

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, 北京 100081)

摘要: 分析了 5 129 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 3 459 份、育成品种(系) 1 670 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-D1* 3 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

Allelic Variation and Genetic Diversity at *Glu-1* Loci in Chinese Wheat (*Triticum aestivum* L.) Germplasms

ZHANG Xue-yong, PANG Bin-shuang, YOU Guang-xia, WANG Lan-fen, JIA Ji-zeng, DONG Yu-chen

(Institute of Crop Germplasm Resources, Chinese Academy of Agricultural Sciences / Key Laboratory of
Crop Germplasm and Biotechnology, Ministry of Agriculture, Beijing 100081)

Abstract: Wheat processing quality is greatly influenced by seed proteins especially the high molecular weight glutenin subunit (HMW-GS) components, low molecular weight glutenin subunit (LMW-GS) components and gliadin components. Genes encoding the HMW-GS and LMW-GS components were located on the long arms and the short arms of homoeologous group 1 chromosomes, respectively. HMW-GS components in 5 129 accessions of wheat germplasms including 3 459 landraces and 1 670 bred varieties were analyzed systematically. These accessions were chosen as candidate core collections to represent the genetic diversity of Chinese common wheat (*Triticum aestivum*) germplasms documented and conserved in the National Gene Bank. These candidate core collections covered the 10 wheat production regions in China. In the whole country, the dominating alleles on *Glu-A1*, *Glu-B1* and *Glu-D1* are *Glu-A1b* (null), *Glu-B1b* (7+8), and *Glu-D1a* (2+12), respectively. Obvious difference between landraces and modern varieties is the dramatic frequency increase of alleles *Glu-A1a* (1), *Glu-B1c* (7+9), *Glu-B1h* (14+15), *Glu-D1d* (5+10) and allele coding 5+12 subunits in the later ones. The difference in genetic richness between the landraces and the bred varieties at *Glu-1* is small, which is 28 and 30, respectively. However, the genetic dispersion index (Simpson index) based on al-

收稿日期: 2002-01-29

基础项目: 国家重点基础研究项目 (G1998010202)

作者简介: 张学勇 (1962-), 男, 甘肃临洮人。研究员, 博士, 博士生导师, 主要从事小麦远缘杂交、基因组进化、遗传多样性与核心种质、基因克隆等方面的研究。Tel: 010-62186630; E-mail: xueyongz@public.bta.net.cn

lelic variations and their frequency at *Glu-A1*, *Glu-B1* and *Glu-D1* suggested that the modern varieties have much higher genetic diversity than the landraces. This revealed that various isolated mechanisms (such as autogamous nature, low migration because of undeveloped transposition system) limited the gene flow and exchange among populations of the landraces, which led up to some genotypes localized in very small areas. Modern breeding has strongly promoted gene exchanges and introgression between populations and previous isolated populations. Of the three loci, *Glu-B1* has the highest genetic diversity, then *Glu-D1*, while *Glu-A1* always keeps the lowest genetic diversity. For the landraces, the three regions with the highest allelic richness are Huanghuai Winter Wheat Region, Northwest Spring Wheat Region and Southwestern Winter Wheat Region. For the bred varieties, the highest allelic richness existed at Southwest Winter Wheat Region, Huanghuai Winter Wheat Region, Low & Middle Branch Winter Wheat Region of Yangtze River. Introduction and utilization of foreign varieties in cross breeding has had great effects on the allelic components and frequency of the three loci, which greatly affected the genetic dispersion index. This has made the "population" of modern varieties quite different from that of the landraces.

Key words: Wheat; Core collection; HMW glutenin subunits; Genetic diversity

我国现保存小麦种质资源 45 519 份,其中各种鉴定数据已输入信息库的有 42 777 份。有鉴定信息的材料中普通小麦 37 390 余份,小麦稀有种 2 191 份,近缘植物 2 237 份,特殊遗传材料 951 份。为了达到对这些资源“便于管理”、“便于研究”、“便于应用”的目的,笔者首先在普通小麦资源中进行核心种质构建的尝试。参考国外的做法^[1,2],结合我国品种资源工作和小麦育种的实际情况,确定了取样的基本指导思想是“平均 + 偏重”(图 1)。先把整个小麦资源分成地方品种和选育品种两大类,然后按生态区或亚生态区划分,再以该生态区(或亚区)的总样品数为基数,按平方根法决定该区(亚区)的核心样本数,通过田间记载数据和形态分类数据的聚类分析,决定入选样品。此外,优先入选各地知名品种、独特品种、亲本、《品种志》上记载的品种,这些品种大都是面积较大或比较独特的类型^[3~5]。从《中国小麦品种及其系谱》^[6]和《中国小麦学》中查补少数,把这些品种列入优先入选之列(图 1)。通过上述方法,建立了中国小麦的初选核心样本(或称准核心样品, Candidate core collections)(表 1)。

在众多影响加工品质的因素中, *Glu-1* 位点(高分子量麦谷蛋白亚基 HMW-GS)的遗传组成作用举足轻重^[7~9]。例如, 1, 2*, 5+10, 17+18, 14+15 等亚基组合通常与较好的面包烘烤品质相关联,这些亚基(对)赋予面团很好的弹性和韧性^[10]。初步研究还表明,我国品种中具有优异的面条和饺子加工品质的品种通常携带 1, 17+18, 14+15 等亚基(对)^[11]。本文对 5 129 份初选核心种质的 HMW-GS 组成进行了分析,期望能为我国小麦的品质区

