

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2015.00197

## 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

曹廷杰<sup>1,2</sup> 谢菁忠<sup>1</sup> 吴秋红<sup>1</sup> 陈永兴<sup>1</sup> 王振忠<sup>1</sup> 赵虹<sup>2</sup>  
王西成<sup>2</sup> 詹克慧<sup>3</sup> 徐如强<sup>4</sup> 王际睿<sup>5</sup> 罗明成<sup>6</sup> 刘志勇<sup>1,\*</sup>

<sup>1</sup> 中国农业大学植物遗传育种系, 北京 100193; <sup>2</sup> 河南省农业科学院小麦研究所, 河南郑州 450002; <sup>3</sup> 河南农业大学, 河南郑州 450002; <sup>4</sup> 郑州大学生命科学院, 河南郑州 450001; <sup>5</sup> 四川农业大学小麦研究所, 四川成都 611130; <sup>6</sup> University of California at Davis, Davis, CA 95616, USA

**摘要:** 为了解河南省近年小麦品种的遗传基础, 利用 Illumina 90k iSelect SNP 标记技术对豫麦 34 及该省 2000—2013 年审定的小麦品种共 96 个进行全基因组扫描, 分析了其遗传多样性和遗传基础。结果表明, 在所有 SNP 位点中, 多态性比率为 47.39% (38 661/81 587), 多态性标记在基因组间分布呈现 B>A>D。96 个品种亲缘关系较近, 两两遗传相似系数的平均值为 0.719, 变幅为 0.552~0.998, 且 94.3% 的品种间遗传相似系数在 0.652~0.812 之间; 按 UPGMA 法将 96 个品种划分为 7 个类群。综合 SNP 和系谱分析, 近 10 年河南省审定的 96 个小麦品种遗传多样性不够丰富, 多数品种亲缘关系较近, 在育种中迫切需要引入新的种质资源, 拓宽遗传背景。

**关键词:** 河南省; 小麦品种; 遗传多样性; SNP

## Genetic Diversity of Registered Wheat Varieties in Henan Province Based on Pedigree and Single-Nucleotide Polymorphism

CAO Ting-Jie<sup>1,2</sup>, XIE Jing-Zhong<sup>1</sup>, WU Qiu-Hong<sup>1</sup>, CHEN Yong-Xing<sup>1</sup>, WANG Zhen-Zhong<sup>1</sup>, ZHAO Hong<sup>2</sup>, WANG Xi-Cheng<sup>2</sup>, ZHAN Ke-Hui<sup>3</sup>, XU Ru-Qiang<sup>4</sup>, WANG Ji-Rui<sup>5</sup>, LUO Ming-Cheng<sup>6</sup>, and LIU Zhi-Yong<sup>1,\*</sup>

<sup>1</sup> Department of Plant Genetics & Breeding, China Agricultural University, Beijing 100193, China; <sup>2</sup> Wheat Research Institute, Henan Academy of Agricultural Sciences, Zhengzhou 450002, China; <sup>3</sup> Henan Agricultural University, Zhengzhou 450002, China; <sup>4</sup> School of Life Science, Zhengzhou University, Zhengzhou 450001, China; <sup>5</sup> Wheat Research Institute, Sichuan Agricultural University, Chengdu 611130, China; <sup>6</sup> University of California at Davis, Davis, CA 95616, USA

**Abstract:** To understand the genetic diversity of wheat varieties in Henan Province at whole genome level, we selected 96 registered wheat varieties in the past decade for SNP genotyping using the Illumina 90k iSelect SNP chip. The results showed that 47.39% of the SNPs (38 661 out of 81 587) were polymorphism between varieties. The genome distribution of polymorphic SNPs showed a tendency of B > A > D. The genetic similarity of the 96 varieties ranged from 0.552 to 0.998 with an average value of 0.719. However, genetic similarity of 0.652 to 0.812 was found for 94.3% of the tested varieties, indicating highly similarity for most of the varieties in Henan province. The 96 wheat varieties could be classified as seven groups by UPGMA analyses. Based on pedigree and SNP analyses, very narrow genetic background was observed for the registered varieties in the past decade in Henan province. It is an urgent task for wheat breeders to explore and introduce diversified germplasm resources into wheat breeding program to increase the yield potential and stress tolerance in the future.

**Keywords:** Henan Province; Wheat varieties; Genetic Diversity; SNPs

小麦(*Triticum aestivum* L.)是世界上主要粮食作物之一。在我国, 小麦是仅次于水稻和玉米的第三大粮食作物, 在农业生产中占有十分重要的地位。

河南省是我国小麦主产区和商品粮产区, 也是小麦育种工作起步较早、发展较快的省份。自20世纪40年代以来, 河南小麦育种取得了很大成就, 促成生

本研究由国家重点基础研究发展计划(973 计划)项目(2011CB100104)资助。

\* 通讯作者(Corresponding author): 刘志勇, E-mail: zhiyongliu@cau.edu.cn

第一作者联系方式: E-mail: caotingjie893@163.com

Received(收稿日期): 2014-06-30; Accepted(接受日期): 2014-12-19; Published online(网络出版日期): 2014-12-29.

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.1809.S.20141229.0958.004.html>

产用种9次大规模的更换。然而,近十几年来,由于在小麦育种中大量使用相同和相近的亲本,导致新育成品种遗传基础日益狭窄、遗传变异率低<sup>[1-2]</sup>,极大限制了小麦产量和品质的进一步改良,而且还使小麦生产应对不良环境的能力大大降低,增加潜在的用种风险。因此,对河南省近年来审定小麦品种进行遗传多样性分析,全面了解这些品种的遗传基础和亲缘关系,对发掘利用优异的育种材料,拓宽遗传基础,加快小麦育种改良进程具有重要意义。

根据系谱分析小麦育成品种的遗传多样性及其与骨干亲本的亲缘关系,虽然可以大致判断品种间遗传差异,但难以量化,存在一定局限性。一个新品种的选育过程往往是育种家对某一亲本经过连续多年的遗传改良,最终选择出优良品系,其遗传构成可能源于多个亲本,加之部分品种系谱来源复杂或存在不确定性,通过系谱追踪难以准确判断其遗传物质来源。近年来随着DNA分子标记技术的出现,为在DNA水平上评估不同品种间的亲缘关系及计算品种间的遗传距离提供了新的方法和手段。Sun等<sup>[3]</sup>利用RAPD标记技术分析了西藏小麦、普通小麦和欧洲斯卑尔托小麦遗传多样性,发现欧洲斯卑尔托小麦和西藏小麦遗传多样性远高于普通小麦;Wang等<sup>[4]</sup>利用SSR标记技术分析发现我国云南和西藏小麦品种的遗传多样性高于新疆小麦品种;Talebi等<sup>[5]</sup>利用AFLP标记分析表明伊朗小麦品种遗传多样性丰富。虽然RAPD、SSR和AFLP等分子标记均已应用于小麦品种的遗传多样性研究,但受方法和位点数量的限制,无法从全基因组水平上进行高通量遗传研究。

