

四川省小麦育成品种系谱分析及发展进程

郑建敏¹, 罗江陶¹, 万洪深¹, 李式昭¹, 杨漫宇¹, 李俊¹, 杨恩年¹, 蒋云²,
刘于斌³, 王相权⁴, 蒲宗君¹

1. 四川省农业科学院作物研究所, 农业农村部西南地区小麦生物学与遗传育种重点实验室, 成都 610066

2. 四川省农业科学院生物技术核技术研究所, 成都 610066

3. 四川省凉山州西昌农科所, 西昌 615000

4. 四川省内江市农业科学院, 内江 641000

摘要: 品种系谱蕴含亲本来源、选育方式、亲缘关系等大量信息, 对揭示农作物品种演变特点、规律并最终指导育种实践具有重要意义。本文汇总了四川省 1936~2017 年间 326 个小麦品种的系谱信息, 对育种方式、亲本构成、高频亲本及骨干亲本的变化、遗传贡献、易位系及人工合成种质分布等情况进行了梳理与分析。从 20 世纪 30 年代至今, 四川省育种家从大量材料中选用 387 个直接亲本, 采用杂交育种等方式, 配制数千个组合, 从 256 个组合中选育出 314 个品种, 对四川省小麦生产做出了重要贡献, 同时也为小麦育种提供了更为优异的材料基础。四川省小麦育种经历了从无到有, 从主要依靠引进材料、地方品种到自主创制材料的过程; 高频亲本、骨干亲本随育种进程推进而逐渐变化。易位系和人工合成种质对四川省小麦育种贡献巨大。育种目标的一致性必然导致遗传多样性散失和遗传基础脆弱, 今后重点应加强资源的创制、保护和利用。本文通过育成品种的系谱梳理, 对四川省小麦的育种发展进程进行了分析, 以期对未来种质资源的收集创制和育种研究提供重要参考信息。

关键词: 小麦育种; 系谱; 遗传贡献; 遗传多样性; 易位系; 人工合成种质

收稿日期: 2019-03-08; 修回日期: 2019-06-04

基金项目: 国家重点研发计划项目(编号: 2016YFD0101600, 2017YFD0100905), 四川省科技计划项目(编号: 2016NYZ0012, 2017JY0077, 2018JY0627), 四川省财政创新能力提升工程项目(编号: 2016ZYPZ-016)和四川省育种攻关项目(编号: 2016NYZ0030)资助
[Supported by the National Key Research and Development Program of China (Nos. 2016YFD0101600, 2017YFD0100905), the Science and Technology Planning Project of Sichuan Province (Nos. 2016NYZ0012, 2017JY0077, 2018JY0627), the Innovation Capacity Improvement Project of Sichuan Finance (No. 2016ZYPZ-016) and the Breeding Research Project of Sichuan Province (No. 2016NYZ0030)]

作者简介: 郑建敏, 硕士, 助理研究员, 研究方向: 小麦遗传育种与资源利用。E-mail: jianminxingzheng@yeah.net

罗江陶, 博士, 助理研究员, 研究方向: 小麦遗传育种与细胞学研究。E-mail: 715644470@qq.com

郑建敏和罗江陶并列第一作者。

通讯作者: 蒲宗君, 博士, 研究员, 研究方向: 小麦遗传育种。E-mail: pzjun68@163.com

DOI: 10.16288/j.yczs.19-081

网络出版时间: 2019/6/19 9:31:23

URI: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.1913.R.20190619.0930.002.html>

Pedigree and development of wheat varieties in Sichuan Province

Jianmin Zheng¹, Jiangtao Luo¹, Hongshen Wan¹, Shizhao Li¹, Manyu Yang¹, Jun Li¹, Ennian Yang¹, Yun Jiang², Yubin Liu³, Xiangquan Wang⁴, Zongjun Pu¹

1. Key Laboratory of Wheat Biology and Genetic Improvement on Southwestern China, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Crop Research Institute, Sichuan Academy of Agricultural Sciences, Chengdu 610066, China

2. Biotechnology and Nuclear Technology Research Institute, Sichuan Academy of Agricultural Sciences, Chengdu 610066, China

3. Liangshan Institute of Agricultural Sciences, Xichang 615000, China

4. Neijiang Academy of Agricultural Sciences, Neijiang 641000, China

Abstract: Variety pedigree contains a lot of information, including parental origin, breeding methods, genetic relationship, and so on. Studying them could reveal the evolution characteristics and rules of breeding and ultimately guide practice. The pedigrees of 326 wheat varieties from 1936 to 2017 in the history of the Sichuan Province was collected and analyzed in terms of breeding methods, parental composition, changes of high frequency parents and backbone parents, genetic contribution, distribution of translocation lines and synthetic germplasms. Over the past 80 years since 1930s, breeders have selected 387 direct parents from a large number of materials, made 256 combinations by means of cross breeding, and have released 314 varieties from them, which contributed directly to wheat breeding and production in Sichuan. Wheat breeding experienced a process from utilizing landraces, introducing foreign germplasm to creating breeding materials independently; high-frequency parents and backbone parents used for breeding gradually changed in different stage of the breeding history. Synthetic germplasms contributed greatly to wheat breeding in recent years. The consistency of breeding objectives will inevitably lead to the loss of genetic diversity and the fragility of genetic basis. In the future, the protection and utilization of genetic resources should be strengthened. In this review, the development of wheat breeding in Sichuan was summarized through pedigree analysis, in order to provide a reference for future research.

Keywords: wheat breeding; pedigree; genetic contribution; genetic diversity; translocation lines; synthetic germplasm

分析育成品种的系谱,可以明确品种的遗传基础,揭示亲缘关系及演变特点,总结育种经验,发现选育规律,指导育种实践,提高选择效率。1983年,金善宝院士主编的专著《中国小麦品种及其系谱》^[1],对新中国成立至1980年间我国利用国内外种质选育小麦(*Triticum aestivum* Linn.)品种在生产上的应用情况和品种系谱组成、亲缘关系及部分目标性状的遗传传递脉络等进行了详述。2002年,庄巧生院士在延承前书脉络的基础上,主编《中国小麦品种改良及系谱分析》^[2]一书,补充了我国早期小麦育种工作简况,重点从亲本取材、组合选配和遗传资源利用角度阐明我国小麦品种改良所走过的历程,概述了各大麦区生态环境和生产情况,介绍了品种更替和系谱渊源,并对我国小麦育种工作的主旋律即

抗病育种、产量提高、加工品质改良进行了专题论述。前人从育种实践和科学实验中提炼出的经验与认识,对今后的小麦育种实践具有积极的指导意义。

四川省比较系统的小麦改良工作始于20世纪30年代。1998年,余遥研究员主编《四川小麦》^[3]一书,系统总结了20世纪30年代以来四川省小麦生产发展的技术经验、育种、栽培和相关科研取得的成果与进展,提出今后的发展方向和路径。2010年,任正隆教授等在《雨养农业区的小麦育种》^[4]一书中,总结了四川省小麦育种攻关30年的成果与经验。2018年,李生荣研究员等对绵阳市农业科学院小麦育种及相关研究工作进行了回顾总结,出版专著《绵阳号小麦品种改良的实践与发展》^[5],对品种改良具有重要参考价值。

