麦类作物学报 2026,46(9):1131－1139
Journal of Triticeae Crops doi: 10.7606/j.issn.1009-1041.2026.09.01

网络出版时间:2026-09-03
网络出版地址:https://link.cnki.net/urlid/61.1359.S.20260903.1103.010

AL型杂交小麦亲本矮秆基因组成对F_1茎秆特性及单株产量的影响

孔德真,聂迎彬,桑 伟,李江博,徐红军,刘鹏鹏,田笑明
(新疆农垦科学院作物研究所/谷物品质与遗传改良兵团重点实验室,新疆石河子 832000)

摘 要:为了阐明杂交小麦不同矮秆基因型组成对小麦茎秆特性和单株产量的影响,采用已知的17个小麦矮秆基因分子标记对6个不育系和6个恢复系进行检测,配制36个双列杂交组合,考察不同组合的F_1株高、茎秆特性及单株产量。结果表明,12个亲本材料均含有*Rht1*基因,*Rht8*主要分布在不育系中,*Rht24*基因主要分布在恢复系,*Rht2*、*Rht4*、*Rht11*基因在12个材料中分布频率较低,未检测到*Rht3*、*Rht5*和*Rht14*基因。亲本携带不同的矮秆基因组合对F_1代的株高配合力明显不同,恢复系17ARH41与不育系小偃22A、津11324A有很好的降秆一般配合力;含*Rht4*基因组合具有最大的穗下节茎秆充实度(1.66 mg·cm^{-1})和穗下节间比率(39.48%),而不含*Rht4*的组合分别为1.65 mg·cm^{-1}和38.5%;恢复系17ARH44、13AR55分别与6个不育系杂交的F_1代在茎秆抗折力和穿刺力表现出明显不同的杂种优势,两个恢复系矮秆基因组成中仅有一个*Rht13*基因的区别,秆型指数与第二节间比率和单株产量呈正相关,相关系数分别为0.90和0.68。F_1代抗倒伏性状和单株产量平衡较好的杂交组合是小偃22A×17ARH44、津11324A×17ARH44。

关键词:杂交小麦;矮秆基因;杂种优势;茎秆特性;单株产量
中图分类号:S512.1; S330 **文献标识码**:A **文章编号**:1009-1041(2026)09-1131-09

Effect of the Dwarf Gene Composition in AL-Type Hybrid Wheat Parents on the Stem Characteristics and Single-Plant Yield of F_1

Kong Dezhen, Nie Yingbin, Sang Wei, Li Jiangbo, Xu Hongjun, Liu Pengpeng, Tian Xiaoming
(Institute of Crop Research, Xinjiang Academy of Agri-Reclamation Sciences/Key Lab of Xinjiang Production and Construction Corps for Cereal Quality Research and Genetic Improvement, Shihezi, Xinjiang 832000, China)

Abstract: To clarify the effects of different dwarfing genotype combinations on stem traits and individual plant yield in hybrid wheat, seventeen known molecular markers for wheat dwarfing genes were used to screen six male sterile lines and six restorer lines. A total of 36 diallel cross combinations were prepared, and plant height, stem characteristics, and individual plant yield of F_1 hybrids from different combinations were investigated. The results showed that all 12 parental materials contained the *Rht1* gene. *Rht8* was mainly distributed in the male sterile lines, and *Rht24* was predominant in the restorer lines. *Rht2*, *Rht4* and *Rht11* presented low distribution frequency among the 12 materials, and *Rht3*, *Rht5* and *Rht14* were not detected in any tested materials. The combination of different dwarfing genes carried by the parents significantly affected the combining ability for plant height in the F_1 generation. For instance, restorer line 17ARH41 showed excellent general combining ability for plant height reduction when crossed with male sterile lines Xiaoyan 22A and Jin 11324A. The combinations containing the *Rht4* had the highest filling degree of peduncle internode(1.66 mg·cm^{-1}) and peduncle internode ratio(39.48%), in contrast to 1.65 mg·cm^{-1} and 38.5% recorded in combinations without *Rht4*. F_1 hybrids derived from the crosses between restorer lines 17ARH44, 13AR55 and six

收稿日期:2026-03-18 修回日期:2026-06-09
基金项目:兵团财政科技计划项目(2023CB007-10,2024DB010)
第一作者 E-mail:kongdezhen1746@163.com(孔德真)
通讯作者 E-mail:txming729@vip.sina.com(田笑明)

male sterile lines displayed obviously heterotic differences in stem breading resistance and puncture resistance. The two restorer lines differed only in the presence of the *Rht13* gene in their dwarfing gene constitutions. Stem type index was positively correlated with the second internode ratio and individual plant yield, with correlation coefficients of 0.90 and 0.68 respectively. The optimal F_1 combinations achieving favorable balance between lodging resistance traits and individual plant yield were Xiaoyan 22A×17ARH44 and Jin 11324A×17ARH44.

Keywords: Hybrid wheat; Dwarf gene; Heterosis; Stem characteristics; Single-plant yield

矮秆性状是小麦育种中的重要目标之一，能够显著提高小麦抗倒伏能力和增产潜力，对小麦生产具有重要意义。利用矮秆基因不仅可以降低小麦株高增强抗倒伏能力，甚至对提高小麦收获指数、增加小麦单位面积籽粒数和穗粒数等具有有利影响[1-2]。因此，合理利用小麦矮秆基因降低株高，增强抗倒伏能力，是稳定粮食产量的有效途径[3]。

目前已发现并命名的矮秆基因有 28 个，其中 *Rht1*、*Rht2* 和 *Rht8* 在中国小麦生产中广泛应用[4-5]。不同矮秆基因对小麦株高影响不同，而且部分矮秆基因对其他农艺性状还有负面影响[6]。前人研究发现，*Rht8* 半矮秆基因对生物学产量有很好的正向作用；*Rht10* 的降秆效应最强，但因为节间缩短太多，其使生物学产量显著降低；*Rht12* 矮秆基因的降秆程度明显大于 *Rht8*，但也会降低生物学产量[7-8]。已有研究单个矮秆基因的影响较多，多个矮秆基因组合对茎秆特性、降秆效果和产量的影响研究较少，针对杂交小麦杂种优势矮化育种的研究更少。