划、品质改良和育种以及品种资源工作提供一些依据和信息。

1 材料与方法

1.1 试验材料

所用材料为我国小麦的初选核心样品,共 5 129 份,其中地方品种 3 459 份、育成品种(系)1 670 份(表 1)。以“中国春”和加拿大优质品种马奎斯(Marquis)及“中优 9507”作对照进行 SDS-PAGE 电泳分析。

1.2 HMW-GS 的提取和电泳

每份材料研磨后取 20 mg 样品,用 50%的异丙醇在 60℃下提取 20~30 min,然后在室温下浸提 2 h,离心除去上清液,重复提取 1 次,以除去醇溶蛋白和低分子量谷蛋白,再用 10 μl·mg⁻¹ 全蛋白提取液 60℃提取 2 h 后离心,上清液即为备用样品。分离胶用 10%的 SDS-聚丙烯酰胺(T=10%, C=2.67%),浓缩胶用 3.7%的 SDS-聚丙烯酰胺(T=3.7%, C=2.67%);上样量为 8~10 μl,用 Tris-甘氨酸(含 1%的 SDS)作电极缓冲液,每个泳道电流强度为 1.5 mA,电泳 12~14 h;用 0.05%的考马斯亮蓝染色 1~2 d,蒸馏水漂洗 1~2 d 后拍照。详细程序参考文献[12]。谷蛋白亚基编码和命名参考图 2 和文献[7~9]。因 *Glu-D1* 位点“11”和“12”两个亚基氨基酸序列基本相同(王道文私人通信),为便于分析,文中把这两个亚基均作为“12”处理。

1.3 多样性分析

种质资源的遗传多样性(genetic diversity)通常用等位基因丰度(allelic richness)和遗传离散度(genetic

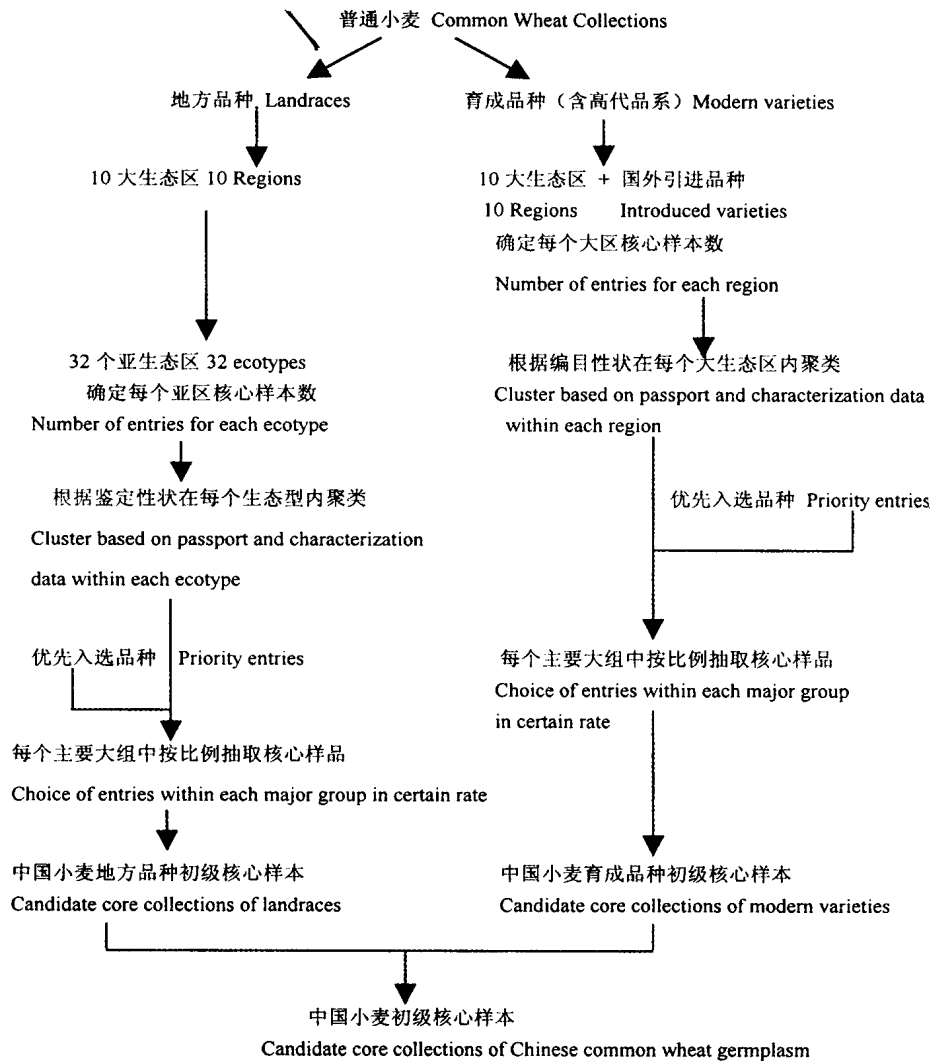


图 1 中国小麦种质资源初级核心样本取样流程

Fig.1 Sampling strategies for candidate core collections in Chinese common wheat germplasm

dispersion index) 来表示。如果用 $A_1, A_2, A_3 \dots A_i \dots A_n$ 表示不同的位点 ($i = 1 - n$), A_{ij} 即表示第

- $A_1: A_{11} A_{12} A_{13}$
- $A_2: A_{21} A_{22} \dots A_{2j} \dots A_{2l}$
- $A_3: A_{31} A_{32} \dots A_{3j} \dots A_{3l}$
- ...
- $A_n: A_{n1} A_{n2} \dots A_{nj} \dots A_{nl}$

