

网络出版时间:2025-12-15

网络出版地址:https://link.cnki.net/urlid/61.1359.S.20251212.1310.006

基于主成分与聚类分析的小麦 RIL 群体农艺性状综合评价

魏松艳, 姜 豪, 田译凯, 苏丹丹, 陈向东, 吴晓军, 茹振钢

(河南科技学院小麦中心/小麦玉米两熟高效生产全国重点实验室/河南省杂交小麦重点实验室, 河南新乡 453003)

摘 要:为解析小麦重组自交系(RIL)群体的农艺性状遗传变异特征,并创制适用于BNS(Bainong sterility)杂交小麦的新恢复系种质,以普通小麦组合(百农矮抗58×CL0442)衍生的120份F₄代RIL家系为材料,系统调查了株高、穗颈长、穗下节长、分蘖角、穗长、穗数、有效分蘖数、主穗粒数、小穗数、穗粒重、单株粒重和千粒重等12个关键农艺性状,并进行了变异、相关、主成分及系统聚类分析。结果表明,RIL群体在多数性状上表现出丰富的遗传变异,其中单株粒重、有效分蘖数、穗数和分蘖角的变异系数均超过50%,存在明显的超亲分离现象。在不同性状间,株高与单株粒重呈极显著正相关,穗下节长与主穗粒数呈显著负相关,穗颈长与穗粒重呈显著正相关。通过主成分分析提取的前6个主成分累计贡献率达到83.37%,解析出生物量与单株产量、穗部结实能力、株高及株型等核心性状组合,明确了群体变异的主要遗传方向。通过聚类分析将120个家系划分为2大类、4个亚组,揭示了群体内显著的遗传分化。通过综合评价筛选出R8、R12等8个家系,其综合性状表现优异,可作为BNS杂交小麦强恢复系选育的中间材料。

关键词:小麦;重组自交系;农艺性状;聚类分析;主成分分析

中图分类号:S512.1;S330

文献标识码:A

文章编号:1009-1041(2026)06-0768-08

Comprehensive Evaluation of Agronomic Traits in Wheat RIL Population Based on Principal Component and Cluster Analyses

WEI Songyan, JIANG Hao, TIAN Yikai, SU Dandan, CHEN Xiangdong, WU Xiaojun, RU Zhengang

(Center of Wheat Research of Henan Institute of Science and Technology/State Key Laboratory of Wheat-Maize Double Cropping and High-Efficiency Production/Henan Key Laboratory of Hybrid Wheat, Xinxiang, Henan 453003, China)

Abstract: To elucidate the genetic variation patterns of agronomic traits in a recombinant inbred line (RIL) population and develop new restorer germplasm for BNS (Bainong sterility) hybrid wheat, this study utilized 120 F₄ RIL families derived from a common wheat cross (Bainong Aikang 58 × CL0442). Twelve key agronomic traits, including plant height, panicle exertion length, length of the top internode, tiller angle, spike length, spike number, productive tiller number, grain number per main spike, spikelet number, grain weight per spike, grain yield per plant, and thousand-grain weight, were systematically investigated and subjected to analyses of variability, correlation, principal components, and systematic clustering. The results revealed rich genetic diversity within the population for most traits, with evident transgressive segregation. Correlation analysis indicated a highly significant positive correlation between plant height and grain yield per plant, a significant negative correlation between the length of the top internode and grain weight per main spike, and a significant positive correlation between panicle exertion length and grain weight per spike. Principal component analysis extracted the first six principal components, which collectively accounted for 83.37% of the total variance, representing key genetic dimensions such as biomass and plant yield, spike fertility, plant

收稿日期:2025-10-03

修回日期:2025-11-11

基金项目:河南省高等学校青年骨干教师培养计划项目(2021GGJS122);河南省科技攻关项目(252102111133)

第一作者 E-mail: weisongyan2025@163.com (魏松艳)

通讯作者 E-mail: jdfs30@163.com (吴晓军); rzgh5819@163.com (茹振钢)

height structure, and plant architecture. Cluster analysis categorized the 120 families into two major classes and four subgroups, revealing significant genetic differentiation within the population. Furthermore, a comprehensive evaluation identified eight superior lines, including R8 and R12, which exhibited outstanding overall performance, providing valuable intermediate materials for breeding strong restorer lines for BNS hybrid wheat.