杂交小麦杂种优势主要表现之一是株高超亲优势显著，利用不同亲本矮秆基因的矮化互作效应可以控制杂交后代株高优势，提高杂交种抗倒伏能力。杨天章等[9]研究发现，含有矮秆基因 *Rht21* 的杂种 F_1 降秆约 13.8%。周文春等[10]研究表明，与 *Rht3* 纯合体相比，*Rht3* 杂合体能使穗粒数和千粒重分别增加 4.21%和 14.99%。为了明确不同矮秆基因组成对小麦茎秆特性和单株产量的影响，本研究以小麦 AL 型不育系、恢复系及其配制的杂交组合为材料，鉴定不育系和恢复系中所含矮秆基因类型、分布及组合情况，统计不同矮秆基因亲本组配的 F_1 代田间茎秆特性及单株产量，分析不同矮秆基因组合的降秆效应及抗倒伏能力，以期为杂交小麦杂种优势利用矮化育种提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

试验材料共 48 份，其中亲本 AL 型不育系 6 份，恢复系 6 份，双列杂交种 36 份，均由新疆农垦科学院作物研究所小麦创新团队提供。2023 年 10 月 5 日在新疆农垦科学院石河子试验站播种，田间试验随机区组设计，每份材料种植 5 行，每行 60 粒，行长 1.5 m，行距 25 cm，株距 2.5 cm，2 次重复，田间水肥管理同常规生产。

1.2 试验方法

1.2.1 分子标记鉴定

2024 年 4 月份小麦拔节期在田间随机采集小麦叶片，每行取 3 株进行混样，采用 CTAB 法[11]提取小麦基因组 DNA，用超微量分光光度计测定 DNA 浓度和纯度，采用 TE 溶液将部分 DNA 原液稀释至 50 ng·μL^{-1}，4 ℃保存备用，剩余原液放置－20 ℃保存。扩增采用已知的 17 个基因分子标记引物（表 1），PCR 引物由上海生工生物技术有限公司合成。

PCR 反应体系总体积为 20 μL，2×Taq Master Mix 10 μL，引物终浓度为 2 μmol·L^{-1}，DNA 模板 100 ng，ddH_2O 补足 20 μL。PCR 产物用 1.5%琼脂糖凝胶进行检测，SSR 引物及 SNP 等引物用 8%非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳进行检测，以凝胶成像仪观察拍照。

1.2.2 茎秆特性的测定

在小麦蜡熟期，每份材料选取长势均匀的植株 10 株测定茎秆抗折力（stem bending-resistance，SBR），通过传统手工测定方法找到植株的重心，放置 YYD-1A 型便携式植物抗倒伏测定仪在植株重心位置对茎秆强度进行测定，3 次重复。每次仪器推压方向保持一致，当植株和地面呈 45°角时，记录测定值，取平均值并换算成单株茎秆强度值。

表 1　矮秆基因引物信息

Table 1　Primer information of dwarf genes

基因 Gene	引物 Primer	引物序列 Primer sequence (5′−3′)	退火温度 Tm/℃	参考文献 Reference
Rht1	BF-MR1-F	GGTAGGGAGGGCAGAGGGCAG	63	[12]
	BF-MR1-R	CATCCCATGGCCATGGCCATCTGCAGCTA		
Rht2	DF-MR1-F	CGCGCAATTATTGGCCAGAGATAG	63	[12]
	DF-MR1-R	CCCCATGGCCATCTGCAGCTGCTA		
Rht3	F	ATGCCGTCTACAACTACTACGCTG	63	[13]
	R	TAGTGCACGGTGTCCGTGGGCA		
Rht4	WMC317-F	TGCTAGCAATGCTCCGGGTAAC	61	[14]
	WMC317-R	TCAGCAAACCTTTTCCTCCTCC		
Rht5	BARC102-F	GGAGAGGACCTGCTAAAATGCAAGACA	52	[14]
	BARC102-R	GCGTTTACGGATCAGTGTTGGAGA		
Rht8	WMC503-F	GCAATAGTTCCCGCAAGAAAAG	57	[15]
	WMC503-R	ATCAACTACCTCCAGATCCCGT		
Rht9	BARC151-F	TGAGGAAAATGTCTCTATAGCATCC	59	[15]
	BARC151-R	CGCATAAACACCTTCGCTCTTCCACTC		
Rht10	WMC617-F	CCACTAGGAAGAAGGGGAAACT	59	[15]
	WMC617-R	ATCTGGATTACTGGCCAACTGT		
Rht11	F	GGTAGGGAGGCGAGAGGCGAG	62	[16]
	R	GGCCATCTCCAGCTGCTCCAGCTA		
Rht12	WMC410-F	GGACTTGAAAGGAAGCTTGTGA	57	[17]
	WMC410-R	CATGGATGGCATGCAGTGT		
Rht13	WMS577-F	ATGGCATAATTTGGTGAAATTG	58	[17]
	WMS577-R	TGTTTCAAGCCCAACTTCTATT		
Rht14	BARC3-F	TTCCCTGTGTCTTTCTAATTTTTTTT	52	[18]
	BARC3-R	GGCAACTCCGCAACATTTTTAT		
Rht17	F	ACATGGCGGACGTGGTGT	60	[19]
	R	GCCGAGAGAGGACGAT		
Rht18	XWMC753-F	AAGGTGAAGATGATGCTCGC	55	[20]
	XWMC753-R	TGACTGATCATGGATTGCCC		
Rht22	Xgwm471-F	ACCTCATCCACATGTTCTACG	60	[21]
	Xgwm471-R	GCATGGATAGGACGCCC		
Rht23	Gdm63-F	GCCCCCTATTCCATAGGAAT	60	[22]
	Gdm63-R	CCTTTTGATGGTGCATAGGA		
Rht24	TaRK-F	TGGGGCCAAATGGCTTAGATATCG	59	[23]
	TaRK-R	CCAGTGAGCTGATTCTCCTGCAGAGT		

所选材料植株剥除叶鞘,将其基部第二节间茎秆放置于植物茎秆强度测定仪(杭州托普仪器有限公司,中国杭州)的支架内,采用横断面积为 1 mm^2 的测头,使其垂直于茎秆节间中部方向,以匀速且缓慢的速度刺入茎秆,同时读取并记录相应数据穿透茎秆表皮时加载的最大载荷(N)和测头横断面积(mm^2),并计算茎秆穿刺力[24]。

