

多抗高产小麦新品种川麦 82 的遗传构成解析

姚方杰¹, 杨漫宇¹, 甘学琴¹, 杨宁¹, 曾令芸², 李俊¹, 杨武云¹, 杨恩年¹✉

¹ 四川省农业科学院作物研究所 (四川省种质资源中心) / 农业农村部西南地区小麦生物学与遗传育种重点实验室/农业农村部天府种业创新重点实验室 (部省共建) / 粮油作物种质创新与遗传改良四川省重点实验室, 成都 610066; ² 四川省农业科学院农业资源与环境研究所, 成都 610066

摘要:【目的】川麦 82 是利用国际玉米小麦改良中心 (CIMMYT) 持久抗病种质 Singh6 选育而成的多抗高产小麦新品种。通过构建川麦 82 基因型图谱, 量化双亲对其基因组贡献率, 解析其遗传构成, 并明确抗病和产量等性状相关遗传位点的亲本来源, 为小麦品种改良和亲本精准选配提供科学依据。【方法】利用小麦 100K SNP 液相芯片技术对川麦 82 及其双亲进行全基因组扫描, 系统分析其遗传构成; 结合芯片搭载的与重要农艺性状及产量性状关联的功能标记, 对川麦 82 的等位基因型进行分析, 以追溯其抗病及产量相关性状的遗传来源。【结果】全基因组分析结果表明, 供体亲本 Singh6 和轮回亲本川农 16 对川麦 82 的遗传贡献率分别为 16.36% 和 83.64%, 与回交育种的理论预期相符。贡献率在 A、B、D 亚基因组间呈现 A>B>D 的差异。在染色体水平上, Singh6 的遗传片段并非均匀分布, 其在 1B、2D、4B、5D 和 6A 染色体上贡献了 49.24%—86.91% 的遗传组分, 形成了显著的大片段供体区段; 而川农 16 在其余多数染色体上的贡献率超过 89%, 构成了品种的遗传背景。基于功能标记的溯源分析进一步揭示, 川麦 82 的条锈病、叶锈病和白粉病抗性基因主要源自 Singh6, 而抗穗发芽和产量相关基因则主要继承自川农 16。【结论】在基因组和染色体水平上精准量化了川麦 82 的遗传构成。尤为重要的是, 发现供体亲本 Singh6 的遗传贡献集中分布于 1B、2D、4B、5D 和 6A 等染色体上, 形成了大片段供体区段, 保留了供体亲本的遗传多样性。结合功能标记分析, 部分区段恰好富集了来自 Singh6 的锈病、白粉病抗性基因。因此, 这些大片段供体区段与来自川农 16 的高产遗传背景的有机结合, 很可能是川麦 82 实现持久抗病与高产协同提升的关键遗传基础。

关键词: 川麦 82; 持久抗病; SNP 标记; 基因型图谱; 遗传构成

Genetic Composition Analysis of a New Multi-Resistant and High-Yield Wheat Variety, Chuanmai 82

YAO FangJie¹, YANG ManYu¹, GAN XueQin¹, YANG Ning¹, ZENG LingYun², LI Jun¹, YANG WuYun¹, YANG EnNian¹✉

¹Crop Research Institute, Sichuan Academy of Agricultural Sciences/Key Laboratory of Wheat Biology and Genetic Improvement on Southwestern China, Ministry of Agriculture and Rural Affairs/Key Laboratory of Tianfu Seed Industry Innovation (Co-construction by Ministry and Province), Ministry of Agriculture and Rural Affairs/Crop Germplasm Innovation and Genetic Improvement Key Laboratory of Sichuan Province, Chengdu 610066; ²Institute of Agricultural Resources and Environment, Sichuan Academy of Agricultural Sciences, Chengdu 610066

Abstract: 【Objective】Chuanmai 82 is a new multiple disease-resistant and high-yielding wheat variety bred from the durable disease-resistant germplasm Singh6, developed by the International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT). This study aimed to construct a high-density genotypic map of Chuanmai 82, quantify the genomic contribution rates of its two parental lines, analyze its genetic composition, and clarify the parental origins of genetic loci associated with key traits such as disease resistance

收稿日期: 2025-12-30; 接受日期: 2026-02-16

基金项目: 四川省科技计划 (2025YFHZ0251)、四川麦类创新团队项目 (SCCXTD-2024-11)、四川省自然科学基金 (2024NSFSC1207)、国家农业重大科技项目 (NK20220607)

联系方式: 姚方杰, E-mail: yaofangjie@scsaas.cn. 通信作者杨恩年, E-mail: yangennian@126.com

and yield. The findings provide a scientific basis for wheat variety improvement and the precise selection of parental lines in breeding programs. 【Method】The wheat 100K SNP array was used to perform whole-genome scanning of Chuanmai 82 and its two parents. This enabled a systematic analysis of its genetic architecture. Combined with the functional markers related to important agronomic traits and yield traits carried on the SNP array, the allelic genotype of Chuanmai 82 was analyzed to trace the genetic sources of its disease resistance and yield-related traits. 【Result】Whole-genome analysis indicated that the genetic contributions of the donor parent Singh6 and the recurrent parent Chuanong 16 to Chuanmai 82 were 16.36% and 83.64%, respectively, which aligns with the theoretical expectations of backcross breeding. The contribution rates exhibited a gradient difference across the subgenomes A, B, and D, with A>B>D. At the chromosomal level, the genetic fragments from Singh6 were not uniformly distributed, contributing 49.24% to 86.91% of the genetic components on chromosomes 1B, 2D, 4B, 5D, and 6A, forming significant large-segment donor regions. In contrast, Chuanong 16 contributed over 89% to most of the remaining chromosomes, constituting the genetic background of the variety. Functional marker-based tracing further demonstrated that the stripe rust, leaf rust, and powdery mildew resistance genes in Chuanmai 82 were predominantly derived from Singh6, while the pre-harvest sprouting resistance and yield-related genes were mainly inherited from Chuanong 16. 【Conclusion】This study accurately quantified the genetic composition of Chuanmai 82 at both the genome and chromosome levels. Notably, the genetic contribution of the donor parent Singh6 was concentrated on chromosomes 1B, 2D, 4B, 5D, and 6A, forming large-segment donor regions that retained the genetic diversity of the donor parent. Combined with functional marker analysis, some of these regions were enriched with rust and powdery mildew resistance genes from Singh6. Therefore, the optimal combination of these large-segment donor regions (carrying disease resistance genes) and the high-yield genetic background from Chuanong 16 is likely the key genetic basis for the synergistic enhancement of durable disease resistance and high yield in Chuanmai 82.

