

405 份 CIMMYT 引进小麦种质的遗传多样性分析

张一铎, 胡立芹, 张 明, 张 超, 王洪刚

(山东农业大学作物生物学国家重点实验室, 泰安 271018)

摘要: 为了明确国际玉米改良中心(CIMMYT)引进普通小麦种质材料的遗传多样性特点, 为其利用提供参考依据, 本研究从均匀分布于小麦基因组的 420 对 SSR 引物中选择出条带清晰、多态性较好的 62 对引物对引自 CIMMYT 的 405 份普通小麦种质系进行遗传多样性检测。结果表明, 62 对 SSR 引物在 405 份 CIMMYT 材料中共检测到 198 个等位变异, 每对引物检测到等位变异的数目为 2~8 个, 平均每对 SSR 引物能够检测到 3.19 个等位变异。单个 SSR 引物的 PIC 值介于 0.03~0.79 之间, 平均值 0.48。405 份 CIMMYT 材料 A、B、D 基因组之间多态性位点数和等位变异数相差不大, PIC 平均值 B 基因组(0.53) > A 基因组(0.52) > D 基因组(0.39)。聚类分析结果显示, 62 对 SSR 引物能够将 405 份 CIMMYT 材料区分开来, 在 0.1285 遗传距离处将供试材料分为 24 个类群, 类型较为丰富, 不同类群的材料在农艺性状和品质性状上存在差异。

关键词: 小麦种质资源; 遗传多样性; SSR 标记

Genetic Diversity of 405 Wheat Lines from CIMMYT

ZHANG Yi-duo, HU Li-qin, ZHANG Ming, ZHANG Chao, WANG Hong-gang

(State Key Laboratory of Crop Biology, Shandong Agricultural University, Taian 271018)

Abstract: In order to take full advantage of common wheat from CIMMYT, the genetic diversity of 405 wheat lines was analyzed by 62 SSR polymorphic markers with clear SSR products, selected from 420 SSR markers evenly distributed in wheat genome. A total of 198 alleles were identified and 2-8 alleles were identified by each marker, with an average of 3.19. The PIC value of each marker ranged from 0.03 to 0.79, with an average of 0.48. Among the 405 CIMMYT lines, both the polymorphic site number and average allele number of A, B and D genome were close. The mean PIC value of B genome was the highest while the D genome was the lowest. These lines were clustered into 24 groups when genetic distance was 0.1285. Significant differences of the major agronomic and quality traits were observed among groups.

Key words: wheat germplasm; genetic diversity; SSR marker

小麦是全球主要的粮食作物之一, 提供全人类 20% 的热量^[1], 在世界上广泛分布。然而, 由于近年来在育种中利用的亲本来源较为单一^[2], 导致育成品种的遗传相似性增加, 适应性降低, 产量、品质和抗性也少有突破性进展, 限制了小麦生产水平的进一步提高。加强小麦种质资源研究, 丰富小麦育种的基因资源, 对于拓宽育成品种的遗传基础, 促进小麦育种水平的提高具有重要意义。

从国际玉米小麦改良中心(CIMMYT, International Maize and Wheat Improvement Center)引进的小麦种质对我国小麦产量、品质和抗病性改良具有重要利用价值。张勇等^[3]的研究表明, 从 CIMMYT 引进的小麦种质单株穗数和穗粒数较多, 在我国春麦区具有广泛的适应性, 与国内小麦品种相比具有更高的产量优势。韩焘等^[4]研究发现, 从 CIMMYT 引进的小麦种质中含有丰富的对我国小麦叶锈病小

收稿日期: 2014-09-22 修回日期: 2014-10-28 网络出版日期: 2015-08-04

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20150804.1123.018.html>

基金项目: “十二五”国家科技支撑计划(2013BAD01B02-8)