1.2.3 产量性状及农艺性状调查

小麦成熟后，每个小区选取长势一致的 10 个单株室内考种，测量株高、穗下及第二节间长度、穗下节间质量、第二节间茎粗、穗数、主茎穗长、单株籽粒产量。

穗下节间比率＝穗下节间长度/株高×100%。

第二节间比率＝第二节间长度/株高×100%。

穗下节间充实度＝节间干重/对应节间长度。

秆型指数＝第二节间茎粗/第二节间长度。

亲本一般配合力＝该亲本所有杂交 F_1 代的平均值－所有杂交后代的总平均值。

1.3 数据处理

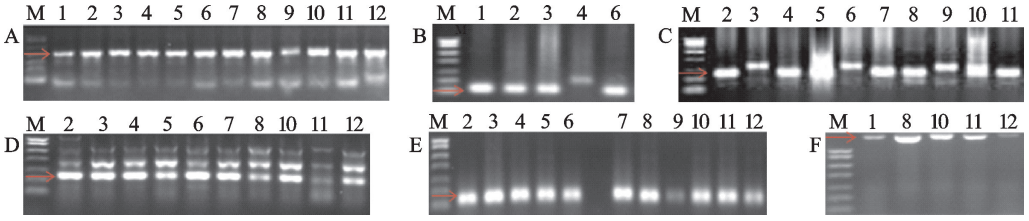
采用 Excel 和 SPSS 21.0 对数据进行整理及分析，Duncan 新复极差法检验差异显著性。利用 Origin 2021 进行作图。计算各性状杂种优势。

杂种优势＝(F_1 性状平均值－双亲性状平均值)/双亲性状平均值×100%。

2 结果与分析

2.1 亲本矮秆基因鉴定结果

从检测结果(图 1 和表 2)看出，不育系和恢复系材料中均检测出*Rht1* 基因，且除不育系济麦 20A 和恢复系 15AR40-1 外，其他材料还检测出*Rht17*、*Rht18*、*Rht22*、*Rht23* 基因，仅在不育系普冰 707A 和小偃 22A 中分别检测到*Rht2* 和*Rht4* 基因，在不育系济麦 20A 和恢复系 13AR55、17ARH12、17ARH44、17ARH27 中检测到*Rht24* 基因。恢复系中没有检测到*Rht2*、*Rht4*、*Rht11*、*Rht12* 基因，不育系普冰 707A 检测到最多 12 个矮秆基因。所有材料中均没有检测到*Rht3*、*Rht5* 和*Rht14* 基因。



A：*Rht1*；B：*Rht12*；C：*Rht18*；D：*Rht17*；E：*Rht23*；F：*Rht24*；1：济麦 20A；2：沧 5385A；3：小偃 22A；4：津 11324A；5：山农 22A；6：普冰 707A；7：17ARH41；8：13AR55；9：15AR40-1；10：17ARH12；11：17ARH44；12：17ARH27。

A：*Rht1*；B：*Rht12*；C：*Rht18*；D：*Rht17*；E：*Rht23*；F：*Rht24*；1：Jimai 20A；2：Cang 5385A；3：Xiaoyan 22A；4：Jin 11324A；5：Shannong 22A；6：Pubing 707A；7：17ARH41；8：13AR55；9：15AR40-1；10：17ARH12；11：17ARH44；12：17ARH27.

图 1 部分材料 *Rht* 基因检测

Fig. 1 Detection results of *Rht* genes

表 2 矮秆基因检测结果

Table 2 Results of dwarf gene detection

材料 Material	HP/cm	*Rht1*	*Rht2*	*Rht3*	*Rht4*	*Rht5*	*Rht8*	*Rht9*	*Rht10*	*Rht11*	*Rht12*	*Rht13*	*Rht14*	*Rht17*	*Rht18*	*Rht22*	*Rht23*	*Rht24*
济麦 20A Jimai 20A	84.0	+	−	−	−	−	+	−	−	−	+	−	−	−	−	−	−	+
沧 5385A Cang 5385A	78.5	+	−	−	−	−	+	+	+	−	+	+	−	+	+	+	+	−
小偃 22A Xiaoyan 22A	77.5	+	−	−	+	−	+	+	+	+	+	−	−	+	+	+	+	−
津 11324A Jin 11324A	71.0	+	−	−	−	−	+	+	+	+	+	−	−	+	+	+	+	−
山农 22A Shannong 22A	80.0	+	−	−	−	−	−	−	−	−	−	−	−	+	+	+	+	−
普冰 707A Pubing 707A	82.5	+	+	−	−	−	+	+	+	+	+	+	−	+	+	+	+	−
17ARH41	95.0	+	−	−	−	−	−	+	+	−	−	−	−	+	+	+	+	−
13AR55	89.0	+	−	−	−	−	−	−	−	−	−	−	−	+	+	+	+	+
15AR40-1	81.5	+	−	−	−	−	+	+	+	−	−	+	−	−	+	+	+	−
17ARH12	83.5	+	−	−	−	−	−	−	−	−	−	−	−	+	+	+	+	+
17ARH44	83.0	+	−	−	−	−	−	−	−	−	−	+	−	+	+	+	+	+
17ARH27	93.0	+	−	−	−	−	−	−	−	−	−	+	−	+	+	+	+	+

HP：株高；＋表示检出目标条带，－表示未检出目标条带。

HP：Plant height；＋ indicates that the target band is detected，and － is not detected.

2.2　亲本矮秆基因组成对 F_1 株高配合力的影响

不同亲本携带的矮秆基因组合对 F_1 代的株高配合力的影响明显不同(株高配合力负值,说明基因具有降秆效果)。如表 3 所示,恢复系 17ARH41 (*Rht1*、*Rht9*、*Rht10*、*Rht17*、*Rht18*、*Rht22*、*Rht23*)与 6 个不育系杂交的 F_1 株高配合力为－1.9,与不育系小偃 22A、沧 5385A、普冰 707A 杂交的 F_1 株高小于组合总平均值 89.1 cm,说明该恢复系矮秆基因组合具有较强的降秆效应;不育系小偃 22A(*Rht1*、*Rht4*、*Rht8*、*Rht9*、*Rht10*、*Rht11*、*Rht12*、*Rht17*、*Rht18*、*Rht22*、*Rht23*)和津 11324A (*Rht1*、*Rht8*、*Rht9*、*Rht10*、*Rht11*、*Rht12*、*Rht17*、*Rht18*、*Rht22*、*Rht23*)与 6 个恢复系杂交产生的 F_1 株高一般配合力分别为－2.9 和－2.7,说明该不育系的降杆配合力效果最好,这两个不育系矮秆基因组成仅有*Rht4* 的区别。与株高配合力为负值的亲本相比较,株高一般配合力为较高正值的不育系济麦 20A(*Rht1*、*Rht8*、*Rht12*、*Rht24*)和普冰 707A(*Rht1*、*Rht2*、*Rht8*、*Rht9*、*Rht10*、*Rht11*、*Rht12*、*Rht13*、*Rht17*、*Rht18*、*Rht22*、*Rht23*)与 6 个恢复系杂交的 F_1 平均株高分别为 91.9 和 92.6 cm,其中普冰 707A×17ARH44 组合的 F_1 株高为 97.5 cm,与津 11324A×17ARH44 组合比较多了*Rht2*、*Rht11*、*Rht13* 这 3 个矮秆基因,降秆效果不明显,可能与普冰小麦具有远缘种质的遗传背景有关。

