

网络出版时间:2025-12-16

网络出版地址: <https://link.cnki.net/urlid/61.1359.S.20251215.0924.002>

普通小麦矮秆突变体 20DH2-2 遗传分析及株高 QTL 定位

李丽敏¹, 刘雯¹, 朱娜¹, 郑佳乐¹, 母学荣¹, 刘洋¹, 田业松¹, 张小红², 闵东红¹

(1. 西北农林科技大学农学院/旱区作物逆境生物学国家重点实验室, 陕西杨凌 712100;

2. 西北农林科技大学生命科学院, 陕西杨凌 712100)

摘要: 株高对小麦产量有重要影响。为进一步挖掘小麦株高的数量性状位点(QTL), 以矮秆突变体 20DH2-2 和高秆材料 21Hs-7 构建的 F₂ 群体为材料, 用主基因+多基因混合遗传模型对株高进行遗传分析; 利用 620 对简单重复序列(SSR)分子标记筛选结果构建遗传连锁图谱, 结合 F₂ 群体株高表型数据进行 QTL 定位分析。结果表明, 株高的最适遗传模型为 2MG-EA(两对等加性主基因)。通过分离群体分组分析法(BSA 法)筛选到 26 对具有多态性的 SSR 分子标记, 构建了全长为 531.62 cM 遗传连锁图谱。共检测到 5 个株高相关 QTL, 分布在 2A(2 个)、4A、5A 及 6A 染色体上, 对数优势比(LOD 值)为 2.60~8.19, 可解释 7.97%~22.88% 的表型变异。*QPH-nwafu-2A.2*、*QPH-nwafu-4A*、*QPH-nwafu-5A* 及 *QPH-nwafu-6A* 分别与分子标记 *BQ838266*(距离为 4.01 cM)、*Xwmc262*(距离为 3.00 cM)、*Xwmc524*(距离为 3.94 cM) 及 *Xbarc107*(距离为 0.69 cM) 紧密连锁。

关键词: 普通小麦; 遗传分析; 株高; QTL

中图分类号: S512.1; S330

文献标识码: A

文章编号: 1009-1041(2026)01-0044-07

Genetic Analysis of the Common Wheat Dwarf Mutant 20DH2-2 and QTL Mapping of Plant Height

LI Limin¹, LIU Wen¹, ZHU Na¹, ZHENG Jiale¹, MU Xuerong¹, LIU Yang¹,
TIAN Yesong¹, ZHANG Xiaohong², MIN Donghong¹

(1. College of Agronomy/ State Key Laboratory of Crop Stress Biology in Arid Area, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi 712100, China; 2. College of Life Sciences, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi 712100, China)

Abstract: Plant height is a key trait in the growth and development of wheat and has an important impact on wheat yield. To further identify quantitative trait loci(QTL) associated with plant height in wheat, this study utilized an F₂ population derived from a cross between a dwarf mutant 20DH2-2 and a tall parent 21Hs-7. Genetic analysis of plant height was conducted using a mixed dominant gene plus multi-gene inheritance model. A genetic linkage map was constructed using the screening results of 620 simple sequence repeat(SSR) molecular markers, and QTL mapping analysis was performed in combination with the plant height phenotypic data of the F₂ individuals. Results showed that the optimal genetic model for plant height was 2MG-EA(two equal additive major genes). Through bulked segregant analysis(BSA), 26 polymorphic SSR markers were identified, constructing a genetic linkage map spanning 531.62 cM. Five plant height-related QTLs were detected on chromosomes 2A(two QTLs), 4A, 5A, and 6A, with logarithm of odds(LOD scores) ranging from 2.60 to 8.19 and explaining 7.97%~22.88% of phenotypic variation. Specifically, *QPH-nwafu-2A.2*, *QPH-nwafu-4A*, *QPH-nwafu-5A*, and *QPH-nwafu-6A* tightly linked to molecular markers *BQ838266* (4.01 cM),

收稿日期: 2025-04-02

修回日期: 2025-05-12

基金项目: 国家科技创新 2030-重大项目(2023ZD040230306)

第一作者 E-mail: 1830219769@qq.com(李丽敏)

通讯作者 E-mail: mdh2493@126.com(闵东红)

Xwmc262(3.00 cM), *Xwmc524*(3.94 cM), and *Xbarc107*(0.69 cM), respectively.