Keywords: Wheat; Recombinant inbred lines; Agronomic traits; Cluster analysis; Principal component analysis

小麦作为中国主要口粮作物,其产量的稳定性直接关系到国家粮食安全。小麦产量由多个农艺性状协同决定,深入解析这些性状间的关联性,对小麦高产育种具有重要意义。主成分分析与聚类分析是作物种质资源评价中常用的多元统计方法。主成分分析能在保留大部分原始信息的前提下,将多个相关性性状转换为少数几个独立的主成分,从而实现数据降维;聚类分析则能依据性状相似性,对种质资源进行客观分类^[1]。这两种方法已被广泛应用于小麦、水稻、玉米等作物的遗传多样性研究及优良种质筛选^[2-11]。例如,金艳等^[12]与马斯霜等^[13]分别利用上述方法,对 CIMMYT 小麦种质及重组自交系(RIL)群体进行了有效综合评价,成功筛选出综合性状优良的材料。然而,农艺性状间的关联易受试验材料、气候等因素干扰,导致不同研究结论间存在差异。利用遗传背景相对稳定的群体是解决这一问题的有效途径。RIL 群体作为遗传稳定的永久性群体,能够为性状遗传研究提供更为可靠的表型数据^[14]。

BNS(Bainong sterility)型低温敏感雄性不育系是黄淮麦区杂交小麦育种的重要遗传工具,其育性转换彻底,应用前景广阔。然而,当前其相应恢复系资源匮乏,已成为制约 BNS 杂交小麦杂种优势利用的瓶颈^[15-16]。因此,创制新的强恢复系资源迫在眉睫。本研究以黄淮麦区骨干亲本百农矮抗 58 与 BNS 强恢复系 CL0442 杂交构建的 F₄ 代 RIL 群体为材料,对其 12 个主要农艺性状开展了相关性、主成分及基于主成分的聚类分析,旨在阐明性状间的遗传关系,明确不同株系的综合表现,并筛选综合性状优异的株系,为培育 BNS 杂交小麦新恢复系提供宝贵的中间材料和理论依据。

1 材料和方法

1.1 试验材料

本研究的试验材料为一个普通小麦 RIL 群体,该群体以百农矮抗 58 为母本、CL0442 为父

本,通过单粒传法衍生至 F₄ 代。于 2023 年夏季从 F₃ 代植株上收获了 F₄ 代种子。

1.2 田间种植

田间试验于 2023 年 10 月中旬在河南科技学院小麦中心新乡朗公庙试验基地进行。从已创建的 348 个 F₄ 家系中随机选取 120 个家系(分别用 R1~R120 表示),作为本研究的 RIL 群体进行田间试验。试验采用随机区组设计,重复 2 次。每家系种植 2 行,行长 2.0 m,行距 0.25 m。全生育期进行常规水肥管理和病虫害防治,以确保植株正常生长。

1.3 性状调查

2024 年 5 月底进行田间和室内性状调查。每个重复随机选择 5 株,田间调查株高、穗颈长、穗下节长、分蘖角、穗长、穗数和有效分蘖数,室内调查主穗粒数、小穗数、穗粒重、单株粒重和千粒重。

1.4 数据处理分析

采用 Microsoft Excel 进行基本的数据整理和描述性统计(平均值、标准差、变异系数)。使用 DPS 9.5 软件进行 Pearson 相关性分析、主成分分析(PCA)以及系统聚类分析。聚类分析使用 Origin 2021 软件完成,采用离差平方和法进行计算,并以树状图可视化。

2 结果与分析

2.1 F₄ 代 RIL 群体农艺性状的变异状况

F₄ 代 RIL 群体的农艺性状变异系数范围为 11.51%~57.69%(表 1)。通过与亲本百农矮抗 58(P1)和 CL0442(P2)的比较,群体在多个性状上表现出明显的超亲分离。株型相关性状中,分蘖角的变异最丰富,变异系数高达 57.69%,其变化范围(2.00~34.00°)超出双亲范围(P1:13.22°, P2:31.80°)。穗颈长与穗下节长的变异系数分别为 25.75%和 13.69%,也表现出较大变异。相比之下,株高的变异系数最小(11.51%),且其群体

平均值介于双亲之间,表明其在该群体中遗传相对稳定。

产量构成性状的变异尤为突出。单株粒重的变异系数最大(54.10%),其群体变化范围(1.48~95.05 g)远超亲本值(P1:30.23 g, P2:25.32 g),平均值达到 36.77 g。有效分蘖数与穗数的变异系数也均超过 50%。此外,穗粒重、主穗粒数、小

穗数及穗长的变异系数分别为 36.95%、25.81%、20.98%和 18.01%,均存在较广泛的遗传变异。千粒重的变异系数为 15.84%,在产量性状中最稳定。

综上所述,该 RIL 群体在多数性状上存在广泛的超亲分离,尤其以单株粒重、有效分蘖数与分蘖角为代表,为后续遗传研究和优良株系选育提供了良好的材料基础。

表 1 F₄ 代 RIL 群体主要农艺性状的变异
Table 1 Variability of agronomic traits in the F₄ generation of RIL population