表 3　亲本矮秆基因组成对 F_1 代株高及其一般配合力(GCA)的影响

Table 3　Effects of parental dwarf gene compositions on plant height and its general combining ability(GCA) in F_1 hybrids　　cm

恢复系 Restorer line	株高 Planth eight							GCA
	济麦 20A Jimai 20A	沧 5385A Cang 5385A	小偃 22A Xiaoyan 22A	津 11324A Jin 11324A	山农 22A Shannong 22A	普冰 707A Pubing 707A	平均值 Average	
17ARH41	90.0	86.0	84.0	89.0	90.0	87.0	87.7	－1.9
13AR55	93.5	92.5	85.0	90.0	92.0	92.0	90.9	1.4
15AR40-1	95.0	90.0	88.0	88.0	86.0	95.0	90.3	0.8
17ARH12	93.5	86.5	83.5	81.5	90.0	87.5	87.1	－0.6
17ARH44	93.0	87.0	90.0	81.0	94.5	97.5	90.5	0.9
17ARH27	90.0	88.0	86.5	86.5	90.5	92.0	88.9	－0.6
平均值 Average	92.5	88.4	86.1	86.0	90.8	91.8	89.1	
GCA	2.4	－0.9	－2.9	－2.7	1.1	3.1		

2.3　亲本矮秆基因组成对 F_1 茎秆强度的影响

亲本不同矮秆基因组成对 F_1 代茎秆强度(抗折力和穿刺力)的中亲优势表现明显不同。由表 4 可知,恢复系 17ARH44 (*Rht1*、*Rht13*、*Rht17*、*Rht18*、*Rht22*、*Rht23*、*Rht24*)和 17ARH41 与 6 个不育系杂交的 F_1 代平均茎秆抗折力中亲优势分别为 9.74%和 8.13%,穿刺力中亲优势分别为 19.77%和 21.70%,说明植株的抗倒伏能力较强;恢复系 13AR55(*Rht1*、*Rht17*、*Rht18*、*Rht22*、*Rht23*、*Rht24*)与 6 个不育系杂交的 F_1 代平均茎秆抗折力中亲优势最小,为－4.96%,穿刺力优势中等,茎秆抗倒伏能力较弱。17ARH44 与 13AR55 两个恢复系之间的矮秆基因组成仅有 *Rht13* 的区别,推测这个基因以促进茎秆细胞壁加厚、增加木质素含量等途径提高茎秆强度。不育系济麦 20A(*Rht1*、*Rht8*、*Rht12*、*Rht24*)与 6 个恢复系杂交的 F_1 平均株高为 91.9 cm(表 3),但平均茎秆抗折力优势最大(17.80%),穿刺力优势其次(15.13%),说明 F_1 茎秆抗倒伏优势也较强;不育系小偃 22A(*Rht1*、*Rht4*、*Rht8*、*Rht9*、*Rht10*、*Rht11*、*Rht12*、*Rht17*、*Rht18*、*Rht22*、*Rht23*)与 6 个恢复系杂交的 F_1 代平均茎秆抗折力优势为 15.94%,平均穿刺力优势为 3.00%,说明 F_1 抗倒伏能力优于双亲。津 11324A×17ARH41 组合的 F_1 株高 89.0 cm(表 3),但 F_1 抗折力与穿刺力优势都很强(表 4)。说明不育系与恢复系组配的 F_1 代,其抗倒伏能力主要取决于茎秆强度。

2.4　亲本矮秆基因组成对 F_1 茎秆性状和单株产量的影响

把 36 个 F_1 中矮秆基因组成相同的组合并为一类,形成 20 个矮秆基因组成类型(表 5)。从变异系数来看,秆型指数最大(47.89%),说明不同矮秆基因组成的 F_1 秆型指数变化最大,其次是单株产量(17.04%)和第二节间比率(16.22%),株高和穗下节间充实度的变异系数最小,表明该性状受矮秆基因组成变化的影响相对稳定。

表 4 亲本矮秆基因组成对 F_1 代茎秆强度中亲优势的影响

Table 4 Effect of parental dwarfing gene compositions on mid-parent heterosis for stem strength in the F_1 hybrids %

名称 Variety	茎秆强度 Stem strength	济麦 20A Jimai 20A	沧 5385A Cang 5385A	小偃 22A Xiaoyan 22A	津 11324A Jin 11324A	山农 22A Shannong 22A	普冰 707A Pubing 707A	平均值
17ARH41	SBR	10.13	2.39	22.67	15.12	−0.19	−1.36	8.13
	PS	23.03	11.34	−0.61	50.37	33.31	12.76	21.70
13AR55	SBR	22.91	−28.71	6.73	−5.19	−21.73	−3.78	−4.96
	PS	6.59	8.29	17.71	−17.81	28.84	10.59	9.04
15AR40-1	SBR	2.14	44.73	21.86	5.83	−16.72	−16.1	6.96
	PS	−16.53	6.93	−8.12	1.85	29.72	13.56	4.57
17ARH12	SBR	27.89	30.69	12.42	7.39	−13.29	5.01	9.02
	PS	27.23	−10.09	1.25	−9.43	18.27	11.08	6.38
17ARH44	SBR	42.02	−20.18	24.17	−5.86	−7.45	25.75	9.74
	PS	39.06	21.32	10.21	10.04	34.42	3.54	19.77
17ARH27	SBR	1.69	12.88	7.77	12.72	−24.32	14.22	4.16
	PS	11.39	−7.12	−2.43	−10.89	21.95	4.43	2.89
平均值 Average	SBR	17.80	6.96	15.94	5.00	−13.95	3.96	
	PS	15.13	5.11	3.00	4.02	27.75	9.33	

SBR：抗折力；PS：穿刺力。下同。

SBR: Stem bending resistance; PS: Puncture strength. The same in Fig. 2.