单核苷酸多态性(single nucleotide polymorphism, SNP)是普遍存在于生物基因组中的一种新型分子标记,是指在基因组水平上由单个核苷酸的变异而引起的DNA序列单个碱基多态性变化。SNP是二等位基因,具有在基因组中数量最多、分布密度高、无需电泳、可高通量自动化检测等特点<sup>[6-7]</sup>。大规模、高通量SNP芯片检测首先广泛应用于人类群体结构的遗传学研究和关联性分析<sup>[8]</sup>,商业化的SNP芯片也已被应用于一些家畜全基因组关联分析、QTL定位和候选基因筛选<sup>[9-10]</sup>。在植物中,Clark等<sup>[11]</sup>利用高通量SNP芯片技术对模式植物拟南芥不同品系进行了多态性研究。近年来,随着小麦EST测序和高通量测序研究工作的开展,SNP开发和利

用进展迅速<sup>[12]</sup>。Cavanagh等<sup>[13]</sup>和Wang等<sup>[14]</sup>开发了小麦基于Illumina技术平台的9k和90k高通量SNP分析芯片,已开始应用于小麦遗传连锁图谱的构建、DNA指纹分析、群体结构和连锁不平衡分析,以及基因定位等诸多领域。SNP标记能真实反映小麦品种间的亲缘关系<sup>[15-17]</sup>,可以用于小麦品种遗传多样性研究。

近十几年来,河南省审定的小麦品种有近百个,但尚未见到从全基因组水平上对其遗传多样性和亲缘关系进行研究的报道。本研究采用Illumina 90k iSelect SNP标记技术对近年来河南省审定的96个小麦品种的遗传基础进行分析,旨在了解这些品种在全基因组水平上的遗传多样性和亲缘关系,以期小麦新品种选育的亲本选配提供理论依据。

## 1 材料与amp;方法

### 1.1 小麦品种及其DNA提取

除豫麦34外,其他供试品种均为2000—2013年河南省审定的品种或生产上种植面积较大的国家审定品种,共计96个(见附表),分别由品种育成单位提供,各品种的系谱资料源自品种参试时育种单位提供的信息。

2012年10月在中国农业大学小麦遗传育种温室种植,植株长至二叶一心时,取小麦叶片,按Saghai-Maroo等<sup>[18]</sup>的CTAB法提取基因组DNA。

### 1.2 SNP芯片分析

利用Illumina 90k iSelect SNP标记对96个小麦品种进行全基因组扫描,采用Genome Studio Polyploid Clustering Module v1.0进行样本的原始SNP分型,由美国加州大学戴维斯分校基因组中心完成。

将SNP分型数据分别记为1(纯合AA)、2(杂合AB)、3(纯合BB)和0(缺失),建立原始矩阵。用NTSYS-PC ver. 2.1统计软件计算品种间遗传相似系数,采用非加权配对算术平均法(UPGMA)构建遗传关系树状图。

## 2 结果与分析

### 2.1 多态性SNP位点的分布

在分布于21条染色体的81 587个SNP位点中,38 661个被检测到多态性,多态性比率为47.39%,其中28 761个定位于染色体上。每条染色体分布106~2685个多态性位点,差异较大,且在A、B、D基因组上分布不均。以B基因组最多(14 049个,占

48.85%), 尤其是1B上最多, 2B和5B上次之; A基因组上多态性位点为11 548个, 占40.15%, 以5A、6A和7A上较多; D基因组上多态性位点最少, 仅有3164个, 占11.00%, 尤以4D上最少(图1-A)。整体来看, 1B、5B和2B染色体上多态性位点最多, 4D染色体

上多态性位点最少。

多态性 SNP 位点在 7 个部分同源群中分布也不均匀, 在第 1 和第 2 部分同源群上分布最多, 其次是在第 5 和第 6 部分同源群上, 而在第 4 部分同源群最少(图 1-B)。

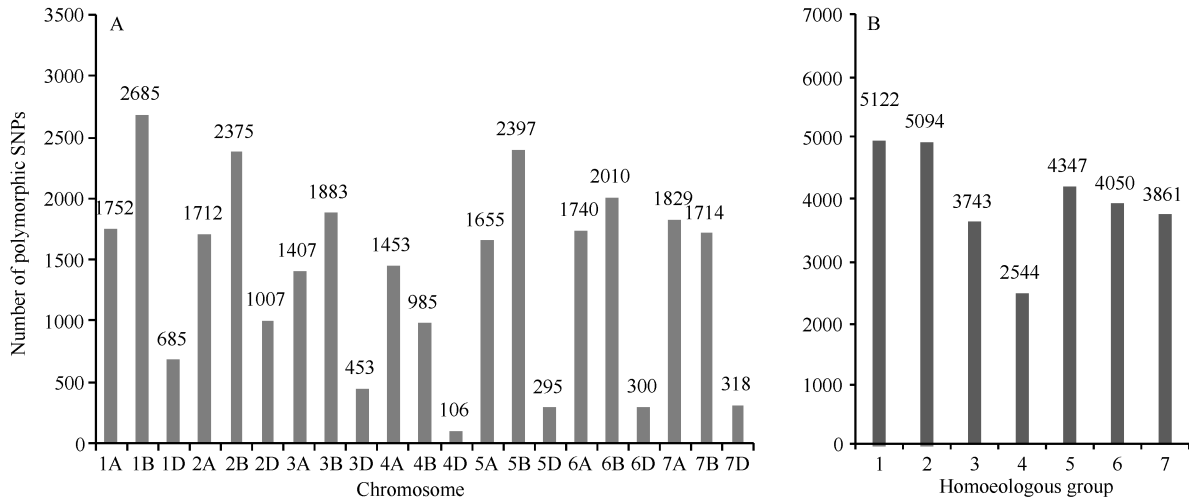


图 1 多态性位点在染色体(A)和部分同源群(B)上的分布

Fig. 1 Distributions of polymorphic SNPs on individual chromosome (A) and each homoeologous group (B)

