

## 基于重组自交系群体的小麦株高 QTL 分析

周淼平, 宋桂成, 张鹏, 杨学明, 张平平, 何漪

(江苏省农业科学院粮食作物研究所, 江苏南京 210014)

**摘要:**为了挖掘更多与小麦株高相关且适合标记辅助育种需求的 QTL, 采用长江中下游麦区骨干亲本扬麦 158 和西凤配制重组自交系群体, 使用 55K 芯片技术分析群体基因型并构建遗传连锁图, 联合 4 个年度群体株高表型资料, 对影响群体株高的 QTL 进行分子定位。结果表明, 群体遗传连锁图含有 3 830 个 SNP 标记, 覆盖 2 784.9 cM, 标记间平均距离 0.7 cM; 21 条染色体共定位了 39 个可重复的与株高相关 QTL, 其中 18 个 QTL 为 2 个年度可重复定位, 8 个 QTL 为 3 个年度可重复定位, 13 个 QTL 为 4 个年度可重复定位, 单个 QTL 可解释 3.2%~13.6% 的株高表型变异。4 个年度可重复定位的 QTL 分别来自西凤的 1B、1D、4A、4B、4D、5A、5B、7A 染色体以及扬麦 158 的 3A、3D、6A、7B、7D 染色体, 其中扬麦 158 贡献的  $QPh \cdot jaas-3A.3$  和  $QPh \cdot jaas-7B.1$  分别解释 8.4%~13.4% 以及 9.1%~13.1% 的株高变异。这些株高 QTL 位点有望为长江中下游麦区小麦分子标记辅助育种提供帮助。

**关键词:** 小麦; 株高; 重组自交系; QTL

中图分类号: S512.1; S330

文献标识码: A

文章编号: 1009-1041(2025)04-0421-11

## QTL Mapping for Wheat Plant Height Based on RIL Population

ZHOU Miaoping, SONG Guicheng, ZHANG Peng, YANG Xueming, ZHANG Pingping, HE Yi

(Institute of Food Crops, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing, Jiangsu 210014, China)

**Abstract:** Wheat plant height is an important agronomic trait affecting wheat yield, harvest index and lodging resistance of the plants, and cultivating wheat with proper plant height for production needs is one of the important goals of breeders. In order to explore more QTLs related to wheat plant height and suitable for marker-assisted breeding, the recombinant inbred line population was developed by Yangmai 158 and Xifeng, the backbone parents of the wheat area in the middle and lower reaches of the Yangtze River. The population genotype was analyzed by 55K SNP array and the genetic linkage map was constructed by JoinMap software. Combining the phenotypic data of plant height in four years, the QTLs associated with wheat plant height were mapped in the chromosomes. The result showed that the genetic linkage map containing 3 830 SNPs distributed in 2 784.9 cM of the wheat genome and the average distance between markers was 0.7 cM. A total of 39 repeatable plant height-related QTLs were detected on 21 chromosomes of wheat, of which 18 QTLs were only revealed in 2 years; 8 QTLs were found in 3-year data analysis, and 13 QTLs were mapped in 4 years. A single QTL explained 3.2%–13.6% of the plant height phenotypic variation. The stable QTLs mapped in the four years were individually derived from chromosomes 1B, 1D, 4A, 4B, 4D, 5A, 5B, and 7A of Xifeng and chromosomes 3A, 3D, 6A, 7B, and 7D of Yangmai 158. The  $QPh \cdot jaas-3A.3$  and  $QPh \cdot jaas-7B.1$  contributed by Yangmai 158 could explain 8.4%–13.4% and 9.1%–13.1% of the plant height phenotypic variation, which are helpful for molecular marker-assisted breeding of wheat in the

middle and lower reaches of the Yangtze River.

**Keywords:** Wheat; Plant height; Recombinant inbred lines; QTL

株高是小麦的重要农艺性状,不仅影响产量和收获指数,而且与抗倒伏性状密切相关,培育高产且符合生产需求株高的品种一直是小麦育种的重要目标之一。20 世纪六七十年代,随着矮秆和半矮秆小麦品种的推广应用,小麦产量大幅度提高,使得研究人员对小麦株高的遗传机理研究愈发重视<sup>[1]</sup>。据不完全统计,目前已克隆与株高密切相关的基因有 51 个<sup>[2]</sup>;已报道且公认的自然变异或人工诱变的小麦矮秆基因有 25 个,其中 *Rht1*、*Rht2*、*Rht8* 等少部分矮秆基因已经在小麦生产中广泛使用,对国家粮食安全发挥了重要作用,但大部分矮秆基因由于与延迟抽穗、降低穗粒数、粒重和产量等不良性状连锁,在生产中应用仍有困难,因而挖掘更多控制株高的有益基因或 QTL 仍是今后小麦遗传育种研究的主要工作内容<sup>[1]</sup>。

大量研究表明,小麦株高是由主效基因与微效基因共同控制的复杂数量性状。随着分子数量遗传学的快速发展,控制小麦株高的 QTL 定位已比较容易实现。通过对小麦株高遗传机制的深入探索,已定位的株高 QTL 几乎遍及小麦的 21 条染色体<sup>[1,3,4]</sup>,但这些 QTL 中绝大部分未能在生产中应用。究其原因,一是这些 QTL 效应小,不易使用;二是用于遗传分析的群体亲本大多为遗传材料,在育种中很难应用;三是 QTL 定位时,株高鉴定没有按常规生产密度要求种植,部分定位的 QTL 没有生产利用价值。因此,以大面积推广品种为亲本配制遗传分析群体,挖掘更多且有育种利用价值的株高 QTL 仍是小麦育种和生产的迫切需求。

本研究采用长江中下游麦区大面推广的小麦品种扬麦 158 以及宁麦 13 的父本西风配制重组自交系群体,结合 55K 芯片技术,试图挖掘可用于分子标记辅助育种的小麦株高相关 QTL,以期解析小麦株高的遗传基础和选育株高适宜的高产小麦品种提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 重组自交系群体的创制和群体遗传连锁图的构建