以单株产量高于平均值 10.1 g 的前 5 个高产类型（编号 19、6、18、4、14）为研究对象，分析其 F_1 矮秆基因组成与茎秆抗倒性状的相关性。结果表明，5 个高产类型 F_1 的株高（HP）分别为 90.0、90.0、81.0、90.5 和 84.3 cm，接近或小于株高平均值（89.2 cm）；穗下节间充实度（PFD）分别为 1.66、1.58、1.55、1.48 和 1.56 mg·cm^{-1}，除类型 4 略小于平均值（1.49 mg·cm^{-1}）外，其余类型均高于平均水平，茎秆充实度好、抗倒性强；穗下节间比率（PR）分别为 35.22%、38.09%、38.50%、37.75%和 39.08%，类型 19 与均值（35.34%）接近，其余类型均高于均值，植株重心配置合理；第二节间比率（SIR）分别为 7.1%、10.2%、7.5%、9.1%和 9.2%，平均值 7.6%，其中类型 19、18 低于平均值，基部节间短、重心低，株型更优；秆型指数（STI）分别为 1.05、0.48、1.03、0.54 和 0.59，均值 0.83，类型 19、18 高于平均值，其茎秆粗短、抗倒伏能力突出。

综上，F_1 单株产量高、茎秆性状较优良的类型是 19 和 18。类型 19 的矮秆基因组成为*Rht1*+*Rht4*+*Rht8*+*Rht9*+*Rht10*+*Rht12*+*Rht13*+*Rth14*+*Rht17*+*Rht18*+*Rht22*+*Rht23*+*Rht24*，分别由不育系小偃 22A 和恢复系 17ARH44 提供；类型 18 的矮秆基因组成为*Rht1*+*Rht8*+*Rht9*+*Rht10*+*Rht12*+*Rht13*+*Rht17*+*Rht18*+*Rht22*+*Rht23*+*Rht24*，分别由不育系津 11324A 和恢复系 17ARH44 提供，两者之间有*Rht4* 和*Rht14* 两基因的区别。单株产量较高的类型 6、4、14 矮秆基因组成分别由不育系小偃 22A、山农 22A 和恢复系 17ARH41、17ARH27 提供，其中类型 14 的 F_1 株高 84.3 cm，具有类型 6 和 4 没有的*Rht4*+*Rht8*+*Rht9*+*Rht10*+*Rht12* 矮秆基因，可见矮秆基因*Rht4* 不仅具有较好的降秆效果，还具有最大的穗下节茎秆充实度（1.66 mg·cm^{-1}）和穗下节间比率（39.48%），而不含*Rht4* 的杂交类型分别为 1.65 mg·cm^{-1} 和 38.5%，说明*Rht4* 是提升穗下节间比率的关键基因，与*Rht1*、*Rht8*、*Rht9*、*Rht10*、*Rht12*、*Rht13*、*Rht17*、*Rht18*、*Rht22*、*Rht23*、*Rht24* 等基因结合后协同互补可以实现杂交小麦矮化株高、提升充实度、优化节间分布、降低倒伏风险、增加产量的综合效果。

2.5 F_1 茎秆特性间及与产量性状相关性分析

茎秆性状及与抗倒伏性状和产量性状的相关分析（图 2）表明，茎秆抗折力（SBR）与第二节间长（SIL）和第二节间粗（SID）呈负相关（r=−0.30 和−0.26），与其他性状关联度很小。秆型指数（STI）与第二节间比率（SIR）呈强正相关（r=0.90），与穗下节间长（ILBS）、穗下节间重（IWBS）和穗下节间比率（PR）呈正相关（r=0.51、0.59、0.69），说明第二节间比率和穗下节间性状对秆型指数有正向影响。茎秆穿刺力（PF）与株高（HP）和穗下节间充实度（PFD）呈强和中度正相关（r=