## 2.2 小麦品种间的遗传相似系数

基于SNP标记数据的品种两两间遗传相似系数, 其变异范围为0.552~0.998, 平均值为0.719, 其中中育9号与矮抗58间的遗传相似性最低(0.552), 而周麦22与周麦23间的遗传相似性最高(0.998)。

96个供试品种两两计算, 共获得4560个遗传相似系数, 以0.02为组距进行次数分布分析, 可见, 96个品种间的遗传相似系数在0.7处分布密度最大, 两侧不对称(图2)。经卡平方测验, 不符合正态分布( $P < 0.01$ ), 呈左偏态分布; 大于0.7的遗传相似系数有2812个(61.67%), 小于0.7的有1748个(38.33%); 主要分布在0.63~0.83之间, 占95.94%

(4375/4560)。

为了探讨近十几年来河南省审定小麦品种遗传多样性的演变趋势, 将96个品种按审定年份分为3组, 每组的品种数接近, 可见组内品种的遗传相似性均较高, 且自2005年以后平均遗传相似系数有升高趋势(表1)。

## 2.3 聚类分析

根据小麦 SNP 遗传相似系数矩阵进行聚类分析, 96个品种被划分为7大类群, 其中矮抗58单独组成第I类, 第II和第III类各有7个品种, 第IV类有17个品种, 第V类41个品种, 第VI和第VII类分别包括10个和13个品种(图3)。

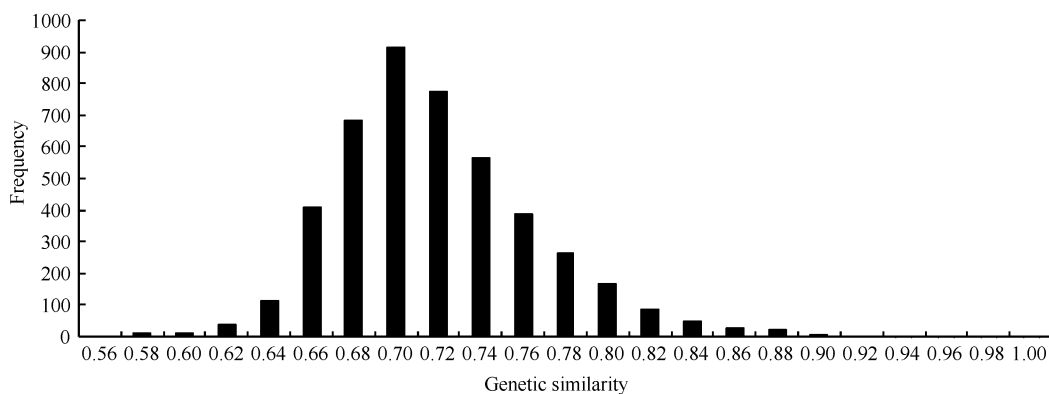


图 2 品种间遗传相似系数的次数分布

Fig. 2 Distribution of genetic similarity between varieties

表 1 不同阶段审定品种的遗传相似系数  
Table 1 Genetic similarity coefficient of Henan wheat cultivars at different period

阶段 Period	品种数 Number of varieties	遗传相似系数 Genetic similarity	
		变幅 Range	均值 Average
2004 年之前 Before 2004	36	0.617–0.988	0.714
2005–2008	33	0.578–0.998	0.726
2009 年之后 After 2009	27	0.640–0.939	0.726

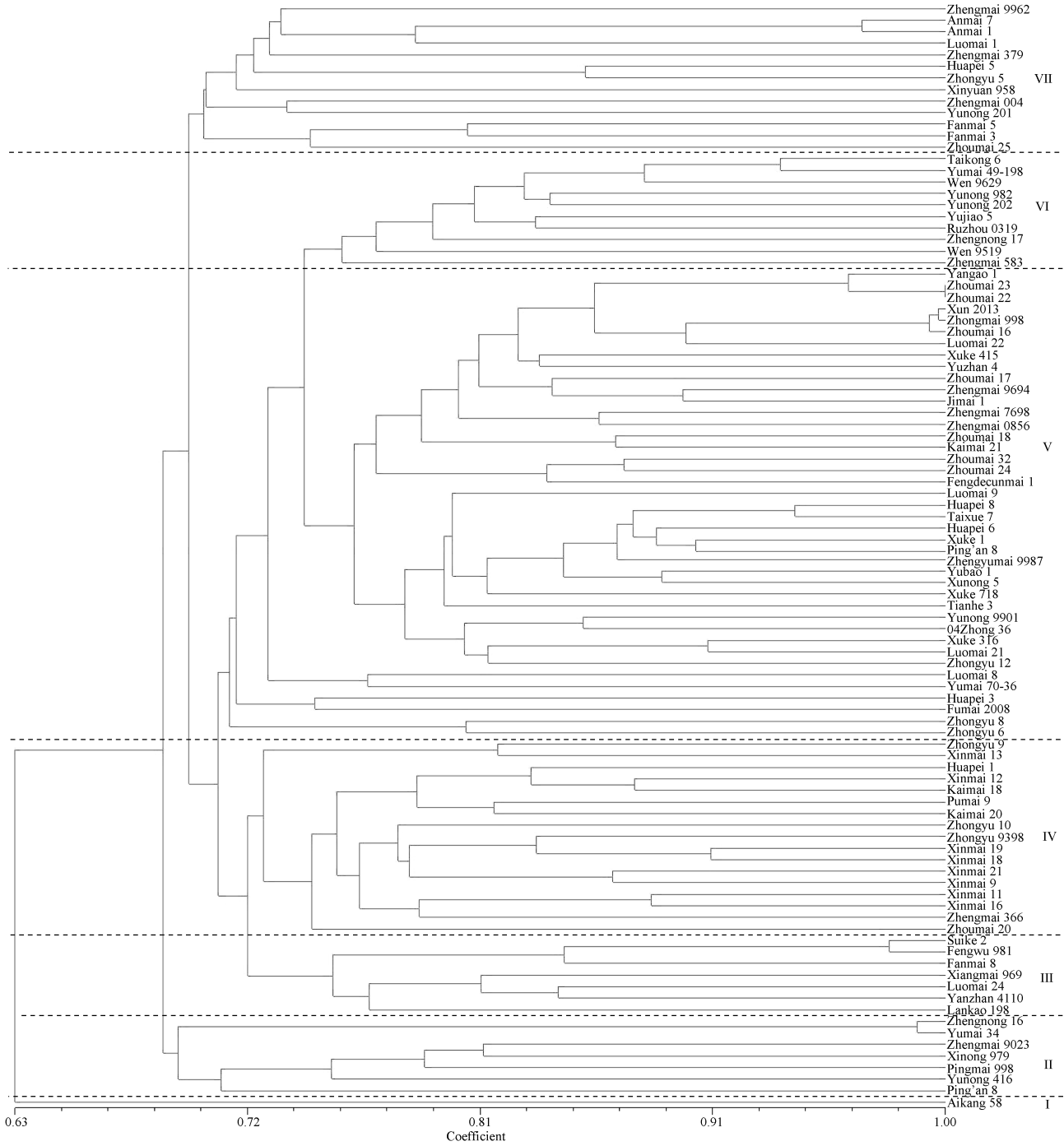


图 3 河南省 96 个审定小麦品种的 SNP 数据聚类图  
Fig. 3 Phylogenetic tree of 96 registered wheat varieties in Henan Province revealed by SNP

