较大的变异潜力。

2.2 供试品种农艺性状间的相关性

相关系数反映出性状之间的依存程度如表 3 所示。

表 3 7 个农艺性状间的相关性分析
Tab.3 Correlation analysis among 7 agronomic traits

农艺性状 Agronomic trait	株高 Plant height	穗长 Spike length	千粒质量 1000-grain weight	每穗粒数 Grain number per spike	单株穗数 Spike number per plant	单株粒数 Grain number per plant
穗长 Spike length	0.269*					
千粒质量 1000-grain weight	-0.168	-0.143				
每穗粒数 Grain number per spike	-0.214*	0.278*	-0.124			
单株穗数 Spike number per plant	0.150	0.035	0.119	-0.399*		
单株粒数 Grain number per plant	-0.060	0.211*	0.104	0.037	0.577**	
单株粒质量 Grain weight per plant	-0.154	0.129	0.371*	0.010	0.522**	0.732**

注:*和**分别表示显著和极显著水平。

Note: * and ** represented significant and extremely significant levels, respectively.

从表 3 可以看出,有 3 对性状表现出极显著正相关,分别是单株粒数与单株粒质量相关系数为

0.732,单株穗数与单株粒数相关系数为0.577、单株穗数和单株粒质量相关系数为0.522,这就表示单株粒数增加时,单株粒质量会极显著增加($P < 0.01$),单株穗数增加时单株粒数和单株粒质量也会极显著增加($P < 0.01$)。有4对性状呈显著正相关,分别是千粒质量与单株粒质量相关系数为0.371,株高与穗长相关系数为0.269,穗长与每穗粒数和单株粒数相关系数分别为0.278、0.211。株高与每穗粒数相关系数为-0.214,每穗粒数与单株穗数相关系数为-0.399,这2对性状呈显著负相关,说明二者是显著制约的关系。有5对性状表现出不显著的负相关,说明二者有制约的关系,分别是株高与千粒质量、株高与单株粒数、株高与单株粒质量、穗长与千粒质量、千粒质量与每穗粒数。因此,在利用K型保持系品种(系)进行组合配置和杂种后代选择时,要特别注意每穗粒数和单株穗数,株高和每穗粒数之间的关系,选育出强优势组合。

2.3 供试品种农艺性状的系统聚类

对25份保持系品种农艺性状使用平均联接(组间)的系谱法,进行系统聚类分析,结果如图1所示,25份K型小麦保持系品种的遗传距离变化范围为1.15~26.25。高不育品种衡5011与全不育品种华育116、周麦22之间的遗传距离最大为25.1,保持系品种间遗传距离变幅较大,说明品种间遗传多样性丰富,划分结果显示全不育和高不育品种并没有全部分开,说明2种材料之间具有很大的遗传相似性。在遗传距离为12.50处,将25份供试品种分为5个类群。第I类群的17份品种占供试品种的68%。全不育品种有10份聚在这个类群。第I类群品种在遗传距离7.50处,将17份品种分为3个亚类,第I亚类(I1)11个品种包括华育116、豫安x208、周麦22、周麦27、华育198等,全不育品种有