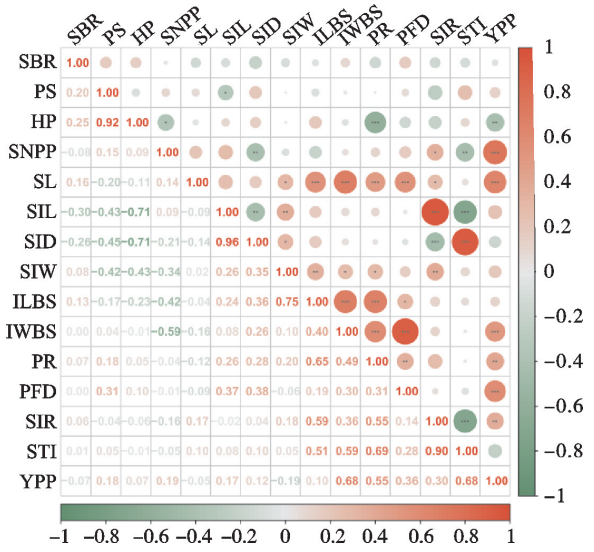
表 5　亲本矮秆基因型对茎秆特性及产量的影响

Table 5　Effects of different drawf genotypes on stem characteristics and yield

编号 Code	基因组成 Genotype composition	HP/cm	PFD/(mg·cm^{-1})	PR/%	STI	SIR/%	YPP/g
1	*Rht1*+*Rht17*+*Rht18*+*Rht22*+*Rht23*	92.0	1.63	32.87	0.78	6.5	9.7
2	*Rht1*+*Rht17*+*Rht18*+*Rht22*+*Rht23*+*Rht24*	90.0	1.38	33.36	0.68	7.4	10.0
3	*Rht1*+*Rht9*+*Rht10*+*Rht17*+*Rht18*+*Rht22*+*Rht23*	90.0	1.33	36.72	0.76	6.6	8.1
4	*Rht1*+*Rht13*+*Rht17*+*Rht18*+*Rht22*+*Rht23*+*Rht24*	90.5	1.48	37.75	0.54	9.1	12.2
5	*Rht1*+*Rht8*+*Rht12*+*Rht17*+*Rht18*+*Rht22*+*Rht23*+*Rht24*	93.5	1.41	31.31	1.52	6.4	10.8
6	*Rht1*+*Rht13*+*Rht14*+*Rht17*+*Rht18*+*Rht22*+*Rht23*+*Rht24*	90.0	1.58	38.09	0.48	10.2	13.4
7	*Rht1*+*Rht8*+*Rht9*+*Rht10*+*Rht13*+*Rht17*+*Rht18*+*Rht22*+*Rht23*	86.0	1.65	37.54	0.67	8.2	8.4
8	*Rht1*+*Rht8*+*Rht12*+*Rht13*+*Rht17*+*Rht18*+*Rht22*+*Rht23*+*Rht24*	90.0	1.38	33.13	0.60	8.4	8.9
9	*Rht1*+*Rht4*+*Rht8*+*Rht9*+*Rht10*+*Rht11*+*Rht12*+*Rht17*+*Rht18*+*Rht22*+*Rht23*	84.0	1.35	39.48	0.67	8.1	8.2
10	*Rht1*+*Rht8*+*Rht9*+*Rht10*+*Rht12*+*Rht17*+*Rht18*+*Rht22*+*Rht23*+*Rht24*	90.0	1.33	32.56	0.77	6.6	9.9
11	*Rht1*+*Rht8*+*Rht9*+*Rht10*+*Rht12*+*Rht13*+*Rht18*+*Rht22*+*Rht23*+*Rht24*	95.0	1.63	37.13	2.28	5.0	6.8
12	*Rht1*+*Rht8*+*Rht12*+*Rht13*+*Rht17*+*Rht18*+*Rht22*+*Rht23*+*Rht24*	93.0	1.47	32.81	0.62	7.7	9.8
13	*Rht1*+*Rht8*+*Rht9*+*Rht10*+*Rht12*+*Rht13*+*Rht17*+*Rht18*+*Rht22*+*Rht23*	88.5	1.60	33.34	0.76	6.9	9.4
14	*Rht1*+*Rht4*+*Rht8*+*Rht9*+*Rht10*+*Rht12*+*Rht17*+*Rht18*+*Rht22*+*Rht23*+*Rht24*	84.3	1.56	39.08	0.59	9.2	11.3
15	*Rht1*+*Rht4*+*Rht8*+*Rht9*+*Rht10*+*Rht12*+*Rht13*+*Rht17*+*Rht18*+*Rht22*+*Rht23*+*Rht24*	85.8	1.42	34.59	0.65	9.5	10.1
16	*Rht1*+*Rht8*+*Rht9*+*Rht10*+*Rht12*+*Rht13*+*Rht14*+*Rht17*+*Rht18*+*Rht22*+*Rht23*+*Rht24*	88.3	1.48	34.55	0.71	8.2	9.5
17	*Rht1*+*Rht4*+*Rht8*+*Rht9*+*Rht10*+*Rht12*+*Rht13*+*Rht17*+*Rht18*+*Rht22*+*Rht23*+*Rht24*	87.3	1.50	33.63	0.81	6.4	10.5
18	*Rht1*+*Rht8*+*Rht9*+*Rht10*+*Rht12*+*Rht13*+*Rht17*+*Rht18*+*Rht22*+*Rht23*+*Rht24*	81.0	1.55	38.50	1.03	7.5	12.3
19	*Rht1*+*Rht4*+*Rht8*+*Rht9*+*Rht10*+*Rht12*+*Rht13*+*Rht14*+*Rht17*+*Rht18*+*Rht22*+*Rht23*+*Rht24*	90.0	1.66	35.22	1.05	7.1	13.6
20	*Rht1*+*Rht2*+*Rht8*+*Rht9*+*Rht10*+*Rht11*+*Rht12*+*Rht13*+*Rht17*+*Rht18*+*Rht22*+*Rht23*+*Rht24*	94.8	1.49	35.14	0.69	7.3	9.2
平均值 Average value		89.2	1.49	35.34	0.83	7.62	10.1
CV%		4.01	7.12	6.87	47.89	16.22	17.04

HP：株高；PFD：穗下节间充实度；PR：穗下节间比率；STI：秆型指数；SIR：第二节间比率；YPP：单株产量。下同。

HP: Plant height; PFD: Peduncle filling degree; PR: peduncle ratio; STI: Stem-type index; SIR: Second internode ratio; YPP: Yield per plant. The same in Fig. 2.



SNPP：单株穗数；SL：穗长；SIL：第二节间长；SID：第二节间粗；SIW：第二节间重；ILBS：穗下节间长；IWBS：穗下节间重。

SNPP: Spike number per plant; SL: Spike length; SIL: Second internode length; SID: Second internode diameter; SIW: Second internode weight; ILBS: peduncle length; IWBS: peduncle weight.

图 2　F_1 茎秆性状间及与产量性状相关分析

Fig. 2　Correlation between stem characteristics and yield components of F_1 hybrids

0.92 和 0.31）。部分性状间如株高（HP）与第二节间的长、粗和重（SIL、SID 和 SIW）存在较小的负相关关系。产量性状方面，单株产量与穗下节间重（IWBS）、穗下节间比率（PR）、秆型指数（STI）的相关系数分别为 0.68、0.55、0.68，产量性状与其他性状的相关性较弱，茎秆性状与单株穗数、穗长之间无显著关联。

整体来看，茎秆抗折力、秆型指数主要与第二节间长度和穗下节间性状密切相关，穗下节间性状（节间长度比、重量、充实度等）与单株产量呈正相关。综合分析，抗倒伏性和单株产量平衡较好的 F_1 矮秆基因亲本组合是小偃 22A×17ARH44 和津 11324A×17ARH44。

3　讨论

3.1　小麦矮秆基因检测及降杆效应分析

矮秆和半矮秆基因应用于小麦育种，能够提高小麦的抗倒性和收获指数，对于提高小麦产量具有重要意义[25]。自绿色革命以来已有 26 个 *Rht* 基因被发现[4]，推广小麦品种中应用的 *Rht*

基因主要是*Rht-1B*、*Rht-1D*、*Rht8*[26]。本研究所有供试材料中均有检出*Rht1*，多数材料检测出*Rht17*、*Rht18*、*Rht22*、*Rht23* 基因，*Rht8* 主要分布在不育系中，*Rht24* 基因主要分布在恢复系中，矮秆基因*Rht2*、*Rht4*、*Rht11* 在试验材料中分布频率较低，而*Rht3*、*Rht5* 和*Rht14* 在所有材料中均未检测到。钟明志等[26]报道，不同矮秆基因对小麦株高的降秆效应存在显著差异，单基因矮秆效应表现为 *Rht3*、*Rht10* > *Rht5* > *Rht12* > *Rht4* > *Rht14*、*Rht16*、*Rht18* > *Rht8* > *Rht1*、*Rht2*、*Rht7*、*Rht9*、*Rht13* > *Rht21*。本研究发现，不同矮秆基因组合对小麦 F_1 代株高的降秆效应存在差异，恢复系 17ARH41 与 6 个不育系杂交产生的 F_1 株高一般配合力为负值，不育系小偃 22A 和津 11324A 与 6 个恢复系杂交的 F_1 株高一般配合力也为负值，表明这些亲本所携带矮秆基因组合具有较强的降秆能力。

