

网络出版时间:2024-05-14

网络出版地址:https://link.cnki.net/urlid/61.1359.S.20240514.0849.002

# 结合 0.1K 前景和 16K 背景芯片快速解析小麦新品系的基因组结构和重要性状遗传基础

李笑笑,相明杰,刘胜杰,王晓婷,李杰,郑炜君,  
吴建辉,曾庆东,康振生,张传量,王长发,韩德俊

(西北农林科技大学/作物抗逆与高效生产全国重点实验室,陕西杨凌 712100)

**摘要:**为探索并建立基于小麦 0.1K 前景和 16K 背景芯片快速解析基因组结构和重要性状遗传基础的方法,对小麦新品系西农 302 及其亲本西农 865 和百农矮抗 58 分别进行苗期分小种和田间成株期抗病性鉴定,分析西农 302 及其亲本的抗条锈病特征,并利用小麦 16K 背景芯片对西农 302 及其亲本进行基因分型,根据亲本间 16K 芯片基因型的差异 SNP 位点,分别统计西农 302 来自双亲的基因组区段,确定西农 302 的基因组结构;利用小麦 0.1K 前景芯片对西农 302 及其亲本进行基因分型,确定西农 302 所含有的抗条锈病性基因/QTL 位点,明确西农 302 的抗条锈病遗传基础,同时分析西农 302 所含有的其他重要性状相关优异等位基因/QTL。结果表明,西农 302 在苗期对中国流行的条锈病生理小种 CYR32 和 CYR34 均表现出微弱的抗性(IT=6),但在田间条件下表现出高水平成株期抗条锈性(IT=1,DS<5);西农 865 和百农矮抗 58 对西农 302 的遗传贡献率分别为 64.28%和 30.22%;西农 302 聚合了双亲的多个优异基因/QTL 位点,同时含有多抗基因*Lr27/Yr30/Sr2/Pbc1*及其上位性互作基因*YrFDC12/PbcFDC12*、抗条锈病位点*QYrak58.nwafu-7BL*和*QYrqin.nwafu-2AL*、抗赤霉病位点*QFhb.hbaas-5AS*和*QFhb.hbaas-5AL*、矮秆基因*Rht-2*、*Rht-8*和*QPhT/Sl.cau-2D.1*以及千粒重位点*QGI-4A*等重要性状相关基因/QTL。这说明 0.1K 前景选择和 16K 背景选择 SNP 芯片可以应用于小麦新品种(系)的基因组结构和重要性状遗传基础的解析;西农 865 和百农矮抗 58 对西农 302 的遗传贡献率存在显著差异,西农 865 的遗传贡献率约为百农矮抗 58 的 2 倍;西农 302 聚合了双亲的抗条锈病、抗赤霉病、矮秆和千粒重等多个重要性状相关优异基因/QTL。

**关键词:**小麦;新品系;SNP;芯片;遗传构成

中图分类号:S512.1;S330

文献标识码:A

文章编号:1009-1041(2025)01-0052-11

## Dissection of Genetic Structure and Genetic Basis of Important Traits for the New Wheat Lines Based on 0.1K Prospect and 16K Background Arrays

LI Xiaoxiao, XIANG Mingjie, LIU Shengjie, WANG Xiaoting, LI Jie, ZHENG Weijun, WU Jianhui,  
ZENG Qingdong, KANG Zhensheng, ZHANG Chuanliang, WANG Changfa, HAN Dejun

(Northwest A&F University/State Key Laboratory for Crop Stress Resistance and High-Efficiency Production, Yangling, Shaanxi 712100, China)

**Abstract:** To explore and establish a method for rapid analysis of genetic structure and genetic basis of important traits based on 0.1K prospect and 16K background arrays, a new wheat line Xinong 302 and its parents Xinong 865 and Bainong Aikang 58 were subjected to disease resistance identification during seedling stage and adult stage, respectively. The resistance characteristics of Xinong 302 and its parents to stripe rust were analyzed, and the wheat 16K background array was used to genotype Xinong 302 and its parents. Based on the differential SNP loci of 16K array genotypes between parents,

收稿日期:2023-12-22 修回日期:2024-01-15

基金项目:青海省重点研发与转化计划项目(2022-NK-125);陕西省重点研发计划项目(2021ZDLNY0-01);优质高产抗病耐旱节水小麦新品种培育项目(Ylzy-xm-03)

第一作者 E-mail:1139161439@qq.com(李笑笑);xmj@nwafu.edu.cn(相明杰)

通讯作者 E-mail:879920504@qq.com(张传量);wheator@nwafu.edu.cn(王长发);handj@nwsuaf.edu.cn(韩德俊)

the genomic segments of Xinong 302 from both parents were counted to determine its genome structure. Xinong 302 and its parental lines were genotyped by wheat 0.1K prospect selection array, and the genetic loci of stripe rust resistance inherited by Xinong 302 were determined, and the genetic basis of stripe rust resistance of Xinong 302 and the important trait-related genes/QTL loci contained in Xinong 302 were clarified. Xinong 302 showed weak resistance to CYR32 and CYR34 at seedling stage ( $IT=6$ ), and highly resistance at adult stage under field conditions ( $IT=1$ ,  $DS<5$ ). The genetic contribution rates of Xinong 865 and Bainong AK58 to Xinong 302 were 64.28% and 30.22%, respectively. Xinong 302 aggregates multiple excellent genes/QTL loci from both parents, including multi resistance genes *Lr27/Yr30/Sr2/Pbc1* and their epistatic interaction genes *YrFDC12/PbcFDC12*, resistance loci *QYrak58.nwafu-7BL* and *QYrqin.nwafu-2AL*, resistance loci *QFhb.hbaas-5AS* and *QFhb.hbaas-5AL*, dwarf genes *Rht-2*, *Rht-8* and *QPhT/Slcau-2D.1*, and thousand-grain weight locus *QGl-4A*, among other important trait related genes/QTLs. This indicates that 0.1K prospect selection and 16K background arrays can be applied to analyze the genomic structure and genetic basis of important traits in new wheat varieties (lines). There is a significant difference in the genetic contribution rate between Xinong 865 and Bainong Aikang 58 to Xinong 302, with the genetic contribution rate of Xinong 865 being about twice of Bainong Aikang 58. Xinong 302 aggregates multiple excellent genes/QTLs related to important traits such as resistance to stripe rust, scab, dwarfism, and thousand-grain weight from both parents.