第一作者主要从事小麦遗传育种研究。E-mail: yz_sdau@126.com

通信作者: 王洪刚, 主要从事小麦遗传育种研究。E-mail: hgwang@sdau.edu.cn

种有效的苗期和成株期抗性基因。袁虹霞等^[5]分析了 CIMMYT 小麦种质对菲利普孢囊线虫 (*Heterodera filipjevi*) 河南许昌群体的抗性,发现部分材料表现出较好且稳定的抗性,并且有些材料可能含有新的抗禾谷孢囊线虫病 (CCN, cereal cyst nematode) 基因。SSR 标记已广泛应用于植物遗传多样性分析,水稻^[6]、高粱^[7]、棉花^[8]等作物中均有相关报道。小麦中,李瑞奇等^[9]利用 79 个 SSR 标记分析了 87 个河北省冬小麦品种的遗传多样性,得出河北省冬小麦品种遗传多样性较低的结论。董宏图等^[10]利用 SSR 标记对 34 份一粒小麦的遗传多样性进行了分析,认为供试材料中存在较为丰富的遗传变异。

本实验室从 CIMMYT 引进了 405 份普通小麦种质材料,初步研究结果表明这些材料具有较好的营养和加工品质、大穗、多花多实等特点,并且对白粉病和叶锈病表现出较好的抗性。本研究利用 SSR 标记技术对其遗传多样性进行分析,以期明确供试材料的遗传多样性特点,为有效利用这些种质资源提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

从 CIMMYT 引进的 405 份不同小麦种质系 (表 1),均为 CIMMYT 利用普通小麦材料经单交或复合杂交方法,从杂种后代选育的高代稳定品系,于 2012 年 10 月种植于山东农业大学农学实验站,采用常规大田种植管理。

1.2 农艺性状调查

根据 F. Cui 等^[11-12]的方法对供试材料的株高、每穗小穗数、穗长、千粒重、单株穗数、穗粒数等主要农艺性状进行调查。

1.3 品质性状检测

使用近红外分析仪 DA7200 对供试材料子粒的容重、硬度指数、粗蛋白含量、湿面筋含量、沉降值、面团稳定时间、形成时间、吸水率和出粉率等主要品质指标进行检测^[13]。

1.3 基因组 DNA 提取

供试材料基因组总 DNA 提取参照 J. J. Doyle 等^[14]的 CTAB 法,经超微量紫外分光光度计测定质量和浓度,加 ddH₂O 稀释至 100 ng/μL 保存于 -20℃ 冰箱中备用。

1.4 SSR 标记分析

选择均匀分布于小麦 21 对染色体的 420 对 SSR 引物,对随机选取的 24 份供试小麦材料基因组

DNA 进行扩增。根据扩增产物的电泳结果,选择扩增条带清晰、多态性好的 SSR 引物对全部供试材料的基因组 DNA 进行遗传多样性检测。

SSR 引物的选择参考 Graingenes (<http://wheat.pw.usda.gov>),由上海生工生物工程公司合成。使用 BIO-RID T100™ Thermal Cycler PCR 仪进行 PCR 反应。PCR 反应体系为 10 μL,包括 DNA 模板 1 μL,引物 1 + 1 μL,2 × Mix 5 μL,ddH₂O 2 μL。反应程序采用降落 PCR (Touchdown PCR)^[15]。扩增产物经 8% 非变性聚丙烯酰胺凝胶 100 V 稳压电泳 3.5 h 后,利用银染法显色,使用 Tanon Gis-2010 凝胶成像仪拍照记录后统计条带。

1.5 数据统计分析

根据带型,有扩增条带记为“1”,无条带记为“0”,统计电泳结果,存放于 Excel 文件中,计算各引物的等位变异数和多态性信息量 (PIC, polymorphic information content),并根据电泳结果,用 PowerMarker V3.25 软件按照非加权组平均法 (UPGMA) 对 405 份 CIMMYT 材料进行聚类分析。PIC 计算公式为:

$$PIC = 1 - \sum_{j=1}^i P_{ij}^2$$

式中 P_{ij} 表示位点 i 的第 j 个等位变异出现的频率。PIC 值的大小在 0 ~ 1 之间,0 表示无多态性,1 表示具有非常高的多态性。

结合聚类结果,使用 SPSS 对供试材料的主要农艺性状进行 F 检验,并使用 Excel 计算不同类群材料主要农艺性状和品质指标的平均值,以及类群平均值的极差和多样性指数。Shannon-Weaver 多样性指数 (H):