本文通过系谱梳理,对四川省小麦育种发展进程进行了分析,从不同的分析角度,总结成功的育种利用经验,探讨存在的共性问题,为今后小麦育种提供参考。

1 四川小麦育种和生产概况

自20世纪30年代至今,四川小麦育种已有80余年历史。全省平均产量从30年代的50 kg/亩(即750 kg/ha)左右上升到2016年的250 kg/亩(即3750 kg/ha)左右(参考2017年四川省统计年鉴,数据来自四川统计局网站 <http://tjj.sc.gov.cn/tjcbw/tjnj/>);目前,成都平原大面积生产产量平均在350 kg/亩(即5250 kg/ha,数据来自广汉等地种植大户)左右,省区域试验高产水平在400 kg/亩(即6000 kg/ha,参考2010~2018年区试总结)左右,高产栽培示范最高纪录为710.7 kg/亩(即10 660.5 kg/ha,2010年,江油大堰乡泉水村,数据来自《农民日报》及网站 http://www.moa.gov.cn/ztl/qnszcgdfs/201006/t20100602_1497968.htm)。80余年间,全省小麦总面积呈先上升后下降趋势,高峰时达到3480余万亩(即232万公顷,1979~1983年间)^[3],目前稳定在1600万亩左右(即106.7万ha,参考2017年四川省统计年鉴)。育种主体目标从重点关注产量拓展到产量品质兼顾;由于地域气候生态特点,虽有强筋型品种,但以中筋、弱筋型为主^[6]。规范的区域试验始于1980年冬季,最初由四川省农科院作物所负责安排实施,后由四川省种子站接管,1984年初有品种通过审(认)定。1982年3月,在四川省科学技术委员会领导下正式成立小麦育种攻关组,由四川省人民政府划拨专项科研经费支持,开展全省小麦育种联合攻关工作,极大推动了四川省小麦育种长期稳定地发展。

从《四川小麦》^[3]、《雨养农业区的小麦育种》^[4]、《绵阳号小麦品种改良的实践与发展》^[5]、《中国小麦品种改良及系谱分析》^[2]、四川省种子站区试报告、四川省农作物品种审定公告及各个育种单位专家发表的文献资料^[7~12]中,本文收集汇总了四川省1936~2017年总计326个品种(含5个地方品种、6个引进品种和315个育成品种),通过育种方式、亲本构成、高频亲本及骨干亲本变化、遗传贡献、易

位系及人工合成种质分布情况等方面进行梳理,对四川省小麦育种发展进程进行了分析。

因育种家对系谱编写规则理解的不同,系谱书写格式存在差异。为研究分析方便,本文在假设所有育种家遵循相同规则下编写系谱,并默认:(1)系谱中 F_6 及以上代次材料为稳定种质/亲本,如川育12资料所列系谱为:(983/高加索) F_7 /(980/3130) F_8 ,则认为川育12为直接亲本1(983/高加索)和直接亲本2(980/3130)的单交;(2)选系或辐射育种材料系谱同原材料系谱,如绵阳21为绵阳11选系,则其系谱与绵阳11相同。统计育成品种直接亲本数量,分析育成品种直接亲本构成等。

2 育种方式

2.1 育种方式统计

根据初步统计结果,四川省育成品种的育种方式有杂交育种(基因重组)、诱变育种(基因突变)和杂交诱变结合3种方式。为更清晰地将育种方式呈现给读者,遂将杂交育种继续细分为:选系(因被选系均为通过杂交育种方式选育,遂将选系归入杂交育种)、单交、三交、双交、回交和其他复交;诱变育种主要是辐射诱变;杂交诱变结合均为单交+辐射诱变。

如表1所示,315个育成品种中,通过杂交育种方式选育的有300个,占95.24%;通过诱变方式选育的有7个,通过杂交诱变结合方式选育的有8个。统计结果表明,杂交育种是四川省品种选育的主要方式,其中通过单交方式选育的品种最多,占66.98%。

表1 四川省品种育种方式统计表

Table 1 Statistical of breeding methods of the varieties in Sichuan Province

育种方式			品种数	比例(%)
杂交育种	选系		17	5.40
	单交		211	66.98
	复交	三交	43	13.65
		双交	8	2.54
		其他	13	4.13
	回交		8	2.54
诱变育种	辐射		7	2.22
杂交诱变	单交+辐射		8	2.54

2.2 育种方式对品种的影响

作物育种是利用变异(自然突变或人为创造)现象,在各种选择压力下筛选符合目标要求的类型,满足生产和生活的需要。自然突变是产生物种变异的重要方式,是进化的主要动力,但发生频率较低,无法满足人类社会的发展需求。人工诱变(化学、物理、太空环境等)是产生变异的方式之一,因操作方法的繁杂、对人体存在有害影响及有利变异频率较低等情况,未能成为作物育种利用的主要方式。杂交是人为创造变异、产生新材料(品种)简单易行的方式。杂交育种是利用现有材料或品种,通过有限杂交实现基因重组产生新变异类型进行选择,是在已有材料和品种的基础上不断提升抗性、品质、产量等性状的改良过程。

育种目标的确立是战略性考虑,育种方式是达到目标途径的战术性选择,目标的设定需要有高度和远见,途径的选择要具体可行且注重实效。杂交育种根据亲本数量和组配方式的不同,可分为单交、复交(两个以上亲本间杂交)、回交(存在轮回亲本)等。假设不同亲本间遗传物质存在较大差异,根据遗传学经典定律,则亲本数量越多,组配方式越复杂,后代变异的类型就越丰富,可能选育的品种类型就越多。对自然进化过程而言,更多的变异有利于存留更多生存适应型个体;人工选择偏向于符合生产生活需求的具体性状选择,易淘汰和丢失目标性状表现平平而综合适应性好的个体,且受选择复杂程度影响,变异类型的多样性与选育品种数量并不成正比。从四川育成小麦品种来看,杂交育种是小麦选育的主要方式;单交选育的品种数达 211 个,占 66.98%,是杂交选育的主要方式,该结果与林作揖等^[13]和方正等^[14]的结论一致。单交亲本数量少,后代选择目标性状明确,易选出优良品种;复交遗传基础复杂,性状间的组合多样,增加选择难度;针对优异品种的少数性状进行改良,选择有限回交能更快获得具备目标性状的材料。从理论上也不难推断,随着杂交亲本的增加,遗传组成势必变得复杂,变异类型多样化,材料稳定时间变长,增加优异基因丢失风险(尤其是在观察选育情况下),因此增加选择的复杂性。

在育种方式中,选择的路径多样化,不拘泥于

某种形式,只要能选育出好品种便是好路径。在杂交育种方面,四川小麦生产历史上推广面积较大的品种中,山农 205、阿勃、绵阳 11、川麦 107 和川麦 104 来自单交组合,南大 2419、川麦 28 和川麦 42 来自三交组合,繁 6 来自聚合杂交组合。随着育种技术和生物技术的发展,以及小麦基因组工作取得的巨大成绩,人们对小麦农艺性状基因表达及调控的理解越来越深入,可利用的连锁及功能标记逐渐丰富,传统育种路径正在逐渐转变,表型选择与分子标记筛选结合更为紧密,优异基因聚合及不良连锁基因断裂难度缩小,设计育种将由设想逐步趋向现实,未来育种方式将产生颠覆性的变化。此外,品种选育效率不仅受育种方式的影响,还受选择压力等多种因素的制约;有研究表明,不同选择压(环境)的交替选择,是选育优良品种的一个有效途径^[14]。随着科技的发展,人们改造自然进而改变世界所受的束缚将逐渐减少,创造变异可以通过人工杂交、理化诱变、定点编辑等多种方式,选择压力可以人为创造、诱导发生,表型数据可以激光扫描、智能获取,性状表达可以人工智能、大数据模拟。至此,育种可以外包和程序化,通过相关操作说明,育种工作者可以精确地获得与育种目标一致的新品种。