**Keywords:** Wheat; New lines; SNP; Array; Genetic structure

小麦是最重要的粮食作物之一,为人类提供约 20% 的能量,其安全生产对保障中国粮食安全有关键性作用。近十年来,得益于大量优良品种的选育和生产应用,小麦的单位面积产量不断提高<sup>[1-2]</sup>。然而,这些新品种(系)主要是基于表型选择为基础的传统育种方法而成,对于其在基因组水平的选择过程认识较少,一定程度上制约了育种家对于成功育种经验的总结以及品种(系)的再次改良。探索并建立快速解析小麦新品种(系)基因组结构和重要性状遗传基础的方法,能够加深育种家对新育成品种(系)的深入认识,从而提高育种效率,加快小麦遗传改良进程。

利用快速发展的重测序技术和高通量芯片,使骨干亲本或潜在骨干亲本通过重组获得更优良的基因组合,进而完成精准育种改良成为可能。例如,Shi 等<sup>[3]</sup>通过从头组装并注释小麦品种科农 9204 基因组,发现科农 9204 的高肥利用率受 *TDHE* 基因控制。但是由于小麦基因组庞大,全基因组测序或重测序的经济成本高,对于大多数育种家或者育种团队均难以承受。高通量芯片的开发与应用在一定程度上缓解了小麦基因分型成本高的问题。到目前为止,国内外先后已有 35K、55K、90K、660K、820K 等多款小麦 SNP 基因分型芯片被开发并投入市场,常常被应用于小麦遗

传连锁图谱构建、全基因组关联分析和重要品种的遗传构成解析等研究<sup>[4-5]</sup>。近年来,利用 SNP 芯片对小麦主要品种的遗传构成分析的研究相继发表。如,吴胜男等<sup>[6]</sup>利用小麦 55K 芯片对小麦品种陕农 33 进行遗传构成分析,亲本陕农 981 对陕农 33 的遗传贡献率(52.72%)略大于新麦 18 (46.38%),还发现 11 个与农艺和品质性状有关的 QTL,其中 3 个来源于新麦 18,另外 8 个来源于陕农 981;孔子明等<sup>[7]</sup>利用小麦 90K 芯片对小麦品种周麦 16 进行遗传构成分析,发现不同亲本对周麦 16 的遗传贡献率差异较大,周 8425B 的遗传贡献率远远高于周麦 9 号;梅耀杰等<sup>[8]</sup>利用 660K 芯片对小麦品种济麦 262 的遗传构成进行分析,发现济麦 262 有着较为明显的遗传偏亲现象。小麦 0.1K 前景芯片和 16K 背景芯片(GenoBaits® Wheat SNP16K)是两款新型分型芯片,相对于固相芯片,0.1K 前景和 16K 背景芯片采用基于靶向测序的液相芯片技术,该技术在继承固相芯片技术基因分型准确性高的特点外,还具有灵活性更高、成本更低、适用测序平台更广、试验周期更短等优点<sup>[9-10]</sup>。0.1K 前景芯片共包含 101 个探针,涉及 60 个与抗病、产量、株高、抗穗发芽等性状相关基因/QTL,能够同时对多个不同功能位点的基因型进行分子检测<sup>[10]</sup>。16K 背景芯片共包含 14

578 个 mSNP 区段(37 669 个 SNP 标记),这些位点遗传多样性高,且均匀分布在小麦的 21 条染色体上,适用于小麦种质资源的遗传背景筛查与评价以及遗传连锁图谱的构建、QTL 定位等研究。例如,Huang 等<sup>[11]</sup>利用 16K 芯片在 Avocet S/西农 3517 重组自交系(RIL)群体中定位到了 QYrXinong. *nwafu-1BL*、QYrXinong. *nwafu-2AL*、QYrXinong. *nwafu-2BL* 和 QYrXinong. *nwafu-6BS* 共 4 个稳定的 QTL。

虽然已有 35K、55K、90K、660K、820K 等芯片可以应用于小麦新品种(系)的基因组构成和重要性状遗传基础解析,然而由于这些芯片均是基于固相芯片技术,存在灵活性不够、需要特定测序平台、试验周期较长、成本较高等问题,在小麦分子育种中的应用还较少。基于液相芯片技术的小麦 0.1K 前景和 16K 背景芯片在很大程度上解决了这些困难,然而对于这两款芯片是否可以应用于小麦新品种(系)的基因组构成和重要性状遗传基础分析还缺乏研究,对于其具体的应用价值也还不清楚。本研究以小麦新品系西农 302 为材料,探索并建立基于小麦 0.1K 前景和 16K 背景芯片快速解析小麦新品种(系)基因组结构和重要性状遗传基础的方法,以期为提高小麦育种效率、促进小麦分子育种提供新的技术支持。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

试验材料包括小麦品种(系)西农 302、百农矮抗 58、西农 865、铭贤 169 和小偃 22,其中西农 302 是西北农林科技大学小麦遗传与分子育种团队新培育的优良高产、抗病小麦高代品系,西农 865 和百农矮抗 58 分别是西农 302 的母本和父本,铭贤 169 和小偃 22 分别作为抗条锈病鉴定的诱发行和感病对照。

### 1.2 抗条锈病表型鉴定

#### 1.2.1 苗期抗病性鉴定<sup>[12]</sup>

试验在温室内进行,将西农 302、西农 865、百农矮抗 58、铭贤 169、小偃 22 分别种植在 10 cm × 10 cm × 10 cm 的小方盆内,每盆种植 5 粒,在小麦生长至第二片叶片完全展开时,采用电子氟化液(Novec™ 7100)与条锈菌按照 1 000 : 1 比例制成孢子悬浮液放入 2.0 mL 的离心管内<sup>[13]</sup>,混匀后用 10 μL 移液器在第二片叶片的表面均匀涂抹 7 μL 混合液。试验用的条锈菌生理小种包