Keywords: Wheat; Genetic analysis; Plant height; QTL

小麦(*Triticum aestivum* L.)是全球重要的粮食作物之一,为人类提供了大量的热量和蛋白质^[1]。株高是小麦关键的农艺性状之一,不仅影响生物量与收获指数,还与抗倒伏能力和光合作用效率紧密相关。小麦株高过高易导致在遭遇大风等恶劣天气下发生倒伏,引起产量大幅下降;株高过低会使冠层叶片过于密集,导致光合速率降低,进而减少生物量^[2]。因此,适宜的株高已成为小麦育种中的重要目标性状。

小麦株高作为典型的数量性状,受多个基因与环境因素综合影响。近年来,随着分子生物学技术的发展,QTL 定位已成为解析小麦株高遗传基础的重要手段。迄今为止,国内外研究者已经定位到上百个控制株高的 QTL^[3],其中一些 QTL 与已知的 *Rht* 基因位置相近。廖思敏等^[4]利用 55K SNP 芯片定位到 52 个株高 QTL,其中有两个稳定主效 QTL;*QPh. cib-4B. 1* 在 4B 染色体上 21.94~36.01 Mb 区间内,对株高表型变异的解释率是 6.43%~27.61%,已知的矮秆基因 *Rht1* 也在该区间内;*QPh. cib-2D. 1* 在 2D 染色体上 32.80~34.43 Mb 区间内,对株高表型变异的解释率是 4.90%~11.97%,与 2D 染色体上的已知矮秆基因 *Rht8* 的物理间距较大。Zou 等^[5]基于两个春小麦材料 Attila 和 CDC Go 构建的重组自交系群体,定位到了一个株高相关 QTL—*QPh. dms-4B*,解释表型变异的 18.40%;*QPh. dms-4B* 距离已知基因 *Rht-B1* 约 34.50 cM,表明 *QPh. dms-4B* 对株高的影响可能并非由 *Rht-B1* 基因直接引起。Chen 等^[6]以加拿大小麦品种 Peace 和 Carberry 衍生的 RIL 群体为材料,在两种管理条件下检测到 5 个株高 QTL;其中 *QPh. dms-4B* 位于 4B 染色体 27.70~29.10 Mb 之间,解释了 54%和 49%的表型变异,该 QTL 与 *Rht-B1* 的等位基因分布一致,推测可能与矮秆基因 *Rht-B1b* 相关。虽然关于小麦株高的 QTL 研究已经取得了显著进展,但鉴定出的许多 QTL 效应值较低且定位区间较大,无法有效利用这些 QTL 进行分子标记辅助育种(MAS)。因此,鉴定更多稳定且效应显著的 QTL 尤为重要。

本研究以矮秆突变体 20DH2-2 与高秆材料

21Hs-7 构建的 F₂ 群体为材料,对株高进行遗传分析;利用 SSR 分子标记构建遗传连锁图谱,对株高 QTL 进行初步定位,为精确定位株高 QTL 及分子标记辅助育种提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料及其种植

供试材料为 20DH2-2 和 21Hs-7 及其构建的 F₂ 群体。20DH2-2 是万丰 269 和 08(59)41-2-1B-4 杂交产生 F₁ 后,通过花药离体培养得到的双单倍体矮秆突变体;21Hs-7 是一个高秆材料。2022 年 10 月,将 20DH2-2、21Hs-7 及其 F₂ 群体种植于陕西杨凌原植物所,行长为 1.50 m,行距是 0.25 m。两个亲本各种植 1 行,株距是 0.03 m;F₂ 群体共 276 个单株,种植 20 行,株距是 0.10 m。所有材料的种植均采用单粒点播的方式,整个生育期的田间管理措施同当地大田。

1.2 株高鉴定与分析

在小麦成熟期,测量 20DH2-2、21Hs-7 及 F₂ 群体每个单株的株高,测量标准为小麦基部到穗顶端的距离(芒除外)。使用 SPSS 26 对亲本及 F₂ 群体株高进行分析,得到平均值(M)、标准差(SD)、偏度(SK)、峰度(KU)和变异系数(CV)。

1.3 遗传模型分析

参考盖钧镒等^[7]提出的植物数量性状主基因+多基因混合遗传分析方法,利用王靖天等^[8]完善的 R 语言包 SEA v2.0 分析适合 F₂ 群体株高的遗传模型。根据 Akaike^[9]的最大熵规则,选择 AIC 值较小的 3 个遗传模型作为候选模型,再对这 3 个候选模型进行适合性检验。选择统计量达到显著水平个数最少且 AIC 值最小的模型作为最适遗传模型,通过最小二乘法估计最适遗传模型的一阶遗传参数以及二阶遗传参数。