$$H = - \sum_{i=1}^n P_i \ln P_i$$

其中, n 为某一性状表型级别的数目, P_i 为某一性状第 i 级别内材料份数占总数的百分比。

2 结果与分析

2.1 SSR 标记的多态性

从均匀分布于小麦 21 对染色体的 420 个标记引物中,共筛选出 62 对条带清晰、多态性较好的引物 (表 1)。62 对 SSR 引物在 405 份 CIMMYT 材料中共检测到 198 个等位变异。每对引物检测到等位变异的数目为 2 ~ 8 个,平均每对 SSR 引物能够检测到 3.19 个等位变异。等位变异最丰富的引物为 Xgdm33,能够检测到 8 个等位变异 (图 1)。引物 BARC213 能够检测到 6 个等位变异, Xwmc170、

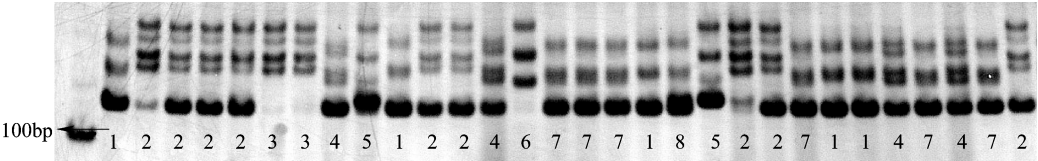
Xwmc622、Xwmc720、BARC004、Xgwm400 能够检测到 5 个等位变异,Xgwm99、Xwmc661、Xgwm261、Xgwm389、Xwmc623、Xgdm8、Xgdm72、BARC071、Xgwm186、Xbarc216、BARC146、Xwmc517、BARC126 能

够检测到 4 个等位变异,这些引物在供试材料中具有较丰富的多态性。单个 SSR 引物的 *PIC* 值介于 0.03 ~ 0.79 之间,平均值为 0.48,其中 *PIC* 值最高的引物是 BARC213,最低的引物是 BARC093。

表 1 62 对 SSR 引物位点、等位变异数及 *PIC* 值

Table 1 The location, alleles number and *PIC* value of 62 SSR primers

引物 Primer	连锁群 Linkage group	等位变异数 Alleles number	<i>PIC</i> 值 <i>PIC</i> value	引物 Primer	连锁群 Linkage group	等位变异数 Alleles number	<i>PIC</i> 值 <i>PIC</i> value
Xgwm99	1A	4	0.71	Xgwm495	4B	3	0.32
BARC083	1A	2	0.50	Xgwm165	4D	2	0.59
BARC213	1A	6	0.79	Xwmc622	4D	5	0.78
BARC263	1A	2	0.48	Xwmc720	4D	5	0.69
BARC061	1B	3	0.67	Xwmc74	4D	2	0.15
BARC080	1B	2	0.49	Xgwm186	5A	4	0.58
BARC137	1B	3	0.64	BARC100	5A	3	0.47
BARC066	1D	2	0.17	Xgwm408	5B	3	0.52
Xwmc429	1D	2	0.38	Xgwm499	5B	3	0.56
Xgdm33	1D	8	0.72	BARC004	5B	5	0.75
Xwmc170	2A	5	0.53	Xbarc216	5B	4	0.52
Xbarc208	2A	2	0.46	Xgdm99	5D	2	0.09
Xgwm148	2B	3	0.43	BARC044	5D	3	0.43
Xwmc661	2B	4	0.35	BARC093	5D	3	0.03
Xbarc349	2B	3	0.61	Xgwm427	6A	2	0.78
Xgwm261	2D	4	0.54	BARC195	6A	3	0.24
Xgwm296	2D	3	0.42	Xwmc553	6A	2	0.36
Xgwm369	3A	3	0.38	Xgwm570	6A	3	0.27
BARC012	3A	3	0.63	Xgwm193	6B	3	0.15
Xwmc532	3A	2	0.41	Xgdm98	6D	3	0.47
Xbarc324	3A	2	0.57	BARC096	6D	2	0.06
Xgwm389	3B	4	0.49	BARC146	6D	4	0.69
Xgwm493	3B	3	0.53	Xwmc116	7A	2	0.43
Xwmc623	3B	4	0.68	BARC049	7A	2	0.44
Xbarc344	3B	3	0.57	Xgwm400	7B	5	0.54
Xgdm8	3D	4	0.67	BARC065	7B	2	0.48
Xgdm72	3D	4	0.07	Xwmc517	7B	4	0.72
BARC071	3D	4	0.51	BARC125	7D	3	0.08
Xwmc313	4A	2	0.48	BARC126	7D	4	0.4
BARC078	4A	3	0.69	BARC172	7D	3	0.28
BARC184	4A	2	0.45	平均 Average		3.19	0.48
Xbarc236	4A	3	0.73				