3.2 不同矮秆基因组合对植株茎秆质量的影响

茎秆抗折力是小麦抗倒伏能力的核心指标，在合理的株高下，小麦茎秆的重心越低、茎秆抗折力越大，第二节间长度越短，抗倒伏性越强[27]。尤其是在小麦强优势杂交组合选配过程中，合理选择亲本材料有助于提高 F_1 代的抗倒伏性。研究发现，小麦茎秆的壁越厚，折断力越大，其抗倒伏性越强，且抗倒性与茎秆基部第一节间直径、第二节间壁厚和茎秆折断力呈显著正相关[28-29]。本研究结果显示，恢复系 17ARH44 与 6 个不育系杂交 F_1 代的平均茎秆抗折力中亲杂种优势和穿刺力优势皆较强（9.74%和 19.77%），说明植株的抗倒伏优势较强。相比较，恢复系 13AR55 与 6 个不育系杂交 F_1 代的平均茎秆抗折力杂种优势最小，茎秆抗倒伏能力较弱。而这两个恢复系之间的矮秆基因组成中仅有*Rht13* 基因的区别，推测该基因在提高茎秆强度方面起关键作用。刘晓宇等[6]研究认为，基因组合*Rht-D1b* + *Rht9* + *Rht12* + *Rht24* 对增强基部前 3 节间折断力的效应最大。本研究表明，茎秆抗折力、秆型指数主要与第二节间长度和穗下节间性状密切相关，穗下节间性状（节间长度比、重量、充实度等）与单株产量间存在正向的协同关系。

3.3 不同矮秆基因组合对茎秆特性和单株产量影响

单个矮秆基因对小麦株高及茎秆特性的研究较多，多个矮秆基因组合对茎秆特性及降秆效果研究较少。林旭群等[30]和许琦等[31]分别分析了*Rht1-B1b*、*Rht2-D1b* 和*Rht8* 对株高的影响，发现*Rht2-D1b* 的降秆作用最大，*Rht1-B1b* 次之，*Rht8* 降秆作用最小，且 3 个基因的组合降秆作用显著大于 2 个基因，2 个基因作用显著大于单个基因，表明不同矮秆基因组合对小麦茎秆特性及降秆效果的影响显著不同。本研究通过对单株产量排序前 5 的 F_1 组合茎秆特性与单株产量的关系分析，发现矮秆基因*Rht4* 不仅具有较好的降秆效果，且具有最大的穗下节茎秆充实度（1.66 mg · cm^{-1}）和穗下节间比率（39.48%），而不含*Rht4* 的组合其值分别为 1.65 mg · cm^{-1} 和 38.5%，说明*Rht4* 在协调茎秆粗细与穗下节间比率的关系中发挥重要作用，与 *Rht1*、*Rht8*、*Rht9*、*Rht10*、*Rht12*、*Rht13*、*Rht17*、*Rht18*、*Rht22*、*Rht23*、*Rht24* 等基因结合后协同互补可以实现杂交小麦降低倒伏风险、增加产量的综合效果，多基因的聚合与互补作用可能对茎秆特性和植株产量均起正向作用。本研究与赵永萍等[32]得出*Rht1* + *Rht8* + *Rht13* 基因组合的小麦品系在穗数、产量和收获指数等方面要显著高于其他组合的结果基本一致。因此，在多基因组合选配中先将*Rht1*、*Rht4*、*Rht13* 作为核心矮秆基因，再通过分子标记辅助选择技术，可快速培育出茎秆特性优良、产量潜力高的杂交小麦新品种。

参考文献：

[1]Botwright T L, Rebetzke G J, Condon A G, *et al*. Influence of the gibberellin-sensitive *Rht8* dwarfing gene on leaf epidermal cell dimensions and early vigour in wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Annals of Botany*, 2005, 95(4): 631.

[2]贾继增，丁寿康，李月华，等. 中国小麦的主要矮秆基因及矮源的研究[J]. 中国农业科学，1992(1)：1.
Jia J Z, Ding S K, Li Y H, *et al*. Studies of main dwarf genes and dwarf resources on Chinese wheat [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 1992(1): 1.

[3]Zhou C Y, Xiong H C, Fu M Y, *et al*. Genetic mapping and identification of *Rht8-B1* that regulates plant height in wheat [J]. *BMC Plant Biology*, 2023, 23(1): 333.

[4]李彩华，赵彦坤，李占坤，等. 小麦矮秆基因研究进展 [J]. 生物技术进展，2024，14(6)：980.
Li C H, Zhao Y K, Li Z K, *et al*. Research progress on dwarf stem genes in wheat [J]. *Current Biotechnology*, 2024, 14(6): 980.

[5]Liu X L, Zheng S S, Tian S Q, *et al*. Natural variant of *Rht27*, a dwarfing gene, enhances yield potential in wheat [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2024, 137(6): 128.

[6]刘晓宇，禹海龙，裴星旭，等. 黄淮南部地区小麦品种矮秆基因的组成及其对茎秆特性的影响 [J]. 麦类作物学报，2024，44(8)：985.
Liu X Y, Yu H L, Pei X X, *et al*. Composition of dwarfing genes and their effects on stem characteristics of wheat varieties in the southern area of Huang-Huai wheat region [J].

Journal of Triticeae Crops，2024，44(8)：985.

[7]周 阳，何中虎，张改生，等. 用微卫星标记鉴定中国小麦品种中 Rht8 矮秆基因的分布 [J]. 作物学报，2003，29(6)：810.
Zhou Y，He Z H，Zhang G S，*et al*. *Rht8* dwarf gene distribution in Chinese wheats identified by microsatellite marker [J]. *Acta Agronomica Sinica*，2003，29(6)：810.

[8]王玉叶，张海萍，来得娥，等. 257 份小麦品种资源中矮秆基因的分子检测 [J]. 安徽农业大学学报，2013，40(5)：860.
Wang Y Y，Zhang H P，Lai D E，*et al*. Detection of dwarf genes in 257 wheat variety resources using molecular markers [J]. *Journal of Anhui Agricultural University*，2013，40(5)：860.

[9]杨天章，张晓科，刘宏伟，等. 矮秆小麦 XN0004 的矮秆基因 *Rht21* 的染色体臂定位(英文) [J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版)，1993 (4)：13.
Yang T Z，Zhang X K，Liu H W，*et al*. Location of the chromosome arm of the short-stemmed gene *Rht21* in short-stemmed wheat XN0004 [J]. *Journal of Northwest A & F University*(*Natural Science Edition*)，1993 (4)：13.

[10]周文春，赵寅槐，邹明烈，等. 小麦*Rht3* 基因遗传效应的研究 [J]. 江苏农业学报，1993 (4)：1.
Zhou W C，Zhao Y H，Zou M L，*et al*. Research on the genetic effects of the *Rht3* gene in wheat [J]. *Jiangsu Journal of Agricultural Sciences*，1993 (4)：1.