性状 Trait	母本 P1	父本 P2	最大值 Max.	最小值 Min.	平均值 Average	标准差 SD	变异系数 CV/%
株高 Plant height/cm	75.67	112.10	110.50	57.50	84.79	9.76	11.51
穗颈长 Panicle exertion length/cm	0.45	0.62	1.50	0.25	0.59	0.15	25.75
穗下节长 Length of the top internode/cm	22.15	34.11	43.00	21.50	30.16	4.13	13.69
分蘖角 Tiller angle/°	13.22	31.80	34.00	2.00	14.69	8.48	57.69
穗数 Spike number per plant	25.14	35.37	73.00	2.00	35.34	18.11	51.24
有效分蘖数 Productive tiller number per plant	24.52	23.45	73.00	1.00	32.85	17.13	52.14
穗长 Spike length/cm	9.81	13.22	23.00	6.00	11.75	2.12	18.01
主穗粒数 Grain number per main spike	44.07	53.93	90.00	14.00	45.40	11.72	25.81
小穗数 Spikelet number per spike	20.67	22.53	26.86	10.29	17.06	3.58	20.98
穗粒重 Grain weight per spike/g	1.26	1.10	3.55	0.31	1.18	0.44	36.95
单株粒重 Grain yield per plant/g	30.23	25.32	90.05	1.48	36.77	19.89	54.10
千粒重 Thousand-grain weight/g	41.83	27.73	47.05	10.86	36.06	5.71	15.84

2.2 F₄ 代 RIL 群体农艺性状的相关性分析

性状间的相关性分析结果如表 2 所示。株型性状中,株高与穗下节长、有效分蘖数、穗长及单株粒重均呈极显著正相关($P<0.01$)。穗颈长与穗长呈极显著正相关,并与穗粒重呈显著正相关($P<0.05$)。值得注意的是,穗下节长与主穗粒数呈显著负相关。在产量性状间,穗数与有效分蘖数之间存在极强的极显著正相关($r=0.99$),且二者均与单株粒重呈极显著正相关($r=0.82, 0.83$)。然而,穗数和有效分蘖数均与穗粒重呈极显著负相关。此外,单株粒重还与穗长、主穗粒数及穗粒重呈显著或极显著正相关。千粒重则与穗粒重呈极显著正相关。

结果表明,在 RIL 群体中,单株产量高的家系通常表现出植株较高、穗数或有效分蘖数多、穗部较长等特征。

2.3 F₄ 代 RIL 群体性状的主成分分析

对 RIL 群体 F₄ 代的 12 个主要农艺性状进行主成分分析,结果(表 3)表明,前 6 个主成分的累积贡献率达到 83.37%,能够充分代表原始数据的主要信息。第 1 主成分贡献率为 26.08%,是影响群体变异最重要的因子。其在穗数、有效分蘖数和单株粒重上具有最高的正载荷(均为 0.51),可定义为分蘖成穗与单株产量因子,表明分蘖成穗能力是决定本群体单株产量潜力的首要遗传维度。第 2 主成分贡献率为 16.76%,其主要载荷于主穗粒数、小穗数和穗粒重,可归结为穗部结实因子,代表了单穗结实能力。第 3 主成分贡献率为 13.97%,在株高与穗下节长上载荷最高,体现了植株的垂直生长因子。第 4 主成分贡献率为 10.44%,其主要由分蘖角(0.64)驱动,反映了植株的水平伸展与株型因子。第 5 主成分贡献率为

表 2 F₄ 代 RIL 群体主要农艺性状的相关性分析

Table 2 Correlation analysis of agronomic traits in F₄ generation of RIL population

性状 Trait	株高 Plant height	穗颈长 Panicle exertion length	穗下节长 Length of the top internode	分蘖角 Tiller angle	穗数 Spike number per plant	有效分蘖数 Productive tillerper plant number	穗长 Spike length	主穗粒数 Grain number per main spike	小穗数 Spikelet number per spike	穗粒重 Grain weight per spike	单株粒重 Grain yield per plant
穗颈长 Panicle exertion length	−0.01										
穗下节长 Length of the top internode	0.45**	0.11									
分蘖角 Tiller angle	−0.08	−0.04	0.11								
穗数 Spike number per plant	0.22*	0.06	0.08	−0.01							
有效分蘖数 Productive tiller number per plant	0.24**	0.05	0.09	−0.02	0.99**						
穗长 Spike length	0.30**	0.37**	0.18	−0.03	0.18	0.18					
主穗粒数 Grain number per main spike	−0.15	0.14	−0.21*	0.15	0.17	0.16	0.16				
小穗数 Spikelet number per spike	0.04	0.04	−0.06	0.15	0.09	0.09	0.26**	0.66**			
穗粒重 Grain weight per spike	−0.04	0.21*	0.07	−0.16	−0.28**	−0.28**	0.09	0.21*	0.19*		
单株粒重 Grain yield per plant	0.24**	0.15	0.15	−0.08	0.82**	0.83**	0.22*	0.23*	0.17	0.20*	
千粒重 Thousand-grain weight	0.05	0.12	0.08	−0.03	−0.01	−0.01	0.13	0.15	0.05	0.31**	0.13

* : $P<0.05$; ** : $P<0.01$.