5份聚在这个类群。由表4可知,第1亚类品种平均株高为61.65 cm,穗长为8.03 cm,千粒质量为41.38 g,每穗粒数为39.56粒。从图1和表4可以看出,第2亚类(I2)1个全不育品种为平安9号,株高为60.83 cm,穗长为8.42 cm,千粒质量(48.81 g)与其他类群相比最高,单株粒质量为11.24 g。第3亚类(I3)5个品种,包括许科316、周麦32、周麦30、存麦8号、徐麦9169,全不育品种有4个聚在这个类群,高不育品种有1个,为存麦8号。第3亚类品种平均株高为61.92 cm,穗长为9.17 cm,千粒质量为41.31g,每穗粒数(46.63粒)高于其他类群。从表4可以看出,第I类群的17个品种,平均株高为61.68 cm,穗长为8.38 cm,千粒质量为41.8 g,每穗粒数为39.15粒,单株穗数为6.65个,单株粒数为271.52粒,单株粒质量为11.29 g。由图1可知,第II类群1个品种为全不育品种(石H09-7075),占供试品种的0.04%,由表4可知,II类群品种的株高为69.75 cm,穗长为8.25 cm,千粒质量最低(34.56 g),每穗粒数为43.59粒,单株粒数为247.33粒,单株粒质量(8.59 g)低于其他类群。第III类群1个品种为全不育品种浚2016,株高(50.67 cm)低于其他类群,穗长为7.50 cm,千粒质量(47.85 g)高于其他类群,单株粒数和单株粒质量分别为263.33粒和12.58 g。从图1可以看出,第IV类群的5个品种,包括衡4568、山农0911、周麦16、邢麦11、周麦18,占供试品种20%,高不育品种有1个(邢麦11)。从表4可以看出,该类群平均株高为63.78 cm,穗长为8.72 cm,每穗粒数为39.52粒,单株穗数(9.27个)多于其他类群。第V类群衡5011为高不育品种,单独聚为一群,株高(70.52 cm)高于其他类群,单株粒数和单株粒质量分别为368.33粒和17.64 g,明显高于其他4个类群。聚类结果与系谱分析较一致。

表4 各类群小麦农艺性状的平均值
Tab.4 The average value of agronomic traits in different clusters

指标 Index	I 1	I 2	I 3	I	II	III	IV	V
数量/份 Quantity	11	1	5	17	1	1	5	1
株高/cm Plant height	61.65	60.83	61.92	61.68	69.75	50.67	63.78	70.52
穗长/cm Spike length	8.03	8.42	9.17	8.38	8.25	7.50	8.72	10.85
千粒质量/g 1000-grain weight	41.38	48.81	41.31	41.80	34.56	47.85	43.40	47.84
每穗粒数 Grain number per spike	39.56	36.34	46.63	39.15	43.59	43.89	39.52	42.57
单株穗数 Spike number per plant	7.03	6.50	5.83	6.65	5.67	6.00	9.27	8.67
单株粒数 Grain number per plant	276.18	232.50	269.07	271.52	247.33	263.33	368.27	368.33
单株粒质量/g Grain weight per plant	11.38	11.24	11.12	11.29	8.59	12.58	16.15	17.64

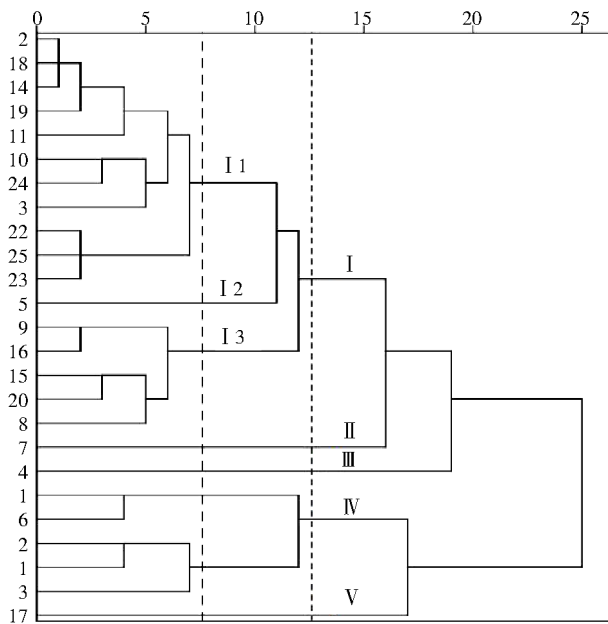


图1 农艺性状系统聚类
Fig.1 Clustering map of agronomic traits

3 结论与讨论

对K型小麦不育系RS53A的保持系品种农艺性状表现和变异参数差异统计分析,是为了明确这些保持系品种的特征特性,进而为在配制组合时,亲本性状互补,最终能让每份保持系品种的优势得到最好的发挥^[24]。本研究发现,小麦K型不育系保持系的全不育和高不育品种的7个重要农艺性状,除穗长和千粒质量性状外,在其余性状上差异显著或极显著,说明这些品种的遗传多样性比较丰富。7个农艺性状的变异系数最小值为7.12%,最大值为20.61%。单株粒数变异系数为16.69%、单株穗数变异系数为18.37%、单株粒质量变异系数为20.61%,表明这些品种在这几个性状上具有较大的变异潜力。