3 亲本构成、贡献及变化规律

3.1 直接亲本统计

育成品种中,因西辐 6 号是以育种材料西辐 3 号通过辐射诱变方式选育而成,西辐 3 号无法获悉系谱信息,未纳入育成品种中分析直接亲本构成。统计表明,314 个育成品种直接亲本有 387 个,系谱组合 256 个;其中由 2 个直接亲本培育的品种最多(累计达 246 个,占 78.10%),随直接亲本数量的增加,育成品种数呈递减趋势(图 1)。

统计结果表明:在育成品种的 256 个组合中,选育 1 个品种的组合有 217 个;选育 2 个品种的组合有 23 个;选育 3 个品种的组合有 12 个;选育出 3 个以上品种的组合有 3 个,分别为:组合 01-3570/R138 选育出 4 个品种,组合 70-5858/繁 6 选育出 5 个品种,组合 Autonomia/Fontarionco 选育出 6 个品种。

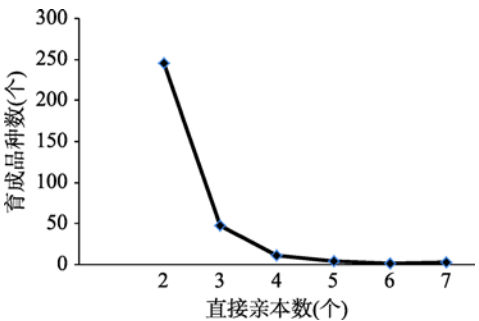


图 1 育成品种直接亲本数统计
Fig. 1 Statistical of direct parental number and its varieties

3.2 亲本贡献

参照赵团结等^[15]、盖钧镒等^[16]方法计算直接亲本细胞核遗传贡献,同时追溯原始细胞质构成。每个育成品种细胞核遗传贡献值为 1,细胞核贡献值按育成品种的直接亲本提供均等遗传贡献计算。例如由单交育成品种的双亲核遗传贡献各为 0.5,3 个亲本三交育成品种(假设系谱为:亲本 1/亲本 2//亲本 3)的 3 个亲本遗传贡献分别为 0.25、0.25 和 0.5;4 个亲本双交育成品种(假设系谱为:亲本 1/亲本 2//亲本 3/亲本 4)的 4 个亲本遗传贡献值均为 0.25;以此类推,其他复交方式育成品种依其杂交先后次序及组合,推算各个亲本遗传贡献值。遗传贡献率=贡献值/总贡献值×100%。育成品种细胞质与其杂交母本细胞质相同,将母本按其系谱,在所收集的 327 个品种系谱中追溯到无法再溯源为止,溯源母本胞质贡献为 1,每个育成品种细胞质贡献为 1。

如表 2 所示,在 387 个直接亲本中,普通小麦

表 2 普通小麦和非普通小麦亲本来源及细胞核遗传贡献

Table 2 Parent sources and their genetic contributions			
亲本来源	分类	遗传贡献值	遗传贡献率(%)
普通小麦	地方品种	4.9375	1.57
	选育材料	选育品种	98.1875
		中间材料	134.5625
	引进材料	国外引进	51.625
		省外引进	19.8125
	未知材料	4.3125	1.37
非普通小麦	硬粒小麦、圆锥小麦	0.5625	0.18

亲本遗传贡献值累计达 313.4375,遗传贡献率为 99.82%,硬粒小麦、圆锥小麦等非普通小麦亲本遗传贡献值仅 0.5625,遗传贡献率为 0.18%;普通小麦亲本中选育材料遗传贡献(232.75,74.12%)>引进材料(71.4375,22.75%)>地方品种(4.9375,1.57%)>未知材料(4.3125,1.37%);选育材料中,中间材料贡献>选育品种,引进材料以国外引进材料为主。

314 个育成品种可追溯到 124 个细胞质材料,其中具国外引进材料胞质有 150 个品种,遗传贡献率为 47.77%;具中间材料胞质的有 117 个,遗传贡献率为 37.26%;具省外引进材料胞质的有 24 个,遗传贡献率为 7.64%;具地方品种胞质的有 10 个,遗传贡献率为 3.18%;具非普通小麦胞质的有 6 个,遗传贡献率为 1.91%;其他未知来源胞质的有 7 个,遗传贡献率为 2.23%。在 124 个细胞质中,育成品种数超过 10 个的均为国外引进材料,其中育成品种最多的细胞质材料为 IBO1828,共育成 59 个品种,遗传贡献率为 18.79%。

3.3 高使用频率亲本及骨干亲本变化

在分析直接亲本构成基础上,计算直接亲本育成品种数量,筛选出育成品种≥4 个的亲本。从首个培育品种年份到截止目前最后一个培育品种年份排列,提炼出育成品种≥7 个(高频亲本平均培育品种数)的骨干亲本进行分析。

如表 3 统计显示,四川省育成品种数≥4 的亲本有碧玉麦、中农 28、成都光头等 40 个材料。结果表明,20 世纪中期到 20 世纪末高使用频率亲本主要是国外引进材料和少数地方品种,21 世纪开始,高使用频率亲本才逐渐转变成育成品种或中间材料,这与我国的小麦育种发展过程相似,经历从无到有,从主要靠引进材料、地方品种到自主创制材料的过程。

在高使用频率亲本基础上,以育成品种数均值(6.75)为界线,筛选出 14 个骨干亲本,分别为:南大 2419、51 麦、玛拉、阿勃、繁 6、77 中 2882、绵阳 11、绵阳 26、川麦 30、贵农 19、贵农 21、川麦 42、川麦 43 和川麦 44;其中直接育成品种数超过 10 个的有南大 2419(14 个)、玛拉(14 个)、繁 6(11 个)、贵农 21(14 个)和川麦 42(17 个)。

表 3 高使用频率亲本统计

Table 3 High frequency parental statistics

直接亲本名称	育成品种数	遗传贡献值	遗传贡献率(%)	品种年份
碧玉麦	4	1.5000	0.48	1943~1966
中农 28/中农 28B	6	1.6875	0.54	1943~1989
成都光头/成都光头分枝麦	6	1.4375	0.46	1947~1989
南大 2419/南大 2419 选系*	14	6.2500	1.98	1958~2006
51 麦*	8	2.8750	0.91	1961~1969
山农 205	5	2.5000	0.79	1962~1967
玛拉*	14	7.0000	2.22	1962~1989
Autonomia	6	3.0000	0.95	1965~1973
Fontarionco	6	3.0000	0.95	1965~1973
IBO1828	5	1.3125	0.42	1965~1989
NP824	5	1.5000	0.48	1965~1989
阿夫	5	1.7500	0.56	1966~1989
阿勃*	7	3.5000	1.11	1969~2006
繁 6*	11	5.5000	1.75	1976~1989
高加索	4	1.6250	0.52	1978~1997
70-5858	5	2.5000	0.79	1984~1988
西昌反修麦	5	2.0625	0.65	1985~2004
77 中 2882*	7	3.2500	1.03	1988~1996
绵阳 11 *	9	4.2500	1.35	1988~2000
绵阳 19	5	2.5000	0.79	1989~1997
巴麦 18	5	2.2500	0.71	1989~2001
1900	4	2.2500	0.71	1991~2001
绵阳 15	4	2.0000	0.63	1995~1999
绵阳 01821	5	2.0000	0.63	1995~2009
10927 (川育 12)	4	2.0000	0.63	2000~2017
绵阳 26*	9	4.7500	1.51	2002~2009
SW1862	4	2.2500	0.71	2002~2013
Syn-CD769	3	0.7500	0.24	2003~2005
SW3243 (川麦 30)*	10	3.7500	1.19	2003~2017
贵农 19/贵农 19-4*	7	3.2500	1.03	2004~2011
贵农 21/贵农 21-1*	14	5.7500	1.83	2004~2017
生核 3295 Shenghe3295	4	1.5000	0.48	2006~2014
SW8688 (川麦 36)	5	2.2500	0.71	2006~2017
99-1572 (川麦 42)*	17	8.0000	2.55	2008~2017
1275-1 (绵麦 37)	5	2.0000	0.63	2010~2015
99-1522 (川麦 43)*	10	4.7500	1.51	2010~2017
攀早抗 Panzaokang	4	2.0000	0.63	2013~2014
98-1231 (川农 16)	6	3.0000	0.95	2013~2017
R138 (川农 23)	4	2.0000	0.63	2014~2016
01-3570 (川麦 44)*	9	4.2500	1.35	2014~2016