1.4 DNA 的提取及高、矮秆混池的构建

小麦苗期,对 F₂ 群体的每个单株标号并贴上相应的标签,用改良 CTAB 法提取 DNA。根据 BSA 方法,在 F₂ 群体中挑选出 20 株高秆和 20 株矮秆植株,将其 DNA 等量混合;同时,两个亲本各选取 3 个 DNA 样本进行等量混合。

1.5 SSR 分子标记的筛选

利用实验室现有的分布在小麦 A、B、D 染色体组上的 620 对 SSR 分子标记(包括 Xbarc、Xwmc、Xgwm、Xgpw、Xcfd、Xcfa、Xdem 等类型),对亲本及 F₂ 的 DNA 混池进行 PCR 扩增,扩增产物用 8% 的聚丙烯酰胺凝胶电泳进行检测,银染显色后分析多态性。

1.6 F₂ 群体的基因型

利用在亲本和 F₂ 的 DNA 混池中均表现出多态性的 SSR 分子标记,对 F₂ 群体中的每一个单株 DNA 进行 PCR 扩增,电泳、银染显色后记录条带类型。与矮秆亲本 20DH2-2 带型相同的记为“2”,与高秆亲本 21Hs-7 带型相同的记为“0”,杂合带型记为“1”,没有带型的记为“-1”。

1.7 遗传图谱的构建

利用 QTL IciMapping. V4. 2 的“MAP”功能,对分子标记进行分群、排序、调整最终生成遗传连锁图谱。对分子标记进行分群时,软件会自动计算各个标记之间的连锁关系,并根据设定的标准(LOD 临界值为 3)将标记划分到不同的连锁群中;选择 k-Optimality 函数,对分子标记进行排序;最后利用默认参数(以 LOD 值为标准,窗口大小为 5)对排序后的分子标记进行调整并输出遗传连锁图谱。

1.8 QTL 定位分析

利用 QTL IciMapping. V4. 2 的“BIP”功能进行 QTL 分析,选择“Deletion”,缺失表型数据不用于 QTL 作图;选择完备区间作图法,设置扫描步长为 1 cM,逐步回归概率 PIN 是 0. 001, LOD 值设置为 2. 5。QTL 的命名方式为:Q+目标性状缩写+“-”+机构英文缩写+“-”+染色体。若同一染色体上存在多个 QTL,则在染色体编号后依次加上“. 1,. 2…”。

2 结果与分析

2.1 亲本和 F₂ 群体的株高表型

由表 1 可知,20DH2-2 平均株高为 57. 83 cm,21Hs-7 平均株高为 103. 70 cm(图 1)。276 个 F₂ 株系的株高呈连续分布(图 2),平均值为 72. 27 cm。经正态性检验,F₂ 群体株高的偏度为 -0. 34,峰度为 -0. 56,其绝对值均小于 1,表明株高分布近似正态分布,符合数量性状的特征,可以进行主基因+多基因混合遗传分析及 QTL 定位。F₂ 群体株高的变异系数为 18. 87%,表明株

高变异程度较大,分离广泛,遗传多样性较高。

表 1 亲本及 F₂ 群体株高分析
Table 1 Analysis of plant height of the parents and their F₂ population

性状 Trait	亲本 Parent		F ₂ 群体 F ₂ population				
	20DH2-2	21Hs-7	平均值 Mean	标准差 SD	偏度 SK	峰度 KU	变异系数 CV/%
株高 Plant height/cm	57. 83	103. 70	72. 27	13. 64	-0. 34	-0. 56	18. 87



从右到左依次为 21Hs-7、20DH2-2、F₂ 群体中的高秆植株、F₂ 群体中的矮秆植株。

From right to left are 21Hs-7, 20DH2-2, tall individual in the F₂ population, and dwarf individual in the F₂ population.