小麦品种各个性状间存在着相互联系和制约,做到各因素间的协调一致,这样才能获得高产稳产的保持系小麦品种^[25]。相关性分析结果显示,单株穗数与单株粒数、单株穗数与单株粒质量以及单株粒数与单株粒质量是3对具有极显著正相关性的性状,说明单株穗数增加时单株粒数和单株粒质量会极显著增加。株高与穗长相关系数达显著正相关,说明当株高增加,穗长变长。穗长与每穗粒数和单株粒数分别呈显著正相关,这与李龙等^[26]的研究结果部分相似。株高与每穗粒数、每穗粒数与单株穗数呈显著负相关,说明二者是制约的关系,这与张彬等^[27]的研究结果较一致。在保持系亲本品

种配制组合时,要特别注意株高和每穗粒数、每穗粒数和单株穗数之间的选择,这样有利用选育出优势互补组合。

通过对小麦保持系品种农艺性状进行聚类分析,在一定程度上反映了25份保持系品种间的亲疏关系。25份K型小麦保持系品种的遗传距离变化范围为1.15~26.25,高不育品种衡5011与全不育品种华育116、周麦22之间的遗传距离最大为25.1。在遗传距离为12.50处,成功地将25份品种划分为5个类群。划分结果高不育品种和全不育品种并未全部分开,说明二者遗传具有相似性。聚类分析结果与系谱分析基本一致,聚类分析结果对于指导现有保持系利用及新保持系组合配置具有指导意义。

本试验仅是通过农艺性状遗传多样性、相关性和聚类分析,对K型小麦保持系品种(系)间的遗传变异进行了研究,今后应结合分子标记技术对农艺性状分子机理进行研究,对比分析农艺性状的聚类结果与分子标记遗传构成聚类的异同,以便更精准、全面的指导小麦不育系和保持系品种的组配、选育,更好的提高K型小麦的杂种优势利用研究。

参考文献:

- [1] 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): 66-73.
CHEN X J, YANG B A, FAN J L, et al. Advances in utilization of heterosis in wheat[J]. Seed, 2022, 41(1): 66-73.
- [2] 赵吉平,任杰成,郭鹏燕,等. 我国小麦育种方向创新与实践分析[J]. 山西农业科学, 2019, 47(1): 139-142.
ZHAO J P, REN J C, GUO P Y, et al. Innovation and practice analysis of wheat breeding direction in China[J]. Journal of Shanxi Agricultural Sciences, 2019, 47(1): 139-142.
- [3] 赵昌平. 中国杂交小麦研究现状与趋势[J]. 中国农业科技导报, 2010, 12(2): 5-8.
ZHAO C P. Status and trends of hybrid wheat research in China [J]. Journal of Agricultural Science and Technology, 2010, 12(2): 5-8.
- [4] 李振声. 我国小麦育种的回顾与展望[J]. 中国农业科技导报, 2010, 12(2): 1-4.
LI Z S. Retrospect and prospect of wheat breeding in China[J]. Journal of Agricultural Science and Technology, 2010, 12(2): 1-4.
- [5] MUKAI Y, TSUNEWAKI K. Basic studies on hybrid wheat breeding: VIII. A new male sterility-fertility restoration system in common wheat utilizing the cytoplasm of *Aegilops kotschy* and *Ae. variabilis*[J]. Theoretical and Applied Genetics, 1979, 54(4): 153-160.
- [6] 刘保申,孙其信,高庆荣,等. K型小麦细胞质雄性不育系育性恢复基因的SSR分子标记分析[J]. 中国农业科学, 2002, 35(4): 354-358.
LIU B S, SUN Q X, GAO Q R, et al. Mapping of fertility restoring gene for *Aegilops kotschy* cytoplasmic male sterility in wheat using SSR markers[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2002, 35(4): 354-358.