每个位点的等位变异之和即为该位点的遗传丰度,所有位点丰富度之和即为总遗传丰度;第“ i ”个位点的遗传离散度用辛普森指数 (simpson index h_i) $h_i = 1 - \sum_{j=1}^k P_{ij}^2$ 表示,每个生态区的多样性用 $Glu-A1, Glu-B1$ 和 $Glu-D1$ 3 个位点的平均值 (H_t) 表示, $H_t = \sum_{i=1}^k h_i / k$, 这里 k 表示所研究的位点

“ i ”个位点的第“ j ”个等位变异 ($j = 1 - l$), P_{ij} 表示其相应的频率。

- $P_{11} P_{12} P_{13}$
- $P_{21} P_{22} \dots P_{2j} \dots P_{2l}$
- $P_{31} P_{32} \dots P_{3j} \dots P_{3l}$
- ...
- $P_{n1} P_{n2} \dots P_{nj} \dots P_{nl}$

数^[13], 本文中 $k = n = 3$ 。遗传离散度不仅与群体中变异类型的多少有关,而且与各种变异类型所占比例密切相关,类型越丰富,比例越均衡,离散度越高。

此外,笔者还引入遗传分化系数 (G_{st}), $G_{st} = (\text{地方品种的 } H_t - \text{育成品种的 } H_t) / \text{地方品种的 } H_t \times 100\%$ 。用 G_{st} 的绝对值来反映各大麦区现

表 1 中国 10 大生态区小麦资源总数及初级核心样品数

Table 1 Candidate core collections and the basic collections of the wheat germplasms in the 10 ecological regions of China

麦区 Regions	地方品种 Landraces			育成品种(系) Modern varieties		
	品种总数 Basic collections	初选样品数 Candidate core collections	取样比例 Sampling percent (%)	品种总数 Basic collections	初选样品数 Candidate core collections	取样比例 Sampling percent (%)
北方冬麦区 Northern winter wheat region(N W WR)	1 454	429	29.50	1 757	241	13.72
黄淮冬麦区 Huang huai winter wheat region(H W WR)	3 278	842	25.69	3 433	526	15.32
长江中下游冬麦区 Winter wheat region of middle & low branches of Yangzi River(MLB W WR)	2 310	717	31.04	2 358	303	12.85
西南冬麦区 Southwest winter wheat region(S W W WR)	2 413	490	20.31	1 024	180	17.58
华南冬麦区 Southern winter wheat region(S W W WR)	281	165	58.72	189	37	19.58
东北春麦区 Northeast spring wheat region(NES WR)	181	93	51.38	708	212	29.94
北部春麦区 Northern spring wheat region(NS WR)	351	170	48.43	289	56	19.38
西北春麦区 North west spring wheat region(N WS WR)	476	264	55.46	633	65	10.27
青藏春冬麦区 Qing-tibetan spring & winter wheat region(Q TS WR)	2 075	150	7.23	61	13	21.31
新疆冬春麦区 Xinjiang winter & spring wheat region(XJ WS WR)	352	139	39.49	77	37	40.05
小计 Total	13 171	3 459	26.26	10 534	1 670	16.29

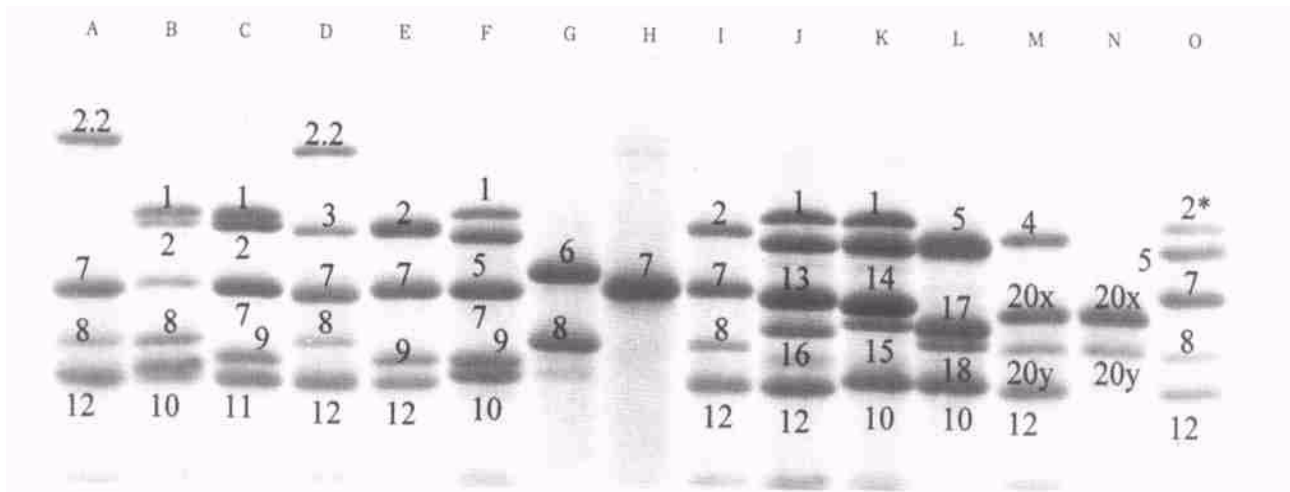


图 2 HMW-GS 主要变异类型及编号

Fig.2 Various HMW-GS and their catalogue

代育成品种与地方品种的整体遗传差异。

2 结果与分析

2.1 我国小麦地方品种和育成品种(系)在 *Glu-1* 位点的基本组成

我国地方小麦品种 *Glu-A1*、*Glu-B1* 和 *Glu-D1* 3 个位点的组成相对比较单一,主要由 null、7+8 和

2+12 亚基组成,而选育品种主要由 null 或 1、7+8 或 7+9、2+12 或 5+10 亚基组成。在 *Glu-A1* 位点,地方品种和选育成品种都发现只有 3 个等位变异,其中 1Ax null 在育成小麦品种中频率为 69.25%,比地方品种(91.24%)下降 22%;1Ax 1 亚基频率在育成品种中为 30.56%,比地方品种(8.61%)提高 22 个百分点;2*(1Ax) 亚基频率在