8.38%，在穗颈长和穗长上表现为较高的负载荷，而在千粒重上表现为中等正载荷，表明较短的穗颈和穗长可能与较大的粒重相关联，可视为一种穗部结构与粒重权衡因子。第 6 主成分贡献率为 7.74%，其结构较为复杂，同时关联了分蘖角、千粒重和株高(负值)，可能反映了某些特定的生长协调机制。

综上，主成分分析将 12 个农艺性状降维为 6 个独立因子，并依据贡献率明确了性状遗传的主次关系：前 4 个主成分(累计 67.25%)主导了单株产量潜力、穗部结实能力等核心变异，是恢复系选育的首要目标；后 2 个主成分则揭示了穗部结构(穗颈长、穗长)与粒重之间的负向权衡关系，以及分蘖角、株高与粒重间的特定协调机制，这些结果可为针对性地优化穗部结构和株型提供理论依据。

基于主成分分析获得的特征向量与性状标准化值，计算了每个家系的 6 个主成分得分(表 4)。其中，第 1 主成分得分前三的家系分别为

R1(4.33)、R11(4.20)和 R8(3.99)，最低为 R71(−3.79)；第 2 主成分得分前三的家系分别为 R75(6.34)、R14(5.42)和 R119(2.69)，最低为 R107(−2.88)；第 3 主成分得分前三的家系分别为 R38(2.99)、R16(2.94)和 R8(2.34)，最低为 R4(−2.82)；第 4 主成分得分前三的家系分别为 R90(2.64)、R65(2.44)和 R81(2.35)，最低为 R14(−2.31)；第 5 主成分得分前三的家系分别为 R62(2.46)、R34(2.29)和 R33(1.99)，最低为 R12(−3.00)；第 6 主成分得分前三的家系分别为 R12(4.54)、R15(2.44)和 R99(2.10)，最低为 R70(−2.86)。加权计算了其综合得分，结果发现，综合得分大于 1 的家系共有 8 个，依次为 R8(1.88)、R12(1.81)、R75(1.71)、R1(1.30)、R59(1.17)、R46(1.08)、R11(1.04)和 R65(1.02)，表明这些家系在生物量、穗部性状、株型结构等农艺性状上具有最优的综合表现。与之相反，R10(−1.45)、R71(−1.92)和 R41(−2.03)的综合得分较低，其综合性状表现最差。

表 3 F₄ 代 RIL 群体各性状的主成分分析
Table 3 Principal component analysis in F₄ generation of RIL population

性状 Trait	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6
株高 Plant height	0.22	−0.15	0.44	0.28	0.20	−0.39
穗颈长 Panicle exertion length	0.13	0.26	0.26	−0.11	−0.66	0.35
穗下节长 Length of the top internode	0.13	−0.11	0.52	0.34	0.22	0.15
分蘖角 Tiller angle	0.00	0.05	−0.18	0.64	0.10	0.60
穗数 Spike number per plant	0.51	−0.22	−0.17	−0.09	−0.01	0.08
有效分蘖数 Productive tiller number per plant	0.51	−0.22	−0.16	−0.09	0.00	0.07
穗长 Spike length	0.24	0.22	0.30	0.21	−0.45	−0.19
主穗粒数 Grain number per main spike	0.19	0.49	−0.34	0.11	0.06	−0.07
小穗数 Spikelet number per spike	0.18	0.46	−0.22	0.33	0.11	−0.35
穗粒重 Grain weight per spike	−0.02	0.46	0.26	−0.32	0.27	−0.01
单株粒重 Grain yield per plant	0.51	−0.01	−0.01	−0.24	0.14	0.08
千粒重 Thousand-grain weight	0.07	0.28	0.24	−0.24	0.41	0.41
特征值 Eigenvalue	3.13	2.01	1.68	1.25	1.01	0.93
百分率 Proportion/%	26.08	16.76	13.97	10.44	8.38	7.74
累计百分率 Cumulative proportion/%	26.08	42.84	56.81	67.25	75.63	83.37
权重 Weight	0.31	0.20	0.17	0.13	0.10	0.09

PC1~PC6:主成分 1~ 6。表 4 同。
PC1~PC6: Principal components 1—6. The same in table 4.

表 4 F₄ 代 RIL 群体主成分得分
Table 4 Principal component scores in F₄ generation of RIL population