Key words: Chuanmai 82; durable resistance; SNP marker; genotypic map; genetic constitution

0 引言

【研究意义】小麦是全球种植面积最广、分布最广泛的粮食作物，超过 35%的世界人口以其为主食。在我国，小麦是继玉米和水稻之后的第三大粮食作物。1949—2000 年，我国累计育成小麦品种 2 000 余份，近半数品种的遗传背景可追溯至 16 个骨干亲本^[1]。然而，骨干亲本的长期重复使用导致现代育成品种遗传基础趋于狭窄，限制了产量与品质性状的进一步提升^[1-2]。值得注意的是，这 16 个骨干亲本中，有 7 个是国外引进品种（南大 2419、欧柔、阿夫、阿勃、早洋麦、洛夫林 10 号和墨巴 66），因此，积极引进更多国外优异小麦种质资源，并利用适宜育种手段开展本土化改良与创新，是拓宽我国小麦品种遗传基础的重要途径之一^[3]。同时，对引进种质所育成的新品种进行深入遗传解析，对新品种高效选育与亲本精准配置具有重要的理论指导意义。【前人研究进展】近年来，针对我国不同时期骨干亲本与其衍生后代或姊妹系间的遗传差异与遗传规律，已有较多研究。研究表明，骨干亲本在基因组和染色体层面对衍生后代的贡献，主要与关键基因的遗传传递有关；这些基因更易受到育种者选择，携带此类基因的后代往往因性状突出而成为各时期的代表性品种^[4-13]。例如，肖永贵等^[4]通过对骨干亲本周 8425B 的 50 个

衍生品种进行分析，发现所携带的 4 个抗条锈病基因均来源于周 8425B。孔子明等^[5]对周 8425B 的一代衍生种周麦 16 的遗传构成进行分析，表明周 8425B 的遗传贡献率（64.32%）显著高于另一亲本周麦 9 号（35.68%）。李小军等^[14]比较了周 8425B 的二代衍生品种百农 AK58 与其姊妹系，发现百农 AK58 在基因组层面具有特异染色体片段分布，赋予其在产量、抗倒伏、抗寒、抗病和加工品质等方面的综合优势。邹少奎等^[7]在解析周麦 23 号遗传组成时发现，其母本周麦 13 号的遗传贡献率（63.31%）显著高于父本新麦 9 号（36.69%），并指出育种过程中对矮秆、大穗、直立叶型的选择偏好是导致遗传偏分离的主要原因，进一步说明育种目标与性状选择对关键基因传递具有重要影响。【本研究切入点】以往对骨干亲本及其衍生系的研究多基于 SSR、DArT 等低密度分子标记，受技术限制难以实现全基因组精细解析^[15-17]。随着高通量 SNP 技术的发展，对主栽品种进行全基因组遗传解析已成为可能^[7, 18-20]。Singh6 是从 CIMMYT 引进的具有持久抗病特性的小麦品种，携带 *Yr18/Lr34/Pm38/Sr57*、*Yr29/Lr46/Pm39*、*Yr30/Lr27/Sr2/Sb3* 等持久抗病基因，在多年田间鉴定中表现稳定高抗。为利用其抗性，以 Singh6 为供体与国审品种川农 16 杂交并回交，结合分子标记辅助选择育成了适应四川生态条件的多抗高产新品种川麦

82。该品种在四川省区试中表现突出, 2 年平均亩产较对照增产 10.4%, 生产试验中增产 8.2%, 展现出良好的产量潜力和稳产性。【拟解决的关键问题】本研究以多抗高产小麦新品种川麦 82 及其双亲为材料, 利用 100K SNP 芯片进行全基因组扫描与功能基因分布分析, 系统解析川麦 82 的遗传构成, 量化双亲 Singh6 (供体亲本) 与川农 16 (轮回亲本) 的基因组贡献率, 并明确抗病和产量等性状相关遗传位点的亲本来源, 为小麦品种改良和亲本精准选配提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 材料

川麦 82 系谱为 Singh6/3×川农 16, 是以持久抗条锈病种质 Singh6 为供体亲本、以感病品种川农 16 为轮回亲本, 经杂交后连续回交 2 代, 并采用改良混合选择法, 结合分子标记选择培育而成的高产、抗条锈病小麦新品种。该品种由四川省农业科学院作物研究所选育, 于 2014—2016 年参加四川省小麦区域试验, 并于 2017 年通过四川省农作物品种审定委员会审定。其中, 供体亲本 Singh6 系是从 CIMMYT 引进的具有持久抗病特性的小麦种质资源, 系谱为: WEAVER/9/KT/BAGE//FN/U/3/BZA/4/TRM/5/ALDAN/6/SERI/7/VEE#10/8/OPAPA/10/BORL95; 轮回亲本川农 16 为四川农业大学小麦研究所选育的小麦品种, 于 2002 年通过四川省审定, 2003 年通过国家审定, 具有高产、稳产、优质、多抗及适应性强的特性。上述亲本及相关育种材料均由四川省农业科学院作物研究所提供。

1.2 基因组 DNA 的提取

分别取 Singh6、川农 16 和川麦 82 的单株叶片, 干燥处理。随后使用高通量 DNA 提取试剂盒提取混合样品的基因组 DNA。用 1%琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的纯度与完整性, 并采用 Qubit 荧光计对 DNA 浓度进行精确定量。

1.3 100K SNP 芯片分析

采用石家庄博瑞迪生物有限公司开发的 100K 液相芯片对 3 个供试材料进行基因型分析, 共计 108 836 个 SNP 标记。博瑞迪小麦 100K 液相芯片(GenoBaits® Wheat 100K Panel)产品依托于国内外 1 000 多份六倍体小麦重测序数据、4.5 万份 GBS 数据、近千份的外显子测序数据和商业化芯片数据, 同时涵盖数千个 QTL 位点, 适用于野生种、农家种、栽培种, 以及二倍体、四倍体种质材料, 可用于种质资源评价、图谱

构建和全基因组关联分析等。

1.4 数据分析

基于 100K SNP 芯片获得的基因分型数据, 首先对标记进行筛选, 剔除亲本中基因型为杂合、缺失及属于插入/缺失类型(InDel)的位点。随后统计双亲之间的多态性 SNP 位点, 并据此分析川麦 82 的基因型来源: 若川麦 82 在某位点的基因型与 Singh6 相同, 则将该位点记为 Singh6 的贡献位点; 若与川农 16 相同, 则记为川农 16 的贡献位点。通过计算各自贡献位点数占双亲间差异位点总数的比例获得 Singh6 与川农 16 对川麦 82 的遗传贡献率。用 Excel 2021 进行数据分析, 利用 GGT 2.0 软件(<https://ggt.software.informer.com/2.0/>)绘制标记的染色体分布和基因型图谱。进一步结合 100K SNP 芯片搭载的 128 个功能标记, 对川麦 82 及其亲本川农 16 和 Singh6 进行功能基因层面的比较分析。

2 结果

2.1 川麦 82 与其亲本的基因组比较

基于 100K SNP 芯片, 通过对川麦 82、川农 16 和 Singh6 进行全基因组扫描, 共获得 108 836 个 SNP 标记。经质控后, 最终保留 86 461 个有效位点用于后续分析。结果表明, 川麦 82 与双亲基因型一致的等位变异位点数为 70 100 个, 占标记总数的 81.08%; 多态性标记共计 16 361 个, 占比 18.92%。多态性标记在基因组间的分布不均(图 1), 其中, A 亚基因组最多(7 381 个), 其次为 B 亚基因组(6 942 个), D 亚基因组最少(2 038 个)。从染色体分布来看, 分布亦呈现不均衡的现象, 2A 染色体上的多态性标记数量最多(1 869 个), 而 1D 染色体最少(174 个)。筛选的 16 361 个多态性标记将用于下一步的双亲对川麦 82 的遗传贡献率分析。

2.2 亲本 Singh6 和川农 16 对川麦 82 的遗传贡献率分析

经全基因组分析, 结果显示, Singh6 和川农 16 对川麦 82 的实际遗传贡献率分别为 16.36%和 83.64% (表 1), 与理论值高度吻合, 表明该育种过程总体符合预期。在基因组水平上, 来自 Singh6 的遗传位点在 A、B、D 亚基因组中的比例分别为 17.75%、14.97%和 16.09%, 而来自川农 16 的遗传位点比例分别为 82.25%、85.03%和 83.91%, 亦与理论值高度一致(表 1)。进一步染色体分布显示(图 2), Singh6 的遗传贡献呈现明显的染色体特异性, 其主要片段保留在