地方和育成品种间差异不大。在 *Glu-B1* 位点,育成品种发现有 14 个等位变异,地方品种有 13 个等位变异,其中 7+8 亚基对在育成品种中的频率为 56.36%,比地方品种(81.65%)下降约 25%;7+9 亚基对在育成品种中频率为 23.49%,比地方品种(6.73%)提高 17%左右。需要指出的是 14+15, 17+18 和 6+8 这 3 个亚基对在育成品种中的频率都有较大的提高,分别为 3.86%、5.01%和 4.69%。

在 *Glu-D1* 位点,地方品种有 12 个等位变异,育成品种中有 13 个等位变异,其中 2+12 亚基对在育成品种中的频率为 67.97%,比地方品种(85.68%)下降近 18 个百分点,而 5+10 亚基对在育成品种中为 18.59%,比地方品种(3.19%)提高了 15 个百分点;此外,育成品种中的 5+12 亚基对出现频率为 5.54%,明显高于地方品种(1.12%)(图 3,图 4)。

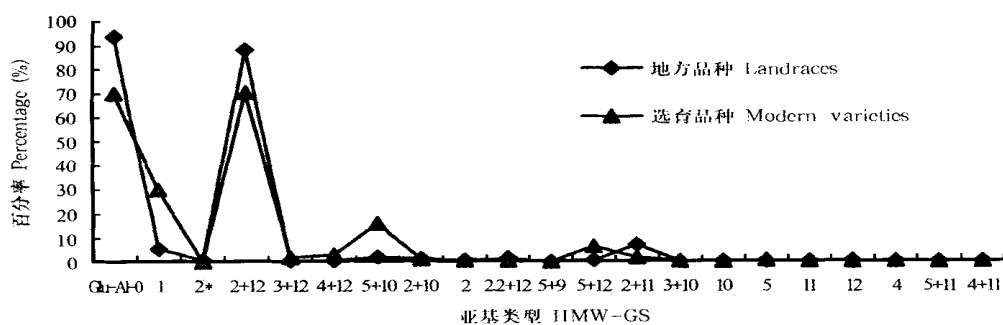


图 3 全国地方品种和选育品种 *Glu-A1* 及 *Glu-D1* 的组成概况

Fig. 3 H1MW-GS frequencies at *Glu-A1* and *Glu-D1* loci in the candidate core collections

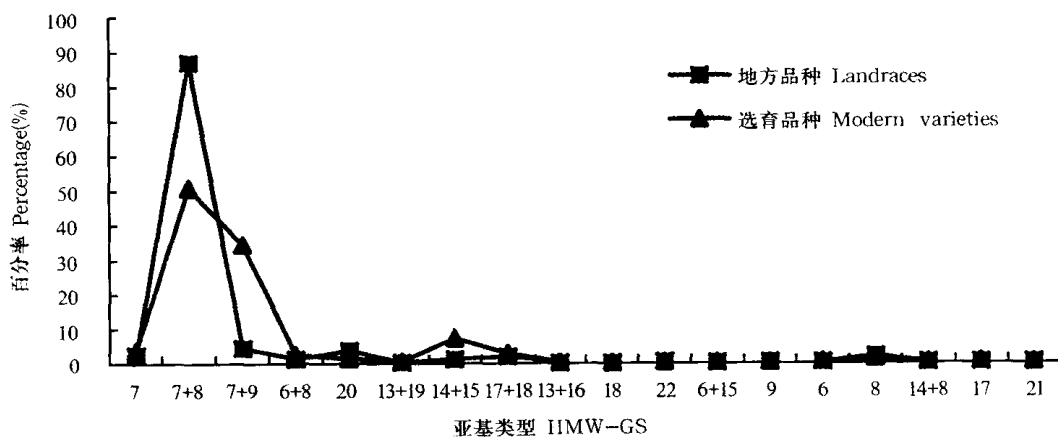


图 4 全国地方品种和选育品种 *Glu-B1* 组成概况

Fig. 4 H1MW-GS frequencies at *Glu-B1* locus in the candidate core collections

2.2 我国小麦遗传资源 *Glu-1* 位点在 10 大生态区的多样性状况

从图 5 和图 6 可以看出,全国小麦在 10 个生态区的地方品种和育成品种的 *Glu-A1* 位点丰度都很差。地方品种在北方冬麦区、黄淮冬麦区、长江中下游冬麦区和西南冬麦区等 4 大生态区中,*Glu-B1* 的丰度大于 *Glu-D1*,其它 6 大生态区 *Glu-D1* 的丰度大于 *Glu-B1*。育成品种中,除华南冬麦区和新疆春、冬麦区的 *Glu-D1* 位点丰度大于 *Glu-B1* 位点外,其它 8 大生态区的 *Glu-B1* 位点丰度均大于 *Glu-D1* 位点。基于地方和育成品种的 *Glu-A1* 位