括 CYR32 和 CYR34。完成接菌后,将植株置于 10 °C 温度条件的人工气候箱黑暗保湿处理 24 h,之后将人工气候箱条件设置为 16 °C 光照 16 h/10 °C 黑暗 8 h 进行正常培养,待感病对照铭贤 169 和小偃 22 植株发病后(约 15~21 d),记录所有植株的反应型(infection type, IT)。鉴定方法采用 0~9 级鉴定标准<sup>[14]</sup>。根据 IT 抗病级别分为 4 个类型<sup>[15]</sup>: 0~3 级为抗病(resistance, R), 4~6 级为中度抗病(moderate resistance, MR), 7 为中度感病(moderate susceptible, MS), 8~9 级为高度感病(susceptible, S)。为减少试验误差,试验重复 3 次,每次试验之间间隔一周。

#### 1.2.2 成株期抗病性鉴定

成株期表型鉴定分别于 2020—2021 和 2021—2022 小麦生长季在陕西省杨凌区和 2021—2022 小麦生长季在四川省江油市和贵州省贵阳市四个生态环境下进行。各试验点按照随机区组设计,设置 3 个重复,每个品种(系)种植 2 行,行长 1 m,行距 0.2 m,按照株距 3 cm 的规格进行点播,在小麦播种至收获的整个生长阶段,除不进行病害防控外,所有田间管理按照当地常规方式进行。陕西省杨凌区试验点为人工诱发病圃<sup>[16]</sup>,每年于 3 月中下旬在诱发行的铭贤 169 上接种条锈菌混合小种(CYR32、CYR33 和 CYR34 等)<sup>[17]</sup>。四川省江油市和贵州省贵阳市试验点均为自然诱发病圃,在不进行病害防控的条件下,条锈病会常年发生。待感病对照品种铭贤 169 和小偃 22 的叶片发病面积 > 80% 后,对试验材料进行表型鉴定,三个试验点的表型调查时间分别为 4 月中旬(江油市)、4 月下旬(贵阳市)和 5 月上旬(杨凌区)。成株期记录反应型(IT)和严重度(disease severity, DS)两个指标。IT 的鉴定标准与苗期表型鉴定一致;严重度记录采用改进的科布计量法即 1%、5%、10%、20%、40%、60%、80% 和 100% 等八级鉴定标准<sup>[18]</sup>,为了保证抗病性鉴定的准确性,表型鉴定每隔 7 d 鉴定 1 次,共鉴定 2~3 次。

### 1.3 农艺性状调查分析

西农 302 及其亲本西农 865、百农矮抗 58 于 2020 年在青岛、南阳和 2021 年在杨凌三个生态环境种植,采用随机区组设计,3 次重复,每小区种植 10 行,行长 2 m,行距 25 cm,株距 10 cm。条沟点播,出苗后定苗,确保各小区基本苗数一致,常规管理。田间调查穗数和株高,成熟期取样

考种,测量穗长、每穗小穗数和穗粒数。收获整个小区测定小区的产量,取样测量千粒重。显著性分析和多重比较通过 SPSS v19.0 软件完成。

#### 1.4 SNP 芯片基因分型

利用 0.1K 前景芯片和 16K 背景芯片对小麦新品系 302 及其亲本西农 865、百农矮抗 58 进行全基因组扫描。0.1K 前景芯片是由本课题组开发的基于 GBTS 技术的可广泛应用于育种的芯片<sup>[10]</sup>,其中包含 101 个与农艺(产量、株高、春化)和抗病性(条锈病、白粉病、叶锈病)等相关的基因位点,所选位点为克隆基因或双亲群体位点,育种价值高。16K 背景芯片是由本课题组基于 GBTS 技术开发的可应用于小麦种质资源评价和图谱构建的芯片<sup>[11]</sup>,可提供 14 868 个 mSNP 区段(37 669 个 SNP 标记),16K 背景芯片的数据涵盖了春小麦区和冬小麦区的小麦主要品种。

采集西农 302、百农矮抗 58 和西农 865 二叶期的幼苗叶片,采用改良的 CTAB 法提取叶片基因组 DNA,并采用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 质量<sup>[19]</sup>,用赛默飞的 NanoDrop™ One/OneC 超微量紫外分光光度计对 DNA 定量。将质量合格的 DNA 送至石家庄博瑞迪生物技术有限公司(简称“博瑞迪生物”,<http://www.molbreeding.com/>)进行 0.1K 前景芯片和 16K 背景芯片基因分型。

#### 1.5 西农 302 的遗传构成分析与基因型图谱的绘制

首先剔除西农 302 及其亲本西农 865 和百农矮抗 58 的 16K 芯片基因分型结果为杂合或缺失值的位点,统计三个品种(系)共有的有效位点;去除双亲相同的位点后,分别统计西农 302 与亲本西农 865 和百农矮抗 58 基因型之间存在差异的位点。当西农 302 的基因分型结果与百农矮抗 58 一致时,则认为该位点遗传自百农矮抗 58;当西农 302 的基因分型结果与西农 865 一致时,则认为该位点遗传自西农 865;当西农 302 的基因分型结果与百农矮抗 58 和西农 865 均不一致时,则认为该位点是西农 302 的特异性位点<sup>[6]</sup>。

基因型统计使用 Microsoft Office Excel 2019 软件完成,基因型图谱使用 GGT2.0 软件绘制<sup>[20]</sup>。图谱绘制过程中,三个品种(系)基因型均相同的位点标记为灰色。继承自亲本西农 865 和百农矮抗 58 的差异位点分别标记为蓝色和红色,

西农 302 特有位点标记为黑色。

#### 1.6 西农 302 所含有的重要性状相关基因/QTL 位点分析

将质量合格的西农 302 及其亲本的 DNA 送至石家庄博瑞迪生物技术有限公司(简称“博瑞迪生物”,<http://www.molbreeding.com/>)进行 0.1K 前景芯片基因分型。根据基因分型的结果,分析重要性状相关基因/QTL<sup>[10]</sup>。0.1K 前景芯片包含 101 个功能标记和明确性状信息的 QTL 紧密连锁标记,所检测位点涵盖 13 个小麦重要育种性状,包括抗条锈病基因位点 16 个、叶锈病基因位点 5 个、白粉病基因位点 5 个、赤霉病基因位点 6 个、小麦花叶病毒基因位点 1 个、多效抗病基因/QTL 位点 4 个、籽粒硬度基因位点 1 个、穗发芽基因位点 5 个、春化基因位点 6 个、光周期基因位点 1 个、粒长基因位点 2 个、粒重基因位点 3 个、株高基因位点 6 个。其位点检测正确率高达 95%。