第 II 类品种间的遗传相似系数变幅在 0.658~0.988 之间, 平均 0.735, 有 4 个为优质强筋品种, 其中豫麦 34 是郑农 16 (豫麦 34/小偃 6 号) 的亲本之一, 二者相似系数为 0.988; 郑麦 9023、西农 979 和平麦 998 均是以小偃 6 号作为间接亲本而育成的品种, 在遗传基础上具有很高的亲缘性。

第 III 类品种间遗传相似系数为 0.702~0.976, 平均 0.784。这些品种均具有早熟特性, 除泛麦 8 号和洛麦 24 外, 其他均为直接或间接利用豫麦 18 育成的品种。丰舞 981 是漯麦 4 号的系选品种, 而漯麦 4 号的母本是豫麦 18; 睢科 2 号的母本是漯麦 4 号, 所以丰舞 981 与睢科 2 号的亲缘关系较近, 其遗传相似系数为 0.976; 洛麦 24 并非由豫麦 18 直接选育而成, 但其亲本之一的洛太 911 在田间表现与豫麦 18 极为相似, 且均为偃师 4 号的后代。

第 IV 类的 17 个品种间遗传相似系数变幅在 0.681~0.906, 平均 0.761。这些品种是以新乡市农业科学院选育的品种及其衍生品种为主, 它们大多是以百泉 3047-3、百泉 3199、内乡 82C6 为亲本选育出的品种。如新麦 18 和新麦 19 都是以 (C5/新乡 3577)F<sub>3</sub>d1s 作为母本, 以新麦 9 号作为父本选育而成的小麦品种, 其遗传相似系数为 0.906; 周麦 20 的亲本之一也是新麦 9 号。

第 V 类品种数最多, 有 41 个, 占 42.7%, 品种间遗传相似系数为 0.647~0.998, 平均 0.769。这些品种的亲本大多含有豫麦 21、周麦 11 及 8425B 中的 1 个或 2 个, 有的则源自这 3 个品种的衍生系, 如以周麦 16、周麦 13 等为亲本选育出的品种, 均聚在这一类群中。

第 VI 类的 10 个品种间遗传相似系数变幅最小 (0.719~0.933) 之间, 平均值最高 (0.801)。它们主要是以豫麦 2 号或者其衍生系豫麦 49 及豫麦 41 为亲本之一育成的品种。如太空 6 号是豫麦 49 通过航天诱变选育而成; 豫麦 49-198 为豫麦 49 的系选品种, 两者的相似系数为 0.933。

第 VII 类包含 13 个品种, 其遗传相似系数变幅在 0.664~0.966 之间, 平均值为 0.721, 均是以偃师 4 号衍生系, 如豫麦 18、周麦 8826、豫麦 10 号、豫麦 21 为亲本之一育成的品种, 并且都继承了偃师 4 号的优良性状。

聚类分析结果表明, 河南省近十几年来审定的品种在 DNA 水平上的差异不大, 大部分品种的亲缘关系较近, 遗传基础较窄。

### 3 讨论

近年来, 有多项研究利用分子标记、系谱和农艺性状分析评价小麦品种的遗传多样性<sup>[1,19-29]</sup>。但由于受环境等自然因素的影响和标记数量的限制, 无法从全基因组水平上进行研究。本研究选用分布于小麦 21 条染色体上的 81 587 个 SNP 位点对河南省近年来审定的 96 个小麦品种进行了全基因组扫描, 发现 SNP 位点多态性比率为 47.39%, 其中, 以 B 基因组上的多态性位点最多, A 基因组次之, D 基因组最少, 与贾继增等<sup>[19]</sup>运用 RFLP 标记对来自 11 个国家的 15 个小麦品种 (系) 进行遗传多样性分析研究结果一致。究其原因, 主要是普通小麦进化过程中 D 基因组与 AABB 基因组形成六倍体小麦时间较短, 且来源比较单一, 品系间多态性较低。另外 D 基因组可能携带较多的与普通小麦广适应性、抗逆性和加工品质等重要性状的关键基因, 在长期的选择和育种过程中, 所承受的选择压力大于 A 和 B 基因组, 从而造成更多、更强的选择牵连效应发生, 导致其遗传多样性低。本研究中尤其以 4D 染色体上的多态性位点最少, 这与郝晨阳等<sup>[1]</sup>和倪中福等<sup>[20]</sup>研究结果一致。推测与 4D 染色体上可能携带较多控制重要性状的基因 (如育性基因、矮秆基因等), 在育种过程中施加了较强的定向选择所产生的选择牵连作用, 导致其遗传多样性显著偏低。贾继增等<sup>[19]</sup>报道过与此不同的结果, 他们研究发现, 1D 和 5D 遗传多样性最小, 通过分析多态性 RFLP 位点在 7 个部分同源群的分布发现, 第 1 和第 2 部分同源群最多, 第 4 部分同源群最少。这可能是由于不同试验所选取的材料来源不同造成的。

许多研究表明, 我国不同地区都存在小麦主栽品种亲缘关系较近和遗传基础不够广泛的现象<sup>[21-29]</sup>。本研究进一步证实河南省近期选育的小麦品种存在亲缘关系近、遗传相似性高的问题, 并且有进一步加重的趋势, 这将导致很难获得突破性育种进展, 降低品种抵御各种自然灾害的能力, 增加潜在的用种风险。造成河南省小麦品种遗传多样性水平低、遗传基础狭窄的原因可能一是核心骨干亲本的反复利用, 二是定向人工选择。本研究通过聚类 and 系谱分析, 发现河南省小麦骨干亲本品种主要由 6 大血缘系统组成, 分别是周麦、新麦、偃师 4 号、豫麦 2 号、豫麦 18 和陕西小麦系统。周麦系统主要是以周麦品种和周 8425B 为亲本材料, 利用该血缘系统育成的品种数量最多, 占整个参试品种总数的 42.7%,