重组自交系群体的创制:2012 年以长江中下

游麦区广适品种扬麦 158 为母本、引进品种西风为父本,采用单粒传方法构建重组自交系群体。该群体有 281 个家系,至 2019 年已达  $F_7$  代,其中 270 个家系用于本研究。

遗传连锁图的构建:采用 55K SNP 芯片[中玉金标记生物技术有限公司(北京)]检测重组自交系群体和亲本基因型,遗传连锁图的构建参考周森平等<sup>[5]</sup>方法。图谱覆盖了 2 784.9 cM,含有 3 830 个 SNP 标记、24 个连锁群,分布于 21 条染色体,其中 3D 染色体包含 2 个连锁群,6A 染色体包含 3 个连锁群,其他染色体均为 1 个连锁群。

### 1.2 重组自交系群体和亲本的株高测定和分析

重组自交系群体及亲本分别于 2019—2020 年度(2020)、2020—2021 年度(2021)、2021—2022 年度(2022)和 2022—2023 年度(2023)种植于江苏省农业科学院六合试验基地(南京市竹山镇金磁村),行长 1.6 m,行距 0.25 m,每行均匀播种 40 粒种子,每个家系和亲本随机种植一行,按常规大田生产方式管理,成熟期每行随机选 3 点测量株高,取其平均值。

采用 Excel 2016 分析群体和亲本株高的概况、分布以及年度间的相关系数和方差,株高的遗传力( $h_{ns}^2$ )参照 Boehm 等<sup>[6]</sup>方法计算。 $h_{ns}^2 = \sigma_g^2 / (\sigma_g^2 + \sigma_e^2)$ ,其中  $\sigma_g^2 = (MS_{RILs} - MS_{error}) / k$ 。 $MS_{RILs}$  为重组自交系家系间均方, $MS_{error}$  为年度间误差均方, $k$  为试验次数, $\sigma_e^2 = MS_{error}$ 。

### 1.3 重组自交系群体株高相关 QTL 的定位

采用 MapQTL5.0 软件<sup>[7]</sup>对株高相关 QTL 进行定位和分析,根据软件推荐,先行区间作图分析(interval mapping)初步定位,再复合区间作图(MQM mapping)详细分析,根据置换检测(permutation test)的 LOD 值判定是否存在 QTL。

利用 WheatOmics 网站<sup>[2]</sup>的工具,分析与影响小麦株高 QTL 紧密连锁的 SNP,揭示其可能关联的中国春小麦基因组注释基因信息;根据染色体定位信息,与已发表的株高相关 QTL 染色体位置比较,分析是否为相同 QTL。

### 1.4 亲本的 *Rht1* 和 *Rht2* 基因分析

根据杨松杰等<sup>[8]</sup>方法分析亲本扬麦 158 和西风的 *Rht1* 和 *Rht2* 基因型。

## 2 结果与分析

### 2.1 重组自交系群体及其亲本株高的概况

经基因型分析,扬麦 158 和西风均携带 *Rht1* 基因,不含 *Rht2* 基因。扬麦 158 和西风在 4 个年度的株高接近,差异不明显(表 1),但由其构建的重组自交系群体家系间株高差异极显著( $F = 8.95, d_f = 269, P < 0.01$ ),变化范围为 67.00~142.80 cm,存在超亲现象。从群体的偏度和峰度看,群体株高基本呈正态分布,表明群体株高除了受 *Rht1* 基因控制外,还有其他影响小麦株高的基因或 QTL 发挥作用。相关分析发现,各家系年度间相关性较高,相关系数在 0.58~0.87(表 2),群体株高平均遗传力为 0.67,表明群体株高

性状较为稳定。

### 2.2 重组自交系群体的株高 QTL 定位结果

综合重组自交系群体 4 年度株高表型、基因型资料以及构建的遗传连锁图信息,用 MapQTL 定位控制小麦株高的 QTL。由表 3 可知,定位的 39 个可重复株高相关 QTL 在 21 条染色体上均有分布,其中 3A 染色体上有 4 个 QTL,1B、5A、5D、6D 和 7B 染色体上各有 3 个 QTL,2A、2B、4B、4D 染色体上各有 2 个 QTL,其他染色体各有 1 个 QTL;其中的 29 个 QTL 来自西风,10 个 QTL 来自扬麦 158;QTL 的表型解释率最高可达 13.6%,最低只有 3.2%,绝大部分低于 10%,表明与群体株高相关的主效 QTL 较少,影响小麦株高的微效 QTL 居多。

表 1 群体及亲本株高概况

Table 1 Survey of plant height of the population and parents

年份 Year	亲本 Parent		重组自交系 Recombinant inbred line				
	西风 Xifeng/cm	扬麦 158 Yangmai 158/cm	最小 Min/cm	最大 Max/cm	平均 Average/cm	偏度 Skewness	峰度 Kurtosis
2020	102.00	99.00	79.00	133.00	98.80	0.81	1.48
2021	96.00	95.00	67.00	135.00	97.82	0.59	0.87
2022	98.17	95.83	67.00	129.30	92.39	0.60	0.68
2023	95.75	94.50	67.00	142.80	96.76	0.88	1.61

表 2 群体株高年度间的相关系数

Table 2 Coefficients of plant height among years

年份 Year	2020	2021	2022
2021	0.58		
2022	0.67	0.64	
2023	0.61	0.65	0.87

在这些 QTL 中,2 个年度可定位的 QTL 有 18 个,为不稳定 QTL;3 个年度可定位的 QTL 有 8 个,为次稳定 QTL;4 年度可定位的 QTL 有 13 个,为稳定的 QTL(图 1)。4 个年度均可定位的 13 个 QTL 分别来自西风的 1B、1D、4A、4B、4D、5A、5B、7A 染色体以及扬麦 158 的 3A、3D、6A、7B、7D 染色体,尤其是扬麦 158 贡献的 *QPh · jaas-3A.3* 和 *QPh · jaas-7B.1* 分别可以解释 8.4%~13.4% 以及 9.1%~13.1% 的株高表型变异(表 3),为控制株高的主效 QTL,可在今后的标记辅助育种中发挥重要作用。