## 2 结果与分析

### 2.1 基于 16K 背景芯片的西农 302 遗传构成分析结果

根据 16K 背景芯片基因分型结果,西农 865 有 34 049 个有效位点,百农矮抗 58 有 34 488 个有效位点,西农 302 有 34 642 个有效位点。通过亲本间标记对比后有 32 069 个纯合且有效的 SNP 位点被用于后续分析。西农 302 与双亲均相同的位点共有 26 238 个,占总位点数的 81.82%;仅与西农 865 相同的位点共有 3 748 个,占总位点数的 11.69%;仅与百农矮抗 58 相同的位点数共有 1 762 个,占总位点数的 5.49%。有 321 个 SNP 为西农 302 特有的位点,占总位点数的 1.00% (图 1)。

利用双亲西农 865 和百农矮抗 58 纯合差异 SNP 位点分析子代西农 302 的遗传构成,结果显示,西农 865 对西农 302 的相对遗传贡献率较大,对全基因组的相对遗传贡献率为 64.28%,对 A、B、D 亚基因组的相对遗传贡献率分别为 84.03%、52.55%、60.07%;百农矮抗 58 对西农 302 的相对遗传贡献率相对较小,在全基因组水平的相对遗传贡献率为 30.22%,对 A、B、D 亚基因组的相对贡献率分别为 10.60%、41.71%、30.03% (表 1),表明在全基因组水平上和亚基因组水平上,西农 302 更多地遗传了西农 865 的基因。

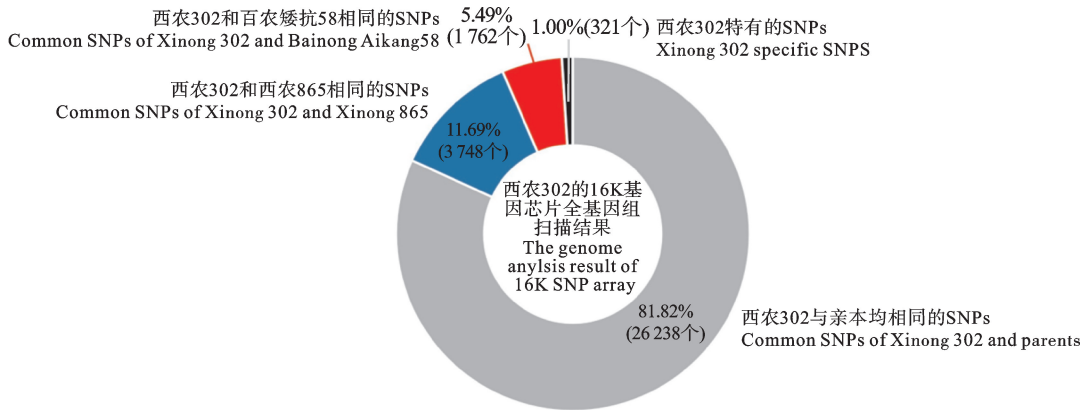


图 1 西农 302 的 16K 背景芯片全基因组扫描结果

Fig. 1 Genome analysis result of 16K background array

表 1 百农矮抗 58 和西农 865 的 21 条染色体对西农 302 的遗传贡献

Table 1 Genetic contribution from Bainong Aikang 58 and Xinong 865 with SNPs to Xinong 302 on 21 chromosomes

染色体 Chromosome	总差异位点数 No. of total differential loci	百农矮抗 58 Bainong Aikang 58		西农 865 Xinong 865	
		差异位点数 No. of differential loci	相对遗传率 Contribution rate/%	差异位点数 No. of differential loci	相对遗传率 Contribution rate/%
1A	359	119	33.15	222	61.84
1B	306	11	3.59	291	95.10
1D	11	3	27.27	1	9.09
2A	551	6	1.09	544	98.73
2B	513	75	14.62	369	71.93
2D	86	71	82.56	14	16.28
3A	188	6	3.19	173	92.02
3B	893	638	71.44	254	28.44
3D	52	4	7.69	46	88.46
4A	137	2	1.46	112	81.75
4B	200	11	5.50	185	92.50
4D	64	7	10.94	57	89.06
5A	371	10	2.70	342	92.18
5B	450	189	42.00	247	54.89
5D	30	11	36.67	18	60.00
6A	298	40	13.42	233	78.19
6B	706	523	74.08	76	10.76
6D	48	3	6.25	44	91.67
7A	125	32	25.60	79	63.20
7B	302	0	0.00	302	100
7D	42	1	2.38	40	95.24
A genome	2 029	215	10.60	1 705	84.03
B genome	3 469	1 447	41.71	1 823	52.55
D genome	333	100	30.03	220	60.07
总计 Total	5 831	1 762	30.22	3 748	64.28

从双亲间纯合差异 SNP 位点在染色体分布看,不同染色体上双亲对西农 302 的相对遗传贡献率变化较大,西农 865 在不同染色体上对西农 302 的相对遗传贡献率为 9.09%~100%,其中 1D、3A、3B、5A、7A 染色体的相对遗传贡献率均大于 90%,西农 865 对西农 302 的 7B 染色体的

相对遗传贡献率最小,为 9.09%,且位点仅有 1 个;百农矮抗 58 对西农 302 各条染色体的相对遗传贡献率为 0.00%~82.56%,其中 2D、3B、6B 染色体的相对遗传贡献率均大于 70%,1B、2A、3A、3D、4A、4B、5A、6D、7B、7D 染色体的相对遗传贡献率较小,均小于 10%。

根据差异 SNP 位点在各条染色体上的物理位置,在西农 302 各条染色体末端区域来源于亲本西农 865 和百农矮抗 58 的 SNP 位点常常呈现镶嵌式分布,说明在这些基因组区段遗传重组容易发生;在西农 302 各条染色体中部区域,来源于亲本西农 865 和百农矮抗 58 的 SNP 位点常常呈现连续的簇状分布,说明在这些基因组区域重组不易发生,亲本的基因组区段常常以大片段的形式遗传给后代(图 2)。