家系 Line	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	综合得分 Composite Score	家系 Line	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	综合得分 Composite Score
R1	4.33	1.46	−1.02	−1.31	−0.47	0.34	1.30	R41	−3.64	−2.13	−1.19	−1.55	−0.72	0.01	−2.03
R2	−0.44	−0.03	0.45	0.06	0.65	0.36	0.04	R45	−0.09	1.48	−1.54	−0.95	0.14	−0.04	−0.10
R3	3.50	1.17	−2.16	0.39	−1.02	0.03	0.92	R46	3.03	0.25	−0.38	0.13	1.30	−0.04	1.08
R4	−0.49	0.32	−2.82	−0.78	−0.23	0.80	−0.61	R59	3.21	−0.32	1.18	0.09	0.05	0.19	1.17
R8	3.99	1.97	2.34	−0.23	−1.31	0.09	1.88	R62	0.40	−2.09	2.09	1.95	2.46	0.04	0.55
R9	−1.43	0.64	−0.58	−0.83	0.39	0.37	−0.45	R65	0.88	2.64	−0.28	2.44	−0.46	0.03	1.02
R10	−2.18	−1.49	−1.27	0.83	−2.18	−1.54	−1.45	R69	−0.47	−1.77	2.24	−0.86	−0.50	0.01	−0.28
R11	4.20	−0.06	−1.35	0.51	−0.24	−0.80	1.04	R70	−0.76	−1.66	1.47	0.89	−2.10	−2.86	−0.69
R12	3.84	0.57	2.21	0.04	−3.00	4.54	1.81	R71	−3.79	−2.10	−1.13	−0.62	−1.49	1.17	−1.92
R14	−1.43	5.42	0.05	−2.31	−0.06	0.88	0.44	R75	1.10	6.34	−0.12	0.61	0.57	−0.26	1.71
R15	−0.74	2.41	−1.88	1.37	−0.48	2.44	0.29	R81	−0.18	−0.42	−0.31	2.35	0.41	0.59	0.20
R16	−2.09	0.39	2.94	−1.10	1.57	−0.30	−0.09	R82	2.96	−0.89	0.71	−0.03	−0.12	−0.42	0.81
R25	−0.96	1.37	0.75	−0.35	0.28	0.24	0.11	R90	−1.92	1.40	−1.15	2.64	−1.12	−0.74	−0.36
R27	0.23	0.95	0.45	−1.06	0.00	0.52	0.25	R99	0.17	−0.63	1.19	−0.06	0.87	2.10	0.40
R33	1.91	−1.84	0.17	1.75	1.99	1.66	0.83	R102	−0.39	−1.33	1.44	0.42	1.65	0.29	0.10
R34	−0.97	−1.72	−1.09	−1.68	2.29	0.24	−0.79	R107	−2.19	−2.88	−0.88	1.85	−0.99	0.35	−1.25
R36	2.83	−0.88	0.76	−0.54	−0.64	−0.80	0.63	R113	−1.61	−0.97	2.04	1.40	1.10	−1.28	−0.19
R38	−1.69	0.80	2.99	−0.80	−1.13	−0.50	−0.13	R119	−1.22	2.69	0.04	2.22	−0.47	0.17	0.41

2.4 基于主成分得分的聚类分析

为进一步解析群体内在的遗传结构,本研究选取前 6 个主成分的得分作为新的综合变量,对 120 个 F₄ 代家系进行系统聚类分析(图 1)。结果表明,所有家系被清晰地划分为 2 个大类和 4 个亚群(图 1),各类群在关键农艺性状上表现出显著的组间差异。

第 I 大类包含 67 个家系,在第 2 主成分(穗部结实因子)上普遍表现突出,但在决定单株产量的第 1 主成分(生物量与单株产量因子)上表现较弱或呈负值,表明该类群以大穗型家系为主,其单穗的粒数、粒重潜力大,但整体生物量和分蘖成穗数可能偏低。该类群可进一步细分为两个亚组: I-1 亚组包含 R9、R14、R25、R27、R38 等 26 个家系,其主成分得分相对集中,性状表现较为一般,是群体中数量性状分布的核心类型; I-2 亚组包含 R1、R10、R45、R65、R75、R119 等 41 个家系,其在多个主成分上表现出更广泛的离散度,可能在某

些性状上具有特异的正向或负向极端表现,是性状重组的产物。

第 II 大类包含 53 个家系,第 1 主成分得分普遍较高,显示出较高的生物量和单株产量潜力。然而,其在穗部性状(PC2)和株型结构上出现分化: II-1 亚组包含 R2、R62、R69、R102、R113 等 11 个家系,其在多个主成分上得分较为均衡,没有表现出极端的性状倾向,属于性状协调的中间类型; II-2 亚组包含 R3、R8、R12、R36、R46、R59、R82 等 42 个家系,集中了多数在第 1 主成分(生物量与单株产量因子)和第 3 主成分(垂直生长因子)上得分较高的家系,它们不仅具有高生物量,往往还兼具理想的株高结构,是选育高产、抗倒伏恢复系的核心材料库。