图 1 双亲及部分 F₂ 株高

Fig. 1 Plant height of both parents and some F₂ plants

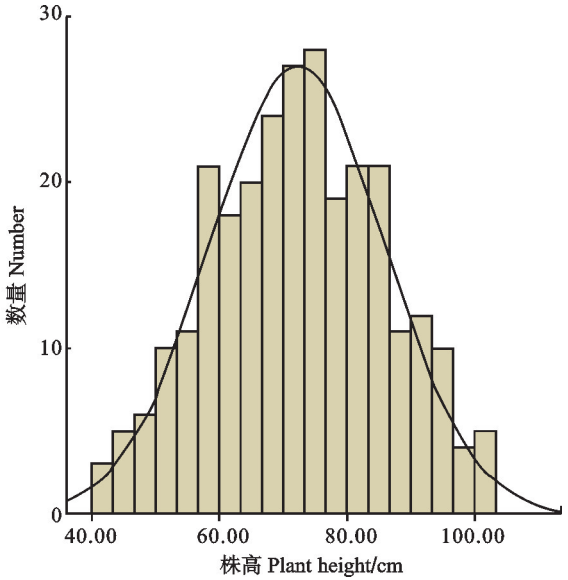


图 2 F₂ 群体株高分布

Fig. 2 Distribution of plant height of F₂ population

2.2 株高的最适遗传模型及遗传参数分析

对 F₂ 群体株高的遗传模型进行分析,根据 AIC 最小值原则,选择 2MG-EA(2 对等加性主基因)、1MG-AD(1 对加性-显性主基因)和 1MG-A (1 对加性主基因)为最适遗传模型的候选模型(表 2),其 AIC 值分别为 2 230.778、2 231.734 和 2 232.244。对这 3 个候选模型进行适合性检验,结果见表 3,3 个候选模型的 5 项适合性检验统计量均未达到显著性水平。因此,结合 AIC 最小值

原则,最终选择 2MG-EA 作为最适遗传模型。

表 2 候选模型的极大似然值和 AIC 值
Table 2 Maximum likelihood value(MLV) and AIC value of candidate models

模型 Model	极大似然值 Maximum likelihood value	AIC 值 AIC value
2MG-EA	−1 112.389	2 230.778
1MG-AD	−1 111.867	2 231.734
1MG-A	−1 113.122	2 232.244

表 3 候选模型的适合性检验结果
Table 3 Suitability test results of candidate models

模型 Model	U_1^2	U_2^2	U_3^2	${}_nW^2$	D_n
2MG-EA	0.005 6(0.940 2)	0.011 4(0.915)	0.018 6(0.891 4)	0.037 9(0.943 5)	0.037 8(0.825 5)
1MG-AD	0.000 0(0.995 3)	0.000 0(0.998 4)	0.000 2(0.988 4)	0.025 6(0.988 3)	0.032 9(0.926 4)
1MG-A	0.001 7(0.967 5)	0.001 2(0.927 4)	0.000 4(0.984 3)	0.059 4(0.819 7)	0.045 4(0.620 7)

U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 是均匀性检验统计量; ${}_nW^2$ 是 Smirnov 检验统计量; D_n 是 Kolmogorov 检验统计量; 括号内数据为相应 P 值。
 U_1^2 , U_2^2 , and U_3^2 are uniformity test statistics; ${}_nW^2$ is the Smirnov test statistic; D_n is the Kolmogorov test statistic; The data in parentheses represent the corresponding P -values.

对最适遗传模型 2MG-EA 的遗传参数进行估计,结果见表 4,第一对主基因的加性效应与第二对主基因的加性效应相同,均为 11.22,表现为正向效应。进一步分析二阶遗传参数,主基因的遗传力(h_{mg}^2)达到 91.71%,而环境因素仅解释了 8.29%的变异。这说明株高性状主要由主基因控制,受环境影响较小。

表 4 最适遗传模型(2MG-EA)的遗传参数估计值
Table 4 Estimated values of genetic parameters of the optimal genetic model(2MG-EA)

一阶参数 1st order parameter			二阶参数 2nd order parameter	
m/cm	d_a	d_b	σ_{mg}^2	$h_{mg}^2/\%$
72.27	11.22	11.22	184.87	91.71

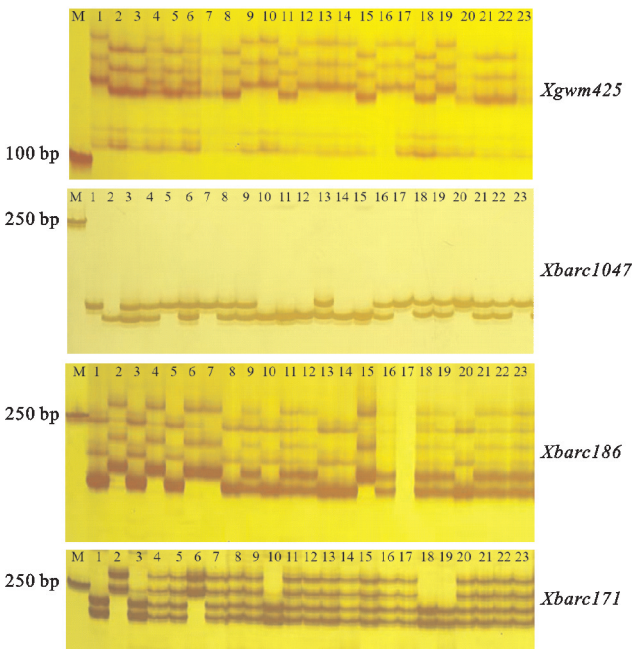
m : 群体平均值; d_a : 第一对主基因的加性效应; d_b : 第二对主基因的加性效应; σ_{mg}^2 : 主基因方差; h_{mg}^2 : 主基因遗传力。
 m : Population mean; d_a : Additive effects of the first major genes; d_b : Additive effects of the second major genes; σ_{mg}^2 : Variance of major genes; h_{mg}^2 : Heritability of the major genes.