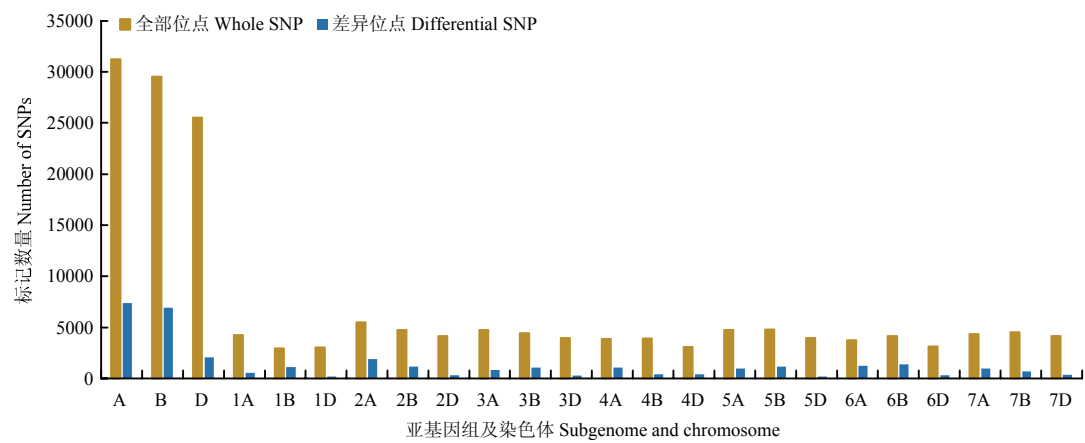
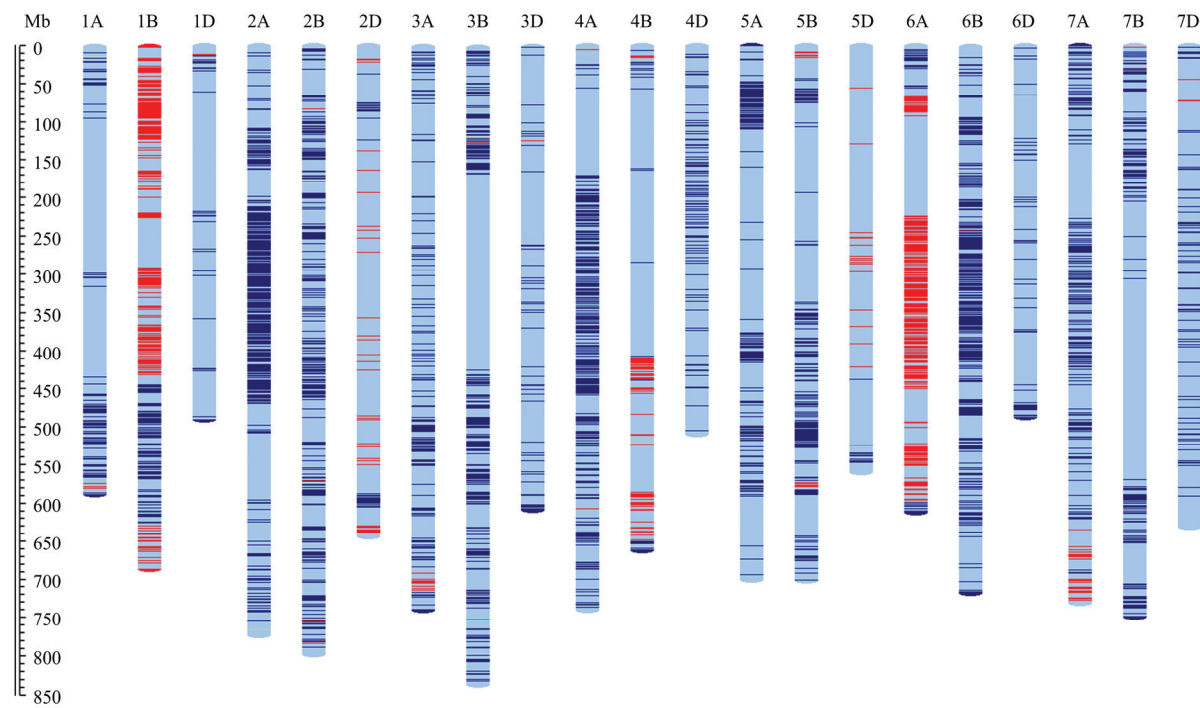


图 1 差异位点在 A、B、D 亚基因组及 21 条染色体上的分布

Fig. 1 The distribution of differential loci across the A, B, and D subgenomes and on 21 chromosomes



红色：供体亲本 Singh6 区段；深蓝色：轮回亲本川农 16 区段；浅蓝色：双亲 Singh6 和川农 16 共同区段；浅黄色：川麦 82 杂合区段

Red: Donor parent Singh6 segment; Dark blue: Recurrent parent Chuannong16 segment; Light blue: Common segment of both parents Singh6 and Chuannong16; Light Yellow: Heterozygous segment

图 2 川麦 82 的 21 条染色体基因型图谱

Fig. 2 Genotypic map of 21 chromosomes in Chuanmai 82

1B、2D、4B、5D 和 6A 等染色体上，其他染色体的背景回复率均高于 89%，表明这些染色体区域遗传背景高度接近轮回亲本。

上述结果表明，Singh6 来源的遗传片段在染色体

间分布不均，具有明显的大片段非均匀分布特征。表明在这些片段富集的染色体区域，可能携带与目标性状相关的功能基因，从而在育种过程中被优先保留，值得后续通过基因定位与功能验证进一步探究。

表 1 川麦 82 来源于双亲川麦 16 和 Singh6 的遗传位点在 21 条染色体上的分布
Table 1 The parental contributions of Chuannong16 and Singh6 to its offspring Chuanmai 82 on the 21 chromosomes

染色体 Chromosome	总差异位点数 No. of total differential SNPs	川农 16 Chuannong 16		Singh6	
		差异位点数 No. of differential SNPs	贡献率 Contribution rate (%)	差异位点数 No. of differential SNPs	贡献率 Contribution rate (%)
1A	533	505	94.75	28	5.25
1B	1109	443	39.95	666	60.05
1D	174	156	89.66	18	10.34
2A	1869	1867	99.89	2	0.11
2B	1158	1151	99.40	7	0.60
2D	329	141	42.86	188	57.14
3A	792	719	90.78	73	9.22
3B	1031	1030	99.90	1	0.10
3D	265	264	99.62	1	0.38
4A	1042	1011	97.02	31	2.98
4B	408	137	33.58	271	66.42
4D	417	415	99.52	2	0.48
5A	954	951	99.69	3	0.31
5B	1133	1054	93.03	79	6.97
5D	197	100	50.76	97	49.24
6A	1230	161	13.09	1069	86.91
6B	1396	1392	99.71	4	0.29
6D	283	282	99.65	1	0.35
7A	961	857	89.18	104	10.82
7B	707	696	98.44	11	1.56
7D	373	352	94.37	21	5.63
A 亚基因组 Subgenome A	7381	6071	82.25	1310	17.75
B 亚基因组 Subgenome B	6942	5903	85.03	1039	14.97
D 亚基因组 Subgenome D	2038	1710	83.91	328	16.09
全基因组 Whole Genome	16361	13684	83.64	2677	16.36