点遗传丰富度变化不大,*Glu-B1* 和 *Glu-D1* 两位点增减趋势相似,所以笔者用 3 个位点等位基因丰度的总和作为各生态区遗传丰富度的评价指标(图 7)。育成品种的丰度在 10 大生态区排序为:西南冬麦区 > 黄淮冬麦区 > 北部冬麦区、长江中下游冬麦区 > 东北春麦区 > 西北春麦区 > 新疆冬、春麦区 > 北部春麦区 > 华南冬麦区 > 青藏春、冬麦区。地方品种的丰富度排序为:黄淮冬麦区 > 西北春麦区 > 西南冬麦区 > 长江中下游冬麦区 > 北部冬麦区 > 北部春麦区 > 东北春麦区、新疆冬、春麦区 > 青藏春、冬麦区 > 华南冬麦区。

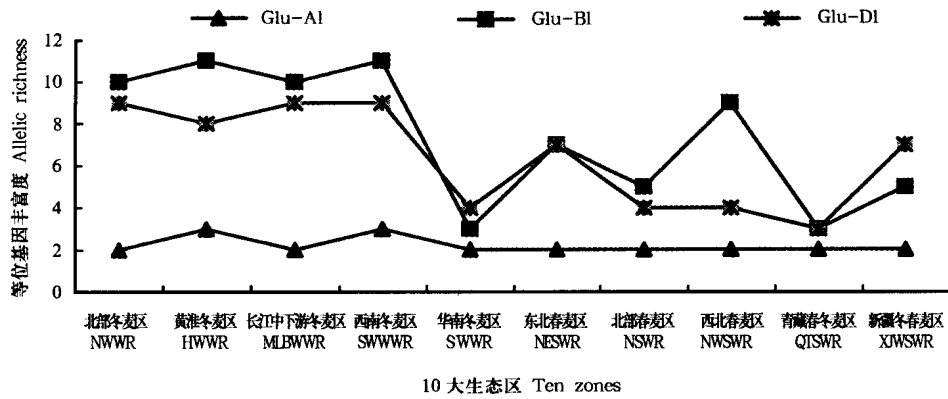


图 5 全国 10 大麦区选育品种样品 *Glu-A1*、*Glu-B1*、*Glu-D1* 遗传丰度比较

Fig. 5 Allelic richness at *Glu-A1*, *Glu-B1*, *Glu-D1* in candidate core collections of the modern varieties in the 10 ecological regions

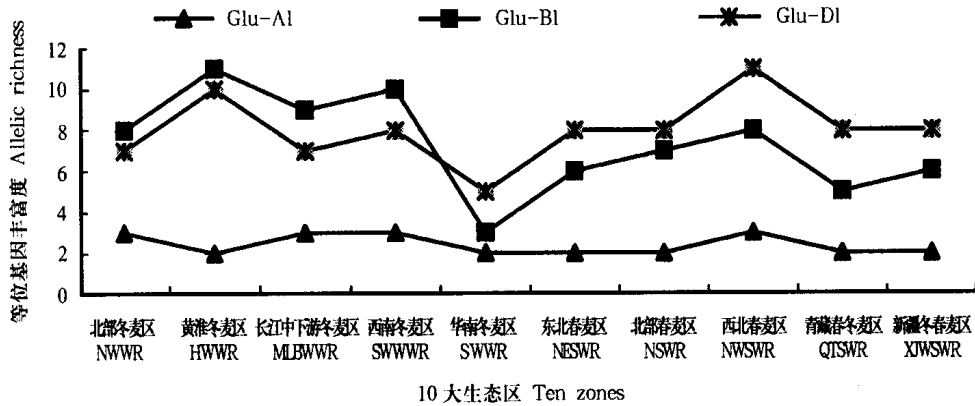


图 6 全国 10 大麦区地方品种样品 *Glu-A1*、*Glu-B1*、*Glu-D1* 遗传丰度比较

Fig. 6 Allelic richness at *Glu-A1*, *Glu-B1*, *Glu-D1* in the landrace candidate core collections of the 10 ecological regions

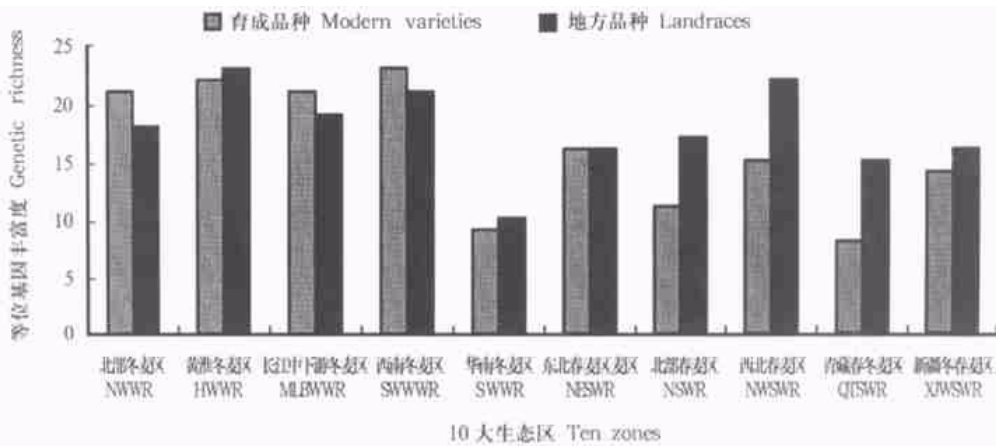


图 7 全国 10 大麦区选育品种和地方品种初选样品 *Glu-1* 位点遗传丰度比较分析

Fig. 7 Genetic richness at *Glu-1* in the candidate core collections of the 10 ecological regions