图中数字表示不同的等位变异类型
The numbers in the figure represent different allelic types

图 1 Xgdm33 的部分扩增结果
Fig.1 Partial amplification products by Xgdm33

2.2 供试材料基因组间遗传多样性

62 对 SSR 引物在供试材料 A、B、D 基因组中检测到的多态性位点数和等位变异数相差不大, A、B、D 基因组多态性位点数分别为 22、19 和 21 个, 平均等位变异数分别为 2.82、3.37 和 3.43 个。PIC 平均值 B 基因组(0.53) > A 基因组(0.52) > D 基因组(0.39), 其中 D 基因组与 A、B 基因组的 PIC 值差异较明显, 表明 D 基因组的多样性与 A、B 基因组相比较低。

2.3 供试材料的遗传多样性

聚类结果(图 2)显示, 供试的 405 份 CIMMYT 材料类型丰富, 62 对 SSR 引物能够将 405 份 CIMMYT 材料区分开来, 为使供试材料均匀分布, 避免过多供试材料聚集在同一类别内, 在 0.1285 遗传距离处将供试材料分为 24 个类群, 每个类群分别包括 2、1、2、3、1、5、3、10、2、2、47、75、4、2、41、1、5、28、108、3、8、30、19、3 个材料。

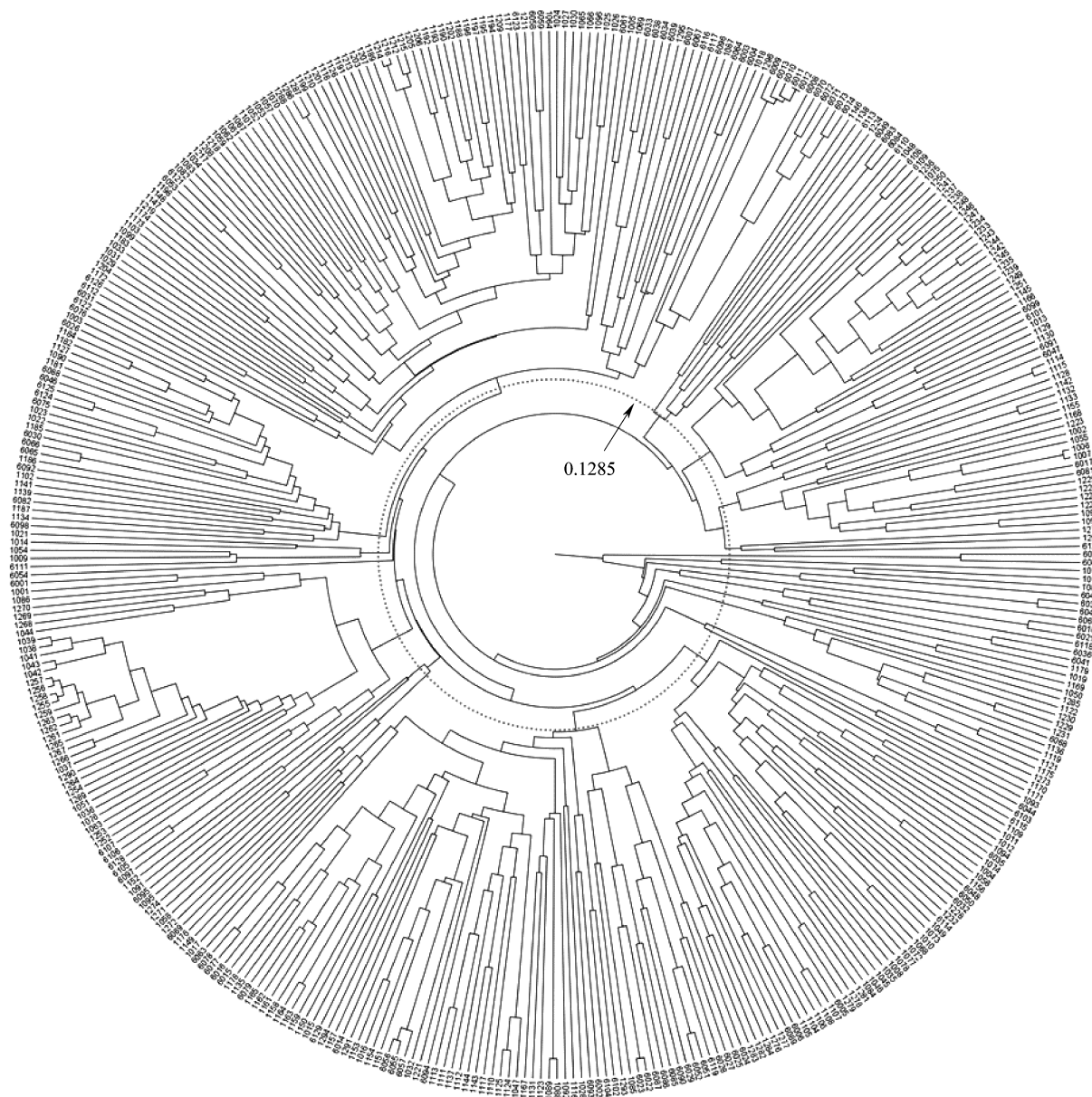


图 2 CIMMYT 材料聚类结果

Fig. 2 The cluster result of materials from CIMMYT