2.3 川麦 82 及双亲的功能基因遗传分析

利用 100K SNP 芯片对川麦 82 及其亲本川农 16 和 Singh6 进行检测，共获得 64 个功能标记的有效基因型数据。这些功能基因的优异等位变异多数仅来源于单一亲本，少数为双亲所共有。具体而言，供体亲本 Singh6 贡献了抗病基因 *Yr29*、*Yr30*、*Yr75* 和 *Lr46* 的优异等位变异，实现了对 CIMMYT 种质中持久抗病基因的有效转育；轮回亲本川农 16 则提供了抗病基因 *QYrqin.nwafu-2BL*、抗穗发芽基因 *Phs1-3A*，以及粒重相关基因 *TaSus2-2B* 和 *TaCwi-A1*

的优异等位变异。此外，抗病基因 *QYrqin.nwafu-2AL*、*Lr67*、*QFhb.hbaas-5AS*、*Pm12* 与矮秆基因 *QPht-2D* 的优异等位变异为双亲共有（表 2）。

综上，川麦 82 通过染色体片段渐渗回交聚合了来源于双亲的多个优异等位基因，主要包括：5 个抗条锈病基因、2 个抗叶锈病基因、1 个抗赤霉病基因、1 个抗白粉病基因、1 个抗穗发芽基因、2 个粒重相关基因，以及 1 个矮秆等位基因。这些基因的聚合构成了川麦 82 丰富的抗病性和农艺性状相关的分子遗传基础。

表 2 川麦 82 及双亲川麦 16 和 Singh6 的功能标记分析
Table 2 Functional marker analysis of Chuanmai 82 and its parents Chuannong 16 and Singh6

性状 Trait	基因 Gene	川农 16 Chuannong 16	Singh6	川麦 82 Chuanmai 82	性状 Trait	基因 Gene	川农 16 Chuannong 16	Singh6	川麦 82 Chuanmai 82
条锈病 Stripe rust	<i>Yr5</i>	-	-	-	白粉病 Powdery mildew	<i>Pm2a</i>	-	-	-
	<i>Yr18</i>	-	+	-	<i>Pm21</i>	<i>Pm21</i>	-	-	-
	<i>Yr26</i>	-	-	-		<i>PmV</i>	-	-	-
	<i>Yr29</i>	-	+	+		<i>Pm12</i>	+	+	+
	<i>Yr30</i>	-	+	+		<i>Pm5e</i>	-	-	-
	<i>Yr75</i>	-	+	+	黄花叶病毒病 Wheat yellow mosaic virus	<i>IWA700</i>	-	-	-
	<i>Yr78</i>	-	+	-	穗发芽 Pre-harvest sprouting	<i>TaSdr-A1</i>	易 Prone	NA	易 Prone
	<i>Yr80</i>	-	NA	-	<i>TaSdr-B1</i>	<i>TaSdr-B1</i>	易 Prone	易 Prone	易 Prone
	<i>Yr82</i>	-	-	-		<i>TaMFT-3A</i>	易 Prone	易 Prone	易 Prone
	<i>YrZH58</i>	-	-	-		<i>Phs1-3A</i>	抗 Resistant	NA	抗 Resistant
	<i>YrSP</i>	-	-	-	多酚氧化酶活性 Polyphenol oxidase	<i>Ppo2-B1</i>	低 Low	高 High	低 Low
	<i>QYrsn.nwafu-1BL</i>	-	NA	NA	<i>Ppo2-D1</i>	<i>Ppo2-D1</i>	高 High	高 High	H
	<i>QYrxn.nwafu-1BL</i>	+	-	-		<i>QGI-4A</i>	小 Small	小 Small	小 Small
	<i>QYrsn.nwafu-2AS</i>	-	-	-	籽粒大小/粒重 Seed size/weight	<i>TaSus2-2A</i>	低 Low	低 Low	低 Low
	<i>QYrqin.nwafu-2AL</i>	+	+	+	<i>TaSus2-2B</i>	<i>TaSus2-2B</i>	高 High	低 Low	高 High
	<i>QYrhm.nwafu-2BC</i>	-	-	-		<i>TaGS2-B1</i>	NA	/	/
	<i>QYrqin.nwafu-2BL</i>	+	NA	+		<i>TaCwi-A1</i>	高 High	低 Low	高 High
	<i>QYr.nwafu-3BS</i>	NA	+	NA	粒重 Seed weight	<i>Tabas1</i>	H	H	低 Low
	<i>QYrsn.nwafu-3DL</i>	-	+	-	<i>TaGS5-A1</i>	<i>TaGS5-A1</i>	低 Low	低 Low	低 Low
	<i>QYr.nwafu-4BL</i>	-	-	-		<i>TaGW2-6A</i>	低 Low	H	高 High
	<i>QYrsn.nwafu-6BS</i>	-	-	-		<i>TaT6P</i>	H	低 Low	低 Low
	<i>QYrqin.nwafu-6BS</i>	-	-	-		<i>Lyce-A1</i>	/	高 High	/
叶锈病 Leaf rust	<i>Lr21</i>	-	-	-	<i>TaLCYE-B1</i>	<i>TaLCYE-B1</i>	低 Low	低 Low	低 Low
	<i>Lr37</i>	-	-	-		<i>Pinb-D1</i>	软 Soft	软 Soft	软 Soft
	<i>Lr46</i>	-	+	+	籽粒硬度 Grain hardness	<i>Tamyb10-B1</i>	H	/	/
	<i>Lr67</i>	+	+	+	种皮颜色 Bran color	<i>TaTOE-B1</i>	NA	H	/
	<i>Lr68</i>	-	-	-	开花时间 Flower time	<i>ELF3-B1</i>	晚 Late	晚 Late	晚 Late
	<i>Lr80</i>	-	-	-		<i>Vrn-A1</i>	晚 Late	早 Early	晚 Late
赤霉病 Fusarium head blight	<i>QFhb.caas-3BL</i>	-	H	-	株高 Plant height	<i>QPht-2D</i>	矮 Short	矮 Short	矮 Short
	<i>QFhb.hbaas-5AS</i>	+	+	+	<i>RHT-8</i>	<i>RHT-8</i>	矮 Short	高 High	高 High
	<i>QFhb.hbaas-5AL</i>	-	+	-		<i>Rht-D1</i>	高 High	NA	NA
	<i>QFhb.caas-5AL</i>	-	-	-		<i>Rht24_AP2</i>	高 High	H	矮 Short

+表示携带该抗病基因，-表示未携带该抗病基因。其余性状基因型检测结果为阳性变异，则显示对应阳性表型信息；检测结果为阴性变异，则显示阴性表型信息。NA 表示缺失值。/表示变异类型功能未知；H 表示杂合型
+indicates the presence of the disease resistance gene, and - indicates the absence of the disease resistance gene. For other traits, if the genotype test result is a positive variant, the corresponding positive phenotype information will be displayed; if the test result is a negative variant, the negative phenotype information will be shown. NA indicates missing values. / indicates that the function of the variant type is unknown. H indicates heterozygous

3 讨论

3.1 回交育种的实践与创新

回交作为作物遗传改良的核心策略,通过定向导入供体亲本的目标基因,改良栽培品种的缺陷性状、增强适应性以推动品种推广^[21]。其应用实践在我国小麦育种中积累了丰富的经验,多位学者的创新探索并先后提出了“滚动回交”“大群体有限回交”“互补适应回交”等方法,为小麦育种研究奠定了重要基础^[22-29]。在上述研究基础上,本团队长期与 CIMMYT 合作,持续引进持久抗病小麦种质资源,经系统评价筛选出适配四川生态区的小麦种质,开展本土化育种应用,为拓宽我国小麦遗传基础、丰富种质资源多样性提供重要科技支撑^[26, 29-32]。在利用 CIMMYT 持久抗病种质的过程中,总结出一套染色体片段渐渗回交育种方法,该方法结合了分子标记辅助聚合多个微效持久抗病基因、穿梭育种与温室快繁等技术。利用该方法已成功育成川麦 82、川麦 88、川麦 802 等一系列兼具高产与抗病性的小麦新品种。