### 2.2 西农 302 及其亲本的抗条锈病表现

感病对照铭贤 169 和小偃 22 在苗期和成株期对小麦条锈病均表现高度感病 ( $IT \geq 8, DS \geq 90\%$ )。西农 302 在苗期对 CYR32 和 CYR34 均表现微弱抗性 ( $IT = 6$ ),但在成株期多环境条件下对条锈病表现高水平的抗性 ( $IT \leq 2, DS \leq$

10%),说明西农 302 的抗病性主要为成株期抗性。百农矮抗 58 在苗期对 CYR32 和 CYR34 均表现高抗,反应型分别为 0 和 2,在成株期不同环境条件下表现为高抗—中抗,DS 值为 10%~60%;西农 865 在苗期对 CYR32 表现感病 ( $IT = 9$ ),但对 CYR34 表现中等水平的抗性 ( $IT = 4$ ),在田间条件下对条锈病表现为高抗—中抗,DS 值为 1%~10%。虽然西农 302 的双亲百农矮抗 58、西农 865 均具有成株期抗性,但是在不同环境条件下它们之间的抗性强弱存在差异,例如在 2021—2022 年环境条件下,西农 302 的抗病性最好,严重度为 0%,而百农矮抗 58 和西农 865 的严重度分别为 60%和 10%,说明西农 302 的成株期抗病性是由百农矮抗 58、西农 865 所持有的不同抗病位点聚合而来(表 2)。

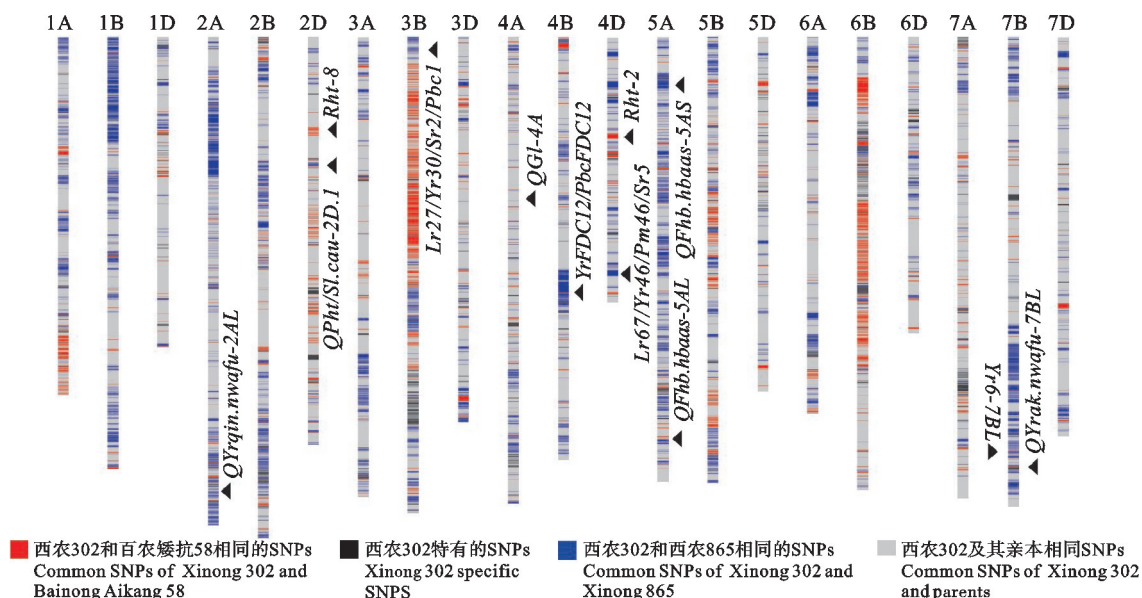


图 2 西农 302 基因组构成图谱

Fig. 2 Genotypic maps of 21 chromosomes from Xinong 302 based on 16K SNP array

表 2 西农 302 及其亲本的苗期和成株期抗病性

Table 2 Stripe rust response of Xinong 302 at seedling and adult plant stages

材料 Material	苗期 Seedling stage		成株期 Adult plant stage							
	CYR32	CYR34	2020—2021 年杨凌 Yangling in 2020—2021		2021—2022 年杨凌 Yangling in 2021—2022		2021—2022 年江油 Jiangyou in 2021—2022		2021—2022 年贵阳 Guiyang in 2021—2022	
			严重度 Severity/%	抗性 Resistance	严重度 Severity/%	抗性 Resistance	严重度 Severity/%	抗性 Resistance	严重度 Severity/%	抗性 Resistance
铭贤 169 Mingxian 169	9	9	100	S	100	S	100	S	100	S
小偃 22 XiaoYan 22	8	9	100	S	90	S	90	S	100	S
西农 302 Xinong 302	6	6	1	R	10	R	0	R	1	R
西农 865 Xinong 865	9	4	1	R	10	MR	5	R	10	MR
百农矮抗 58 Bainong Aikang 58	0	2	10	R	60	MR	20	R	60	MR

苗期鉴定数值为反应型。R:抗病;MR:中抗;S:感病。

The tested values at seedling stage are infection type. R: Resistance, MR: Moderately resistant; S: Susceptible.

### 2.3 西农 302 及其亲本重要农艺性状表现

通过不同环境的试验,西农 302 的株高在三个环境中的变化范围为 74.00~81.00 cm,显著高于百农矮抗 58,与西农 865 没有显著差异,说明西农 302 具有相对理想株高(表 4);西农 302 的穗长仅在杨凌环境中显著高于百农矮抗 58,与西农 865 间的穗长无显著差异;西农 302 的穗数在青岛环境中显著高于百农矮抗 58,在南阳环境中显著高于西农 865 和百农矮抗 58,在杨凌环境中与双亲无显著差异;西农 302 的小穗数在青岛环境中显著高于百农矮抗 58,在杨凌和南阳环境中无显著差异;西农 302 的穗粒数在青岛环境中显著高于百农矮抗 58,在杨凌环境中显著高于西农 865 和百农矮抗 58;西农 302 的千粒重在杨凌和南阳环境中与双亲均无显著差异,在青岛环境中千粒重显著低于双亲;西农 302 的产量在南阳环境中显著高于双亲,在青岛和杨凌中介于双亲之间。综上所述,小麦新品系西农 302 具有相对理想株高,穗数、小穗数和穗粒数均较高,最终产量显著高于百农矮抗 58。