2.3 多态性 SSR 分子标记筛选

从 620 对 SSR 分子标记中共筛选出 26 对具有多态性且条带清晰的 SSR 分子标记,检出率为 4.19%。用筛选到的 26 对 SSR 分子标记对 F₂ 群体 276 个单株进行 PCR 扩增,发现这些分子标记在 F₂ 群体中均存在多态性(图 3)。

2.4 构建遗传图谱

对 20DH2-2 与 21Hs-7 的 F₂ 群体的(26 个)



M:DL2000;1:21Hs-7;2:20DH2-2;3~21:部分 F₂ 单株。
M: DL2000; 1: 21Hs-7; 2: 20DH2-2; 3—21: Some F₂ individual plants.

图 3 部分 SSR 分子标记在部分 F₂ 单株中的扩增结果
Fig. 3 Amplification results of some SSR markers in some F₂ individual plants

SSR 分子标记检测结果作图群,构建了 1 张全长 531.62 cM 的小麦遗传连锁图谱。该图谱包含 4 个连锁群(表 5),分别在 2A、4A、5A、6A 染色体上,标记间的平均遗传距离为 23.36 cM。

表 5 遗传图谱信息
Table 5 Genetic mapping information

染色体 Chromosome	连锁群 Linkage group	标记数量 No. of markers	总图距 Total distance/cM	平均距离 Mean distance/cM	标记间最大距离 Maximum interval between markers/cM
2A	G1	11	263.09	26.31	44.74
4A	G2	5	105.20	26.30	30.15
5A	G3	5	92.94	23.24	32.40
6A	G4	5	70.39	17.60	27.69
总计	4	26	531.62	23.36	33.75

2.5 QTL 分析

利用构建的遗传图谱结合成熟期 F₂ 群体株高表型数据进行 QTL 定位分析, 总共定位到 5 个控制小麦株高的 QTL, 分布在 2A(2 个)、4A、5A、6A 染色体上(图 4, 表 6)。在 2A 染色体上发现两个 QTL, 其中一个 QTL 的遗传区间为 0~31.41 cM, 将其命名为 *QPH-nwafu-2A.1*, 与 *Xdem144* 连锁, 遗传距离为 13.41 cM, LOD 值为 8.19, 解释表型变异(PVE)的 22.88%, 该 QTL 对株高表

型贡献最高, 且解释的表型变异大于 10%, 因此认为它是一个主效 QTL; 另外一个 QTL 的遗传区间为 133.99~142.46 cM, 将其命名为 *QPH-nwafu-2A.2*, 与 *BQ838266* 紧密连锁(遗传距离为 4.01 cM), LOD 值为 7.23, 解释的表型变异为 13.49%, 也是一个主效 QTL。在 4A 染色体上发现的 QTL 的遗传区间为 0~25.53 cM, 将其命名为 *QPH-nwafu-4A*, 与 *Xwmc262* 紧密连锁(遗传距离为 3.00 cM), LOD 值为 2.60, 解释的表型