该聚类结果清晰地揭示了群体内基于不同类型性状组合的遗传分化,为从不同育种目标(如“大穗型”或“多穗高产型”)出发筛选亲本提供了直接依据。

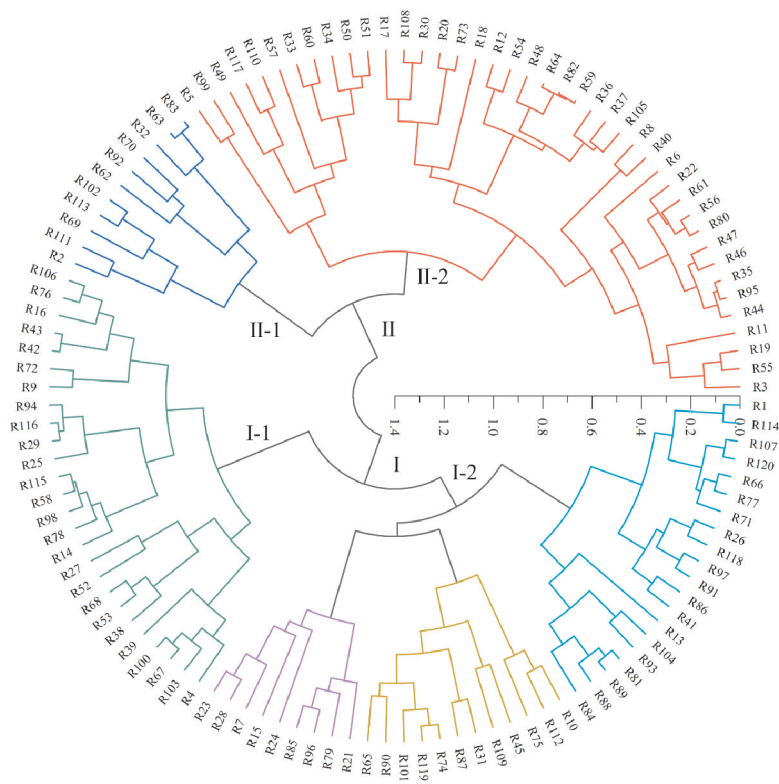


图 1 F₄ 代 RIL 群体聚类分析结果

Fig. 1 Cluster analysis in F₄ generation of RIL population

2.5 优良家系的综合评价与筛选

为筛选综合性状优良的恢复系候选材料,在综合得分排序的基础上,结合聚类分析的类群归属,对优良家系的遗传特性与高产潜力进行深入

剖析。结果显示,综合得分大于 1 的 8 个优良家系(R8、R12、R75、R1、R59、R46、R11、R65)在聚类分析中分布于不同的类群中,揭示了其多样化的高产途径。具体而言,这些家系主要汇聚于两

个遗传背景迥异的亚组。第Ⅱ大类的Ⅱ-2亚组作为“生物量主导型”高产类群,该亚组集中了R8、R12、R59、R46、R11、R65等6个优良家系,其共同的特征是第1主成分(生物量与单株产量因子)得分较高,具备强大的分蘖成穗与生物量积累能力。第Ⅰ大类的Ⅰ-2亚组作为“穗部特质型”类群,包含了R75和R1,其中R75在第2主成分(穗部结实因子)上表现较为突出,属于典型的大穗型家系,而R1则是一个特例,其综合高产能力主要来源于较高的第1主成分得分。

根据其主成分构成,这些优良家系可归纳为以下三种高产类型。均衡高产型:以R8、R12为代表,它们在决定产量的核心主成分(第1和第2主成分)上均表现优异,实现了生物量与穗部结实能力的理想协同,是综合性状最佳的候选家系。生物量突出型:以R1、R11、R46为代表,其特征是第1主成分得分较高,单株产量潜力较大。穗部特异型:以R75为代表,其第2主成分(穗部结实因子)上得分比较高,具备较强的大穗特性,是改良穗部性状的珍贵材料。

综上所述,本研究通过主成分分析实现了对家系综合性状的精准量化排序,进而通过聚类分析阐释了高产性状背后的不同遗传结构。最终筛选出的8个优良家系,不仅综合表现优异,而且涵盖了不同的高产类型,为BNS杂交小麦针对性地选育强恢复系提供了多样化的核心亲本材料。

3 讨论

RIL群体是研究数量性状遗传规律的理想材料^[17-18]。其遗传背景相对一致,能够最大限度地减少遗传噪声,从而更精确地揭示性状间的真实关系^[19-21]。本研究以由黄淮麦区骨干亲本百农矮抗58与BNS强恢复系CL0442杂交衍生的F₄代RIL群体为对象,对其主要农艺性状进行了系统性评价,验证了其作为强恢复系筛选与遗传研究材料的较高潜力。

本群体在多数农艺性状上存在广泛的遗传变异,为强恢复系的选择提供了丰富的基础。尤为重要的是,单株粒重、穗数、有效分蘖数等关键产量性状变异系数均超过50%,预示着通过选择实现产量突破的巨大潜力。株型性状中,分蘖角的变异最丰富(57.69%)。作为父本,过大的分蘖角可能影响恢复系株型结构与田间授粉效率,因此在恢复系选育中应倾向于选择分蘖角度适中的家

系。相比之下,株高变异系数最小(11.51%),这很可能与母本百农矮抗58携带的*Rht-D1b*矮秆基因在该群体中的固定有关^[22],此特性有利于选育株高适中、抗倒伏性强的恢复系。

小麦产量是多个性状协同作用的结果。本研究的相关性分析揭示了这些复杂的相互关系。株高与单株粒重等产量性状呈极显著正相关,表明在本群体中,适当增加株高可能有利于生物量积累,这与恢复系需要高于不育系以利授粉的育种目标相契合。此外,穗颈长与穗粒重呈显著正相关,提示穗颈长是高产育种中一个不容忽视的选择指标。