根据聚类结果统计各类群主要农艺性状和品质性状平均值(表 2, 表 3), 并计算类群间各主要性状的极差和多样性指数, 对各类群的主要性状的平均

值进行 F 检验。结果显示, 类群间主要农艺性状多样性指数(表 4)除小穗数/穗和穗粒数略低外, 其余性状的多样性指数均达到 1.73 以上, 其中穗长多样

性指数最高,达 1.91,其次是株高,达 1.87。*F* 检验结果(表 4)显示,类群间各主要农艺性状的差异均达到极显著水平,说明供试材料农艺性状变异丰富。从类群间主要农艺性状平均值的极差(表 4)同样显示不同的类群在农艺性状上存在差异,株高的变异范围达 11.31 cm,小穗数/穗变异范围达 5.90 个,穗长变异范围 3.67 cm,千粒重变异范围 11.47 g,单株穗数变异范围 5.89 个,穗粒数变异范围 5.23 粒。

类群间主要品质性状的多样性指数分析结果(表 5)显示,各品质性状的多样性指数较高,除容重

(1.76)外,均达到 1.83 以上,表现出较好的多样性。然而,*F* 检验结果(表 5)显示,仅容重、湿面筋含量、沉降值、形成时间和出粉率 5 个指标的类群间平均值差异达到了极显著水平,硬度指数、粗蛋白含量、稳定时间、吸水率 4 个指标差异不显著。极差分析(表 5)显示,类群间容重变异范围达 27.39 g/L,硬度指数 9.00,粗蛋白含量 2.44 %,湿面筋含量 3.93%,沉降值 8.32 mL,稳定时间 3.25 min,形成时间 1.01 min,吸水率 4.25 g/100 mL,出粉率 2.75%。