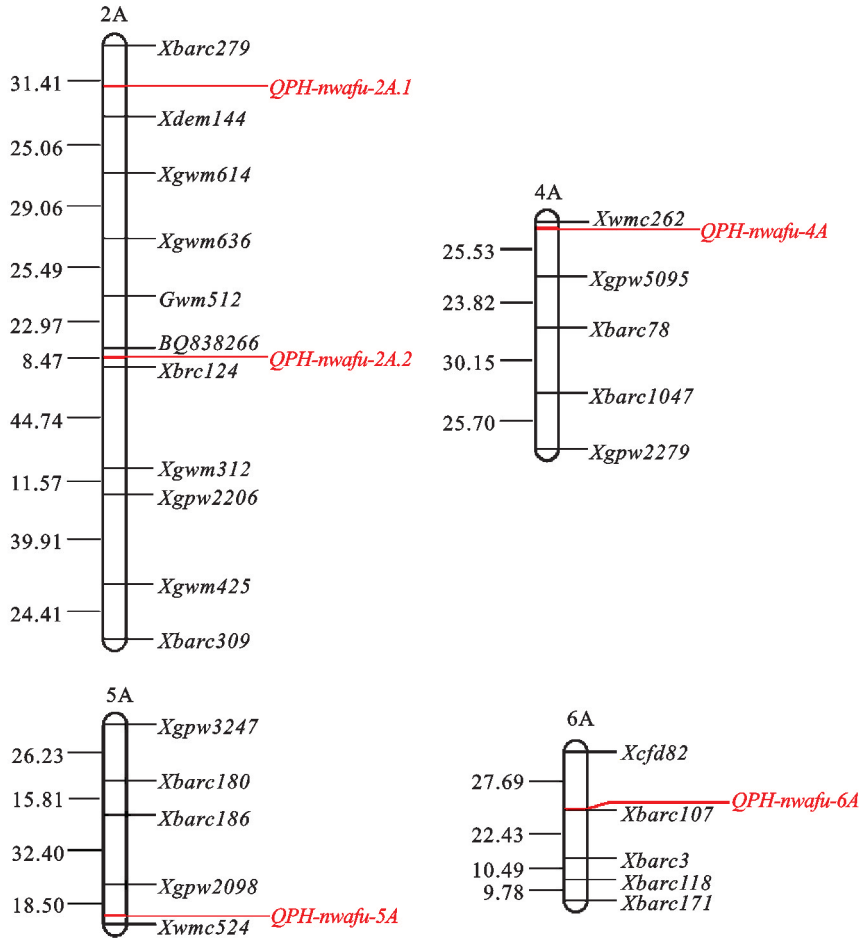


图 4 株高性状 QTL 在染色体上的分布
Fig. 4 Distribution of QTLs for plant height on chromosomes of wheat

表 6 株高相关 QTL 定位结果

Table 6 Results of QTL mapping associated with plant height

QTL	染色体 Chromosome	位置 Position/cM	左侧标记 Left marker	右侧标记 Right marker	LOD	表型贡献率 PVE/%	加性效应 Additive effect
<i>QPH-nwafu-2A. 1</i>	2A	18	<i>Xbarc279</i>	<i>Xdem144</i>	8.19	22.88	−10.67
<i>QPH-nwafu-2A. 2</i>	2A	138	<i>BQ838266</i>	<i>Xbarc124</i>	7.23	13.49	−7.35
<i>QPH-nwafu-4A</i>	4A	3	<i>Xwmc262</i>	<i>Xgpw5095</i>	2.60	7.97	−6.15
<i>QPH-nwafu-5A</i>	5A	89	<i>Xgpw2098</i>	<i>Xwmc524</i>	3.09	8.96	−6.01
<i>QPH-nwafu-6A</i>	6A	27	<i>Xcfd82</i>	<i>Xbarc107</i>	3.10	8.11	−5.06

变异为 7.97%，其解释的表型变异小于 10%，是 1 个微效 QTL。在 5A 染色体上发现的 QTL 的遗传区间为 74.44~92.94 cM，将其命名为*QPH-nwafu-5A*，与*Xwmc524* 紧密连锁(遗传距离为 3.94 cM)，LOD 值为 3.09，解释的表型变异为 8.96%，是 1 个微效 QTL。在 6A 染色体上发现的 QTL 的遗传区间为 0~27.69 cM，将其命名为*QPH-nwafu-6A*，与*Xbarc107* 紧密连锁(遗传距离为 0.69 cM)，LOD 值为 3.10，解释的表型变异为 8.11%，是 1 个微效 QTL。

3 讨论

目前,对小麦株高遗传分析的研究比较多。解松峰等^[10]利用重组自交系群体研究发现,株高受 2 对连锁主基因和多基因混合控制。马斯霜等^[11]以 2 个 RIL 群体为材料,在干旱胁迫下研究发现,株高受 4 对主基因+多基因控制。毕晓静等^[12]以西农 817 和中国春构建的 F₂ 和 F₃ 群体为材料,发现株高受 1 对加显性主基因+加性-显性多基因混合控制。姚金保等^[13]通过对 7 个亲本双列杂交的 F₁ 杂交组合研究,认为小麦株高的遗传可能受 3~4 对主效基因控制。本研究结果表明,株高性状受两对等加性主基因控制,与上述研究结果存在差异。这可能是由供试材料或试验环境条件的差异引起。