本研究成功运用主成分分析将12个性状降维至6个主成分,累计贡献率达83.37%,高效地提取了群体变异的主要信息^[23]。其中,以穗数和单株粒重为核心的第1主成分贡献率最高,明确了其在群体评价中的主导地位。基于主成分得分的聚类分析将群体划分为具有不同性状组合特征类群,清晰揭示了生物量主导型、穗部特质型等不同的遗传结构,实现了对群体多维度的解析。基于主成分综合得分与聚类分析结果,筛选出R8、R12、R75等8个综合性状优良的家系。值得注意的是,这些家系并非单一类型,而是包含了均衡高产型、生物量突出型和穗部特异型三种典型的高产途径,这为BNS杂交小麦强恢复系的定向选育提供了多样化且极具价值的中间材料。未来的工作将是将这些优良家系与BNS不育系进行杂交,通过测定杂种F₁代的育性恢复能力与杂种优势水平,最终鉴定出综合性状优良且恢复力强的恢复系品系。

本研究通过多维度分析,明确了该RIL群体的遗传特性,解析了性状间的内在联系。结果表明,采用主成分与聚类分析相结合的策略,能够高效地从复杂群体中鉴别出具有不同高产潜力的优良家系。本研究不仅明确了株高、穗粒重、千粒重、分蘖角等需要重点关注与权衡的关键性状,更重要的是,为BNS杂交小麦的恢复系改良提供了类型丰富、遗传基础清晰的核心亲本材料与坚实的理论指导。

参考文献:

- [1]戎亚思,李丰,张鹏钰,等.基于主成分-聚类分析芝麻盛花期耐高温评价及品种筛选[J].中国农业科学,2024,57(20):3957.
RONG Y S, LI F, ZHANG P Y, et al. Evaluation of high temperature tolerance and selection of sesame(*Sesamum indicum*