## 3 讨论

小麦株高这一表型的遗传率较高,本研究利

用 55K 芯片分析重组自交系群体基因型,由此构建的遗传连锁图染色体覆盖率高,4 个年度重组自交系群体的表型数据保证了控制株高 QTL 的检出效率,因而可定位到 39 个可重复的 QTL,与以往报道相似,这些 QTL 分布于 21 条小麦染色体,大部分 QTL 的表型解释率低,这些结果进一步验证小麦株高是多基因控制的数量性状。

本研究的结果发现,4 个年度均能定位的 13 个 QTL 受环境因素影响小,可在今后的分子标记辅助育种中使用。根据已报道的与株高相关 QTL 紧密连锁的 SNP 标记以及公布的中国春基因组信息,将本研究获得的 13 个稳定 QTL 与已报道的与株高相关且已克隆基因或已报道可重复定位的 QTL 进行染色体物理位置比较,可以初步判定是否为新发现 QTL,结果表明,位于 1B、1D、4A、4D、5B 和 7B 染色体 QTL 与已克隆或已报道 QTL 位置接近,可能是已报道的 QTL;位于 3A、3D、4B、5A、6A、7A 和 7D 染色体与已克隆基因或已报道 QTL 位置不同,为新发现株高相关 QTL。已报道的 1B 染色体克隆了株高相关基因

表3 控制小麦株高的QTL分析结果  
Table 3 Analysis of QTLs for plant height in wheat

QTL名称 QTL name	染色体 Chromosome	连锁图位置 Location in linkage map/cM	染色体位置 Chromosome position/Mb	QTL 区间 Interval of QTL	2020			2021			2022			2023		
					LOD	解释率 VE/%	加性效应 Additive effects	LOD	解释率 VE/%	加性效应 Additive effects	LOD	解释率 VE/%	加性效应 Additive effects	LOD	解释率 VE/%	加性效应 Additive effects
<i>QPh • jaas-1A</i>	1A	96.29~102.10	28.0	AX-111607717~ AX-111234438	2.53	4.4	-1.86	—	—	2.05	3.5	-2.00	—	—	—	—
<i>QPh • jaas-1B.1</i>	1B	80.36~82.52	658.9	AX-111592977~ AX-110947408	2.30	3.8	-1.74	—	—	3.20	5.6	-2.43	—	—	—	—
<i>QPh • jaas-1B.2</i>	1B	86.07~86.08	661.6	AX-111006695~ AX-110364298	3.0	5.0	-1.98	—	—	3.46	5.6	-2.51	—	—	—	—
<i>QPh • jaas-1B.3</i>	1B	105.15~113.20	670.6~676.0	AX-111488534~ AX-108765712	3.3	3.8	-1.74	3.02	5.5	3.88	7.1	-2.96	2.32	4.1	-2.59	—
<i>QPh • jaas-1D</i>	1D	36.949~37.132	408.2	AX-111120501~ AX-110722414	2.23	3.4	-1.65	2.06	4.5	2.21	3.5	-2.04	4.23	7.0	-3.26	—
<i>QPh • jaas-2A.1</i>	2A	0.00~0.01	35.8	AX-109405059~ AX-109900454	—	—	—	2.08	3.4	—	—	—	2.02	3.2	-2.23	—
<i>QPh • jaas-2A.2</i>	2A	102.77~104.01	5.0	AX-111015252~ AX-108795428	4.33	7.2	2.39	—	—	3.93	6.5	2.72	3.21	5.2	2.82	—
<i>QPh • jaas-2B.1</i>	2B	94.80~95.07	28.4	AX-108859866~ AX-110038911	3.95	6.6	-2.30	2.58	4.4	2.16	3.7	-2.06	—	—	—	—
<i>QPh • jaas-2B.2</i>	2B	104.33~104.50	719.2~722.3	AX-109866206~ AX-11015252	—	—	—	3.07	4.8	—	—	—	2.64	4.0	2.95	—
<i>QPh • jaas-2D</i>	2D	38.20~46.55	5.9	AX-108827772~ AX-1111759825	—	—	—	2.03	3.6	2.55	5.2	-2.58	—	—	—	—
<i>QPh • jaas-3A.1</i>	3A	0.00~6.54	202.6	AX-110460191~ AX-111049994	2.99	4.4	-1.86	—	—	2.60	3.9	-2.10	—	—	—	—
<i>QPh • jaas-3A.2</i>	3A	66.84~66.91	75.4~95.1	AX-89497626~ AX-110401758	2.81	4.3	-4.01	2.07	3.4	—	—	—	—	—	—	—
<i>QPh • jaas-3A.3</i>	3A	67.97~68.11	59.5	AX-11780961~ AX-109984572	7.18	11.5	3.00	5.14	8.4	3.11	6.03	3.31	8.43	13.4	4.49	—

(续表 3 Continued table 3)