“()”外的名称为亲本名称或参试代号,如 01-3570;“()”内的名称为审定后名称,如川麦 44。“*”为直接育成品种数>6.75 的骨干亲本。品种年份优先选择审定/认定年份,如无审定/认定年份信息,则以育成年份为该品种年份。

3.4 骨干亲本的存在与遗传多样性

目前作物育种多是跟踪式/递进式的,一般每一个时期选育的品种主要是利用前一时期的品种/材料做亲本,下一个时期品种又多是利用这一时期的品种/材料来培育;在此育种模式下,性状的综合改良推进到一定程度后往往会出现瓶颈问题,需要创新材料或创新技术来打破障碍,实现突破。在这样的育种过程中,农艺性状好、抗性强、品质优、产量高的材料常被偏向性选择利用,选育出品种的概率被人为增加,因此更有可能成为骨干亲本。

本文在统计筛选高使用频率亲本基础上,提炼出14个骨干亲本,按其育成品种时间先后顺序分别为:南大2419、51麦、玛拉、阿勃、繁6、77中2882、绵阳11、绵阳26、川麦30、贵农19、贵农21、川麦42、川麦43和川麦44。不难发现,骨干亲本随育种的推进而逐渐变化,从主要为国外引进材料转变到育成品种。从我国小麦育种历史来看,早期也是利用国外引进种质及地方品种进行组配育种,其后才利用培育的品种/中间材料作为亲本进行杂交选育,与此同时不断引进新种质开展遗传育种改良工作^[1,2,17]。育种发展经历了从无到有,从依赖引进材料、地方品种到自主创制材料的过程。

骨干亲本的存在是品种选育的结果,也是导致遗传多样性散失的主要原因之一。长期以来,小麦育种目的是满足人们生产和生活的需求,其育种目标是高产、优质、广适、抗病、抗逆等,这些一致性的需求和目标导致育种过程中选择性牵连效应^[18]产生和少数骨干亲本的反复使用,进而不可避免地出现遗传基础单一化现象;并且,可以推断控制质量性状区段的单一化速度较数量性状区段快。作物育种导致品种遗传基础单一化、多样性散失现象普遍存在,如水稻(*Oryza sativa* L.)^[18-20]、玉米(*Zea mays* L.)^[21,22]、小麦^[23,24]、马铃薯(*Solanum tuberosum* L.)^[25]、谷子(*Setaria italica*)^[26]、甘薯(*Dioscorea esculenta*)^[27]、大麦(*Hordeum vulgare* L.)^[28]、花生(*Arachis hypogaea* L.)^[29]和甘蔗(*Saccharum officinarum* L.)^[30]等作物中均有相关报道。遗传多样性散失是育种目标一致性的必然结果。假如作物肩负有改变空气质量、园艺观赏、建筑填充等多样化的需求任务,育种目标也

将随之多样化,其遗传基础自然随目标多样化而变得丰富。

目前拓宽作物遗传基础、增加品种遗传多样性的主要途径有:(1)开展资源收集、保存、评价、管理和利用工作,如收集近缘种质开展远缘杂交等;(2)采用新的技术手段,如基因编辑等^[31,32],创制更丰富的遗传变异。作物种质收集、保存、评价、管理和利用是防止资源丧失及物种灭绝的关键,也是避免因品种单一化、遗传基础狭窄带来负面影响的重要举措,具有长远的战略意义。遗传多样性散失是基因型频率单一化,基因本身并未消失或减少,采用新的技术方法编辑和改变基因序列可以创制新的变异类型,从而改变遗传结构;创新技术是社会科技发展的必然需求和生产发展的重要动力。

4 易位系/人工合成种质育种贡献

普通小麦近缘种,如黑麦(*Secale cereale* L.)、簇毛麦(*Haynaldia villosa* L.)、粗山羊草(*Aegilops tauschii*)等,携带的抗病、抗逆、优质及高产基因对改良小麦品种农艺性状具有巨大的潜在价值^[33-35]。为确定近缘种质对四川小麦育种的贡献,本文从系谱来源上,统计易位系/人工合成种质衍生品种关系及数量。本文讨论的易位系主要指国内育种家创制并用于育种的易位系,直接来源于国外的易位系未做详细统计。人工合成种质则包含直接来源国外的种质和国内育种家创制的材料。

4.1 1RS.1BL 易位系

小麦-黑麦染色体易位所形成的1RS·1BL易位系是黑麦染色体存在于小麦染色体组的最常见形式。目前全世界用于小麦生产的新品种中,超过50%的品种含有1RS·1BL易位染色体^[36-38]。源自德国的1RS·1BL易位材料被广泛应用于我国小麦育种中,该易位在我国北部麦区、黄淮麦区、长江中下游麦区及西南麦区均有较高分布率^[37]。

四川小麦1RS.1BL易位系由四川农业大学任正隆课题组创制并应用于育种^[39-41],其1RS.1BL易位系有两种类型:其一源于苏联品种Aurora,含有抗小麦条锈病基因Yr9和抗白粉病基因Pm8,如

85-D.H.5015 ;另一类型为该课题组创制的新 1RS.1BL 易位系,如 91S-23-7、91S-23-7、91S-4-5 等。如图 2 所示,截止目前,1RS.1BL 易位系直接培育品种 13 个,间接培育品种 17 个,累计 30 个,占育成品种的 9.52%。研究表明,新 1RS.1BL 易位系在改良抗病性,改善品质、提高叶片光合功能(功能性延绿)上具有重要作用^[40,41]。

4.2 6VS.6AL 易位系

四川小麦中的小麦-簇毛麦 6VS.6AL 易位系引自南京农业大学,由刘大均等^[42-45]利用普通小麦-簇毛麦代换系与扬麦 5 号杂交、辐射选育而成,该易位系对小麦白粉病反应型为免疫、近免疫。刘大钧等^[42-45]育成的 92R 系列小麦-簇毛麦易位系材料含抗白粉病基因 *Pm21* 和抗条锈病基因 *Yr26*。如图 3 所示,利用该易位系直接培育品种 8 个,间接培育品种 2 个,累计 10 个,占育成品种的 3.17%,该易位系已成为四川省育种和生产利用的重要白粉病抗源。