我国各大生态区育成品种的遗传离散度普遍高于相应的地方品种, 10 大生态区两类材料的遗传离散度变化趋势差异很大(图 8)。地方品种遗传离

散度大小排序为: 北部春麦区 > 西北春麦区 > 东北春麦区 > 新疆冬春麦区 > 西南冬麦区 > 黄淮冬麦区 > 青藏春冬麦区 > 北部冬麦区 > 长江中下游冬

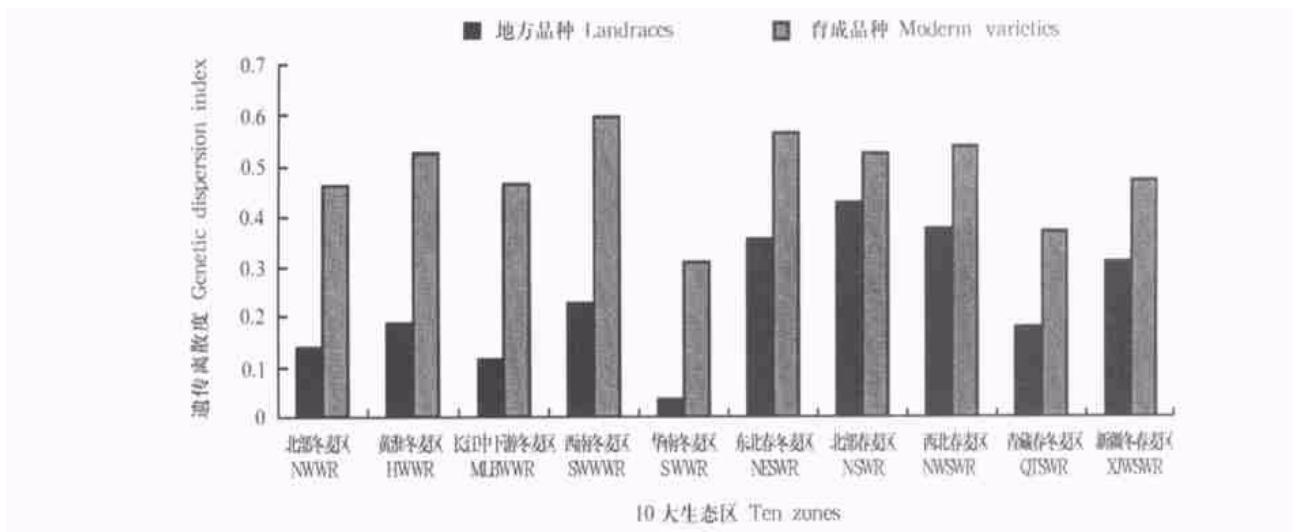


图 8 全国 10 大生态区地方和选育品种 *Glu-1* 位点遗传离散度(辛普森)指数

Fig. 8 Genetic dispersion indexes at *Glu-1* in the 10 ecological regions

麦区 > 华南冬麦区; 而育成品种的排序为: 西南冬麦区 > 东北春麦区 > 西北春麦区 > 黄淮冬麦区 > 北部春麦区 > 新疆冬春麦区 > 长江中下游冬麦区 > 北部冬麦区 > 青藏春冬麦区 > 华南冬麦区(图 8)。

各大生态区两类品种间遗传分化系数显著偏高(表 2), 表明我国育成品种和地方品种在该位点遗传组成上存在着质的差异。这种现象主要由以下两

个因素造成: 大量外来种质的利用丰富了我国小麦品种“群体”的遗传组成; 长期以来, 我国小麦育种中对该位点几乎无任何直接选择, 使各种等位基因的频率向均衡发展, 因而显著提高了遗传离散度。现代引种和杂交育种对品种“群体”遗传组成和结构之影响在 5 大冬麦区尤为突出。

表 2 10 大生态区两类品种 *Glu-1* 位点的遗传分化系数

Table 2 Genetic differentiation indexes between modern varieties and landraces in the ten wheat ecological regions

麦区 Regions	地方品种遗传离散度 Genetic dispersion indexes of landraces	育成品种遗传离散度 Genetic dispersion indexes of modern varieties	遗传分化系数 Genetic differentiation indexes (%)
北方冬麦区 Northern winter wheat region(N WWR)	0.136	0.457	236.5
黄淮冬麦区 Huang-huai winter wheat region(H WWR)	0.183	0.520	183.9
长江中下游冬麦区 Winter wheat region of middle & low branches of Yangzi River(MLBWR)	0.113	0.460	307.7
西南冬麦区 South west winter wheat region(S W WWR)	0.223	0.593	165.6
华南冬麦区 Southern winter wheat region(S W WWR)	0.035	0.305	762.0
东北春麦区 Northeast spring wheat region(NES WR)	0.350	0.562	60.3
北部春麦区 Northern spring wheat region(NS WR)	0.424	0.521	22.8
西北春麦区 North west spring wheat region(N WS WR)	0.372	0.535	43.7
青藏春冬麦区 Qing tibetan spring & winter wheat region(QTSWR)	0.179	0.367	104.6
新疆冬春麦 Xinjiang winter & spring wheat region(XJWSWR)	0.307	0.469	53.1
全国 Whole country	0.232	0.479	106.2