QTL 名称 QTL name	染色体 Chromosome	连锁图位置 Location in linkage map/cM	染色体位置 Chromosome position/Mb	QTL 区间 Interval of QTL	2020			2021			2022			2023		
					LOD	解释率 VE/%	加性效应 Additive effects	LOD	解释率 VE/%	加性效应 Additive effects	LOD	解释率 VE/%	加性效应 Additive effects	LOD	解释率 VE/%	加性效应 Additive effects
<i>QPh • jaas-3A.4</i>	3A	130.83~131.87	25.0~25.9	AX-108989504~ AX-108730499	4.20	6.8	-2.37	2.79	4.3	-2.25	—	—	—	—	—	—
<i>QPh • jaas-3A.5</i>	3A	141.16~141.25	22.8	AX-108749743~ AX-111542961	3.59	5.3	-2.04	2.65	4.1	-2.18	—	—	—	—	—	—
<i>QPh • jaas-3B</i>	3B	12.21~12.59	15.8~16.1	AX-108868950~ AX-108922120	3.46	5.7	-2.11	3.05	5.1	-2.42	—	—	—	—	—	—
<i>QPh • jaas-3D</i>	3D-1	0.00~4.74	47.5	AX-95629137~ AX-94465976	3.24	5.1	2.02	2.11	3.4	2.05	3.5	5.5	2.52	5.76	9.1	3.75
<i>QPh • jaas-4A</i>	4A	1.65~2.14	722.9	AX-109324882~ AX-110925416	3.81	9.1	-3.05	4.28	9.4	-3.73	2.64	4.2	-2.25	2.82	6.6	-3.57
<i>QPh • jaas-4B.1</i>	4B	2.15~7.39	14.0	AX-111572615~ AX-108746263	2.50	4.8	-2.04	—	—	—	4.62	7.3	-2.92	2.53	4.6	-2.74
<i>QPh • jaas-4B.2</i>	4B	54.72~54.73	621.6	AX-111157142~ AX-110475066	2.41	4.2	-1.90	5.91	9.4	-3.33	3.13	5.3	-2.47	2.20	3.5	-2.32
<i>QPh • jaas-4D.1</i>	4D	0.11~0.73	1.4	AX-11617054~ AX-110017824	3.45	5.0	-2.04	2.26	3.2	-2.00	2.18	3.2	-1.94	—	—	—
<i>QPh • jaas-4D.2</i>	4D	49.22~49.25	14.4~14.6	AX-110527441~ AX-89638215	9.98	13.6	-10.13	5.58	8.3	-9.59	4.15	6.1	-7.98	3.27	5.3	-8.46
<i>QPh • jaas-5A.1</i>	5A	2.91~11.40	1.8	AX-109337296~ AX-109995649	4.65	7.8	-2.47	5.34	9.9	-3.58	4.28	8.6	-3.40	3.53	5.6	-2.94
<i>QPh • jaas-5A.2</i>	5A	12.81~13.46	1.7~1.8	AX-111133281~ AX-111275827	—	—	—	—	—	—	3.49	6.3	7.47	3.19	5.7	8.25
<i>QPh • jaas-5A.3</i>	5A	95.31~95.38	515.9~518.3	AX-109341178~ AX-108789596	—	—	—	—	—	—	2.83	4.7	2.32	3.99	6.3	3.10
<i>QPh • jaas-5B</i>	5B	32.55~32.85	423.6~423.8	AX-109051999~ AX-110560278	3.73	6.3	-2.22	3.69	6.2	-2.67	5.6	9.2	-3.20	3.24	5.4	-2.86

(续表 3 Continued table 3)

QTL 名称 QTL name	染色体 Chromosome	连锁图位置 Location in linkage map/cM	染色体位置 Chromosome position/Mb	QTL 区间 Interval of QTL	2020			2021			2022			2023		
					LOD	解释率 VE/%	加性效应 Additive effects	LOD	解释率 VE/%	加性效应 Additive effects	LOD	解释率 VE/%	加性效应 Additive effects	LOD	解释率 VE/%	加性效应 Additive effects
<i>QPh • jaas-5D.1</i>	5D	12.67~15.31	510.0~513.9	AX-111670747~ AX-109270001	2.30	3.7	-1.81	—	—	2.96	4.2	-2.26	—	—	—	
<i>QPh • jaas-5D.2</i>	5D	27.21~41.29	548.3	AX-110586161~ AX-94608122	3.26	6.7	-2.65	3.01	6.8	—	—	—	—	—		
<i>QPh • jaas-5D.3</i>	5D	102.74~102.84	409.0	AX-108931759~ AX-110898750	—	—	—	—	—	3.65	5.1	2.41	6.34	9.5	3.88	
<i>QPh • jaas-6A</i>	6A-3	21.74~21.75	72.4~73.6	AX-108768222~ AX-110587553	2.39	4.0	1.79	3.26	5.5	2.55	3.70	2.69	3.56	6.1	3.05	
<i>QPh • jaas-6B</i>	6B	16.01~16.04	141.3~141.9	AX-109354285~ AX-109602187	—	—	—	6.68	10.9	-3.54	5.19	-3.09	5.24	8.6	-3.59	
<i>QPh • jaas-6D.1</i>	6D	38.02~38.77	284.8~287.6	AX-111613795~ AX-110213215	4.2	6.6	-2.30	2.74	4.2	-2.23	3.37	-2.44	—	—		
<i>QPh • jaas-6D.2</i>	6D	90.46~94.92	66.0	AX-109194293~ AX-109458881	2.50	5.9	-2.82	—	—	4.97	8.2	-3.24	4.19	6.5	-3.36	
<i>QPh • jaas-6D.3</i>	6D	98.34~98.36	147.2~149.0	AX-109862959~ AX-95631446	3.35	5.1	-2.02	4.56	7.0	-2.89	—	—	—	—		
<i>QPh • jaas-7A</i>	7A	92.70~92.96	580.7~603.4	AX-111656385~ AX-111651685	6.26	10.3	-2.86	3.00	5.1	-2.43	6.56	-3.49	4.32	7.2	-3.32	
<i>QPh • jaas-7B.1</i>	7B	6.88~7.25	161.2~336.9	AX-108955717~ AX-110074092	5.60	9.1	2.67	6.37	10.4	3.46	8.18	3.83	6.96	11.2	4.11	
<i>QPh • jaas-7B.2</i>	7B	37.09~37.15	65.1~65.4	AX-110452366~ AX-108752954	—	—	—	2.28	3.6	-2.23	2.36	-2.20	2.31	4.2	-2.85	
<i>QPh • jaas-7B.3</i>	7B	120.39~121.19	743.3~744.4	AX-111569563~ AX-110955130	3.70	5.6	-2.09	—	—	2.66	3.9	-2.09	—	—		
<i>QPh • jaas-7D</i>	7D	87.05~107.14	479.7	AX-110462228~ AX-110972295	2.18	3.5	1.67	2.58	4.4	2.33	4.30	2.83	4.27	7.0	3.27	

— 表示未检测到 QTL。加性效应负值表示来自亲本西凤基因型降低植株株高;正值表示来自亲本杨麦 158 基因型降低植株株高。  
 — means that QTL is not detected. The negative additive effect indicates the decrease of plant height, which comes from the parent Xifeng genotype. Positive values indicate the effect of the plant height decrease comes from parent Yangmai 158.