川麦 82 是以 Singh6 为母本、川农 16 为父本进行杂交,再以川农 16 作为轮回亲本连续回交 2 次,随后通过多代自交并结合混合选择法选育而成。根据回交育种理论,供体亲本 Singh6 与轮回亲本川农 16 对该品种的理论遗传贡献率应分别为 12.5%和 87.5%。本研究利用全基因组芯片扫描技术对川麦 82 进行了遗传构成分析,结果显示,供体亲本 Singh6 与轮回亲本川农 16 的实际遗传贡献率分别为 16.36%和 83.64% (表 1),与二次回交后的理论预测值存在微小偏差 (3.86%),可能与基因连锁累赘、选择压力强度及双亲遗传背景互作等因素有关^[4, 6, 33]。进一步分析发现,川农 16 在 A、B、D 亚基因组中的贡献率为 82.25%—85.03% (表 1),均接近 85%的理论水平,说明该回交体系可在全基因组范围内较为均衡地恢复轮回亲本的遗传背景,展现出良好的育种可控性与实用潜力。

3.2 供体片段非均匀分布的遗传机制与育种启示

在染色体水平进一步对川麦 82 的遗传构成进行分析发现,供体亲本 Singh6 的遗传贡献呈片段化非均匀分布的特征,可能与抗病性的强选择压力或者遗传连锁以及染色体本身的结构特性有关。从图 2 可见,在 1B 染色体长臂末端约 640—699 Mb 存在一个来自 Singh6 的遗传片段,而 Singh6 所携带并传递给川麦 82 的一因多效持久抗病基因 *Yr29/Lr46*,其物理位置正位于该区段^[34-37]。这进一步证实,该区段的保留与

针对 *Yr29/Lr46* 的选择直接相关。类似地,在 7A 染色体长臂末端 712—744 Mb 也存在一个来自 Singh6 的片段,其中,恰好包含 Singh6 传递给川麦 82 的 *Yr75*^[38]。该结果不仅与本研究利用 CIMMYT 种质转育持久抗病基因的目标一致,同时表明,在抗病基因的选择过程中,人工选择不仅作用于目标基因本身,也驱动其所在染色体区段的协同保留。

另外,供体亲本 Singh6 在 4B 和 6A 染色体上对川麦 82 的贡献率分别达到 66.42%和 86.91%。为何这些染色体上会保留如此大片段的外源遗传物质?考虑到芯片所能覆盖的功能基因信息有限,或这些片段中可能含有尚未被识别的优异基因,推测其保留原因可能与以下因素有关:在人工选择过程中,这些地理远缘种质片段表现出优异的本土化适应性、多抗性或高产性等性状优势,因而被持续保留。其具体机制仍有待进一步深入探究。与此同时,该结果也表明染色体片段渐渗回交育种的方法,不仅能有效导入并聚合目标基因,还能通过大片段渐渗保留供体亲本的遗传多样性,并结合轮回亲本的优良遗传背景,为小麦的定向遗传改良提供了稳定可靠的技术途径。

值得注意的是,川农 16 为 1BL/1RS 易位系,而川麦 82 的 1B 染色体短臂主要来源于 Singh6。表明在育种过程中川农 16 所携带来源于黑麦的 1RS 染色体臂已被 Singh6 的 1BS 整体替换^[39]。尽管 1BL/1RS 易位系因其优良的抗病性与高产性曾被广泛应用^[40-41],但其携带的主效抗病基因现已普遍失效,且黑麦碱编码基因还会对加工品质产生负面影响^[42]。因此,本研究证实,通过染色体片段渐渗回交技术,以优良小麦来源片段(如 Singh6 的 1BS)替换易位系中外源染色体臂(如 1RS)^[43],为定向改良现有大量 1BL/1RS 衍生种质提供了一条可行且具有潜力的技术途径。

3.3 川麦 82 多抗高产性状的分子遗传基础

经四川省农业科学院植物保护研究所接种鉴定,川麦 82 表现为高抗条锈病、中抗白粉病、高感赤霉病。同时,课题组后续研究发现,川麦 82 兼具高抗叶锈病与高抗穗发芽特性。结合功能标记分析结果(表 2)进一步表明,川麦 82 聚合了 *Yr29*、*Yr30*、*Yr75*、*QYrqin.nwafu-2AL*、*QYrqin.nwafu-2BL*、*Lr46*、*Lr67*、*Pm12*、*QFhb.hbaas-5AS*、*Phs1-3A*、*RHT-8* 等基因,这些基因共同构成了川麦 82 多抗高产性状的分子遗传基础,也进一步证实了从 CIMMYT 种质中转育持久抗病基因的可行性与有效性。

其中,*Yr29* 与 *Lr46* 为同一个一因多效基因,该

位点同时赋予白粉病抗性 (*Pm39*)、秆锈病抗性 (*Sr58*), 以及伴随的叶片干尖症状 (*Ltn2*), 构成 *Lr46/Yr29/Sr58/Pm39/Ltn2* 复合位点^[34-37]。田间观察进一步证实, 川麦 82 与其供体 *Singh6* 均表现出叶尖干枯现象。聚合持久抗病基因确实可增强抗性水平与持久性, 但防御反应的激活通常伴随寄主能量消耗, 且 *Ltn2* 等干尖相关基因可能带来负面表型效应。因此, 在育种中可将主效抗病基因与持久抗性基因进行累加, 在实现全生育期抗性的同时, 获得更稳定持久的抗病表现, 为品种抗性改良提供双重保障。

功能标记分析结果显示, 川麦 82 的白粉病抗性基因来源可能为 *Pm12*, 而由于外缘染色体 6SS 和小麦 6BS 存在严重的交换抑制, 导致晚熟、低产等连锁累赘难以完全被消除, *Pm12* 至今未在生产上使用^[44], 因此, 川麦 82 中是否携带 *Pm12* 有待进一步证实, 而其白粉病中抗表型或由一因多效基因 *Pm39* (*Lr46/Yr29/Sr58/Pm39/Ltn*) 介导的抗性所致^[35]。川麦 82 及其双亲均携带赤霉病抗性位点 *QFhb.hbaas-5AS*, 但三者均表现为高感赤霉病, 可能因单一微效 QTL 无法提供有效抗性^[45]。因此, 聚合多个赤霉病抗性基因 (如 *Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb4*、*Fhb5* 和 *Fhb7* 等) 是后续川麦 82 赤霉病抗性改良的重点方向。此外, 川麦 82 穗发芽抗性可能来源于 *Phs1-3A*, 且该基因由轮回亲本川农 16 传递至川麦 82 (表 2)。王琴等^[46]研究发现, 川农 16 携带 8 个穗发芽抗性 QTL, 包括 3A 染色体上的主效位点 *QSgr.saas-3A*, 推测其与 *Phs1-3A* 可能为同一抗性基因。