### 2.4 西农 302 的重要农艺性状位点分析

西农 302 的重要农艺性状主要包括抗病(条锈病、叶锈病、白粉病、赤霉病)、产量(株高、穗粒数、千粒重)和品质。根据小麦 0.1K 前景芯片的检测结果(表 4),西农 302 中含有多抗位点 *Lr27/Yr30/Sr2/Pbc1*、*Lr67/Yr46/Pm46/Sr5*, 抗条锈

病位点 *QYrqin.nwafu-2AL*、*YrFDC12/PbcFDC12*, 抗赤霉病位 *QFhb.hbaas-5AS*、*QFhb.hbaas-5AL*, 矮秆基因 *Rht-2*、*Rht-8* 和 *QPhT/Slcau-2D.1*, 以及千粒重位点 *QGI-4A*, 共有 10 个重要性状相关优异位点。

结合抗西农 302 及其亲本的抗条锈病表现分析(表 2),西农 302 优异成株期抗病性是由百农矮抗 58、西农 865 所含有的不同抗病位点聚合而来。西农 302 和西农 865 同时含有 *QYrqin.nwafu-2AL*、*YrFDC12* 以及多抗位点 *Lr27/Yr30/Sr2* 三个抗条锈病位点(表 4),而百农矮抗 58 未检测到任何抗条锈病位点,说明西农 302 的抗性位点 *QYrqin.nwafu-2AL*、*YrFDC12/PbcFDC12* 和 *Lr27/Yr30/Sr2/Pbc1* 来源于亲本西农 865。由于百农矮抗 58 对条锈病表现全生育期抗病性,说明百农矮抗 58 携带有其他不包括在 0.1K 前景芯片中的抗条锈病基因。为了进一步确定 0.1K 前景芯片的检测结果以及西农 302 的抗条锈病位点,分析了上述抗条锈病基因/QTL 定位基因组区段,对比西农 302 与亲本百农矮抗 58 和西农 865 的差异,结果显示, *QYrqin.nwafu-2AL* (703~708 Mb)、*YrFDC12/PbcFDC12-ABL* (622.0~634.3 Mb) 和 *Lr27/Yr30/Sr2/Pbc1-3BS* (4.3~9.1 Mb) 的定位区段均来自西农 865, *QYrak.nwafu-7BL* (718.3~721.4 Mb)、*Yr6-7BL* (709 Mb) 的定位区段来自亲本百农矮抗 58(图 2)。

表 3 西农 302 及其亲本主要农艺性状统计

Table 3 Statistical analysis of the agronomical traits in Xinong 302 and its parents

环境 Environment	材料 Material	每平方米穗数 Spike number persquare meter	小穗数 Spikelet number per spike	穗粒数 Kernels per spike	株高 Plant height/cm	穗长 Spike length/cm	千粒重 1 000-grain weight/g	产量 Grain yield/ (kg · hm <sup>-2</sup> )
青岛 Qingdao	西农 302 Xinong 302	348a	18.33a	41.00a	74.00a	9.77a	44.00c	5 732.69b
	西农 865 Xinong 865	304a	17.67ab	39.00a	72.33a	9.83a	49.66a	5 915.30a
	百农矮抗 58 Bainong Aikang 58	299b	15.67b	32.00b	65.67b	8.90a	47.67b	5 090.26c
杨凌 Yangling	西农 302 Xinong 302	420a	20.33a	49.00a	75.67a	9.87a	43.68a	8 794.38c
	西农 865 Xinong 865	448a	19.67a	44.00b	77.67a	10.33a	49.30a	8 993.38a
	百农矮抗 58 Bainong Aikang 58	407a	19.00a	45.67b	69.00b	9.10b	47.06a	8 557.50b
南阳 Nanyang	西农 302 Xinong 302	354a	18.00a	45.33a	81.00a	8.60a	41.57a	8 609.00a
	西农 865 Xinong 865	320b	18.67a	43.00a	81.67a	9.83a	47.93a	9 259.50b
	百农矮抗 58 Bainong Aikang 58	322b	18.33a	42.33a	73.00b	8.73a	45.69a	8 557.50c

同列数值后不同字母表示同一环境下不同品种(系)间在 0.05 水平上差异显著。

Different letters after the values within the same columns indicate significant difference among tested cultivars (line) at 0.05 level.

西农 302 株高相对理想(74.00~81.00 cm),且受多基因调控。通过 0.1K 前景芯片检测,西农 302 与百农矮抗 58 同时含有矮秆基因*Rht-2*、*Rht-8*,与西农 865 同时含有矮秆基因*QPht/Sl*。

*cau-2D.1*。西农 302 的千粒重为 41.57~44.00 g,西农 302 及其双亲同时含有与千粒重相关的位点*QGI-A* (120~140 Mb)。这说明西农 302 聚合了双亲的矮秆和千粒重基因(图 2)。

表 4 西农 302 及亲本的 0.1K 前景芯片检测结果  
Table 4 Result of Xinong 302 and its parents by 0.1K prospect array