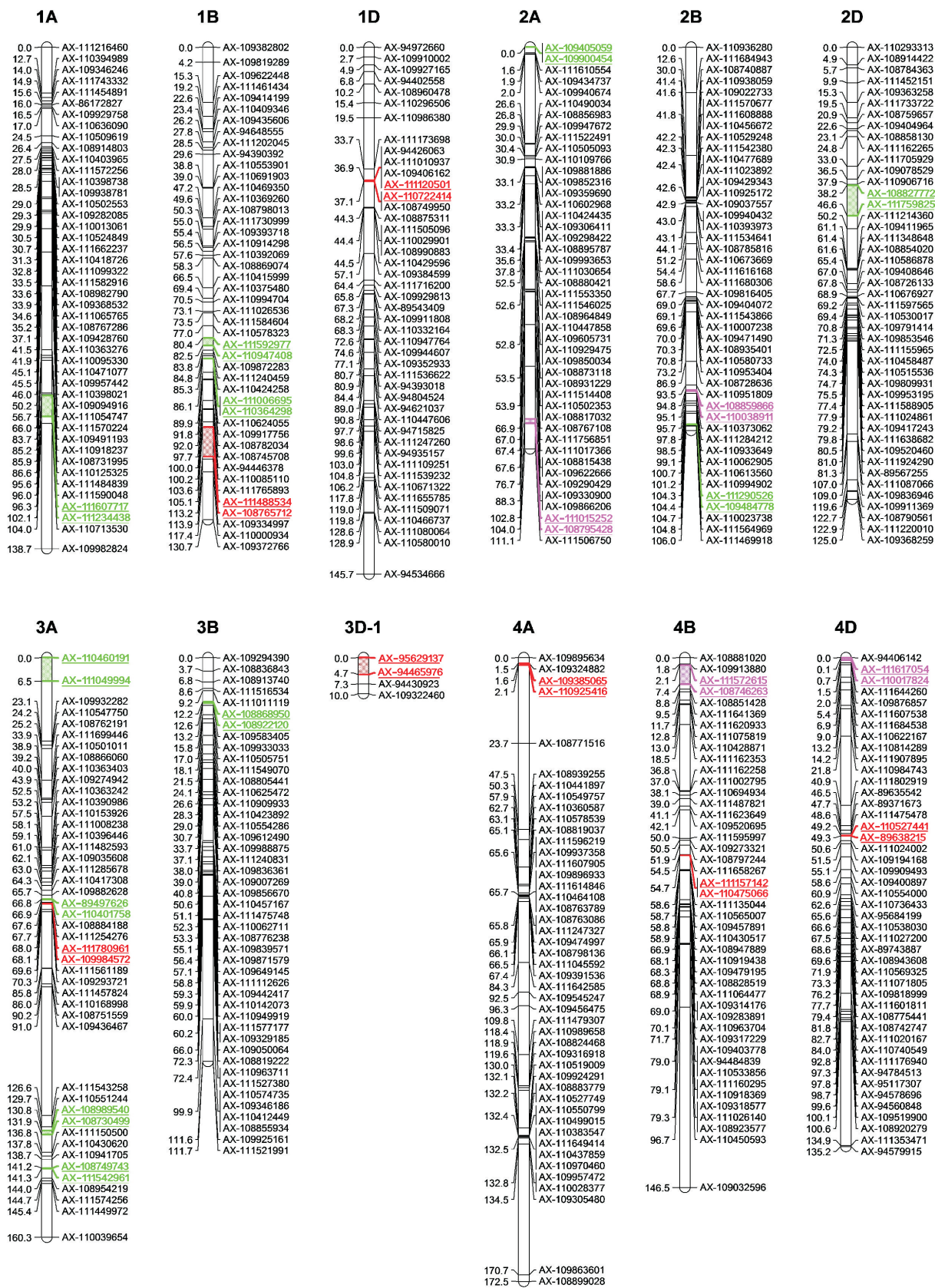


图 1 株高相关 QTL 的染色体分布图

Fig. 1 Distribution of QTLs for plant height on chromosomes



有 1 个 *TaGIDI-1B*, QTL 位点有 5 个, 其中 3 个 QTL 位点可确定在中国春基因组中的物理位置<sup>[9,10]</sup>, 本研究发现的 *QPh · jaas-1B. 3* 位于染色体 670.6~676.0 Mb 处, 可能与 Griffiths 等<sup>[9]</sup>发现的 *QTL\_height\_1B. 1* 和 Guan 等<sup>[10]</sup>报道的 *QPh · cau-1B. 2* 为同一 QTL。1D 染色体也克隆了 *TaGIDI-1D* 等位基因, 另报道株高相关 QTL 位点有 6 个, 其中 4 个可确定在 1D 染色体的具体位置<sup>[9,11-13]</sup>, 本研究 *QPh · jaas-1D* 位于染色体 408.2 Mb 左右, 与 Griffiths 等<sup>[9]</sup>报道的 *QTL\_height\_1D. 1* 和 Wang 等<sup>[12]</sup>发现的 *QPh · ncri-1D* 位置接近, 可能为相同 QTL; 已报道的 3A 染色体有株高相关基因 *TaSTE*, QTL 位点有 12 个, 其中 8 个位点可确定基因组位置<sup>[9-11,14,15]</sup>, 本研究定位的 *QPh · jaas-3A. 3* 位于染色体 59.5 Mb 处, 与已发现 QTL 的染色体位置均不同, 为新发现 QTL; 3D 染色体也克隆了 *TaSTE* 等位基因, 报道株高相关 QTL 位点有 1 个<sup>[16]</sup>, 本研究发现的 *QPh · jaas-3D* 位于染色体 47.5 Mb 左右, 与之位置不同, 为新发现 QTL; 4A 染色体已克隆了株高相关基因 *Rht-A1*、*TaSRL1*、*TaPRR73*、*SVP3* 和 *TaTBI* 等, 另外报道株高相关 QTL 位点 8 个, 其中 7 个 QTL 染色体位置可确定<sup>[11,15,17-20]</sup>, 本研究发现的 *QPh · jaas-4A* 位于染色体 722.9 Mb 左右, 与 Liu 等<sup>[18]</sup>发现的 *QHt-4A* 位置重叠, 可能是相同 QTL; 4B 染色体有 *Rht1*、*Rht3*、*Rht11* 和 *Rht17* 等矮秆基因, 先后克隆了 *Rht-B1*、*TaSRL1*、*TaPRR73*、*SVP3* 和 *TaTBI* 等矮秆基因或株高相关等位基因, 报道了株高相关 QTL 位点 24 个, 其中 21 个 QTL 可以确定染色体具体物理位置<sup>[9,11,13-15,18,20-30]</sup>, 本研究发现的 *QPh · jaas-4B. 2* 位于染色体 621.6 Mb 左右, 与已报道的 QTL 位置均不一致, 可能为新发现 QTL; 4D 染色体除了报道有 *Rht2* 和 *Rht10* 等矮秆基因外, 也先后克隆了 *Rht-D1* 以及 *TaSRL1*、*TaPRR73*、*SVP3* 和 *TaTBI* 的等位基因, 另外发现了 19 个染色体物理位置清楚的与株高相关的 QTL 