

无栏目

中国小麦品种资源Glu-1位点组成概况及遗传多样性分析

张学勇,庞斌双,游光霞,王兰芬,贾继增,董玉琛

中国农业科学院作物品种资源研究所/农业部作物品种资源与生物技术重点实验室

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 分析了 5 12 9份中国小麦初选核心种质样品HMW GS的组成情况,其中地方品种 345 9份、育成品种(系) 16 70份。这些材料作为初级核心种质基本代表了保存在国家长期库中的普通小麦种质资源的遗传多样性,覆盖了中国小麦栽培的 10大生态区。总体来看,在Glu A1、Glu B1和Glu D13个位点上的主要等位变异分别为 null、7+8和 2 +12。育成品种中 1、7+9、14 +15、5 +10和 5 +12亚基(对)的频率比地方品种有很大的提高。在Glu 1位点上,地方品种与育成品种的遗传丰富度差异甚微,但育成品种的遗传离散度指数却显著高于地方品种。在 3个位点中,Glu B1位点的多样性最丰富,其次为Glu D1位点,Glu A1位点的多样性最差。从生态区来讲,地方品种变异类型最丰富的 3个大区是黄淮冬麦区、西北春麦区和西南冬麦区;选育品种最丰富的 4个大区是西南冬麦区、黄淮冬麦区、长江中下游冬麦区和北部冬麦区。由于广泛的引种、杂交、选择以及亲本选配中的偏爱,造成许多生态区遗传离散度指数高低与遗传丰富度出现相矛盾的现象,这点在长江中下游冬麦区材料中表现尤为突出。育成品种与地方品种间遗传分化系数分析表明,现代引种和杂交育种使我国小麦品种“群体”遗传组成和结构发生了质的变化。

关键词 [小麦](#) [核心种质](#) [高分子量谷蛋白亚基](#) [遗传多样性](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

作者个人主页: [张学勇](#); [庞斌双](#); [游光霞](#); [王兰芬](#); [贾继增](#); [董玉琛](#)

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF](#) (503KB)

▶ [\[HTML全文\]](#) (0KB)

▶ [参考文献\[PDF\]](#)

▶ [参考文献](#)

服务与反馈

▶ [把本文推荐给朋友](#)

▶ [加入我的书架](#)

▶ [加入引用管理器](#)

▶ [引用本文](#)

▶ [Email Alert](#)

相关信息

▶ [本刊中 包含“小麦”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [张学勇](#)

· [庞斌双](#)

· [游光霞](#)

· [王兰芬](#)

· [贾继增](#)

· [董玉琛](#)