4.3 人工合成种质

利用人工合成种质是拓展小麦遗传基础、丰富遗传背景、突破育种瓶颈极为重要的材料。四川小麦人工合成种质主要有两种来源:(1)引自国际玉米

小麦改良中心,如 Syn-CD769、Syn-CD786 等^[46,47]。四川省农业科学院作物研究所杨武云研究员利用引进的人工合成种质培育出川麦 38、川麦 42、川麦 43、川麦 47 等一批优异新品种,获得国家科技进步奖二等奖,成为国际上人工合成种质利用的典范。研究表明,川麦 42 不仅含有 5+10 优质基因、抗条锈基因,另外还发现了对产量提升具有重要作用的位点^[48,49]。在这些利用人工合成小麦衍生品种川麦 42 育成的后代品种中,几乎所有的品种都继承了川麦 42 具有叶鞘绒毛这一特性,该野生特性来源于人工合成小麦 D 基因组,其在高育种选择压力下被保留下来,是因为该性状与高产性状相关 QTL 紧密连锁而受到了选择牵连^[50],其大穗特性构成了目前四川小麦基本骨架,其在后代品种中得到了很好的传递^[51]。川麦 42、川麦 43 及其衍生品种将四川小麦产量水平推进到一个新的高度,对推动小麦育种与生产发展发挥了重大作用;(2)由四川农业大学小麦研究所刘登才团队利用圆锥小麦(*T. turgidum*, AABB)和粗山羊草(*Ae. tauschii*, DD)合成的新人工种质 SHW-L1^[52],其衍生品种蜀麦 969 和蜀麦 830 具有大穗、多小穗、高产等优良特征。目前,利用这两种人工合成种质直接培育品种 6 个,间接培育品种 25 个,累计 31 个,占总育成品种的 9.84% (图 4)。

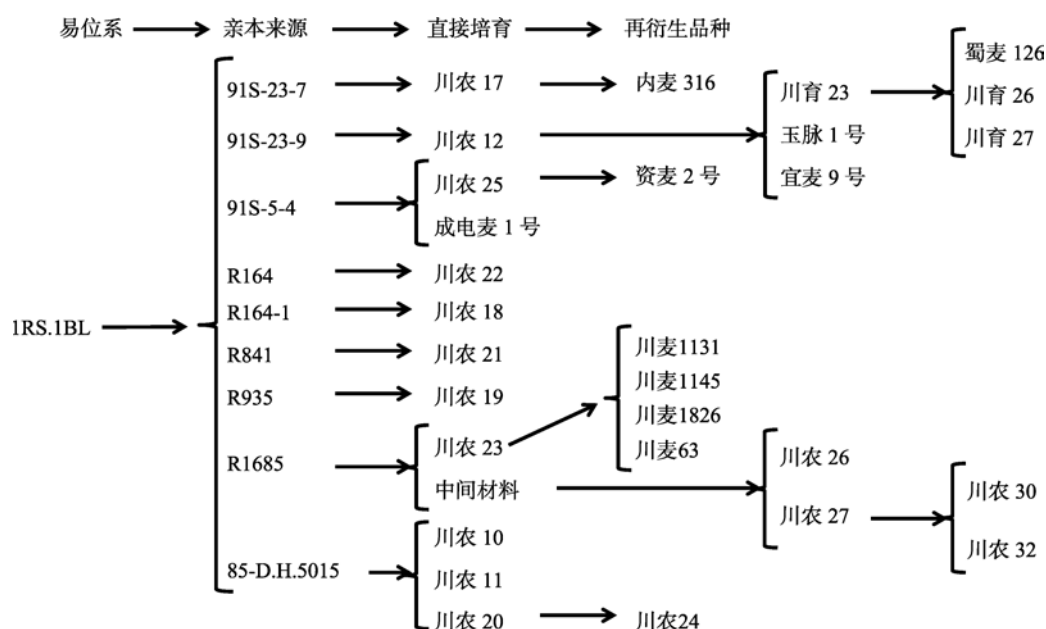


图 2 1RS.1BL 易位系及其培育品种

Fig. 2 1RS.1BL translocation lines and derived cultivars

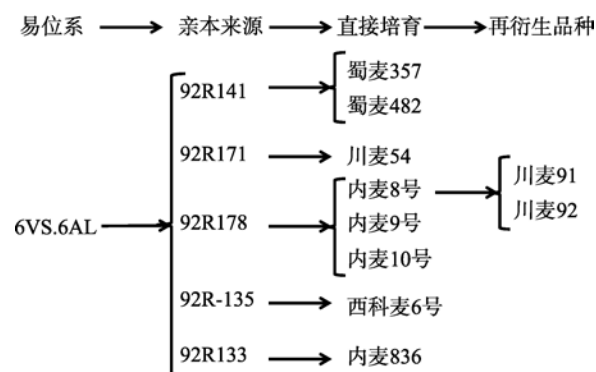


图 3 6VS.6AL 易位系及其培育品种

Fig. 3 6VS.6AL translocation lines and derived cultivars

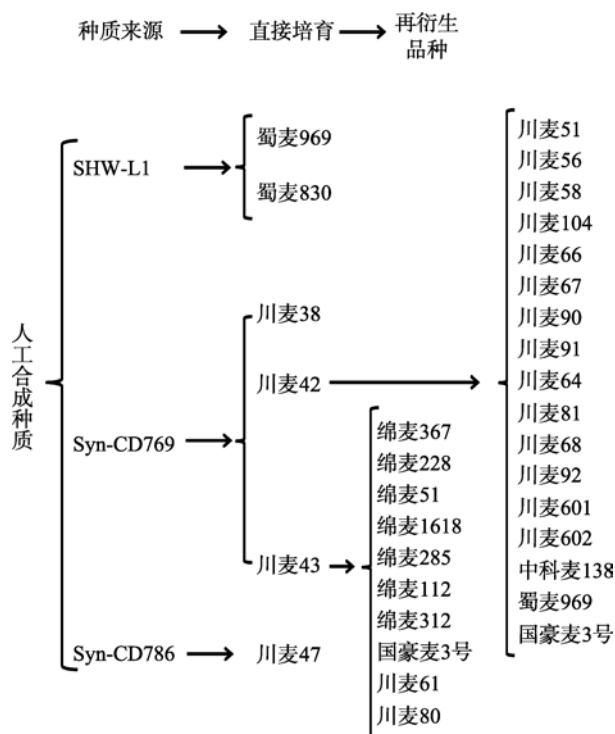


图 4 人工合成种质及其培育品种

Fig. 4 Synthetic germplasm and derived cultivars

4 结语与展望

过去的 80 余年间,四川省育种家们主要采用杂交育种方式,培育了 314 个品种,这些品种来自于 387 个直接亲本和 256 个组合。四川省小麦育种经历从无到有,从主要依靠引进材料、地方品种到依靠自主创制材料的过程;骨干亲本随育种进程推进

而逐渐变化。易位系和人工合成种质对四川省小麦育种贡献巨大。但是,育种目标的一致性及跟踪式的育种进程,必然导致遗传多样性散失和遗传基础脆弱性,今后重点应加强资源的保护和利用。随着生物科技发展和调控机理研究的深入,作物育种技术正在逐渐转变,聚集优质高产抗病抗逆的品种成为可能,但要实现四川省微生态环境多样条件下的大面积高产稳产(即 6000 kg/ha),还需栽培、植保、土肥、农田水利等多学科协作;同时,根据市场需求,培育出品质类型多样、优质专用型品种,整体推进“川麦(面)”优化升级。

参考文献(References):