位点<sup>[12-15,17-20,22,24,26,31-36]</sup>, 本研究发现的 *QPh · jaas-4D. 2* 与 Gao 等<sup>[20]</sup>发现的 *QPh · caas-4DS. 1* 和 Chu 等<sup>[32]</sup>报道的 *QHt · fcu-4D* 位置重叠, 可能是相同 QTL; 5A 染色体除报道有 *Rht9* 和 *Rht12* 矮秆基因外, 克隆了 *TaWOX2*、*TaDEP1* 和 *TaGA2oxA8d* 等株高相关基因, 另外发现 17 个与株高相关的 QTL 位点, 其中 14 个位点染色体位置

明确<sup>[4,9,11,13,15,18,20,32,37-41]</sup>, 本研究发现的 *QPh · jaas-5A. 1* 位于染色体 1.8 Mb 左右, 与已报道的 QTL 染色体位置均不同, 属于新发现 QTL; 5B 染色体也克隆了 *TaWOX2* 和 *TaDEP1* 等株高相关基因的等位基因, 并报道了 9 个株高相关 QTL, 其中 7 个 QTL 位置清楚<sup>[9,11,13,15,24,28,41]</sup>, 本研究发现的 *QPh · jaas-5B* 位于染色体 423.6~423.8 Mb, 与 Zanke 等<sup>[13]</sup>和 Yu 等<sup>[28]</sup>发现的 QTL 位置重叠, 可能是相同的 QTL; 6A 染色体除报道有 *Rht14*、*Rht16*、*Rht18*、*Rht24*、*Rht25* 等矮秆基因外, 先后克隆了 *TaCRY1a*、*TaPRR1* 和 *SVP1* 等株高相关基因, 同时报道了 19 个株高相关 QTL, 其中 15 个 QTL 染色体位置明确<sup>[9-11,13,15,21-23,25,28,34,40,42]</sup>, 本研究发现的 *QPh · jaas-6A* 位于染色体 72.4~73.6 Mb 之间, 与已发现 QTL 位置均不同, 为新发现 QTL; 7A 染色体除报道 *Rht22* 矮秆基因外, 克隆了 *TaSEP3* 株高相关基因, 另有 14 个株高相关 QTL 位点被发现, 其中 9 个 QTL 染色体位置明确<sup>[10,11,15,16,24,31,39]</sup>, 本研究定位的 *QPh · jaas-7A* 位于染色体 580.7~603.4 Mb 之间, 与已报道 QTL 位置均不同, 为新发现控制株高 QTL; 在已报道的 7B 染色体除含有 *Rht13* 矮秆基因外, 克隆了 *TaSEP3* 等位基因, 另报道株高相关 QTL 位点 11 个, 其中 9 个位点的染色体位置明确<sup>[16,18,19,22,24,26,28,36]</sup>, 本研究发现的 *QPh · jaas-7B. 1* 位于染色体 161.2~336.9 Mb 之间, 与 Huang 等<sup>[26]</sup>发现的 *QHt · crc-7B* 和 Liu 等<sup>[18]</sup>发现的 *QHt-7B-1* 位置重叠, 可能为同一 QTL; 7D 染色体也克隆了 *TaSEP3* 的等位基因, 并发现株高相关 QTL 位点 6 个, 其中 3 个 QTL 有明确染色体位置<sup>[11,14,19]</sup>, 本研究发现的 *QPh · jaas-7D* 位于染色体 479.7 Mb 左右, 与已报道 QTL 染色体位置不同, 表明该 QTL 是新发现与株高相关的 QTL。