本研究共定位到 5 个株高相关 QTL,分布在 2A(2 个)、4A、5A、6A 染色体上,包含 2 个主效 QTL(都位于 2A 染色体上)和 3 个微效 QTL,可解释 7.97 %~22.88 %的表型变异。基于小麦基因组数据库,将本研究定位的 5 个株高 QTL 与已经报道的株高 QTL 的物理位置进行比较,其中*QPH-nwafu-2A. 1* 位于 2A 染色体 14.95~181.21 Mb 区间内,与已经发现的株高 QTL *QPh-AxC. ipbb-2A*^[14]、*QPh. nfcir-2A*^[15] 以及 *Qph. ccshau-2A*^[16] 可能为同一 QTL。*QPH-nwa-*

fu-2A. 2 位于 2A 染色体 3.78~18.34 Mb,该位点与报道的*QPH. co-2A*^[17] 及 *Qph. jaas-2A. 2*^[18] 位置相近,推测可能为同一 QTL。*QPH-nwafu-4A* 物理位置为 571.08~691.14 Mb,与已经发现的 QTL *QHT. uia2-4A-2*^[19]、*QPh. hwwgr-4AL*^[20] 可能为同一 QTL。*QPH-nwafu-5A* 的物理位置为 26.93~163.46 Mb,与报道的*QHt. cd-5A*^[21]、*QPH. caas-5AS*^[22]、及 *QHt. ipk-5A. 1*^[23] 可能是相同 QTL。这些位点的发现可为进一步精细定位株高 QTL 提供参考依据。*QPH-nwafu-6A* 物理位置为 510.24~495.1 Mb,与其他研究中已报道的位于 6A 染色体上的株高 QTL *QHt. ipk-6A*^[24]、*QPh-6A. 2*^[25]、*QPlht. cob-6A. 1*^[26] 物理位置不同,因此推测*QPH-nwafu-6A* 可能是 1 个新的株高 QTL。

本研究定位到的*QPH-nwafu-2A. 2*、*QPH-nwafu-4A*、*QPH-nwafu-5A* 及 *QPH-nwafu-6A* 分别与分子标记*BQ838266*、*Xwmc262*、*Xwmc524* 及 *Xbarc107* 紧密连锁。在小麦育种过程中,利用这些标记进行分子辅助选择,可在早期世代高效鉴定携带目标 QTL 的优良植株,加速株高性状的改良进程。但当前定位到的 QTL 物理区间较大,难以精细定位到具体基因。后续研究中可以利用小麦基因芯片或全基因组重测序技术,增加标记密度后,以更精准地锚定 QTL 的物理位置,缩小候选基因范围。

参考文献:

[1]CURTIS T,HALFORD N G. Food security: The challenge of increasing wheat yield and the importance of not compromising food safety [J]. *Annals of Applied Biology*,2014,164 (3):354.
[2]SONG L,LIU J,CAO B L,*et al.* Reducing brassinosteroid signalling enhances grain yield in semi-dwarf wheat [J]. *Nature*,2023,617(7959):118.
[3]XU D A,JIA C F,LYU X R,*et al.* In silico curation of QTL-rich clusters and candidate gene identification for plant height