性状 Traittype	基因/QTL Gene/QTL	染色体 Chromosome	百农矮抗 58 Bainong Aikang 58	西农 865 Xinong 865	西农 302 Xinong 302
多抗位点 Multiple resistance sites	<i>Lr46/Yr29/Pm39/Sr58</i>	1BL			
	<i>Lr27/Yr30/Sr2/Pbc1</i>	3BS		+	+
	<i>Lr67/Yr46/Pm46/Sr5</i>	4DL		+	+
	<i>Lr34/Yr18/Pm38/Sr57</i>	7DS			
条锈病抗性 Stripe rust resistance	<i>Yr17</i>	2AS			
	<i>Yr26</i>	1BS			
	<i>Yr75</i>	7AL			
	<i>Yr78</i>	6BS			
	<i>Yr80</i>	3BL			
	<i>Yr82</i>	3BL			
	<i>QYrqin.nwafu-2AL</i>	2AL		+	+
	<i>QYrhm.nwafu-2BC</i>	2BC			
	<i>QYrqin.nwafu-2BL</i>	2BL			
	<i>QYrsn.nwafu-3DL</i>	3DL			
白粉病抗性 Powdery mildew resistance	<i>YrFDC12/PbcFDC12</i>	4BL		+	+
	<i>Pm2a</i>	5DS			
	<i>Pm21</i>	6AS			
赤霉病抗性 Scab resistance	<i>QFhb.hbaas-1AS</i>	1AS			
	<i>Qfhb.caas-3BL</i>	3BL			
	<i>QFhb.hbaas-5AS</i>	5AS		+	+
	<i>QFhb.hbaas-5AL</i>	5AL		+	+
叶锈病抗性 Leaf rust resistance	<i>QFhb.caas-5AL</i>	5AL			
	<i>Lr21</i>	1DS			
	<i>Lr37</i>	2AS			
花叶病毒病抗性 Mosaic virus resistance	<i>Lr68</i>	7BL			
	<i>Sbwm-1</i>	5DL			
	<i>TaSdr-A1</i>	2AS	+		
穗发芽抗性 Spike sprouts	<i>TaAFP-B</i>	2BS			
	<i>TaMFT-3A</i>	3AS			
株高 Plant height	<i>Rht-1</i>	4BS			
	<i>Rht-2</i>	4DS	+		+
	<i>Rht-8</i>	2DS	+		+
	<i>QPht/Sl.cau-2D.1</i>	2DS		+	+
千粒重 1 000- grain weight	<i>TaCwi-A1</i>	2AL			
	<i>TaSus2-2B</i>	2BS			
	<i>QGI-4A</i>	4AS	+	+	+
品质 Quality	<i>PinB2</i>	7BL			

“+”代表存在该位点。

“+” indicates the SNP exists.

### 3 讨论

#### 3.1 0.1K 前景和 16K 背景芯片为小麦品种(系)的遗传解析提供了新的工具

前人对小麦骨干亲本的遗传构成和重要性状遗传基础的研究主要依赖于高通量的重测序<sup>[21]</sup>、简化基因组测序,中等通量的 35K<sup>[22]</sup>、55K<sup>[6]</sup>、90K<sup>[23]</sup>、660K<sup>[24]</sup>、820K 等基因芯片测序,以及低通量的 SSR、STS、KASP 等单标记的分子检测<sup>[25-26]</sup>,这些方法由于成本高、灵活性较低、通量较小、试验或测序平台依赖性强等多种不同的原因,在一定程度上限制了其在中小型育种单位中的应用。本研究首先通过 16K 背景选择芯片对西农 302 的遗传构成进行分析,获得两个亲本对西农 302 的遗传贡献率,并明确各基因组区段的来源;然后,利用 0.1K 前景芯片对西农 302 所含有的重要抗病、农艺、产量等相关基因/QTL 进行检测与分析;最后,结合西农 302 亲本百农矮抗 58 的抗条锈病 QTL 定位结果以及西农 302 中各基因/QTL 所在基因组区段的亲本来源,最终确定西农 302 所含有的抗条锈病基因/QTL 位点,明确西农 302 的抗条锈病遗传基础。0.1K 前景和 16K 背景芯片为小麦品种(系)的解析提供了新的方案。根据 0.1K 前景芯片分析结果,西农 302 含有来自西农 865 的 *QYrqin.nwafu-2AL*、*YrFDC12* 和 *Lr27/Yr30/Sr2* 抗条锈病位点;根据 16K 背景芯片的基因组构成分析结果,这些位点所在的基因组区段均继承于西农 865;0.1K 前景和 16K 背景芯片的分析结果能够相互印证,使得结论更加可靠。此外,由于小麦的重要功能基因克隆与挖掘以及分子标记开发等基础研究相对比较薄弱,当前 0.1K 前景选择芯片所包含的遗传位点还非常有限,一些不包含在其中的重要基因/QTL 位点则无法被检测到,例如西农 302 所含有的 *QYrak.nwafu-7BL* 位点,这使得对于新品种(系)的遗传解析可能会存在遗漏,对于此方面需要加强小麦基础研究,挖掘更多的重要基因位点和分子标记;另一方面需要对 0.1K 前景芯片进行不断升级和优化,使得其能够及时地囊括更多的重要基因/QTL 位点,包含的信息更加全面。

#### 3.2 西农 302 的偏亲遗传可能与育种目标相关

根据经典遗传学规律,在理想状态下双亲对单交品种的遗传贡献率理论值为 50%。然而,本研究通过 16K 背景芯片对西农 302 的遗传构成

进行分析发现,西农 302 更多地继承了母本西农 865 的遗传物质(相对遗传贡献率为 64.28%),在全基因组、亚基因组、染色体水平上均出现了遗传偏亲现象,其中 1B、2A、3B、4B、5A、6D、7B、7D 染色体高度遗传于西农 865(相对遗传贡献率高于 95%)。对其他小麦骨干亲本或主要品种进行遗传构成分析也发现了类似的现象,如新麦 26 中有 62.28% 的遗传贡献来源于新麦 45<sup>[7]</sup>,周麦 16 中有 64.23% 的遗传贡献来源于周 8425B<sup>[26]</sup>,周麦 23 中有 63.04% 的遗传贡献来源于百农矮抗 58<sup>[27]</sup>。这种偏亲分离现象的出现可能与育种选择目标有关,如淮麦 33 中较多地保留了母本烟农 19 中与产量相关的重要染色体区域<sup>[28]</sup>,在川麦 44 的衍生品种中共筛选出 52 个高遗传率片段<sup>[24]</sup>。在西农 302 的选育过程中,抗病性一直作为最重要的育种目标之一,该品系的抗病性主要来自母本西农 865,成功地继承了西农 865 的抗条锈病位点 *QYrqin.nwafu-2AL*、*YrFDC12* 和 *Lr27/Yr30/Sr2*,抗赤霉病位点 *QFhb.hbaas-5AS* 和 *QFhb.hbaas-5AL*,携带这些抗病基因/QTL 的 2A、3B、4B、5A 染色体则主要由西农 865 贡献(相对遗传贡献率均超过 95%)。