- [1] Jin SB eds. Chinese wheat and its pedigree. Beijing: Agriculture Press, 1983, 1-417.
金善宝主编. 中国小麦品种及其系谱. 北京: 农业出版社, 1983, 1-417. [DOI]
- [2] Zhuang QS eds. Chinese Wheat Improvement and Pedigree Analysis. Beijing: China Agriculture Press, 2003, 1-681.
庄巧生主编. 中国小麦品种改良及系谱分析. 北京: 中国农业出版社, 2003, 1-681. [DOI]
- [3] 余遥主编. 四川小麦. 成都: 四川科学技术出版社, 1998, 1-517. [DOI]
- [4] Ren ZL eds. Wheat Breeding in Rainfed Agricultural Areas. Beijing: Science Press, 2010, 1-288.
任正隆主编. 雨养农业区的小麦育种. 北京: 科学出版社, 2010, 1-288. [DOI]
- [5] Li SR eds. Practice and Development of Wheat Variety Improvement in Mianyang. Beijing: China Agriculture Press, 2018, 1-261.
李生荣主编. 绵阳号小麦品种改良的实践与发展. 北京: 中国农业出版社, 2018, 1-261. [DOI]
- [6] Zheng JM, Luo JT, Li SZ, Wan HS, Yang MY, Li J, Yang EN, Pu ZJ. Quality of wheat varieties in regional test in Sichuan province from 2008 to 2016. *J Trit Crops*, 2017, 37(4): 513-519.
郑建敏, 罗江陶, 李式昭, 万洪深, 杨漫宇, 李俊, 杨恩年, 蒲宗君. 2008-2016 年四川省小麦区试品系品质分析. 麦类作物学报, 2017, 37(4): 513-519. [DOI]
- [7] Zhang ZQ, Zheng YL, Wei YM, Wu W, Zhou YH, Liu DC, Lan XJ. Analysis on genetic diversity among Sichuan wheat cultivars based on SSR markers. *J Trit Crops*, 2002, 22(2): 5-9.
张志清, 郑有良, 魏育明, 吴卫, 周永红, 刘登才, 兰秀锦. 四川主栽小麦品种遗传多样性的 SSR 标记研究. 麦

- 类作物学报, 2002, 22(2): 5–9. [DOI]
- [8] Ren ZL, Zhang HQ, Tan FQ, Jiang HR, Yan BJ, Zhuang HY, Fu TH, Zhang XZ, Chen XP. A new variety of wheat, Chuannong 18, with high yield, disease resistance, good quality and early-aging resistance. *J Trit Crops*, 2004, 24(4): 158.
任正隆, 张怀琼, 谭飞泉, 蒋华仁, 晏本菊, 张怀渝, 傅体华, 张显志, 陈显培. 高产抗病优质抗旱“协调型”小麦新品种——川农 18. 麦类作物学报, 2004, 24(4): 158. [DOI]
- [9] Li SR. Breeding of large-spike, high-yield and high-quality wheat varieties Mianyang 33 and Mianyang 35. *Chin Agric Bull*, 2005, 21(4): 127–155.
李生荣. 大穗型丰产优质小麦新品种绵阳 33 号和绵阳 35 号的选育. 中国农学通报, 2005, 21(4): 127–129, 155. [DOI]
- [10] Fu TH, Wang CM, Ren ZL. SSR genetic diversity among modern advanced wheat cultivars (*Triticum aestivum* L.) in Sichuan and its relationships with their pedigree. *J Sichuan Agric Univ*, 2007, 25(1): 1–8, 23.
傅体华, 王春梅, 任正隆. 四川育成小麦品种的 SSR 遗传多态性及系谱关系. 四川农业大学学报, 2007, 25(1): 1–8, 23. [DOI]
- [11] Wu L, Zhu HZ, Deng L, Hu J. Review of the release wheat cultivars through Sichuan provincial trial during 1997 to 2007. *Southwest Chin J Agric Sci*, 2008, 21(3): 562–569.
伍玲, 朱华忠, 邓丽, 胡嘉. 1997~2007 年通过四川省区试审定的小麦品种述评. 西南农业学报, 2008, 21(3): 562–569. [DOI]
- [12] Chen GY, Liu W, He YJ, Gou LL, Yu M, Chen SS, Wei YM, Zheng YL. Specific loci for adult-plant resistance to stripe rust in wheat founder parent Fan 6 and their genetic dissection in its derivatives. *Acta Agron Sin*, 2013, 39(5): 827–836.
陈国跃, 刘伟, 何员江, 苟璐璐, 余马, 陈时盛, 魏育明, 郑有良. 小麦骨干亲本繁 6 条锈病成株抗性特异位点及其在衍生品种中的遗传解析. 作物学报, 2013, 39(5): 827–836. [DOI]
- [13] Lin ZJ, Jie SH. Review of wheat breeding for 40 years. *J Henan Agri Sci*, 1999, (1): 3–4.
林作揖, 揭声慧. 小麦育种工作 40 年回顾. 河南农业科学, 1999, (1): 3–4. [DOI]
- [14] Fang Z, Zhai DF. A review of winter wheat hybrid breeding in the past sixty years. *Shandong Agri Sci*, 2013, 45(3): 114–118.
方正, 翟冬峰. 冬小麦杂交育种实践 60 年回顾. 山东农业科学, 2013, 45(3): 114–118. [DOI]
- [15] Zhao TJ, Cui ZL, Gai JY. Nuclear and cytoplasmic contribution of 58-161 to the released soybean cultivars in China. *Soyb Sci*, 1998, 17(2): 120–128.
赵团结, 崔章林, 盖钧镒. 中国大豆育成品种中江苏种质 58-161 的遗传贡献. 大豆科学, 1998, 17(2): 120–128. [DOI]
- [16] Gai JY, Zhao TJ, Cui ZL, Qiu JX. Nuclear and cytoplasmic contributions of germplasm from distinct areas to the soybean cultivars released during 1923-1995 in China. *Sci Agric Sin*, 1998, 31(5): 35–43.
盖钧镒, 赵团结, 崔章林, 邱家驹. 中国大豆育成品种中不同地理来源种质的遗传贡献. 中国农业科学, 1998, 31(5): 35–43. [DOI]
- [17] He ZH, Zhuang QS, Cheng SH, Yu ZW, Zhao ZD, Liu X. Wheat production and technology improvement in China. *J Agric*, 2018, 8(1): 107–114.
何中虎, 庄巧生, 程顺和, 于振文, 赵振东, 刘旭. 中国小麦产业发展与科技进步. 农学学报, 2018, 8(1): 107–114. [DOI]
- [18] Zhang XY, Tong YP, You GX, Hao CY, Gai HM, Wang LF, Li B, Dong YC, Li ZS. Hitchhiking effect mapping: a new approach for discovering agronomic important genes. *Sci Agric Sin*, 2006, 39(8): 1526–1535.
张学勇, 童依平, 游光霞, 郝晨阳, 盖红梅, 王兰芬, 李滨, 董玉琛, 李振声. 选择牵连效应分析: 发掘重要基因的新思路. 中国农业科学, 2006, 39(8): 1526–1535. [DOI]
- [19] Qi YW, Zhang DL, Zhang HL, Wang MX, Sun JL, Liao DQ, Wei XH, Qiu ZE, Tang SX, Cao YS, Wang XK, Li ZC. Genetic diversity of rice breeding varieties in China and its variation trend in recent 50 years. *Chin Sci Bull*, 2006, 51(6): 693–699.
齐永文, 张冬玲, 张洪亮, 王美兴, 孙俊立, 廖登群, 魏兴华, 裘宗恩, 汤圣祥, 曹永生, 王象坤, 李自超. 中国水稻选育品种遗传多样性及其近 50 年变化趋势. 科学通报, 2006, 51(6): 693–699. [DOI]
- [20] Hua L, Yuan XP, Yu HY, Wang YP, Xu Q, Tang SX, Wei XH. A comparative study on SSR diversity in Chinese major rice varieties planted in 1950s and during the most recent ten years. *Chin J Rice Sci*, 2007, 21(2): 150–154.
华蕾, 袁筱萍, 余汉勇, 王一平, 徐群, 汤圣祥, 魏兴华. 我国水稻主栽品种 SSR 多样性的比较分析. 中国水稻科学, 2007, 21(2): 150–154. [DOI]
- [21] Zhang SH, Tian QZ, Li XH, Li MS, Xie CX. Advancement of maize germplasm improvement and relevant research. *J Maize Sci*, 2006, 14(1): 1–6.
张世煌, 田清震, 李新海, 李明顺, 谢传晓. 玉米种质改良与相关理论研究进展. 玉米科学, 2006, 14(1): 1–6. [DOI]
- [22] Meng YJ, Yan JB, Teng WT, Li JS. Trends in genetic diversity among widely used inbreds from 1991 to 2001 in China and application of three major germplasm groups in maize breeding. *Sci Agric Sin*, 2010, 43(4): 670–679.