- L.) cultivars at full flowering stage based on principal components-cluster analysis [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2024, 57(20):3957.
- [2] 张闪闪, 张旭斌, 田仁美, 等. 小麦新品系苗期的耐热性评价 [J]. 麦类作物学报, 2024, 44(10):1279.
- ZHANG S S, ZHANG X B, TIAN R M, *et al.* Evaluation of heat resistance of new wheat advanced lines at seedling stage [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2024, 44(10):1279.
- [3] 毕新铜, 葛子菲, 杨洋, 等. 豫北灌区优质高产小麦品种鉴定及其生理特征 [J]. 河南农业大学学报, 2025, 59(2):199.
- BI X T, GE Z F, YANG Y, *et al.* Selection of high quality and high yield wheat varieties in Northern Henan irrigation area and its physiological characteristics [J]. *Journal of Henan Agricultural University*, 2025, 59(2):199.
- [4] 张会芳, 齐红志, 孙岩, 等. 黄淮冬麦区不同来源地新育成小麦品种性状多样性分析 [J]. 植物遗传资源学报, 2023, 24(3):719.
- ZHANG H F, QI H Z, SUN Y, *et al.* Character diversity analysis of new wheat varieties from different origins in Huang-Huai winter wheat region [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2023, 24(3):719.
- [5] 陈泽东, 师焕婷, 董殿琪, 等. 不同小麦品种(系)耐低磷能力综合评价与代表性评价指标筛选 [J]. 河南农业科学, 2023, 52(4):21.
- CHEN Z D, SHI H T, DONG D Q, *et al.* Comprehensive evaluation of low phosphorus tolerance of different wheat varieties (lines) and screening of representative evaluation indexes [J]. *Journal of Henan Agricultural Sciences*, 2023, 52(4):21.
- [6] 冯莹莹, 董立强, 马亮, 等. 基于主成分及聚类分析的东北南部地区优质粳稻品质的综合评价 [J]. 食品科学, 2024, 45(18):17.
- FENG Y Y, DONG L Q, MA L, *et al.* Comprehensive quality evaluation of high-quality Japonica rice varieties in southern regions of Northeast China using principal component analysis and cluster analysis [J]. *Food Science*, 2024, 45(18):17.
- [7] 陈丽, 孙建昌. 60 份不同来源粳稻种质资源表型性状的多样性分析及综合评价 [J]. 中国稻米, 2022, 28(6):74.
- CHEN L, SUN J C. Diversity analysis and comprehensive evaluation of phenotypic traits in 60 Japonica rice germplasm resources from different sources [J]. *China Rice*, 2022, 28(6):74.
- [8] 王晓映, 张方玉, 万星, 等. 基于分子标记和表型性状的水稻地方品种遗传多样性研究 [J]. 植物遗传资源学报, 2023, 24(3):636.
- WANG X Y, ZHANG F Y, WAN X, *et al.* Diversity of rice landraces revealed by molecular markers and phenotypic traits [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2023, 24(3):636.
- [9] 毛俊莹, 杨光, 陶猛, 等. 玉米种质资源农艺性状鉴定与综合评价 [J]. 黑龙江农业科学, 2024(9):1.
- MAO J Y, YANG G, TAO M, *et al.* Identification and comprehensive evaluation of agronomic characters of maize germplasm resources [J]. *Heilongjiang Agricultural Sciences*, 2024(9):1.
- [10] 赵海军, 史佳晴, 王彬, 等. 150 份玉米自交系籽粒及其品质性状的综合评价 [J]. 河南农业科学, 2023, 52(5):33.
- ZHAO H J, SHI J Q, WANG B, *et al.* Comprehensive evaluation of grain and its quality traits of 150 Maize inbred lines [J]. *Journal of Henan Agricultural Sciences*, 2023, 52(5):33.
- [11] 郭胜微, 边思文, 丁建文, 等. 糯玉米萌发期耐低温品种资源的综合评价 [J]. 中国农业科技导报, 2023, 25(2):38.
- GUO S W, BIAN S W, DING J W, *et al.* Comprehensive evaluation of low temperature tolerance of waxy maize varieties at germination stage [J]. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 2023, 25(2):38.
- [12] 金艳, 马红珍, 宋全昊, 等. CIMMYT 小麦种质资源在黄淮麦区引种的遗传多样性综合评价 [J]. 江苏农业科学, 2024, 52(2):46.
- JIN Y, MA H Z, SONG Q H, *et al.* Comprehensive evaluation of genetic diversity of CIMMYT wheat germplasm resources introduced into Huang-Huai wheat region [J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2024, 52(2):46.
- [13] 马斯霜, 王敬东, 白海波, 等. 春小麦重组自交系品质性状与产量、生理性状相关性分析 [J]. 西北农业学报, 2024, 33(3):406.
- MA S S, WANG J D, BAI H B, *et al.* Correlation analysis of quality traits, yield and physiological traits in recombinant self-incompatible lines of spring wheat [J]. *Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica*, 2024, 33(3):406.
- [14] 徐云碧, 朱立煌. 分子数量遗传学 [M]. 北京: 中国农业出版社, 1994.
- XU Y B, ZHU L H. Molecular quantitative genetics [M]. Beijing: China Agriculture Press, 1994.
- [15] 范晓静. BNS 小麦育性相关基因等位性分析和表达研究 [D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2014.
- FAN X J. Analysis of expression and allelism in fertility gene in BNS wheat [D]. Yangling: Northwest A & F University, 2014.
- [16] 王震. BNS 小麦温敏雄性不育系恢复系筛选及遗传表达分析 [D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2014.
- WANG Z. Analysis of gene expression in genetic and restoration of thermo-sensitive male sterile line BNS of common wheat [D]. Yangling: Northwest A & F University, 2014.
- [17] 杜志喧, 王建平, 黄州, 等. 水稻重组自交系群体农艺性状遗传变异及产量分析 [J]. 江西农业大学学报(自然科学版), 2019, 41(3):413.
- DU Z X, WANG J P, HUANG Z, *et al.* An analysis of genetic variation of agronomic traits of rice recombinant inbred lines and its impact on yield [J]. *Acta Agriculturae Universitatis Jiangxiensis (Natural Sciences Edition)*, 2019, 41(3):413.
- [18] 姜朋, 李斯深, 马鸿翔, 等. 利用小麦重组自交系群体进行籽粒性状与种子活力相关关系研究 [J]. 江西农业学报, 2013, 25(11):43.
- JIANG P, LI S S, MA H X, *et al.* Study on correlation between grain traits and seed vigor of wheat by using a recombinant inbred line population [J]. *Acta Agriculturae Jiangxi*, 2013, 25(11):43.
- [19] CAMPBELL K G, BERGMAN C J, GUALBERTO D G, *et al.* Quantitative trait loci associated with kernel traits in a soft $\times$ hard wheat cross [J]. *Crop Science*, 1999, 39(4): crops1999.0011183X003900040039x.
- [20] GROOS C, ROBERT N, BERVAS E, *et al.* Genetic analysis of grain protein-content, grain yield and thousand-kernel weight in bread wheat [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2003, 106(6):1032.
- [21] WÜRSCHUM T, LEISER W L, LANGER S M, *et al.* Phenotypic and genetic analysis of spike and kernel characteristics in wheat reveals long-term genetic trends of grain yield components [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2018, 131(10):2071.
- [22] 王刚, 胡铁柱, 李小军, 等. 小麦新品种百农矮抗 58 及其亲本矮秆基因的检测 [J]. 河南农业科学, 2012, 41(9):22.
- WANG G, HU T Z, LI X J, *et al.* Detection of dwarfing genes in wheat variety AK58 and its parents [J]. *Journal of Henan Agricultural Sciences*, 2012, 41(9):22.
- [23] KHODADADI M, FOTOKIAN M H, MIRANSARI M. Genetic diversity of wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes based on cluster and principal component analyses for breeding strategies [J]. *Australian Journal of Crop Science*, 2011, 5(1):17.