本研究采用的重组自交系群体由扬麦 158 和西风配制而成, 扬麦 158 曾在长江中下游麦区大面积推广使用, 西风是引进品种, 也是小麦宁麦 13 的亲本, 宁麦 13 迄今仍在长江中下游麦区大规模种植, 已经推广了 20 年。扬麦 158 与宁麦 13 的产量高、广适性强、综合抗病性好, 仍是长江中下游麦区配制杂交组合的骨干亲本, 衍生了很多小麦品种, 本研究发现的控制株高的稳定 QTL 可以在两亲本及其衍生品种配制的后代株高标记辅助选择中使用, 特别是 *QPh · jaas-3A. 3* 和 *QPh ·*

*jaas-7B.1* 等主效 QTL 表型解释率高、稳定性好, 可以配合 *Rht1* 和 *Rht8* 等矮秆基因, 在长江中下游麦区高产抗倒伏小麦培育中发挥重要作用。

#### 参考文献:

- [1] 吕广德, 靳雪梅, 郭营, 等. 小麦株高分子遗传学研究进展 [J]. 植物遗传资源学报, 2021, 22(3): 571.  
LYU G D, JIN X M, GUO Y, *et al.* Advances in molecular genetics of wheat plant height [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2021, 22(3): 571.
- [2] MA S, WANG M, WU J, *et al.* WheatOmics: A platform combining multiple omics data to accelerate functional genomics studies in wheat [J]. *Molecular Plant*, 2021, 14(12): 1965.
- [3] WÜRSCHUM T, LANGER S M, LONGIN C F H. Genetic control of plant height in European winter wheat cultivars [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2015, 128(5): 865.
- [4] 胡文静, 李东升, 裔新, 等. 小麦穗部性状和株高的 QTL 定位及育种标记开发和验证 [J]. 作物学报, 2022, 48(6): 1346.  
HU W J, LI D S, YI X, *et al.* Molecular mapping and validation of quantitative trait loci for spike-related traits and plant height in wheat [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2022, 48(6): 1346.
- [5] 周森平, 杨学明, 张鹏, 等. 基于重组自交系群体的小麦籽粒硬度 QTL 分析 [J]. 植物遗传资源学报, 2023, 24(5): 1380.  
ZHOU M P, YANG X M, ZHANG P, *et al.* QTL mapping for wheat grain hardness based on RIL population [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2023, 24(5): 1380.
- [6] BOEHM J D, IBBA M I, KISZONAS A M, *et al.* Genetic analysis of kernel texture (grain hardness) in a hard red spring wheat (*Triticum aestivum* L.) bi-parental population [J]. *Journal of Cereal Science*, 2018, 79: 57.
- [7] VANOOIJEN J W. MapQTL®5, Software for the mapping of quantitative trait loci in experimental population [M]. Wageningen, Netherlands, 2004.
- [8] 杨松杰, 张晓科, 何中虎, 等. 用 STS 标记检测矮秆基因 *Rht-B1b* 和 *Rht-D1b* 在中国小麦中的分布 [J]. 中国农业科学, 2006, 39(8): 1680.  
YANG S J, ZHANG X K, HE Z H, *et al.* Distribution of dwarfing genes *Rht-B1b* and *Rht-D1b* in Chinese bread wheats detected by STS marker [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2006, 39(8): 1680.
- [9] GRIFFITHS S, SIMMONDS J, LEVERINGTON M, *et al.* Meta-QTL analysis of the genetic control of crop height in elite European winter wheat germplasm [J]. *Molecular Breeding*, 2012, 29(1): 159.
- [10] GUAN P, LU L, JIA L, *et al.* Global QTL analysis identifies genomic regions on chromosomes 4A and 4B harboring stable loci for yield-related traits across different environments in wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2018, 9: 529.
- [11] 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.
- [12] WANG R X, HAI L, ZHANG X Y, *et al.* QTL mapping for grain filling rate and yield-related traits in RILs of the Chinese winter wheat population Heshangmai × Yu 8679 [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2009, 118(2): 313.
- [13] ZANKE C D, LING J, PLIESKE J, *et al.* Whole genome association mapping of plant height in winter wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *PLoS One*, 2014, 9(11): e113287.
- [14] ZHANG K, TIAN J, ZHAO L, *et al.* Mapping QTLs with epistatic effects and QTL × environment interactions for plant height using a doubled haploid population in cultivated wheat [J]. *Journal of Genetics and Genomics*, 2008, 35(2): 119.
- [15] MAO S L, WEI Y M, CAO W, *et al.* Confirmation of the relationship between plant height and Fusarium head blight resistance in wheat (*Triticum aestivum* L.) by QTL meta-analysis [J]. *Euphytica*, 2010, 174(3): 343.
- [16] CADALEN T, SOURDILLE P, CHARMET G, *et al.* Molecular markers linked to genes affecting plant height in wheat using a doubled-haploid population [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 1998, 96(6): 933.
- [17] 周森平, 黄益洪, 任丽娟, 等. 利用重组自交系检测小麦株高的 QTL [J]. 江苏农业学报, 2004, 20(4): 201.  
ZHOU M P, HUANG Y H, REN L J, *et al.* Detection of QTLs for plant height in wheat using RILs [J]. *Jiangsu Journal of Agricultural Sciences*, 2004, 20(4): 201.
- [18] LIU G, XU S, NI Z, *et al.* Molecular dissection of plant height QTLs using recombinant inbred lines from hybrids between common wheat (*Triticum aestivum* L.) and spelt wheat (*Triticum spelta* L.) [J]. *Chinese Science Bulletin*, 2011, 56(18): 1897.
- [19] CUI F, LI J, DING A, *et al.* Conditional QTL mapping for plant height with respect to the length of the spike and internode in two mapping populations of wheat [J]. *Theoretical and Applied Genetic*, 2011, 122(8): 1517.
- [20] GAO F, WEN W, LIU J, *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.
- [21] 刘冬成, 高睦枪, 关荣霞, 等. 小麦株高性状的 QTL 分析 [J]. 遗传学报, 2002, 29(8): 706.  
LIU D C, GAO M Q, GUAN R X, *et al.* Mapping quantitative trait loci for plant height in wheat (*Triticum aestivum* L.) using a F<sub>2:3</sub> population [J]. *Journal of Genetics and Genomics*, 2002, 29(8): 706.