- 孟义江, 严建兵, 滕文涛, 李建生. 1991-2001 年中国主要玉米杂交种遗传基础的变化趋势及三大种质类群在育种中的应用. *中国农业科学*, 2010, 43(4): 670-679. [DOI]
- [23] Jia JZ, Zhang ZB, Devos K, Gale MD. Genetic diversity analysis of RFLP mapping sites on 21 chromosomes in wheat. *Science in China(Series C:Life Sciences)*, 2001, 31(1): 13-21.
- 贾继增, 张正斌, Devos K, Gale MD. 小麦 21 条染色体 RFLP 作图位点遗传多样性分析. *中国科学 C 辑*, 2001, 31(1): 13-21. [DOI]
- [24] Hao CY, Wang LF, Zhang XY, You GX, Dong YC, Jia JZ, Liu X, Shan XW, Liu SC, Cao YS. Evolution of genetic diversity of cultivated wheat varieties in China. *Science in China(Series C:Life Sciences)*, 2005, 35(5): 408-415.
- 郝晨阳, 王兰芬, 张学勇, 游光霞, 董玉琛, 贾继增, 刘旭, 尚勋武, 刘三才, 曹永生. 我国育成小麦品种的遗传多样性演变. *中国科学 C 辑*, 2005, 35(5): 408-415. [DOI]
- [25] Duan YF, Liu J, Bing CS, Duan SG, Xu JF, Jin LP. Construction of fingerprinting and analysis of genetic diversity with SSR markers for eighty-eight approved potato cultivars(*Solanum tuberosum* L.) in China. *Acta Agron Sin*, 2009, 35(8): 1451-1457.
- 段艳凤, 刘杰, 卞春松, 段绍光, 徐建飞, 金黎平. 中国 88 个马铃薯审定品种 SSR 指纹图谱构建与遗传多样性分析. *作物学报*, 2009, 35(8): 1451-1457. [DOI]
- [26] Wang HG, Jia GQ, Zhi H, Wen QF, Dong JL, Chen L, Wang JJ, Cao XN, Liu SC, Wang L, Qiao ZJ, Diao XM. Phenotypic diversity evaluations of foxtail millet core collections. *Acta Agron Sin*, 2016, 42(1): 19-30.
- 王海岗, 贾冠清, 智慧, 温琪汾, 董俊丽, 陈凌, 王君杰, 曹晓宁, 刘思辰, 王纶, 乔治军, 刁现民. 谷子核心种质表型遗传多样性分析及综合评价. *作物学报*, 2016, 42(1): 19-30. [DOI]
- [27] Li Q, Liu QC, Zhai H, Ma DF, Wang X, Li XQ, Wang YP. Genetic diversity in main parents of sweetpotato in China as revealed by ISSR Marker. *Acta Agron Sin*, 2008, 34(6): 972-977.
- 李强, 刘庆昌, 翟红, 马代夫, 王欣, 李雪琴, 王玉萍. 中国甘薯主要亲本遗传多样性的 ISSR 分析. *作物学报*, 2008, 34(6): 972-977. [DOI]
- [28] Lai Y, Wang PX, Fan GQ, Si EJ, Wang J, Yang K, Meng YX, Li BC, Ma XL, Shang XW, Wang HJ. Genetic diversity and association analysis using SSR markers in barley. *Sci Agric Sin*, 2013, 46(2): 233-242.
- 赖勇, 王鹏喜, 范贵强, 司二静, 王晋, 杨轲, 孟亚雄, 李葆春, 马小乐, 尚勋武, 王化俊. 大麦 SSR 标记遗传多样性及其与农艺性状关联分析. *中国农业科学*, 2013, 46(2): 233-242. [DOI]
- [29] Sun ZQ, Qi FY, Zheng Z, Dong WZ, Huang BY, Zhang J, Zhang ZX, Tang FS, Zhang XY, Liu ZY. Analysis of parental relationship of 106 peanut cultivars released in Henan province. *Chin J Oil Crop Sci*, 2017, 39(6): 754-762.
- 孙子淇, 齐飞艳, 郑峥, 董文召, 黄冰艳, 张俊, 张忠信, 汤丰收, 张新友, 刘志勇. 河南省 106 个审定花生品种亲缘关系分析. *中国油料作物学报*, 2017, 39(6): 754-762. [DOI]
- [30] Wang ZT, You Q, Gao SW, Wang CF, Li Z, Ma JJ, Que YX, Xu LP, Luo J. Identification of sugarcane varieties by AFLP and SSR markers and its application. *Acta Agron Sin*, 2018, 44(5): 723-736.
- 汪洲涛, 游倩, 高世武, 王春风, 李竹, 马晶晶, 阙友雄, 许莉萍, 罗俊. 甘蔗品种的 AFLP 和 SSR 标记鉴定及其应用. *作物学报*, 2018, 44(5): 723-736. [DOI]
- [31] Shen L, Hua YF, Fu YP, Li J, Liu Q, Jiao XZ, Xin GW, Wang JJ, Wang XC, Yan CJ, Wang KJ. Rapid generation of genetic diversity by multiplex CRISPR/Cas9 genome editing in rice. *Sci Chin-Ear Sci*, 2017, 60:506-515.
- 沈兰, 华宇峰, 付亚萍, 李健, 刘庆, 焦晓真, 辛高伟, 王俊杰, 王兴春, 严长杰, 王克剑. 利用 CRISPR/Cas9 多基因编辑系统在水稻中快速引入遗传多样性. *中国科学*, 2017, 47(11): 1186-1195. [DOI]
- [32] Zhou XC, Xing YZ. The application of genome editing in identification of plant gene function and crop breeding. *Hereditas (Beijing)*, 2016, 38(3): 227-242.
- 周想春, 邢永忠. 基因组编辑技术在植物基因功能鉴定及作物育种中的应用. *遗传*, 2016, 38(3): 227-242. [DOI]
- [33] An DG, Xu HX, Xu YF. Enhancement of wheat distant hybridization germplasm. *Chin J Eco-Agric*, 2011, 19(5): 1011-1019.
- 安调过, 许红星, 许云峰. 小麦远缘杂交种质资源创新. *中国生态农业学报*, 2011, 19(5): 1011-1019. [DOI]
- [34] Wang LH, Zhou M, Li HL, He ZH, Xia XC. Cloning and phylogenetic analysis of low-molecular-weight glutenin subunit genes at *Glu-B3* locus in common wheat relative species. *Hereditas (Beijing)*, 2010, 32(6): 613-624.
- 王林海, 周敏, 李慧玲, 何中虎, 夏先春. 小麦近缘种低分子量麦谷蛋白亚基基因 *Glu-B3* 克隆及系统发育分析. *遗传*, 2010, 32(6): 613-624. [DOI]
- [35] Li J, Zhu XG, Wan HS, Wang Q, Tang ZX, Fu SL, Yang ZJ, Yang MY, Yang WY. Identification of the IRS-7DS.7DL wheat-rye small segment translocation lines. *Hereditas (Beijing)*, 2015, 37(6): 590-598.
- 李俊, 朱欣果, 万洪深, 王琴, 唐宗祥, 符书兰, 杨足君, 杨漫宇, 杨武云. IRS-7DS.7DL 小麦-黑麦小片段易位系的鉴定. *遗传*, 2015, 37(6): 590-598. [DOI]
- [36] Rabinovich SV. Importance of wheat-rye translocations for breeding modern cultivars of *Triticum aestivum* L. *Euphytica*, 1998, 100: 323-340. [DOI]
- [37] Zhou Y, He ZH, Zhang GS, Xia LQ, Chen XM, Gao YC,