高产、稳产性特点突出；新麦系统主要以百泉3047-3、百泉3199、内乡82C6为亲本；偃师4号系统包括以偃师4号为间接亲本选育的品种；豫麦2号系统是以豫麦2号及其后代豫麦49作为育种亲本；豫麦18系统均包括豫麦18血统，突出特点是早熟；陕西小麦血统为亲本选育的品种的主要特点是优质强筋。定向人工选择可能是河南省小麦遗传多样性降低的另一个主要原因。河南省地处黄淮海区，生态条件适宜小麦的生长发育和产量潜力的发挥，育种家根据对产量有利的目标性状进行选择趋势，导致部分多样化基因位点丢失，使品种的优良性状趋于类似。由于周麦系列具有较好的综合农艺性状和丰产性，得到大部分育种家的认可和偏爱，成为选配高产组合的首选亲本材料，因此导致近十几年来河南省审定小麦品种中有将近一半直接或间接含有周麦品种血缘。

虽然聚类结果与品种特性和系谱信息有较好的一致性，但也有例外。如矮抗58是以周麦11为母本，以豫麦49和郑州8960杂交后代为父本选育而成的品种，但它并没有与周麦11和豫麦49的后代品种聚在一类；浚2016和众麦998之间的相似系数为0.996，田间长相也十分接近，但系谱记载表明两者没有直接的亲缘关系。其可能原因一是供试种子来源，由于亲本材料的搜集渠道很多，可能会存在材料本身与名称不符的现象；二是育种家定向选择的结果，多年的选择往往都集中在某些或某个位点，从而导致其他某些或某个位点的丢失，尤其在同一生态区；三是系谱记载不完善。另外，遗传变异(含重组)也可能是产生上述现象的重要原因。

值得注意的是，尽管近年来河南省小麦育种中因大量使用相同或类似的骨干亲本或骨干亲本衍生材料做亲本，致使育成的小麦品种遗传差异不明显、遗传基础狭窄、多样性水平较低，但可以看出，河南省的小麦品种间仍然存在一定的类群分化和遗传多样性，可分为周麦类型、新麦类型、陕西优质类型、豫麦2号类型和早熟豫麦18类型。纵观河南省生产上得以大面积推广利用的代表性小麦品种，它们都具有独特的遗传构成，其中以矮抗58最为典型，该品种表现高产、稳产、广适、抗性强，在聚类图中自成一类，众多优异性状的组合是否来自有利基因的聚合和重组，有待深入研究。

针对河南省小麦育种策略，建议一方面要继续广泛收集种质资源，加强与国内外育种单位资源材料间的交流与合作，不断拓宽小麦亲本的遗传基础；

另一方面要大力加强种质资源的创新研究和利用，利用当地的高产小麦品种与从国内外引进的优异基因资源进行聚合杂交和回交转育，创造新的优异中间育种材料，突破主产区小麦育种的瓶颈，使河南省小麦育种水平跨上新台阶。

## 4 结论

多态性 SNP 位点在不同染色体和 7 个部分同源群间分布不均匀，其中以 4D 染色体上的多态性位点最少。品种间的遗传相似度较高，遗传相似系数平均值为 0.719，并且有增加的趋势。河南省小麦品种间存在一定的类群分化和遗传多样性，代表性小麦品种都具有其独特的遗传构成。

## References

- [1] 郝晨阳, 王兰芬, 张学勇, 游光霞, 董玉琛, 贾继增, 刘旭, 尚勋武, 刘三才, 曹永生. 我国五十年来育成小麦品种的遗传多样性演变. 中国科学: C 辑, 2005, 35: 408-415  
Hao C Y, Wang L F, Zhang X Y, You G X, Dong Y C, Jia J Z, Liu X, Shang X W, Liu S C, Cao Y S. Genetic diversity changes of Chinese cultivars in the past 50 years. *Sci China (Ser C)*, 2005, 35:408-415 (in Chinese)
- [2] Tanksley S D, Mccouch S R. Seed banks and molecular maps: unlocking genetic potential from the wild. *Science*, 1997, 277: 1063-1066
- [3] Sun Q X, Ni Z F, Liu Z Y, Gao J W, Huang T C. Genetic relationships and diversity among Tibetan wheat, common wheat and European spelt wheat revealed by RAPD markers. *Euphytica*, 1998, 99: 205-211
- [4] Wang H Y, Wang X, Chen P D, Liu D J. Assessment of genetic diversity of Yunnan, Tibetan, and Xinjiang wheat using SSR markers. *J Genet Genomics*, 2007, 34: 623-633
- [5] Talebi R, Fayyaz F. Quantitative evaluation of genetic diversity in Iranian modern cultivars of wheat (*Triticum aestivum* L.) using morphological and amplified fragment length polymorphism (AFLP) markers. *Biharean Biol*, 2012, 6: 14-18
- [6] Nasu S, Suzuki J, Ohta R, Hasegawa K, Yui R, Kitazawa N, Monna L, Minobe Y. Search for and analysis of single nucleotide polymorphisms (SNPs) in rice (*Oryza sativa*, *Oryza rufipogon*) and establishment of SNP markers. *DNA Res*, 2002, 9: 163-171
- [7] 邹喻苹, 葛颂. 新一代分子标记-SNPs 及其应用, 生物多样性, 2003, 11: 370-382  
Zou Y P, Ge S. A novel molecular marker: SNPs and its application. *Biodiversity Sci*, 2003, 11: 370-382 (in Chinese with English abstract)
- [8] Nishida N, Koike A, Tajima A, Ogasawara Y, Ishibashi Y, Uehara Y, Inoue I, Tokunaga K. Evaluating the performance of Affymetrix SNP array 6.0 platform with 400 Japanese individuals. *BMC Genomics*, 2008, 9: 431
- [9] Karlsson E K, Baranowska I, Wade C M, Salmon Hillbertz N H, Zody M C, Anderson N, Biagi T M, Patterson N, Pielberg G R, Kulbokas E J, Comstock K E, Keller E T, Mesirov J P, von Euler