表 2 各类群主要农艺性状平均值

Table 2 The average value of major agronomic traits of each groups

类群	株高 (cm)	小穗数/穗	穗长 (cm)	千粒重 (g)	单株穗数	穗粒数
Group	Plant height	Spikelet number per spike	Spike length	1000-grain weight	Spike number per plant	Grain number per spike
1	89.83	19.60	11.92	24.18	8.88	30.88
2	99.33	20.20	11.33	29.22	10.00	36.12
3	98.17	22.90	13.33	26.04	10.50	34.19
4	95.78	20.90	12.19	26.48	13.29	33.73
5	98.67	17.00	15.00	34.29	7.40	34.47
6	92.07	18.56	12.10	24.55	10.19	31.49
7	96.93	19.34	13.32	29.60	10.94	34.03
8	93.67	20.36	13.33	32.50	7.97	33.57
9	95.30	19.85	13.33	31.05	9.45	33.80
10	94.48	20.11	13.33	31.77	8.71	33.68
11	97.90	20.20	12.85	34.45	10.03	35.09
12	96.52	20.05	12.87	33.89	8.40	34.35
13	96.05	20.05	13.09	32.79	9.15	34.23
14	96.29	20.05	12.98	33.34	8.77	34.29
15	93.26	20.17	12.13	33.72	8.27	33.51
16	90.00	20.20	12.33	26.80	7.75	31.42
17	98.70	19.16	13.83	35.66	8.80	35.23
18	100.62	19.71	14.38	33.44	8.49	35.33
19	101.14	20.03	13.94	34.12	7.94	35.44
20	99.17	19.95	13.73	33.63	8.44	34.98
21	97.35	20.01	13.25	33.53	8.55	34.54
22	98.03	18.77	12.02	31.43	8.85	33.82
23	96.92	19.98	13.19	31.97	9.27	34.27
24	97.43	19.59	12.82	32.31	8.89	34.21

表 3 各类群主要品质性状平均值

Table 3 The average value of major quality traits of each groups

类群	容重	硬度指数	粗蛋白含量	湿面筋含量	沉降值	稳定时间	形成时间	吸水率	出粉率
Group	(g/L)		(%)	(%)	(mL)	(min)	(min)	(mL/100g)	(%)
	Bulk	Hardness	Crude protein	Wet gluten	Sedimentation	Stability	Development	Water	Flour
	dentisy	index	content	content	value	time	time	absorption	yield
1	813.00	59.00	17.02	35.89	46.20	6.70	4.85	60.75	61.70
2	834.00	63.00	14.71	32.48	43.10	6.80	4.70	60.90	63.40
3	835.50	62.00	15.98	34.36	47.15	7.50	5.00	61.05	63.65
4	828.33	63.00	15.40	33.36	43.03	6.13	4.47	60.43	63.93
5	838.00	66.00	16.26	35.56	49.10	8.50	5.40	62.00	62.30
6	811.20	60.40	16.89	36.19	46.82	6.14	4.82	60.56	62.96
7	823.00	64.67	15.76	34.24	45.20	6.87	4.87	63.00	61.73
8	821.20	62.30	15.52	33.81	46.38	6.58	4.80	61.34	63.06
9	829.50	64.50	15.63	33.96	44.90	6.95	4.85	62.35	63.05
10	822.00	57.50	15.77	33.63	44.55	6.80	4.65	58.75	61.95
11	832.74	61.35	14.95	32.49	43.58	6.62	4.58	59.98	63.76
12	826.29	62.88	15.84	34.06	46.43	6.95	4.80	61.19	63.19
13	829.75	62.00	15.30	32.94	44.53	6.83	4.55	60.55	62.85
14	824.00	66.50	14.59	32.27	42.80	6.10	4.40	61.65	64.25
15	810.61	60.27	16.16	34.84	43.59	5.25	4.56	61.17	62.43
16	823.00	61.00	16.75	35.87	43.10	5.70	4.70	59.90	62.30
17	828.60	62.80	15.10	32.84	41.94	6.50	4.62	61.00	62.32
18	825.07	59.04	15.08	32.45	40.78	5.87	4.39	59.47	63.00
19	824.32	60.85	15.24	32.76	43.80	6.40	4.54	60.52	63.29
20	828.67	63.33	15.87	34.42	47.83	7.23	4.97	61.13	63.27
21	823.75	62.00	16.06	34.59	44.66	6.68	4.81	60.94	62.94
22	817.73	61.37	16.11	34.62	47.52	6.67	4.77	61.29	63.09
23	811.06	60.39	16.42	35.11	44.87	5.89	4.70	61.15	61.50
24	834.00	61.33	15.72	33.79	44.27	6.37	4.60	59.67	63.00

表 4 类群间主要农艺性状平均值极差、多样性指数及 F 检验结果

Table 4 The range,diversity index and F test result of major agronomic traits average value among groups

参数	株高	小穗数/穗	穗长	千粒重	单株穗数	穗粒数
Parameter	Plant height	Spikelet number per spike	Spike length	1000-grain weight	Spike number per plant	Grain number per spike
极差 Range	11.31 cm	5.90	3.67 cm	11.47 g	5.89	5.23
多样性指数	1.87	1.44	1.91	1.73	1.77	1.58
Diversity index						
显著性	0.000	0.000	0.000	0.005	0.000	0.000
Significance						