- Jing ZB, Yu GJ. Utilization of 1BL/1RS translocation in wheat breeding in China. *Acta Agron Sin*, 2004, 30(4): 531–535.
- 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. *作物学报*, 2004, 30(6): 531–535. [DOI]
- [38] Ren TH, Chen F, Zhuang HQ, Yan BJ, Ren ZL. Application of 1RS.1BL translocation in the breeding of “Chuannong” series wheat cultivars. *J Trit Crops*, 2011, 31(3): 430–436.
- 任天恒, 陈放, 张怀琼, 晏本菊, 任正隆. 1RS.1BL 易位在川农号系列小麦新品种选育中的作用. *麦类作物学报*, 2011, 31(3): 430–436. [DOI]
- [39] Ren ZL, Zhang HQ. Induction of translocation of small fragments of wheat-rye chromosomes. *Science in China (Series C: Life Sciences)*, 1997, 27(3): 258–263.
- 任正隆, 张怀琼. 小麦-黑麦染色体小片段易位的诱导. *中国科学 C 辑*, 1997, 27(3): 258–263. [DOI]
- [40] Ren TH, Yan BJ, Zhang HQ, Ren ZL. Effect of 1RS.1BL translocation chromosome on stay green trait in common wheat (*Triticum aestivum* L.). *J Trit Crops*, 2009, 29(3): 419–423.
- 任天恒, 晏本菊, 张怀琼, 任正隆. 1RS.1BL 易位染色体对小麦开花后叶片延绿特性的影响. *麦类作物学报*, 2009, 29(3): 419–423. [DOI]
- [41] Ren TH, Li Z, Yan BJ, Yang MY, Tan FQ, Ren ZL. Development of a novel primary 1RS.1BL translocation line T956-13 and its breeding value. *J Trit Crops*, 2017, 37(12): 1534–1540.
- 任天恒, 李治, 晏本菊, 杨漫宇, 谭飞泉, 任正隆. 新育成的 1RS.1BL 初级易位系 T956-13 的育种价值. *麦类作物学报*, 2017, 37(12): 1534–1540. [DOI]
- [42] Liu DJ, Qi LL, Chen PD, Zhou B, Zhang SZ. Precise identification of alien chromosome segment introduced in wheat and the stability of its resistance gene. *Acta Genet Sin*, 1996, 23(1): 18–23.
- 刘大均, 齐莉莉, 陈佩度, 周波, 张守中. 导入小麦的外源染色体片段的准确鉴定及外源抗性基因的稳定性分析. *遗传学报*, 1996, 23(1): 18–23. [DOI]
- [43] Qi LL, Chen PD, Liu DJ, Zhou B, Zhang SZ, Sheng BQ, Xiang QJ, Duang XY, Zhou YL. The gene *Pm21*—a new source for resistance to wheat powdery mildew. *Acta Agron Sin*, 1995, 21(3): 257–262.
- 齐莉莉, 陈佩度, 刘大均, 周波, 张守中, 盛宝钦, 向齐君, 段霞渝, 周益林. 小麦白粉病新抗源—基因 *Pm21*. *作物学报*, 1995, 21(3): 257–262. [DOI]
- [44] Chen P, Qi L, Zhou B, Zhang S, Liu D. Development and molecular cytogenetic analysis of wheat-*Haynaldia villosa* 6VS/6AL translocation lines specifying resistance to powdery mildew. *Theor Appl Genet*, 1995, 91(6–7): 1125–1128. [DOI]
- [45] Li G, Chen P, Zhang S, Wang X, He Z, Zhang Y, Zhao H, Huang H, Zhou X. Effects of the 6VS.6AL translocation on agronomic traits and dough properties of wheat. *Euphytica*, 2008, 155(3): 305–313. [DOI]
- [46] Yang W, Liu D, Li J, Zhang L, Wei H, Hu X, Zheng Y, He ZH, Zou Y. Synthetic hexaploid wheat and its utilization for wheat genetic improvement in China. *J Genet Genomics*, 2009, 36(9): 539–546. [DOI]
- [47] Li J, Wei HT, Yang SJ, Li CS, Tang YL, Hu XR, Yang WY. Genetic effects of 1BS chromosome arm on the main agronomic traits in Chuanmai 42. *Acta Agron Sin*, 2009, 35(12): 2167–2173.
- 李俊, 魏会廷, 杨粟洁, 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. *作物学报*, 2009, 35(12): 2167–2173. [DOI]
- [48] Li J, Wei HT, Hu XR, Li CS, Tang YL, Liu DC, Yang WY. Identification of a high-yield introgression locus from synthetic hexaploid wheat in Chuanmai 42. *Acta Agron Sin*, 2011, 37(2): 255–262.
- 李俊, 魏会廷, 胡晓蓉, 李朝苏, 汤永禄, 刘登才, 杨武云. 川麦 42 中源于人工合成小麦的一个高产位点鉴定. *作物学报*, 2011, 37(2): 255–262. [DOI]
- [49] Li J, Wei HT, Yang SJ, Li CS, Tang YL, Hu XR, Yang WY. Genetic effects of 1BS chromosome arm on the main agronomic traits in Chuanmai 42. *Acta Agron Sin*, 2009, 35(12): 2167–2173.
- 李俊, 魏会廷, 杨粟洁, 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. *作物学报*, 2009, 35(12): 2167–2173. [DOI]
- [50] Wan H, Yang Y, Li J, Zhang Z, Yang W. Mapping a major QTL for hairy leaf sheath introgressed from *Aegilops tauschii* and its association with enhanced grain yield in bread wheat. *Euphytica*, 2015, 205(1): 275–285. [DOI]
- [51] Li J, Wan HS, Yang WY, Wang Q, Zhu XG, Hu XR, Wei HT, Tang YL, Li CS, Peng ZS, Zhou YH. Dissection of genetic components in the new high-yielding wheat cultivar Chuanmai 104. *Sci Agric Sin*, 2014, 47: 2281–2291.
- 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. *中国农业科学*, 2014, 47(12): 2281–2291. [DOI]
- [52] Liu DC, Zhang LQ, Hao M, Ning SZ, Yuan ZW, Dai SF, Huang L, Wu BH, Yan ZH, Lan XJ, Zheng YL. Wheat breeding in the hometown of Chinese Spring. *The Crop J*, 2018, 6(1): 82–90. [DOI]