- [22] 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.
- [23] LIU Z H, ANDERSON J A, HU J, *et al.* A wheat intervarietal genetic linkage map based on microsatellite and target region amplified polymorphism markers and its utility for detecting quantitative trait loci [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2005, 111(4):782.
- [24] MCCARTNEY C A, SOMERS D J, HUMPHREYS D G, *et al.* Mapping quantitative trait loci controlling agronomic traits in the spring wheat cross RL4452 × AC Domain [J]. *Genome*, 2005, 48(5):870.
- [25] MARZA F, BAI G H, CARVER B F, *et al.* Quantitative trait loci for yield and related traits in the wheat population Ning7840 × Clark [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2006, 112(4):688.
- [26] HUANG X Q, CLOUTIER S, LYCAR L, *et al.* Molecular detection of QTLs for agronomic and quality traits in a doubled haploid population derived from two Canadian wheats (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2006, 113(4):753.
- [27] XU Y, WANG R, TONG Y, *et al.* Mapping QTLs for yield and nitrogen-related traits in wheat: Influence of nitrogen and phosphorus fertilization on QTL expression [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2014, 127(1):59.
- [28] YU M, MAO S L, CHEN G Y, *et al.* QTLs for uppermost internode and spike length in two wheat RIL populations and their affect upon plant height at an individual QTL level [J]. *Euphytica*, 2014, 200(1):95.
- [29] 王佳佳, 王盈盈, 张照贵, 等. 小麦穗部性状和株高的 QTL 定位[J]. 分子植物育种, 2015, 13(1):77.
- WANG J J, WANG Y Y, ZHANG Z G, *et al.* Mapping QTLs for the traits related to spike and plant height in wheat [J]. *Molecular Plant Breeding*, 2015, 13(1):77.
- [30] QU X, LIU J, XIE X, *et al.* Genetic mapping and validation of loci for kernel-related traits in wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2021, 12:667493.
- [31] SOURDILLE P, CADALEN T, GUYOMARC' H H, *et al.* An update of the Courtot × Chinese Spring intervarietal molecular marker linkage map for the QTL detection of agronomic traits in wheat [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2003, 106(3):530.
- [32] CHU C G, XU S S, FRIESEN T L, *et al.* Whole genome mapping in a wheat doubled haploid population using SSRs and TRAPs and the identification of QTL for agronomic traits [J]. *Molecular Breeding*, 2008, 22(2):251.
- [33] 梁子英, 李美霞, 王竹林, 等. 小麦株高相关性状的 QTL 分析 [J]. 西北农业学报, 2014, 23(6):64.
- LIANG Z Y, LI M X, WANG Z L, *et al.* Mapping quantitative trait loci for plant height related characteristics in wheat [J]. *Acta Agriculturae Boreali-Occidentalis Sinica*, 2014, 23(6):64.
- [34] LI X M, XIA X C, XIAO Y G, *et al.* QTL mapping for plant height and yield components in common wheat under water-limited and full irrigation environments [J]. *Crop & Pasture Science*, 2015, 66:660.
- [35] ZHAI H, FENG Z, LI J, *et al.* QTL analysis of spike morphological traits and plant height in winter wheat (*Triticum aestivum* L.) using a high-density SNP and SSR-based linkage map [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2016, 7:1617.
- [36] 武炳琼, 冯洁, 崔紫霞, 等. 利用 90K 基因芯片进行小麦株高 QTL 分析[J]. 麦类作物学报, 2017, 37(5):578.
- WU B J, FENG J, CUI Z X, *et al.* QTL analysis of plant height by using 90K chip technology [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2017, 37(5):578.
- [37] KATO K, MIURA H, SAWADA S. QTL mapping of genes controlling ear emergence time and plant height on chromosome 5A of wheat [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 1999, 98(3):472.
- [38] 陈广凤, 陈建省, 田纪春. 小麦株高相关性状与 SNP 标记全基因组关联分析[J]. 作物学报, 2015, 41(10):1500.
- CHEN G F, CHEN J S, TIAN J C. Genome-wide association analysis between SNP markers and plant height related traits in wheat [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2015, 41(10):1500.
- [39] 叶亚琼, 栗孟飞, 刘媛, 等. 小麦株高 QTL 定位及其水环境互作遗传分析[J]. 华北农学报, 2015, 30(5):83.
- YE Y Q, LI M F, LIU Y, *et al.* QTL mapping and QTL × environmental interactions for plant height in wheat [J]. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 2015, 30(5):83.
- [40] 杨林, 欧俊, 陈源. 小麦 ITMI 重组自交系群体的穗长及株高 QTL 定位研究[J]. 四川农业大学学报, 2016, 34(4):397.
- YANG L, OU J, CHEN Y. QTL mapping for spike length and plant height in ITMI recombinant intercross lines population of wheat [J]. *Journal of Sichuan Agricultural University*, 2016, 34(4):397.
- [41] 余马, 张洪, 左文松, 等. 小麦株高及其构成因子 QTL 定位研究[J]. 四川农业大学学报, 2017, 35(4):465.
- YU M, ZHANG H, ZUO W S, *et al.* QTL mapping for plant height and its components in recombinant intercross lines population of wheat [J]. *Journal of Sichuan Agricultural University*, 2017, 35(4):465.
- [42] 王盈, 赵磊, 董中东, 等. 小麦株高和旗叶相关性状的 QTL 定位[J]. 麦类作物学报, 2019, 39(7):761.
- WANG Y, ZHAO L, DONG Z D, *et al.* QTL mapping for plant height and flag leaf traits in common wheat [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2019, 39(7):761.