表 5 类群间主要品质性状平均值极差、多样性指数及 F 检验结果

Table 5 The range,diversity index and F test result of major quality traits average value among groups

参数	容重	硬度指数	粗蛋白含量	湿面筋含量	沉降值	稳定时间	形成时间	吸水率	出粉率
Parameter	Bulk	Hardness	Crude protein	Wet gluten	Sedimentation	Stability	Development	Water	Flour
	dentisy	index	content	content	value	time	time	absorption	yield
极差 Range	27.39 g/L	9.00	2.44%	3.93%	8.32 mL	3.25 min	1.01 min	4.25 mL/100 g	2.75%
多样性指数	1.76	1.91	1.99	1.83	1.94	1.84	1.92	1.90	1.84
Diversity index									
显著性 Significance	0.001	0.914	0.575	0.000	0.000	0.121	0.000	0.982	0.001

3 讨论

近年的研究表明,我国小麦育种正面临着遗传基础日趋狭窄、遗传多样性降低的问题。刘路平等^[16]对黄淮麦区小麦新品种(系)的遗传多样性分析结果表明,供试的小麦品种(系)总体上遗传丰富度偏低,遗传基础较为狭窄。傅晓艺等^[17]对黄淮海地区近年大面积推广的一些小麦品种进行遗传多样性分析,同样发现参试小麦品种间差异较小,遗传多样性较低。作物遗传多样性降低首先不利于新品种的选育,其次,在面临自然和病虫害危害时,作物生产所面临风险会有所增加。

有研究表明,国外小麦与国内小麦之间的遗传基础差异很大^[18],且国外小麦品种之间的平均遗传距离高于国内小麦品种之间的遗传距离^[19],是丰富和拓宽国内小麦遗传基础的重要材料。李艳丽等^[18]对部分美国及我国小麦品种的遗传多样性进行聚类分析结果显示,67 个美国小麦品种中,有 66 个能与国内小麦品种明显区分开来,说明供试的美国小麦品种与黄淮麦区小麦品种亲缘关系较远。倪胜利等^[19]对引自美国的小麦品种和我国北方旱地冬麦区选育的小麦品种遗传多样性进行比较,发现国外引进品种的平均遗传距离高于国内品种,具有更为丰富的遗传基础,并且聚类分析显示国外引进种质与国内品种遗传基础具有一定差异。由此可见,引进和研究其他国家(地区)的优质小麦种质材料是拓宽我国小麦遗传基础的重要途径之一,对于丰富我国小麦的遗传资源,拓宽其遗传基础具有重要意义。

本研究利用分子标记对供试材料的遗传多样性进行分析,并结合农艺性状和品质性状特点对供试材料的多样性进行评价。结果表明,供试的 CIMMYT 材料表现出了较为丰富的遗传多样性,聚类类型丰富,并且不同类型的材料间在多项农艺性状和品质性状上存在显著的差异。多样性指数作为衡量多样性的重要指标能够在一定程度上对供试材料的多样性进行描述,然而材料间的差异仍需要精确的统计检验加以证明,本研究中供试材料部分农艺性状的多样性指数相对较低,但差异均达到极显著水平,而部分多样性指数较高的品质性状差异却并不显著。如供试材料的粗蛋白含量和稳定时间等品质性状差异不显著,这表明在这些性状上供试材料表现较为一致。另外,本研究对供试材料各基因组的遗传多样性分析结果表明,B 基因组多样性最高,A 基因组次之,D 基因组最低,与李艳丽等^[18]对部分

美国及我国小麦品种的遗传多样性分析的结果一致。据推测,D 基因组较低的多样性可能是由于较少的 D 基因组供体物种参与普通小麦的起源与进化过程。六倍体普通小麦起源于四倍体小麦(*Triticum turgidum*)与节节麦(*Aegilops tauschii*)的杂交^[20],携带 D 基因组的节节麦与普通小麦发生基因交流较为困难,而具有 AB 基因组的四倍体小麦则较容易与普通小麦进行遗传物质的交流。