- H, Kämpe O, Hedhammar A, Lander E S, Andersson G, Andersson L, Lindblad-Toh K. Efficient mapping of Mendelian traits in dogs through genome-wide association. *Nat Genet*, 2007, 39: 1321–1328
- [10] Anderson L. Genome-wide association analysis in domestic animals: a powerful approach for genetic dissection of trait loci. *Genetica*, 2009, 136: 341–349
- [11] Clark R M, Schweikert G, Toomajian C, Ossowski S, Zeller G, Shinn P, Warthmann N, Hu T T, Fu G, Hinds D A, Chen H, Frazer K A, Huson D H, Schölkopf B, Nordborg M, Ratsch G, Ecker J R, Weigel D. Common sequence polymorphisms shaping genetic diversity in *Arabidopsis thaliana*. *Science*, 2007, 317: 338–342
- [12] Rafalski A. Applications of single nucleotide polymorphisms in crop genetics. *Curr Opin Plant Biol*, 2002, 5: 94–100
- [13] Cavanagh C R, Chao S, Wang S, Huang B E, Stephen S, Kiani S, Forrest K, Sainenac C, Brown-Guedira G L, Akhunova A, See D, Bai G, Pumphrey M, Tomar L, Wong D, Kong S, Reynolds M, da Silva M L, Bockelman H, Talbert L, Anderson J A, Dreisigacker S, Baenziger S, Carter A, Korzun V, Morrell P L, Dubcovsky J, Morell M K, Sorrells M E, Hayden M J, Akhunov E. Genome-wide comparative diversity uncovers multiple targets of selection for improvement in hexaploid wheat landraces and cultivars. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2013, 110: 8057–8062
- [14] Wang S, Wong D, Forrest K, Allen A, Chao S, Huang B E, Maccaferri M, Salvi S, Milner S G, Cattivelli L, Mastrangelo A M, Whan A, Stephen S, Barker G, Wieseke R, Plieske J, International Wheat Genome Sequencing Consortium, Lillemo M, Mather D, Appels R, Dolferus R, Brown-Guedira G, Korol A, Akhunova A R, Feuillet C, Salse J, Morgante M, Pozniak C, Luo M C, Dvorak J, Morell M, Dubcovsky J, Ganal M, Tuberosa R, Lawley C, Mikoulitch I, Cavanagh C, Edwards K J, Hayden M, Akhunov E. Characterization of polyploid wheat genomic diversity using a high-density 90,000 single nucleotide polymorphism array. *Plant Biotechnol J*, 2014, 12: 787–796
- [15] Ren J, Chen L, Sun D, You F M, Wang J, Peng Y, Nevo E, Beiles A, Sun D, Luo M C, Peng J. SNP-revealed genetic diversity in wild emmer wheat correlates with ecological factors. *BMC Evol Biol*, 2013, 13: 169
- [16] Chao S, Dubcovsky J, Dvorak J, Luo M C, Baenziger S P, Matnyazov R, Clark D R, Talbert L E, Anderson J A, Dreisigacker S, Glover K, Chen J, Campbell K, Bruckner P L, Rudd J C, Haley S, Carver B F, Perry S, Sorrells M E, Akhunov E D. Population- and genome-specific patterns of linkage disequilibrium and SNP variation in spring and winter wheat (*Triticum aestivum* L.). *BMC Genomics*, 2010, 11: 727
- [17] Wurschum T, Langer S M, Longin C F, Korzun V, Akhunov E, Ebmeyer E, Schachschneider R, Schacht J, Kazman E, Reif J C. Population structure, genetic diversity and linkage disequilibrium in elite winter wheat assessed with SNP and SSR markers. *Theor Appl Genet*, 2013, 126: 1477–1486
- [18] Saghai-Marouf M A, Soliman K M, Jorgensen R A, Allard R W. Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, chromosomal location, and population dynamics. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1984, 81: 8014–8018
- [19] 贾继增, 张正斌, Devos K, Gale M D. 小麦 21 条染色体 RFLP 作图位点遗传多样性分析. *中国科学: C 辑*, 2001, 31: 13–21
- Jia J Z, Zhang Z B, Devos K, Gale M D. Genetic diversity of 21 chromosomes in wheat revealed by RFLP mapping. *Sci China (Ser C)*, 2001, 31: 13–21 (in Chinese)
- [20] 倪中福, 张义荣, 梁荣奇, 刘广田, 孙其信. 普通小麦 D 染色体组微卫星分子标记遗传差异研究. *作物学报*, 2003, 29: 145–151
- Ni Z F, Zhang Y R, Liang R Q, Liu G T, Sun Q X. Genetic diversity of D-genome revealed by SSR markers in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Acta Agron Sin*, 2003, 29: 145–151 (in Chinese with English abstract)
- [21] 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. *分子植物育种*, 2011, 9: 443–449
- Pu Y Y, Cheng K, Li S S. Genetic diversity of recent wheat cultivars in Shandong Province using SSR markers. *Mol Plant Breed*, 2011, 9: 443–449 (in Chinese with English abstract)
- [22] 李志波, 王睿辉, 张茶, 梁虹, 马峙英, 赵玉欣, 王静华. 河北省小麦品种基于农艺性状的遗传多样性分析. *植物遗传资源学报*, 2009, 10: 436–442
- Li Z B, Wang R H, Zhang C, Liang H, Ma Z Y, Zhao Y X, Wang J H. Genetic diversity analysis of bread wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivars in Hebei Province based on agronomic traits. *J Plant Genet Resour*, 2009, 10: 436–442 (in Chinese with English abstract)
- [23] 傅体华, 王春梅, 任正隆. 四川育成小麦品种的 SSR 遗传多态性及系谱关系. *四川农业大学学报*, 2007, 25: 1–7
- Fu T H, Wang C M, Ren Z L. SSR genetic diversity among modern advanced wheat cultivars (*Triticum aestivum* L.) in Sichuan and its relationships with their pedigree. *J Sichuan Agric Univ*, 2007, 25: 1–7 (in Chinese with English abstract)
- [24] 李学军, 潘玉朋, 王小利, 李立群, 王培, 冯毅, 王辉. 陕西育成小麦品种的遗传多样性演变. *西北农林科技大学学报(自然科学版)*, 2011, 39: 48–54
- Li X J, Pan Y P, Wang X L, Li L Q, Wang P, Feng Y, Wang H. Evolution of genetic diversity of the winter varieties grown at Shaanxi. *J Northwest A&F Univ (Nat Sci Edn)*, 2011, 39: 48–54 (in Chinese with English abstract)
- [25] 潘玉朋, 李立群, 郑锦娟, 王培, 冯毅, 李学军. 黄淮麦区近年大面积推广小麦品种的遗传多样性分析. *西北农业学报*, 2011, 20: 47–52
- Pang Y P, Li L Q, Zheng J J, Wang P, Feng Y, Li X J. Analysis of genetic diversity of the large-scale promoted wheat varieties grown at Huang-Huai area in recent years. *Acta Agric Boreali-Occid Sin*, 2011, 20: 47–52 (in Chinese with English abstract)
- [26] 耿惠敏, 刘红彦, 宋玉立, 王俊美, 李锁平. 40 个河南省审定小麦品种遗传多样性的 SSR 标记分析. *西北农业学报*, 2005, 14: 27–32
- Geng H M, Liu H Y, Song Y L, Wang J M, Li S P. SSR analysis of genetic diversity among forty released wheat cultivars in Henan Province. *Acta Agric Boreali-Occident Sin*, 2005, 14: 27–32 (in Chinese with English abstract)
- [27] 徐晓丹, 冯磊, 简瑞明, 赵蕾, 林凤, 徐世昌. 河南小麦主栽品种亲缘系数的分析. *麦类作物学报*, 2011, 31: 653–659
- Xu X D, Feng J, Lin R M, Zhao L, Lin F, Xu S C. Coefficient of parentage analysis for leading wheat cultivars in Henan Province. *J Triticeae Crops*, 2011, 31: 653–659 (in Chinese with English abstract)