4 结 论

构建了川麦 82 的基因型图谱; 解析了川麦 82 的遗传构成特点, 明确了供体亲本染色体片段在川麦 82 中呈现显著的非均匀分布特征, 证实了回交育种在精准导入目标基因的同时, 能够有效恢复轮回亲本的遗传背景, 同时引入供体亲本的遗传多样性, 这些片段中富集了 *Yr29*、*Yr75*、*Lr46* 等多个重要抗病基因, 说明人工选择不仅作用于目标基因, 也驱动其所在染色体区域的协同保留。尤为重要的是, 通过回交实现了 1BS 优良片段对 1RS 的成功替换, 为缓解我国小麦育种中 1BL/1RS 易位系所带来的加工品质限制提供了可行的遗传改良路径。此外, 所鉴定的 *Singh6* 来源大片段及其富集的抗病基因可作为分子标记辅助选择的关键靶区, 有助于高效聚合抗病与高产性状, 推动同类优良小麦品种的定向选育。

参考文献 References

- [1] 庄巧生. 中国小麦品种改良及系谱分析[M]. 北京: 中国农业出版社, 2003: 550-552.
Zhuang Q S. Chinese Wheat Improvement and Pedigree Analysis [M]. Beijing: China Agriculture Press, 2003: 550-552. (in Chinese)
- [2] Hao C Y, Jiao C Z, Hou J, Li T, Liu H X, Wang Y Q, Zheng J, Liu H, Bi Z H, Xu F F, Zhao J, Ma L, Wang Y M, Majeed U, Liu X, Appels R, Maccaferri M, Tuberosa R, Lu H F, Zhang X Y. Resequencing of 145 landmark cultivars reveals asymmetric sub-genome selection and strong founder genotype effects on wheat breeding in China [J]. Molecular Plant, 2020, 13(12): 1733-1751.
- [3] Jiao C Z, Xie X M, Hao C Y, Chen L Y, Xie Y X, Garg V, Zhao L, Wang Z H, Zhang Y Q, Li T, Fu J J, Chitkineni A, Hou J, Liu H X, Dwivedi G, Liu X, Jia J Z, Mao L, Wang X E, Appels R, et al. Pan-genome bridges wheat structural variations with habitat and breeding [J]. Nature, 2025, 637(8045): 384-393.
- [4] 肖永贵, 殷贵鸿, 李慧慧, 夏先春, 阎俊, 郑天存, 吉万全, 何中虎. 小麦骨干亲本“周 8425B”及其衍生品种的遗传解析和抗条锈病基因定位[J]. 中国农业科学, 2011, 44(19): 3919-3929. DOI: 10.3864/j.issn.0578-1752.2011.19.001.
Xiao Y G, Yin G H, Li H H, Xia X C, Yan J, Zheng T C, Ji W Q, He Z H. Genetic diversity and genome-wide association analysis of stripe rust resistance among the core wheat parent Zhou 8425B and its derivatives [J]. Scientia Agricultura Sinica, 2011, 44(19): 3919-3929. DOI: 10.3864/j.issn.0578-1752.2011.19.001. (in Chinese)
- [5] 孔子明, 宋晓朋. 小麦品种周麦 16 的遗传构成分析[J]. 种子, 2020, 39(9): 117-119.
Kong Z M, Song X P. Genetic composition analysis of wheat variety ‘Zhoumai 16’ [J]. Seed, 2020, 39(9): 117-119. (in Chinese)
- [6] 赵春华, 崔法, 李君, 丁安明, 李兴锋, 高居荣, 王洪刚. 冬小麦种质“矮孟牛”姊妹系遗传差异[J]. 作物学报, 2011, 37(8): 1333-1341.
Zhao C H, Cui F, Li J, Ding A M, Li X F, Gao J R, Wang H G. Genetic difference of sibs derived from winter wheat germplasm “aimengniu” [J]. Acta Agronomica Sinica, 2011, 37(8): 1333-1341. (in Chinese)
- [7] 邹少奎, 殷贵鸿, 唐建卫, 韩玉林, 李楠楠, 李顺成, 黄峰, 王丽娜, 张倩, 高艳. 小麦新品种周麦 23 号的遗传构成分析及其特异引物筛选[J]. 中国农业科学, 2015, 48(19): 3941-3951. DOI: 10.3864/j.issn.0578-1752.2015.19.016.
Zou S K, Yin G H, Tang J W, Han Y L, Li N N, Li S C, Huang F, Wang L N, Zhang Q, Gao Y. Genetic analysis of new wheat variety Zhoumai 23 and screening of specific primers [J]. Scientia Agricultura Sinica, 2015, 48(19): 3941-3951. DOI: 10.3864/j.issn.0578-1752.2015.