综合对供试材料遗传多样性、农艺性状和品质性状特点的分析结果认为,供试材料在我国小麦的遗传改良中具有利用价值。

参考文献

- [1] Ling H Q, Zhao S, Liu D, et al. Draft genome of the wheat A-genome progenitor *Triticum urartu* [J]. *Nature*, 2013, 496(7443): 87-90
- [2] 何中虎, 夏先春, 陈新民, 等. 中国小麦育种进展与展望 [J]. *作物学报*, 2011, 37(2): 202-215
- [3] 张勇, 吴振录, 张爱民, 等. CIMMYT 小麦在中国春麦区的适应性分析 [J]. *中国农业科学*, 2006, 39(4): 655-663
- [4] 韩烨, 何中虎, 夏先春, 等. CIMMYT 小麦材料的苗期和成株抗叶锈病鉴定 [J]. *作物学报*, 2011, 37(7): 1125-1133
- [5] 袁虹霞, 张福霞, 张佳佳, 等. CIMMYT 小麦种质资源对菲利普孢囊线虫 (*Heterodera filipjevi*) 河南许昌群体的抗性 [J]. *作物学报*, 2011, 37(11): 1956-1966
- [6] 马作斌, 王昌华, 王辉, 等. 不同国家水稻品种的遗传多样性分析 [J]. *植物遗传资源学报*, 2014, 15(3): 540-545
- [7] 王瑞, 张福耀, 王花云, 等. 高粱抗旱种质筛选及遗传多样性的 SSR 分析 [J]. *植物遗传资源学报*, 2014, 15(4): 871-876
- [8] 潘兆娥, 何守朴, 贾银华, 等. 引进海岛棉种质的 SSR 遗传多样性分析 [J]. *植物遗传资源学报*, 2014, 15(2): 399-404
- [9] 李瑞奇, 杨鑫雷, 张艳, 等. 河北省冬小麦品种 SSR 标记遗传多样性分析 [J]. *植物遗传资源学报*, 2014, 15(3): 526-533
- [10] 董宏图, 刘婉辉, 彭福祥, 等. 一粒系小麦遗传多样性分析及抗病性鉴定 [J]. *植物遗传资源学报*, 2014, 15(2): 377-382
- [11] Cui F, Zhao C H, Ding A M, et al. Construction of an integrative linkage map and QTL mapping of grain yield related traits using three related wheat RIL populations [J]. *Theor Appl Genet*, 2014, 127(3): 659-675
- [12] Cui F, Li J, Ding A, et al. Conditional QTL mapping for plant height with respect to the length of the spike and internode in two mapping populations of wheat [J]. *Theor Appl Genet*, 2011, 122(8): 1517-1536
- [13] 高居荣, 王秀芹, 封德顺, 等. 近两年山东大面积种植小麦品种主要品质性状分析 [EB/OL]. [2008-06-06] (2014-09-10). <http://www.paper.edu.cn/releasepaper/content/200806-130>
- [14] Doyle J J, Doyle J L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue [J]. *Phytochem Bull*, 1987, 19(1): 11-15
- [15] 陈为序. 小偃麦种质系山农 303 耐低磷特性研究及相关性 QTL 分析 [D]. 泰安: 山东农业大学, 2013
- [16] 刘路平, 朱传杰, 简俊涛, 等. 黄淮麦区小麦新品种(系)的遗传多样性分析 [J]. *麦类作物学报*, 2013, 33(6): 1128-1133
- [17] 傅晓艺, 张士昌, 李孟军, 等. 18 个黄淮海地区推广冬小麦品种的遗传多样性分析 [J]. *麦类作物学报*, 2014, 34(1): 43-47
- [18] 李艳丽, 孙树贵, 武军, 等. 部分美国及我国小麦品种的遗传多样性分析 [J]. *麦类作物学报*, 2012, 32(6): 1-6
- [19] 倪胜利, 李兴茂, 杨德龙, 等. 国内外冬小麦品种(系)的遗传多样性分析 [J]. *西北农业学报*, 2012, 21(2): 20-25
- [20] Marcussen T, Sandve S R, Heier L, et al. Ancient hybridizations among the ancestral genomes of bread wheat [J]. *Science*, 2014, 345(6194): 1250092