- [28] 王冬梅, 冯晶, 王凤涛, 蔺瑞明, 徐世昌. 2010–2011 年度四省小麦区试品种遗传多样性和抗条锈性分析. 植物保护, 2013, 39: 21–28  
Wang D M, Feng J, Wang F T, Lin R M, Xu S C. Genetic diversity and stripe rust resistance of regional trial wheat cultivars in four provinces in 2010–2011. *Plant Prot*, 2013, 39: 21–28 (in Chinese with English abstract)
- [29] 张清海, 王志和, 刘华山, 李铁庄, 周新宝, 李汉中, 韩秀云, 张智伟, 闵保锋, 张宏涛. 河南主要推广小麦品种系谱追溯及其亲本组配技术分析. 中国农学通报, 2000, 16: 3–6  
Zhang Q H, Wang Z H, Liu H S, Li T Z, Zhou X B, Li H Z, Han X Y, Zhang Z W, Min B F, Zhang H T. The pedigree analysis and techniques for parent combination of the major wheat extension varieties in Henan Province. *Chin Agric Sci Bull*, 2000, 16: 3–6 (in Chinese with English abstract)

附表 用于 SNP 分析的小麦品种名称及系谱  
Supplementary table The wheat varieties for SNP genotyping and their pedigrees

序号 Order	品种 Variety	系谱 Pedigree	育种单位 Breeding institute	审定年份 Year registered
1	豫麦 34	矮丰 3 号//孟 201/牛朱特/3/豫麦 2 号	河南郑州市农林科学研究所	1994
2	中育 6 号	烟 1604/中育 3 号	中国农业科学院棉花研究所	2000
3	新麦 9 号	百泉 3047-3/内乡 82C6	河南新乡市农业科学院	2000
4	郑麦 9023	西农 881/陕 213	河南省农业科学院小麦研究所	2001
5	中育 5 号	冀麦 5418/豫麦 10 号	中国农业科学院棉花研究所	2001
6	安麦 1 号	百农 3217/9612-2//周 8826	河南安阳市农业科学研究所	2001
7	新麦 11	百泉 30473/内乡 82C6	河南新乡市农业科学院	2001
8	济麦 1 号	731429A/郑 7025/2/郑 821/3/豫麦 21	河南济源市农业科学研究所	2001
9	偃高 1 号	(西农 806/比 16)F <sub>3</sub> //洛阳 7602	河南偃师市高龙镇农技站	2002
10	洛麦 1 号	Tal 不育株/周 8832(早)//南阳 756	河南洛阳市农林科学院	2002
11	周麦 16	豫麦 21/周 8425B	河南周口市农业科学院	2002
12	周麦 20	周麦 13/新麦 9 号//豫麦 49	河南周口市农业科学院	2002
13	新麦 12	豫麦 24/豫麦 21	河南新乡市农业科学院	2002
14	新麦 13	宛原长白/(C5/3577)F <sub>3</sub> d1	河南新乡市农业科学院	2002
15	太空 6 号	豫麦 49 航天诱变	河南省农业科学院小麦研究所	2003
16	郑农 17	豫麦 51/优繁 5 号	河南郑州市农林科学研究所	2003
17	郑农 16	豫麦 34/小偃 6 号	河南郑州市农林科学研究所	2003
18	中育 8 号	鲁麦 15/93 中 6	中国农业科学院棉花研究所	2003
19	新麦 16	郑州 891/内乡 82C6/豫麦 2 号	河南新乡市农业科学院	2003
20	偃展 4110	89(35)-14/矮早 781-4	河南省豫西农作物品种展览中心	2003
21	郑麦 004	豫麦 13/90m434//石 89-6021	河南省农业科学院小麦研究所	2004
22	睢科 2 号	漯麦 4 号/西北矮秆选系(97-26)	河南省睢县农业科学研究所	2004
23	周麦 17	矮早 781/周 8425B//豫麦 21	河南周口市农业科学院	2004
24	安麦 7 号	豫麦 13/周 8826	河南安阳市农业科学研究所	2004
25	中育 9 号	豫麦 21/92R139	中国农业科学院棉花研究所	2004
26	豫农 9901	咸阳超大穗/豫农 8923	河南农业大学	2004
27	濮麦 9 号	(徐州 174/内乡 183)/豫麦 24	河南濮阳市农业科学院	2004
28	温 9519	兰考 4 号/温 2540	河南温县农业科学研究所	2004
29	泛麦 5 号	京泛 309/82C6	河南黄泛区农场农业科学研究所	2004
30	泛麦 3 号	豫同 843/苏麦 3 号	河南黄泛区农场农业科学研究所	2004
31	温 9629	豫麦 21/豫麦 41	河南温县农业科学研究所	2004
32	丰舞 981	豫麦 18/80(6)-3-3-10	河南舞阳县种子分公司	2004
33	豫麦 70-36	(绵阳 84-27/内乡 182C6)	河南内乡县农业科学研究所	2004



(续附表)