- [7] 张爱民,刘冬成,聂秀玲,等. 杂种小麦育种战略[J]. 中国农业科技导报,2002,4(5):42-48.
ZHANG A M, LIU D C, NIE X L, et al. Strategies for hybrid wheat breeding[J]. Journal of Agricultural Science and Technology, 2002, 4(5):42-48.
- [8] 何蓓如. 一种选育小麦雄性不育保持系和不育系的方法: CN1042288C[P]. 1999-03-03.
HE B R. Method for selectively cultivating male sterility maintainer lines and male sterility lines of wheat: CN1042288C[P]. 1999-03-03.
- [9] 宋喜悦,方鹏,马翎健,等. 非1B/1R类型和1B/1R类型小麦K型雄性不育系比较研究[J]. 西北农林科技大学学报,2002,30(1):1-4.
SONG Y X, FANG P, MA L J, et al. A comparative study on K-type male sterile lines of non-1B/1R and 1B/1R wheat[J]. Journal of Northwest A&F University, 2002, 30(1):1-4.
- [10] 曾俊莉,拉拉古丽,钱焕焕,等. K型小麦雄性不育系育性恢复及产量相关性状分析[J]. 麦类作物学报,2013,33(3):461-465.
ZENG J L, LA L, QIAN H H, et al. Analysis on restoration of fertility and the main related yield-characters for K-type male sterile line[J]. Journal of Triticeae Crops, 2013, 33(3):461-465.
- [11] 邱玉亮,谢三刚,任文斌,等. K型和F型小麦雄性不育系的恢复关系[J]. 分子植物育种,2021,19(15):5213-5220.
QIU Y L, XIE S G, REN W B, et al. The restoring and maintaining characteristic among K-type and F-type wheat male sterile lines[J]. Molecular Plant Breeding, 2021, 19(15):5213-5220.
- [12] 李燕红,高世庆,任扬,等. 小麦核质互作杂交种农艺性状和籽粒性状的杂种优势分析[J]. 麦类作物学报,2021,41(10):1228-1237.
LI Y H, GAO S Q, REN Y, et al. Heterosis analysis on agronomic traits and grain traits of nucleus-cytoplasmic hybrid wheat[J]. Journal of Triticeae Crops, 2021, 41(10):1228-1237.
- [13] 齐智,石晓艺,蒙立颖,等. K型雄性不育小麦育性恢复基因的遗传特点及育性稳定性研究[J]. 中国农业大学学报,2015,20(4):12-18.
QI Z, SHI X Y, MENG L Y, et al. Genetic characteristics and stability of fertility restoration genes of K-cytoplasmic male sterile wheat[J]. Journal of China Agricultural University, 2015, 20(4):12-18.
- [14] 蔡健,程士刚,范海燕,等. 小麦K-CMS保持系主要农艺性状的聚类分析[J]. 中国农学通报,2016,32(21):58-61.
CAI J, CHENG S G, FAN H Y, et al. Cluster analysis of main agronomic characters of wheat maintainer line for K-type cytoplasm male sterility (CMS) [J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2016, 32(21):58-61.
- [15] 詹克慧,程静,崔党群,等. 小麦K型不育系育性恢复基因的遗传分析[J]. 作物学报,2006,32(6):873-877.
ZHAN K H, CHENG J, CUI D Q, et al. Genetic analysis of fertility restoring genes for male sterile line with *ae.kotschyi* cytoplasm in wheat (*Triticum aestivum*(L.) thell.) [J]. Acta Agronomica Sinica, 2006, 32(6):873-877.
- [16] 翟晓光,辛芳,韩玉翠,等. K型小麦雄性不育系绒毡层结构变化及相关基因的表达分析[J]. 麦类作物学报,2018,38(12):1400-1407.
ZHAI X G, XIN F, HAN Y C, et al. Change of tapetum structure and related gene expression in K-type male sterile wheat [J]. Journal of Triticeae Crops, 2018, 38(12):1400-1407.
- [17] 马翎健,陈亚鹏,宋喜悦,等. T.spelta 1BS染色体对K型小麦不育系及保持系的效应研究[J]. 西北农业学报,2006,15(5):25-28.