- 19.016. (in Chinese)
- [8] 韩俊, 张连松, 李静婷, 石丽娟, 解超杰, 尤明山, 杨作民, 刘广田, 孙其信, 刘志勇. 小麦骨干亲本“胜利麦/燕大 1817”杂交组合后代衍生品种遗传构成解析[J]. 作物学报, 2009, 35(8): 1395-1404.
- Han J, Zhang L S, Li J T, Shi L J, Xie C J, You M S, Yang Z M, Liu G T, Sun Q X, Liu Z Y. Molecular dissection of core parental cross “triumph/yanda 1817” and its derivatives in wheat breeding program [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2009, 35(8): 1395-1404. (in Chinese)
- [9] 杨子博, 王安邦, 冷苏凤, 顾正中, 周羊梅. 小麦新品种淮麦 33 的遗传构成分析[J]. 中国农业科学, 2018, 51(17): 3237-3248. DOI: 10.3864/j.issn.0578-1752.2018.17.001.
- Yang Z B, Wang A B, Leng S F, Gu Z Z, Zhou Y M. Genetic analysis of the novel high-yielding wheat cultivar Huaimai33 [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2018, 51(17): 3237-3248. DOI: 10.3864/j.issn.0578-1752.2018.17.001. (in Chinese)
- [10] 于海霞, 肖静, 田纪春. 小麦骨干亲本矮孟牛及其衍生后代遗传解析[J]. 中国农业科学, 2012, 45(2): 199-207. DOI: 10.3864/j.issn.0578-1752.2012.02.001.
- Yu H X, Xiao J, Tian J C. Genetic dissection of milestone parent aimengniu and its derivatives [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2012, 45(2): 199-207. DOI: 10.3864/j.issn.0578-1752.2012.02.001. (in Chinese)
- [11] 亓佳佳, 韩芳, 马守才, 张莉莉, 余欣欣, 陈蕴文, 毕晓静, 史秀秀, 牛娜, 张改生. 小麦骨干亲本小偃 6 号及其衍生品种(系)的遗传解析[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2015, 43(11): 45-53.
- Qi J J, Han F, Ma S C, Zhang L L, Yu X X, Chen Y W, Bi X J, Shi X X, Niu N, Zhang G S. Genetic dissection of wheat milestone parent Xiaoyan 6 and its derivatives [J]. *Journal of Northwest A & F University (Natural Science Edition)*, 2015, 43(11): 45-53. (in Chinese)
- [12] 李俊, 万洪深, 杨武云, 王琴, 朱欣果, 胡晓蓉, 魏会廷, 汤永禄, 李朝苏, 彭正松, 周永红. 小麦新品种川麦 104 的遗传构成分析[J]. 中国农业科学, 2014, 47(12): 2281-2291. DOI: 10.3864/j.issn.0578-1752.2014.12.001.
- Li J, Wan H S, Yang W Y, Wang Q, Zhu X G, Hu X R, Wei H T, Tang Y L, Li C S, Peng Z S, Zhou Y H. Dissection of genetic components in the new high-yielding wheat cultivar Chuanmai 104 [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2014, 47(12): 2281-2291. DOI: 10.3864/j.issn.0578-1752.2014.12.001. (in Chinese)
- [13] 殷贵鸿, 韩玉林, 黄峰, 郑继周, 于海飞, 杜同连, 杨霞. 小麦新品种周麦 16 的选育及其特征特性[J]. 作物杂志, 2005(2): 54.
- Yin G H, Han Y L, Huang F, Zheng J Z, Yu H F, Du T L, Yang X. Breeding and characteristics of a new wheat variety Zhoumai 16 [J]. *Crops*, 2005(2): 54. (in Chinese)
- [14] 李小军, 胡铁柱, 李淦, 姜小苓, 冯素伟, 董娜, 张自阳, 茹振钢, 黄勇. 小麦品种百农 AK58 及其姊妹系的遗传构成分析[J]. 作物学报, 2012, 38(3): 436-446.
- Li X J, Hu T Z, Li G, Jiang X L, Feng S W, Dong N, Zhang Z Y, Ru Z G, Huang Y. Genetic analysis of broad-grown wheat cultivar bainong AK58 and its sib lines [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2012, 38(3): 436-446. (in Chinese)
- [15] 袁园园, 王庆专, 崔法, 张景涛, 杜斌, 王洪刚. 小麦骨干亲本碧蚂 4 号的基因组特异位点及其在衍生后代中的传递[J]. 作物学报, 2010, 36(1): 9-16.
- Yuan Y Y, Wang Q Z, Cui F, Zhang J T, Du B, Wang H G. Specific loci in genome of wheat milestone parent Bima 4 and their transmission in derivatives [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2010, 36(1): 9-16. (in Chinese)
- [16] 盖红梅, 李玉刚, 王瑞英, 李振清, 王圣健, 高峻岭, 张学勇. 鲁麦 14 对山东新选育小麦品种的遗传贡献[J]. 作物学报, 2012, 38(6): 954-961.
- Gai H M, Li Y G, Wang R Y, Li Z Q, Wang S J, Gao J L, Zhang X Y. Genetic contribution of Lumai 14 to novel wheat varieties developed in Shandong Province [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2012, 38(6): 954-961. (in Chinese)
- [17] 李琼, 王长有, 刘新伦, 高冬丽, 吉万全. 小偃 6 号及其衍生品种(系)遗传多样性的 SSR 分析[J]. 麦类作物学报, 2008, 28(6): 950-955.
- Li Q, Wang C Y, Liu X L, Gao D L, Ji W Q. Genetic diversity of Xiaoyan 6 and its derivatives by SSR [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2008, 28(6): 950-955. (in Chinese)
- [18] 郑建敏, 罗江陶, 万洪深, 李式昭, 杨漫宇, 李俊, 刘于斌, 蒲宗君. 利用小麦 660K SNP 芯片分析川麦 44 在其衍生后代中的遗传贡献[J]. 麦类作物学报, 2019, 39(11): 1293-1300.
- Zheng J M, Luo J T, Wan H S, Li S Z, Yang M Y, Li J, Liu Y B, Pu Z J. Genetic contribution of Chuanmai 44 to its derivatives analyzed by a wheat 660K SNP array [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2019, 39(11): 1293-1300. (in Chinese)
- [19] 亓晓蕾, 王君, 吕广德, 牟秋焕, 米勇, 孙盈盈, 尹逊栋, 钱兆国, 王瑞霞, 吴科. 优质高产小麦新品种泰科麦 33 的遗传构成分析[J]. 中国农业科学, 2024, 57(22): 4391-4412. DOI: 10.3864/j.issn.0578-1752.2024.22.001.
- Qi X L, Wang J, Lü G D, Mu Q H, Mi Y, Sun Y Y, Yin X D, Qian Z G, Wang R X, Wu K. Genetic composition analysis of a new high quality and high yield wheat cultivar Taikemai33 [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2024, 57(22): 4391-4412. DOI: 10.3864/j.issn.0578-1752.2024.

- 22.001. (in Chinese)
- [20] 刘易科, 朱展望, 陈冷, 邹娟, 佟汉文, 朱光, 何伟杰, 张宇庆, 高春保. 基于 SNP 标记揭示我国小麦品种(系)的遗传多样性[J]. 作物学报, 2020, 46(2): 307-314.
- Liu Y K, Zhu Z W, Chen L, Zou J, Tong H W, Zhu G, He W J, Zhang Y Q, Gao C B. Revealing the genetic diversity of wheat varieties (lines) in China based on SNP markers [J]. Acta Agronomica Sinica, 2020, 46(2): 307-314. (in Chinese)
- [21] 杨漫宇, 姚方杰, 杨足君, 杨恩年. 六倍体小黑麦×六倍体小麦杂交后代中染色体遗传与结构变异鉴定[J]. 遗传, 2024, 46(1): 63-77.
- Yang M Y, Yao F J, Yang Z J, Yang E N. Investigation of chromosomal genetic characteristics and identification of structural variation in the offspring of hexaploid *Triticale* × hexaploid wheat [J]. Hereditas (Beijing), 2024, 46(1): 63-77. (in Chinese)
- [22] 程顺和, 高德荣, 张伯桥, 吴荣林, 陆成彬, 吴宏亚, 吕国锋, 张勇, 陈佩度, 刘大钧. 小麦抗白粉病的遗传改良及多系品系的配制[J]. 麦类作物学报, 2003, 23(2): 34-38.
- Cheng S H, Gao D R, Zhang B Q, Wu R L, Lu C B, Wu H Y, Lu G F, Zhang Y, Chen P D, Liu D J. Genetic improvement of wheat powdery mildew resistance and construction of multi-lines [J]. Acta Triticeae Crops, 2003, 23(2): 34-38. (in Chinese)
- [23] 张晓祥, 张伯桥, 吴宏亚, 高德荣, 吴荣林, 程顺和. 滚动回交与遗传标记辅助选择相结合聚合 *Pm21*、*Nib8* 和 *W_x* 基因[J]. 麦类作物学报, 2010, 30(2): 215-220.
- Zhang X X, Zhang B Q, Wu H Y, Gao D R, Wu R L, Cheng S H. Pyramiding *Pm21*, *Nib8* and *W_x* gene by rolling convergent backcross combined with genetic marker-assisted selection [J]. Journal of Triticeae Crops, 2010, 30(2): 215-220. (in Chinese)
- [24] 刘登才, 郑有良, 兰秀锦. 小麦中国春遗传背景的育种改良[J]. 中国农业科学, 2003, 36(11): 1383-1389.
- Liu D C, Zheng Y L, Lan X J. Utilization of wheat Landrace Chinese spring in breeding [J]. Scientia Agricultura Sinica, 2003, 36(11): 1383-1389. (in Chinese)
- [25] Wan H S, Yang F, Li J, Wang Q, Liu Z H, Tang Y L, Yang W Y. Genetic improvement and application practices of synthetic hexaploid wheat [J]. Genes, 2023, 14(2): 283.
- [26] 邹裕春, 张镠, 杨武云, 杨恩年, 黄钢. 四川-CIMMYT 小麦穿梭育种回顾与展望[J]. 西南农业学报, 2003, 16(3): 102-106.
- Zou Y C, Zhang C, Yang W Y, Yang E N, Huang G. Reviews and prospects of Sichuan-CIMMYT wheat shuttle breeding program [J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2003, 16(3): 102-106. (in Chinese)
- [27] 邹裕春, 杨恩年. 冬春杂交小麦新品种川麦 30[J]. 中国种业, 2001(4): 32-33.
- Zou Y C, Yang E N. Chuanmai 30, a new winter-spring hybrid wheat variety [J]. China Seeds, 2001(4): 32-33. (in Chinese)
- [28] 邹裕春, 杨恩年. 四川审定的第一个强筋抗病小麦新品种川麦 36[J]. 四川农业科技, 2003(6): 14.
- Zou Y C, Yang E N. Chuanmai 36, the first new wheat variety with strong gluten and disease resistance approved in Sichuan [J]. Sichuan Agricultural Science and Technology, 2003(6): 14. (in Chinese)
- [29] 邹裕春, 黄钢, 朱华忠. CIMMYT 1998—2000 年中期工作计划给四川小麦超高产育种的启示[J]. 西南农业学报, 1998(增刊 2): 268-270.
- Zou Y C, Huang G, Zhu H Z. Illumination from cimmyt's medium-termed (1998-2000) plan for exceeding high yield wheat breeding in Sichuan [J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 1998(S2): 268-270. (in Chinese)
- [30] 杨恩年, 邹裕春, 杨武云. 强筋小麦品种川麦 36 的抗条锈病性状遗传研究[J]. 西南农业学报, 2006, 19(5): 883-885.
- Yang E N, Zou Y C, Yang W Y. Inheritance of resistance to stripe rust in strong gluten wheat variety Chuanmai 36 [J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2006, 19(5): 883-885. (in Chinese)
- [31] 黄钢, 邹裕春, 汤永禄, 杨恩年. 四川-CIMMYT 小麦穿梭育种中的农艺学合作研究[J]. 西南农业学报, 2007, 20(2): 191-198.
- Huang G, Zou Y C, Tang Y L, Yang E N. The cooperative study on agronomy in wheat shuttle breeding between CIMMYT and SAAS [J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2007, 20(2): 191-198. (in Chinese)
- [32] 邹裕春, 杨武云, 朱华忠, 杨恩年, 蒲宗君, 伍铃, 张颀, 汤永禄, 黄钢, 李跃进, 何中虎, Ravi Singh, SRajaram. CIMMYT 种质及育种技术在四川小麦品种改良中的利用[J]. 西南农业学报, 2007, 20(2): 183-190.
- Zou Y C, Yang W Y, Zhu H Z, Yang E N, Pu Z J, Wu L, Zhang Y, Tang Y L, Huang G, Li Y J, He Z H, Singh R, Srajararam. Utilization of CIMMYT germplasm and breeding technologies in wheat improvement in Sichuan, China [J]. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2007, 20(2): 183-190. (in Chinese)
- [33] 吴胜男, 李英壮, 王娜, 刘录祥, 谢彦周, 王成社. 小麦新品种陕农 33 的遗传构成分析[J]. 麦类作物学报, 2021, 41(2): 134-139.
- Wu S N, Li Y Z, Wang N, Liu L X, Xie Y Z, Wang C S. Dissection of genetic components in the new high-yielding wheat cultivar Shaannong 33 [J]. Journal of Triticeae Crops, 2021, 41(2): 134-139. (in Chinese)
- [34] William M, Singh R P, Huerta-Espino J, Islas S O, Hoisington D. Molecular marker mapping of leaf rust resistance gene *Lr46* and its