2.3 我国小麦遗传资源优质亚基(对)的生态分布

全国 10 大生态区,小麦地方品种均以 null,7+8 和 2+12 等 3 亚基组合为主。1 亚基(1 Ax) 主要分布在北部春麦区,其次为西北春麦区及东北春麦区;7+9 亚基对主要分布在东北春麦区;2,2+12 亚基对主要分布在新疆冬、春麦区;5+10 亚基对在东北春麦区、西北春麦区和北部春麦区出现较多,而在其它麦区比较少见;14+15 和 17+18 亚基对在地方品种中比较罕见。与地方品种相比,育成品种中 1 亚基频率在各生态区均有明显提高,在东北春麦区尤为显著,基本与 1 Ax null 亚基频率接近,其次为西北春麦区和西南冬麦区;7+9 亚基对频率增长幅度最大,在北部冬麦区和东北春麦区,其频率超过 7+8 亚基对,这可能与这些地区广泛引用 CIMMYT 及北美材料有关^[5,10,11];华南冬麦区无 7+9 亚基对出现。优质亚基对 14+15 主要分布于冬麦区如黄淮冬麦区、长江中下游冬麦区和西南冬麦区,其来源于重要育种亲本 St2422/464^[6,11]。优质亚基对 17+18 主要分布在春麦区,如北部春麦区、西北春麦区,其源自骨干亲本阿夫^[6,11];5+12 优质亚基对主要在黄淮冬麦区、华南冬麦区和北部冬麦区出现,其它麦区很少出现,关于其基因源还不太清楚,成都光头麦可能是一个主要供体^[6,11]。

3 讨论

3.1 我国小麦品种与 CIMMYT 品种在 *Glu-1* 位点的组成比较

我国小麦地方品种 *Glu-1* 位点组成比较单一,主要由 null,7+8 和 2+12 亚基组成,多样性不够丰富,优质亚基对 5+10 频率较低,遗传基础相对比较狭窄。育成品种较地方品种有了很大改进,1 Ax 1 亚基的频率由地方品种的 8.61% 提高到 30.56%,5+10 由地方品种的 3.19% 提高到 18.59%,17+18,14+15 也分别提高到 5.01% 和 3.86%。但与 CIMMYT 1 267 份材料分析的结果相比,仅 5+10 亚基一项,中国育成品种就低 40 个百分点(图 9)^[10],而 5+10 是影响面包烘烤品质的 1 对重要亚基,可见我国优质强筋小麦育种工作还有比较大的差距。随着市场经济的发展和人民生活水平的不断提高,人们对小麦品质的要求越来越高,中国加入 WTO 后,小麦市场竞争将会非常激烈,我国育种工作必须把优质专用作为主要育种目标之一。应加强 5+10 亚基对的转育和利用,同时注意其它优质亚基的利用以及 *Glu-A1*、*Glu-B1* 和 *Glu-D1* 3 个位点上亚基对的合理组配。

另外,我国对小麦亚基与加工品质关系的评价

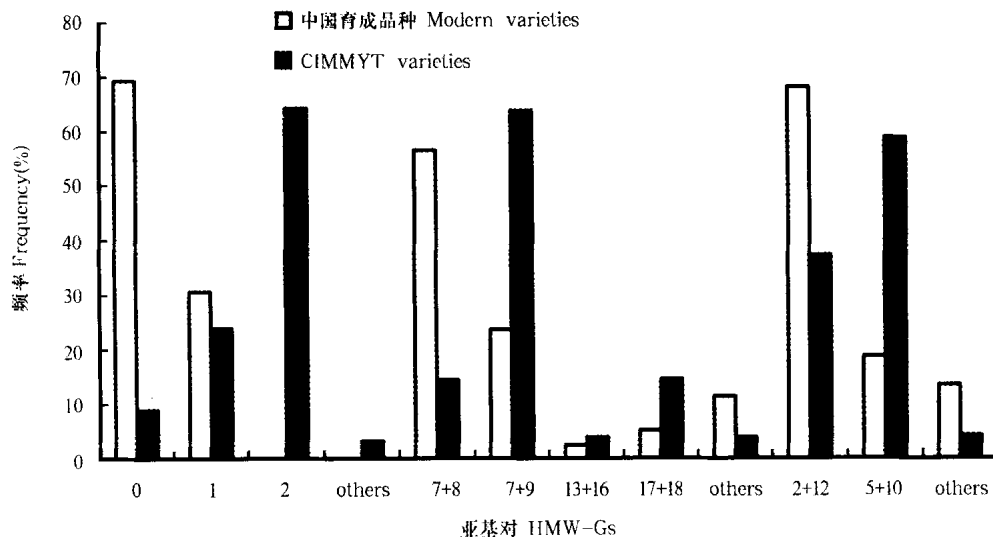


图 9 中国小麦育成品种和 CIMMYT 品种在 *Glu-1* 上各主要亚基频率比较

Fig.9 Component difference at *Glu-1* between Chinese and CIMMYT bred varieties

缺乏比较系统的研究,特别是对亚基组成与我国传统食品加工品质之间的关系所知甚少。许多单个亚基及新的亚基组合如 10,2,12,8,9,2+10,5+12,2,2+12 等出现在地方品种和育成品种中,它们对