MA L J, CHEN Y P, SONG X Y, et al. Research on the effect of *t.spelta* 1BS chromosome to K wheat male-sterile lines and maintenance lines[J]. Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica, 2006, 15(5):25-28.
- [18] 闫鹏娇,齐智,石晓艺,等. 小麦K-CMS保持系1BL/1RS和非1BL/1RS核型的鉴定及育性保持基因的效应分析[J]. 麦类作物学报,2016,36(2):136-144.
YAN P J, QI Z, SHI X Y, et al. Identification of 1BL/1RS and Non 1BL/1RS type of the restorer lines and the effect of restoring gene in K-type cytoplasmic male sterility lines of wheat[J]. Journal of Triticeae Crops, 2016, 36(2):136-144.
- [19] 张伟,张婷,袁凯,等. K型不育系RS53A育性恢复研究及杂种优势分析[J]. 麦类作物学报,2020,40(12):1448-1454.
ZHANG W, ZHANG T, YUAN K, et al. Study on restoration of fertility and heterosis of K-type male sterile lines RS53A[J]. Journal of Triticeae Crops, 2020, 40(12):1448-1454.
- [20] 郭艳萍,程海刚,张改生,等. 粘类小麦CMS育性基因分布区研究[J]. 麦类作物学报,2011,31(6):1007-1013.
GUO Y P, CHENG H G, ZHANG G S, et al. Studies on distribution of fertility genes for male sterile lines with *Aegilops* cytoplasm in wheat[J]. Journal of Triticeae Crops, 2011, 31(6):1007-1013.
- [21] 魏良明,曹丽茹,叶飞宇,等. 玉米亲本自交系及杂交种机械粒收质量相关指标分析[J]. 河南农业科学,2023,52(4):31-41.
WEI L M, CAO L R, YE F Y, et al. Analysis of mechanical grain harvest quality related indexes of maize parental inbred lines and hybrids[J]. Journal of Henan Agricultural Sciences, 2023, 52(4):31-41.
- [22] 高庆荣,孙兰珍,刘保申,等. K、V型小麦雄性不育恢复系轮回选择的研究Ⅱ. 恢复度的轮回选择效应[J]. 麦类作物学报,2001,21(2):1-5.
GAO Q R, SUN L Z, LIU B S, et al. Study on recurrent selection for breeding restorer of K V-cytoplasm male sterility in II. regulation selection for restoring degree[J]. Journal of Triticeae Crops, 2001, 21(2):1-5.
- [23] 苑少华,段文静,白建芳,等. F型小麦雄性不育系恢复性研究[J]. 麦类作物学报,2018,38(6):654-660.
YUAN S H, DUAN W J, BAI J F, et al. Study on restoration of F-type wheat male sterile line[J]. Journal of Triticeae Crops, 2018, 38(6):654-660.
- [24] 史晓芳,逮腊虎,张伟,等. K型小麦恢复系主要农艺性状的相关性及聚类分析[J]. 陕西农业科学,2022,68(2):6-11.
SHI X F, LU L H, ZHANG W, et al. Correlation and cluster analysis of main agronomic characters of restoration line of K-type in wheat[J]. Shaanxi Journal of Agricultural Sciences, 2022, 68(2):6-11.
- [25] 王伟,郭新城,王伟伟,等. 黑龙江流域旱地小麦产量及相关性状的遗传相关分析[J]. 作物杂志,2020,34(1):40-43,75.
WANG W, GUO X C, WANG W W, et al. Genetic correlation analysis for the yield and related characters of the dry land wheat in Heilonggang Basin[J]. Crops, 2020, 34(1):40-43,75.
- [26] 李龙,李宝强,刘飞,等. 临麦4号主要经济性状的关联与通径分析[J]. 安徽农业科学,2018,46(16):47-50.
LI L, LI B Q, LIU F, et al. Correlation and path analysis of the major economic traits of Linmai 4[J]. Journal of Anhui Agricultural Sciences, 2018, 46(16):47-50.
- [27] 张彬,李金秀,王震,等. 小麦主要农艺性状的相关性及聚类分析[J]. 作物杂志,2018(3):57-60.
ZHANG B, LI J X, WANG Z, et al. Correlation and cluster analysis of agronomic traits in wheat lines[J]. Crops, 2018(3):57-60.