- association with stripe rust resistance gene *Yr29* in wheat [J]. *Phytopathology*, 2003, 93(2): 153-159.
- [35] Lillemo M, Asalf B, Singh R P, Huerta-Espino J, Chen X M, He Z H, Bjørnstad Å. The adult plant rust resistance loci *Lr34/Yr18* and *Lr46/Yr29* are important determinants of partial resistance to powdery mildew in bread wheat line SAAR [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2008, 116(8): 1155-1166.
- [36] Rosewarne G M, Singh R P, Huerta-Espino J, William H M, Bouchet S, Cloutier S, McFadden H, Lagudah E S. Leaf tip necrosis, molecular markers and β 1-proteasome subunits associated with the slow rusting resistance genes *Lr46/Yr29* [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2006, 112(3): 500-508.
- [37] Singh R P, Mujeeb-Kazi A, Huerta-Espino J. *Lr46*: A gene conferring slow-rusting resistance to leaf rust in wheat [J]. *Phytopathology*, 1998, 88(9): 890-894.
- [38] Kanwal M, Qureshi N, Gessese M, Forrest K, Babu P, Bariana H, Bansal U. An adult plant stripe rust resistance gene maps on chromosome 7A of Australian wheat cultivar Axe [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2021, 134(7): 2213-2220.
- [39] 蒲至恩. 小麦新品种川农 16 的遗传改良研究[D]. 雅安: 四川农业大学, 2005.
- Pu Z E. Studies on the genetic improvement of the new varieties Chuannong16 [D]. Yaan: Sichuan Agricultural University, 2005. (in Chinese)
- [40] Wieser H, Kieffer R, Lelley T. The influence of 1B/1R chromosome translocation on gluten protein composition and technological properties of bread wheat [J]. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 2000, 80(11): 1640-1647.
- [41] 周阳, 何中虎, 张改生, 夏兰琴, 陈新民, 高永超, 井赵斌, 于广军. 1BL/1RS 易位系在我国小麦育种中的应用[J]. *作物学报*, 2004, 30(6): 531-535.
- Zhou Y, He Z H, Zhang G S, Xia L Q, Chen X M, Gao Y C, Jing Z B, Yu G J. Utilization of 1BL/1RS translocation in wheat breeding in China [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2004, 30(6): 531-535. (in Chinese)
- [42] McKendry A L, Tague D N, Miskin K E. Effect of 1BL.1RS on agronomic performance of soft red winter wheat [J]. *Crop Science*, 1996, 36(4): 844-847.
- [43] 李俊, 魏会廷, 杨栗洁, 李朝苏, 汤永禄, 胡晓蓉, 杨武云. 川麦 42 的 1BS 染色体臂对小麦主要农艺性状的遗传效应[J]. *作物学报*, 2009, 35(12): 2167-2173.
- Li J, Wei H T, Yang S J, Li C S, Tang Y L, Hu X R, Yang W Y. Genetic effects of 1BS chromosome arm on the main agronomic traits in Chuanmai 42 [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2009, 35(12): 2167-2173. (in Chinese)
- [44] Zhu S Y, Liu C, Gong S J, Chen Z Z, Chen R, Liu T L, Liu R K, Du H N, Guo R, Li G Y, Li M M, Fan R C, Liu Z Y, Shen Q H, Gao A L, Ma P T, He H G. Orthologous genes *Pm12* and *Pm21* from two wild relatives of wheat show evolutionary conservation but divergent powdery mildew resistance [J]. *Plant Communications*, 2023, 4(2): 100472.
- [45] Zhu Z W, Chen L, Zhang W, Yang L J, Zhu W W, Li J H, Liu Y K, Tong H W, Fu L P, Liu J D, Rasheed A, Xia X C, He Z H, Hao Y F, Gao C B. Genome-wide association analysis of *Fusarium head blight* resistance in Chinese elite wheat lines [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2020, 11: 206.
- [46] 王琴, 刘泽厚, 万洪深, 魏会廷, 龙海, 李涛, 邓光兵, 李俊, 杨武云. 川麦 42 和川农 16 抗穗发芽 QTL 定位及聚合效应分析[J]. *中国农业科学*, 2020, 53(17): 3421-3431. DOI: 10.3864/j.issn.0578-1752.2020.17.001.
- Wang Q, Liu Z H, Wan H S, Wei H T, Long H, Li T, Deng G B, Li J, Yang W Y. Identification and pyramiding of QTLs for traits associated with pre-harvest sprouting resistance in two wheat cultivars Chuanmai 42 and Chuannong 16 [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2020, 53(17): 3421-3431. DOI: 10.3864/j.issn.0578-1752.2020.17.001. (in Chinese)

(责任编辑 李莉)