[11]廖 森，方正武，胡文静，等. 59 份江苏小麦品种(系)的抗赤霉病评价与农艺性状分析 [J]. 麦类作物学报，2022，42(3)：297.
Liao S，Fang Z W，Hu W J，*et al*. Evaluation of resistance to Fusarium head blight and analysis of agronomic traits of 59 wheat germplasms in Jiangsu Province [J]. *Journal of Triticeae Crops*，2022，42(3)：297.

[12]Ellis M，Spielmeyer W，Gale K，*et al*. "Perfect" markers for the *Rht-B1b* and *Rht-D1b* dwarfing genes in wheat [J]. *Theoretical and Applied Genetics*，2002，105(6)：1038.

[13]Wu J ，Kong X Y，Wan J M，*et al*. Dominantand pleiotropic effects of a GAI gene in wheat results from lack of interaction between DELLA and GID1 [J]. Plant Physiology，2011，157(4)：2120.

[14]Daoura B G，Chen L，Du Y Y，*et al*. Genetic effects of dwarfing gene *Rht-5* on agronomic traits in common wheat(*Triticum aestivum* L.) and QTL analysis on its linked traits [J]. *Field Crops Research*，2014，156：22.

[15]Cao W G，Somers D J，Fedak G. A molecular marker closely linked to the region of *Rht-D1c* and *Ms2* genes in common wheat(*Triticum aestivum*) [J]. *Genome*，2009，52(1)：95.

[16]Li A X，Yang W L，Guo X L，*et al*. Isolation of a gibberellin-insensitive dwarfing gene，*Rht-B1e* ，and development of an allele-specific PCR marker [J]. *Molecular Breeding*，2012，30(3)：1443.

[17]Ellis M H，Rebetzke G J，Azanza F，*et al*. Molecular mapping of gibberellin-responsive dwarfing genes in bread wheat [J]. *Theoretical and Applied Genetics*，2005，111(3)：423.

[18]Vikhe P，Venkatesan S，Chavan A，*et al*. Mapping of dwarfing gene *Rht14* in durum wheat and its effect on seedling vigor，internode length and plant height [J]. *The Crop Journal*，2019，7(2)：187.

[19]Bazhenov M S，Divashuk M G，Amagai Y，*et al*. Isolation of the dwarfing *Rht-B1p* (*Rht17*) gene from wheat and the development of an allele-specific PCR marker [J]. *Molecular Breeding*，2015，35(11)：1.

[20]张家敏，魏淑红，龚胤书，等. 硬粒小麦赤霉素氧化酶基因 *GA2ox-A9* 的克隆及表达分析 [J]. 分子植物育种，2021，19(10)：3142.
Zhang J M，Wei S H，Gong Y S，*et al*. Cloning and expression analysis of gibberellin oxidase gene *GA2ox-A9* in durum wheat [J]. *Molecular Plant Breeding*，2021，19(10)：3142.

[21]Peng Z S，Li X，Yang Z J，*et al*. A new reduced height gene found in the tetraploid semi-dwarf wheat Landrace Aiganfanmai [J]. *Genetics and Molecular Research*，2011，10(4)：2349.

[22]Chen S L，Gao R H，Wang H Y，*et al*. Characterization of a novel reduced height gene(*Rht23*) regulating panicle morphology and plant architecture in bread wheat [J]. *Euphytica*，2015，203(3)：583.

[23]Tian X L，Xia X C，Xu D A，*et al*. *Rht24b* ，an ancient variation of *TaGA2ox-A9* ，reduces plant height without yield penalty in wheat [J]. *New Phytologist*，2022. 233(2)：738.

[24]Taiichiro O ，Kuni I. Varietal Difference of physical characteristics of the culm related to lodging resistance in paddy rice [J]. *Japanese Journal of Crop Science*，2008，61(3)：419.

[25]Rebetzke G J，Ellis M H，Bonnett D G，*et al*. The *Rht13* dwarfing gene reduces peduncle length and plant height to increase grain number and yield of wheat [J]. *Field Crops Research*，2011，124(3)：323.

[26]钟明志，魏淑红，彭正松，等. 小麦 *Rht* 矮秆基因研究和应用综述 [J]. 分子植物育种，2018，16(20)：6670.
Zhong M Z，Wei S H，Peng Z S，*et al*. A review of the research and application of *Rht* dwarf genes in wheat [J]. *Molecular Plant Breeding*，2018，16(20)：6670.

[27]孟令志，郭宪瑞，刘宏伟，等. 小麦抗倒性研究进展 [J]. 麦类作物学报，2014，34(12)：1720.
Meng L Z，Guo X R，Liu H W，*et al*. Research progress on lodging resistance of wheat [J]. *Journal of Triticeae Crops*，2014，34(12)：1720.

[28]刘庆芳，苏玉环，马永安，等. 不同小麦品种的茎秆特性与抗倒性 [J]. 贵州农业科学，2022，50(5)：48.
Liu Q F，Su Y H，Ma Y A，*et al*. Study on the stem characteristics and lodging resistance of different wheat varieties [J]. *Guizhou Agricultural Sciences*，2022，50(5)：48.

[29]吕厚波，冯安荣，董瑞，等. 不同基因型小麦灌浆和抗倒伏性能与籽粒产量的关系 [J]. 西北农业学报，2015，24(6)：27.
Lü H B，Fen A R，Dong R，*et al*. The relationship between grain filling and lodging resistance performance of wheat with different genotypes and grain yield [J]. *Acta Agriculturae Boreali-Occidentalis Sinica*，2015，24(6)：27.

[30]林旭群，李韵芳，鲁 璐，等. 小麦矮秆基因*Rht-B1b* 、*Rht-D1b* 、*Rht8* 的检测及其对株高的影响 [J]. 应用与环境生物学报，2014，20(1)：80.
Lin X Q，Li Y F，Lu L，*et al*. Identification of wheat dwarfing genes *Rht-B1b* ，*Rht-D1b* ，*Rht8* and their effects on plant height [J]. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*，2014，20(1)：80.

[31]许 琦，杨 娜，柴永峰，等. 中国小麦主要矮秆基因的分布及其对株高的影响 [J]. 西北农业学报，2014，23(5)：59.
Xu Q，Yang N，Chai Y F，*et al*. Distribution and impact on plant height of major wheat dwarfing genes in China [J]. *Acta Agriculturae Boreali-Occidentalis Sinica*，2014，23(5)：59.

[32]赵永萍，何 瑞，袁俊秀，等. 甘肃冬小麦品种(系)主要矮秆基因型及其育种利用进展 [J]. 麦类作物学报，2024，44(3)：323.
Zhao Y P，He R，Yuan J X，*et al*. Identification and utilization of dwarf genes of winter wheat varieties and lines in Gansu [J]. *Journal of Triticeae Crops*，2024，44(3)：323.