序号 Order	品种 Variety	系谱 Pedigree	育种单位 Breeding institute	审定年份 Year registered
34	新麦 18	(C5/新乡 3577)F <sub>3</sub> d1//新麦 9 号	河南新乡市农业科学院	2004
35	周麦 18	内乡 185/豫麦 21	河南周口市农业科学院	2004
36	开麦 18	开 64/89 中 170//开 1003/温 2540	河南开封市农林科学研究所	2004
37	矮抗 58	周麦 11//豫麦 4 号 9/郑州 8960	河南科技学院	2005
38	豫麦 49-198	394A/豫麦 2 号	河南平安种业有限公司	2005
39	新原 958	豫麦 34/新麦 9 号	河南省新乡县原种场	2005
40	西农 979	西农 2611/(918/95 选 1) F <sub>1</sub>	西北农林科技大学	2005
41	许农 5 号	周麦 8846/豫麦 21	河南许昌市农业科学研究所	2005
42	郑麦 366	豫麦 47/PH82-2-2	河南省农业科学院小麦研究所	2005
43	花培 5 号	(豫麦 18/花 4-3) F <sub>1</sub> 花药培养	河南省农业科学院小麦研究所	2006
44	花培 3 号	花 953350-1-2/花 965437-1-1	河南省农业科学院小麦研究所	2006
45	花培 1 号	百农 64/豫麦 21	河南省农业科学院小麦研究所	2006
46	富麦 2008	豫麦 18/80(6)-3-3-10	河南省科学院同位素研究所	2006
47	项麦 969	豫麦 21/豫麦 18//豫麦 18	河南项城市农业科学研究所	2006
48	豫农 201	内乡 182/818036//太 910889/石 6021	河南农业大学	2006
49	04 中 36	百农 64/周麦 11	中国农业科学院棉花研究所	2006
50	洛麦 21	周麦 13/洛麦 1 号	河南洛阳市农林科学院	2006
51	平安 6 号	莱州 953/温 2540	河南平安种业有限公司	2006
52	豫展 4 号	百农 64/周麦 13	河南省农作物品种展览中心	2006
53	郑麦 9694	豫麦 21/豫麦 18//豫麦 21	河南省农业科学院小麦研究所	2006
54	新麦 19	(C5/新乡 3577) F <sub>3</sub> d1//新麦 9 号	河南新乡市农业科学院	2006
55	漯麦 8 号	烟中 1604/豫麦 41	河南漯河市农业科学院	2007
56	郑育麦 9987	豫麦 2 号/豫麦 21//豫麦 55	河南郑州友邦农作物新品种研究所	2007
57	中育 10 号	豫麦 41/宝丰 94-24//豫麦 49	中国农业科学院棉花研究所	2007
58	豫农 202	豫麦 21/豫农 127	河南农业大学	2007
59	许科 1 号	97-042/漯麦 4 号	河南许科种业有限公司	2007
60	周麦 22	周麦 12/豫麦 49//周麦 13	河南周口市农业科学院	2007
61	漯麦 9 号	周麦 13/百农 64	河南漯河市农业科学院	2008
62	花培 6 号	豫麦 21/豫麦 2 号//漯麦 4 号	河南省农业科学院小麦研究所	2008
63	众麦 998	百农 71-22/矮早 781//温 2540/苏芙林 10	河南省新安县科协	2008
64	周麦 23	周麦 13/新麦 9 号	河南周口市农业科学院	2008
65	平麦 998	豫麦 21/陕优 225	河南省平顶山市农业科学研究所	2008
66	洛麦 22	周麦 13/豫麦 49	河南洛阳市农林科学院	2008
67	中育 12	矮败小麦轮选群体	中国农业科学院棉花研究所	2008
68	泛麦 8 号	泛矮 2/原泛 3 号	河南黄泛区农场农业科学研究所	2008
69	豫保 1 号	豫麦 2 号/周 8826	河南省农业科学院植物保护研究所	2008
70	花培 8 号	9824H-1-2/91138//91138	河南省农业科学院小麦研究所	2009
71	豫农 416	豫麦 49//豫麦 21/豫麦 35	河南农业大学	2009
72	豫农 982	HY9153/百农 3217//豫麦 49	河南农业大学	2009
73	周麦 24	周麦 16/陕优 225	河南周口市农业科学院	2009

(续附表)

序号 Order	品种 Variety	系谱 Pedigree	育种单位 Breeding institute	审定年份 Year registered
74	汝州 0319	太谷核不育系轮回	河南汝州市农业科学研究所	2009
75	新麦 21	偃展 1 号/新麦 9 号	河南新乡市农业科学院	2009
76	郑麦 9962	豫麦 18/Ta971832	河南省农业科学院小麦研究所	2010
77	浚 2016	豫麦 52/郑麦 9023//周麦 13	河南浚县农业科学研究所	2011
78	郑麦 7698	郑麦 9405/4B269//周麦 16	河南省农业科学院小麦研究所	2011
79	丰德存麦 1 号	周 9811/矮抗 58	河南天存小麦改良技术研究所	2011
80	豫教 5 号	郑 91138/豫麦 49	河南教育学院	2011
81	太学 7 号	豫麦 57/周麦 16	河南洛阳太学农作物研究所	2011
82	许科 316	周麦 16/百农 64	河南许科种业有限公司	2011
83	洛麦 24	洛太 911/淮阴 9628	河南洛阳市农林科学院	2011
84	周麦 25	周麦 13/新麦 9 号//豫麦 49	河南周口市农业科学院	2011
85	平安 8 号	豫麦 2 号/周麦 13	河南平安种业有限公司	2011
86	兰考 198	r81/百农 64//偃展 4110	河南天民种业有限公司	2011
87	开麦 20	矮开 79/开麦 14	河南开封市农林科学研究院	2011
88	开麦 21	鲁 D9401/开麦 16	河南开封市农林科学研究院	2011
89	郑麦 379	周麦 13/D9054-6-1(41)	河南省农业科学院小麦研究所	2012
90	郑麦 583	矮抗 58 系选	河南省农业科学院小麦研究所	2012
91	许科 718	周麦 13/漂麦 4 号(61)	河南许科种业有限公司	2012
92	中育 9398	矮败小麦/新麦 18 (42)	中国农业科学院棉花研究所	2012
93	郑麦 0856	郑麦 9405/4B269//周麦 16	河南省农业科学院小麦研究所	2012
94	天禾 3 号	矮败小麦/天禾 077(45)	河南安阳市天禾农作物研究所	2012
95	周麦 32	矮抗 58/周麦 24	河南周口市农业科学院	2013
96	许科 415	周麦 16/轮选 01-1	河南许科种业有限公司	2013