品质的影响到目前为止还是个未知数,仍然需要我们做大量的研究工作。

3.2 引种、杂交育种对多样性的影响

地方品种作为古老的农家品种,对当地自然环

境具有很好的适应性,也最能反映当地的自然环境变化和农业发展的历史。我国变异类型最丰富的3个生态区是黄淮冬麦区、西北春麦区和西南冬麦区(图7)。我国育成品种的遗传丰富度在10大麦区的变化明显与各区在全国小麦生产中所占比重相关,排在前4位的是:西南冬麦区、黄淮冬麦区、长江中下游冬麦区和北部冬麦区,这4个区占全国小麦总产比重分别为12.0%、48.0%、15.0%和6.0%(图7)。遗传离散度指数排序相对比较复杂,西南冬麦区跃居第一,其次为东北春麦区、西北春麦区、黄淮冬麦区、北部春麦区,而长江中下游冬麦区却名列第8位,从一个侧面反映了该区育种基础材料遗传背景比较狭窄的现实^[4-6](图8)。

比较图7和图8,我们还会发现一个有趣的现象,即地方品种在 *Glu-1* 位点的丰富度整体上高于育成品种(以生态区为单位),然而,育成品种的遗传离散度却明显高于地方品种,也就是说各种变异类型在我国育成品种中的分布较地方品种中更趋均衡。在古老的地方品种中,由于小麦的自花授粉习性及自然的隔离,群体之间的基因交流非常有限,造成一些等位基因(alleles)只存在于相对狭小的范围内^[1,2]。而在育成品种中,引种和人工杂交,促进了不同国家、地区和生态区之间遗传信息的交流,使选育品种的遗传离散度显著提高^[1,2],因此,在评价种质资源的遗传多样性时,应对遗传丰度和遗传离散度并重考虑,在地方品种核心种质构建中,初选样品应尽可能多些,才能保证一些稀有的基因型入选,达到提高核心种质遗传丰度的目的,使所建立的核心种质具有广泛的代表性。

References

- [1] Brown A H D. The core collection at the crossroads. In: Hodgkin T, Brown A H D, Hintum Th J L and Morales E A V ed. *Core Collections of Plant Genetic Resources*. Pub by John Wiley & Sons, 1995: 3 - 19.
- [2] Hintum Th J L. Hierarchical approaches to the analysis of genetic diversity in crop plants. In: Hodgkin T, Brown A H D, Hintum Th J L and Morales E A V ed. *Core Collections of Plant Genetic Resources*. Pub by John Wiley & Sons, 1995: 23 - 34.
- [3] Jin S B, Liu D A. *Records of Chinese Wheat Cultivars*. Beijing: Agricultural Press, 1962. (in Chinese)
金善宝,刘定安.中国小麦品种志.北京:农业出版社,1962.
- [4] Jin S B. *Records of Chinese Wheat Cultivars (1962 - 1982)*. Beijing: Agricultural Press, 1983. (in Chinese)
金善宝.中国小麦品种志(1962 - 1982).北京:农业出版社,1983.
- [5] Jin S B. *Records of Chinese Wheat Cultivars (1983 - 1993)*. Beijing: Agricultural Press, 1997. (in Chinese)
金善宝.中国小麦品种志(1983 - 1993).北京:农业出版社,1997.
- [6] Jin S B. *China Wheat Varieties and Their Pedigree*. Beijing: Agricultural Press, 1983. (In Chinese)
金善宝.中国小麦品种及其系谱.北京:农业出版社,1983.
- [7] Payne P I, Holt L M, Law C N. Structural and genetical studies on the high molecular weight subunits of wheat glutenin. *Theor. Appl. Genet.* 1981a, 60: 229 - 236.
- [8] Payne P I, Corfield K G, Holt L M, Blackman J A. Correlation between the inheritance of certain high molecular weight subunits of glutenin and breadmaking quality in progenies of six crosses of bread wheat. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 1981b, 32: 51 - 60.
- [9] Payne P I, Lawrence G J. Catalogue of alleles for the complex gene loci, *Glu-A1*, *Glu-B1*, and *Glu-D1* which code for high molecular weight subunits of glutenin in hexaploid wheat. *Cereal Research Communication*, 1983, 11(1): 29 - 35.
- [10] Trethowan R M, Pena R J, Ginkel M: Penalties associated with use of indirect tests for grain quality on yield and bread making quality of wheat. *Plant Breeding*, 2001, 120: 509 - 512.
- [11] Zhang X Y, Dong Y C, You G X, Wang L F, Jia J Z, Dong Y C. Allelic variation of *Glu-A1*, *Glu-B1* and *Glu-D1* in Chinese wheat varieties released in the last 50 years. *Scientia Agricultura Sinica*, 2001, 34(4): 355 - 362. (in Chinese)
张学勇,董玉琛,游光侠,王兰芬,贾继增,董玉琛.中国小麦大面积推广品种及骨干亲本的高分子量谷蛋白亚基组成分析.中国农学科学,2001,34(4):355 - 362.
- [12] Ciaff M, Lafiandra D, Porceddu, Benedettelli S. Storage protein variation in wild emmer wheat (*Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides*) from Jordan and Turkey. I. Electrophoretic characterization of genotypes. *Theor. Appl. Genet.* 1993, 86: 474 - 480.
- [13] Liu C R, Ma K P, Lü Y H, Kang Y L. Measurement of biotic community diversity VI. The statistical aspects of diversity measures. *Chin Biodiversity*, 1998, 6(3): 229 - 239. (in Chinese)
刘灿然,马克平,吕延华,康永亮.生物群落多样性的测度方法 VI. 与多样性测度有关的统计问题.生物多样性,1998, 6(3): 229 - 239.