- of bread wheat [J]. *The Crop Journal*, 2023, 11(5): 1480.
- [4] 廖思敏, 冯波, 徐智斌, 等. 基于 55K SNP 芯片检测小麦株高 QTL [J]. 应用与环境生物学报, 2022, 28(3): 576.
- LIAO S M, FENG B, XU Z B, *et al.* Detection of QTLs for plant height in wheat based on the 55K SNP array [J]. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*, 2022, 28(3): 576.
- [5] ZOU J, SEMAGN K, IQBAL M, *et al.* QTLs associated with agronomic traits in the Attila × CDC Go spring wheat population evaluated under conventional management [J]. *PLoS One*, 2017, 12(2): e0171528.
- [6] CHEN H, BEMISTER D H, IQBAL M, *et al.* Mapping genomic regions controlling agronomic traits in spring wheat under conventional and organic managements [J]. *Crop Science*, 2020, 60(4): 2038.
- [7] 盖钧镒, 章元明, 王建康. 植物数量性状遗传体系 [M]. 北京: 科学出版社, 2003: 96.
- GAI J Y, ZHANG Y M, WANG J K. Genetic system of quantitative traits in plants [M]. Beijing: Science Press, 2003: 96.
- [8] 王靖天, 张亚雯, 杜应雯, 等. 数量性状主基因+多基因混合遗传分析 R 软件包 SEA v2.0 [J]. 作物学报, 2022, 48(6): 1416.
- WANG J T, ZHANG Y W, DU Y W, *et al.* An R package for mixed major gene and polygenic inheritance analysis of quantitative traits: SEA v2.0 [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2022, 48(6): 1416.
- [9] AKAIKE H. On entropy maximization principle [J]. *Application of Statistics*, 1977, 543: 27.
- [10] 解松峰, 吉万全, 张耀元, 等. 小麦重要产量性状的主基因+多基因混合遗传分析 [J]. 作物学报, 2020, 46(3): 365.
- XIE S F, JI W Q, ZHANG Y Y, *et al.* Genetic effects of important yield traits analysed by mixture model of major gene plus polygene in wheat [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2020, 46(3): 365.
- [11] 马斯霜, 白海波, 惠建, 等. 旱胁迫下 2 个小麦 RIL 群体苗期性状主基因与多基因的遗传分析 [J]. 江苏农业科学, 2020, 48(14): 87.
- MA S S, BAI H B, HUI J, *et al.* Genetic analysis of major gene and polygene for seedling-stage traits in two wheat RIL populations under drought stress [J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2020, 48(14): 87.
- [12] 毕晓静, 史秀秀, 马守才, 等. 小麦农艺性状的主基因+多基因遗传分析 [J]. 麦类作物学报, 2013, 33(4): 630.
- BI X J, SHI X X, MA S C, *et al.* Genetic analysis of agronomic traits related to yield based on major gene plus polygene model in wheat [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2013, 33(4): 630.
- [13] 姚金保, 任丽娟, 张平平, 等. 小麦株高及其构成因素的遗传及相关性分析 [J]. 麦类作物学报, 2011, 31(4): 604.
- YAO J B, REN L J, ZHANG P P, *et al.* Genetic and correlation analysis of plant height and its components in wheat [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2011, 31(4): 604.
- [14] AMALOVA A, ABUGALIEVA S, CHUDINOV V, *et al.* QTL mapping of agronomic traits in wheat using the UK Avalon × Cadenza reference mapping population grown in Kazakhstan [J]. *PeerJ*, 2021, 9: e10733.
- [15] HAI L, GUO H J, WAGNER C, *et al.* Genomic regions for yield and yield parameters in Chinese winter wheat (*Triticum aestivum* L.) genotypes tested under varying environments correspond to QTL in widely different wheat materials [J]. *Plant Science*, 2008, 175(3): 226.
- [16] SANGWAN S, MUNJAL R, RAM K, *et al.* QTL mapping for morphological and physiological traits in RILs of spring wheat population of WH1021 × WH711 [J]. *Journal of Environmental Biology*, 2019, 40(4): 674.
- [17] LIU J, WU B H, SINGH R P, *et al.* QTL mapping for micro-nutrients concentration and yield component traits in a hexaploid wheat mapping population [J]. *Journal of Cereal Science*, 2019, 88: 57.
- [18] 周森平, 宋桂成, 张鹏, 等. 基于重组自交系群体的小麦株高 QTL 分析 [J]. 麦类作物学报, 2025, 45(4): 421.
- ZHOU M P, SONG G C, ZHANG P, *et al.* QTL Mapping for wheat plant height based on RIL population [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2025, 45(4): 421.
- [19] ISHAM K, WANG R, ZHAO W D, *et al.* QTL mapping for grain yield and three yield components in a population derived from two high-yielding spring wheat cultivars [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2021, 134(7): 2079.
- [20] LI C, BAI G, CARVER B F, *et al.* Mapping quantitative trait loci for plant adaptation and morphology traits in wheat using single nucleotide polymorphisms [J]. *Euphytica*, 2016, 208(2): 299.
- [21] CHEN D, WU X Y, WU K, *et al.* Novel and favorable genomic regions for spike related traits in a wheat germplasm Pubing 3504 with high grain number per spike under varying environments [J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2017, 16(11): 2386.
- [22] GAO F M, WEN W E, LIU J D, *et al.* Genome-wide linkage mapping of QTL for yield components, plant height and yield-related physiological traits in the Chinese wheat cross Zhou 8425B/Chinese spring [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2015, 6: 1099.
- [23] HUANG X Q, KEMPF H, GANAL M W, *et al.* Advanced backcross QTL analysis in progenies derived from a cross between a German elite winter wheat variety and a synthetic wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2004, 109(5): 933.
- [24] HUANG X Q, CÖSTER H, GANAL M W, *et al.* Advanced backcross QTL analysis for the identification of quantitative trait loci alleles from wild relatives of wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2003, 106(8): 1379.
- [25] XU Y F, LI S S, LI L H, *et al.* QTL mapping for yield and photosynthetic related traits under different water regimes in wheat [J]. *Molecular Breeding*, 2017, 37(3): 34.
- [26] EL-FEKI W M, BYRNE P F, REID S D, *et al.* Mapping quantitative trait loci for agronomic traits in winter wheat under different soil moisture levels [J]. *Agronomy*, 2018, 8(8): 133.