西农 302 除了继承了西农 865 中 64.28% 的遗传物质和百农矮抗 58 中 30.22% 的遗传物质,还存在 5.51% 的特异性位点。理论上单交品种的等位变异均来自于双亲,但在育种过程中存在较小比例不同于亲本的特异性位点,如郑品麦 24 号存在 2.93% 的特异性位点<sup>[29]</sup>,淮麦 33 存在 10.4% 的特异性位点<sup>[28]</sup>。造成这种现象的原因可能是在选育过程中产生了小概率的碱基突变、插入、缺失、置换等自然变异,从而形成不同于双亲之间的遗传变异。

#### 3.3 西农 302 可以作为新的育种材料应用于小麦抗病遗传改良

本研究发现,西农 302 对条锈病表现高水平的抗性,并且在多环境条件下抗性表现优于亲本西农 865 和百农矮抗 58(表 2)。综合 0.1K 前景和 16K 背景芯片的检测结果,西农 302 聚合了来自母本西农 865 的 *QYrqin.nwafu-2AL*、*YrFDC12* 和 *Lr27/Yr30/Sr2* 等三个抗条锈病位点,以及来自父本百农矮抗 58 的 *QYrak.nwafu-7BL*(图 2,表 3)。*QYrqin.nwafu-2AL* 是 Zeng 等<sup>[30]</sup> 在中国陕西小麦秦农 142 中定位到的主效抗条锈 QTL 位点,后来 Huang 等<sup>[11]</sup> 在陕西小麦西农

3517 中再次定位到了该位点。*Lr27/Yr30/Sr2/PmX* 是持久广谱多抗位点,同时对条锈病、叶锈病、秆锈病、白粉病有效,被广泛应用于小麦持久抗病育种<sup>[31]</sup>。由于*Lr27/Yr30/Sr2/PmX* 单独的抗性微弱,常常与其他抗病基因/QTL 聚合使用。*YrFDC12* 是在中国小麦丰德存 12 号中定位到的一个主效抗条锈病位点。研究发现,在瑞华麦 520/丰德存麦 12 号 RIL 群体中,*Lr27/Yr30/Sr2/PmX* 与 *YrFDC12* 之间通过上位性互作共同增强小麦的抗病性<sup>[32]</sup>; *Lr27/Yr30/Sr2* 与 *YrFDC12* 分别与控制拟黑颖性状的 *Pbc1* 和 *PbcFDC* 共分离,以拟黑颖作为形态学工具可以对 *Yr30-YrFDC12* 组合的抗性进行选择。*QYrak.nwafu-7BL* 是从百农矮抗 58 中定位到的主要抗条锈病位点,根据系谱和分子标记分析,该位点可能与 *YrZH84* 为同一抗病位点。这些抗病位点均被报道为成株期抗病性,这种抗性往往具有广谱持久抗病特征,其中 *Lr27/Yr30/Sr2/PmX* 和 *QYrak.nwafu-7BL* 的广谱持久性已被证明,西农 302 的抗条锈病性由这些位点聚合而来,因此我们推测西农 302 可能也具有持久广谱抗性。除了抗条锈病位点外,西农 302 还聚合了亲本的抗赤霉病 QTL *QFhb.hbaas-5AS* 和 *QFhb.hbaas-5AL*、矮秆基因 *Rht-2*、*Rht-8* 和 *QPhT/Sl.cau-2D.1*、千粒重 QTL *QGl-4A* 等多个重要性状相关优异位点,表现出很好的农艺性状和产量潜力。综上,西农 302 具有优良的生产性状以及丰富的抗病性位点,不仅可以作为后备品种应用于小麦绿色生产,而且可以作为一个新的抗条锈病种质用于未来小麦抗病遗传育种。

## 4 结论

本研究主要得到以下结论:1)以小麦新品种(系)西农 302 为材料,验证了 0.1K 前景芯片和 16K 背景芯片在小麦品种(系)遗传构成和重要性状遗传基础解析方面的应用;2)西农 302 表现出明显的偏亲遗传现象,继承自母本西农 865 的遗传物质约为父本百农矮抗 58 的两倍;3)西农 302 具有优良的成株期抗病性,同时聚合了 *QYrqin.nwafu-2AL*、*Lr27/Yr30/Sr2*、*YrFDC12* 和 *QYrak.nwafu-7BL* 等多个抗病基因/QTL 位点,可以用于未来小麦的抗病遗传改良。

## 参考文献:

- [1] 景海春,田志喜,种康,等. 分子设计育种的科技问题及其展望[J]. 中国科学: 生命科学, 2021, 51(10): 1356.  
JING H C, TIAN Z X, CHONG K, et al. Progress and perspective of molecular design breeding [J]. *Scientia Sinica (Vita)*, 2021, 51(10): 1356.
- [2] 何中虎,兰彩霞,陈新民,等. 小麦条锈病和白粉病成株抗性研究进展与展望[J]. 中国农业科学, 2011, 44(11): 2193.  
HE Z H, LAN C X, CHEN X M, et al. Progress and perspective in research of adult-plant resistance to stripe rust and powdery mildew in wheat [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2011, 44(11): 2193.
- [3] SHI X, CUI F, HAN X, et al. Comparative genomic and transcriptomic analyses uncover the molecular basis of high nitrogen-use efficiency in the wheat cultivar Kenong 9204 [J]. *Molecular Plant*, 2022, 15(9): 1440.
- [4] SUN C, DONG Z, ZHAO L, et al. The wheat 660K SNP array demonstrates great potential for marker-assisted selection in polyploid wheat [J]. *Plant Biotechnology Journal*, 2020, 18(6): 1354.
- [5] GRASSINI P, ESKRIDGE K M, CASSMAN K G. Distinguishing between yield advances and yield plateaus in historical crop production trends [J]. *Nature Communications*, 2013, 4: 2918.
- [6] 吴胜男,李英壮,王娜,等. 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.  
WU S N, LI Y Z, WANG N, et al. Dissection of genetic components in the new high-yielding wheat cultivar Shaannong 33 [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2021, 41(2): 134.
- [7] 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.  
KONG Z M, SONG X P. Genetic composition analysis of wheat variety Zhoumai 16 [J]. *Seed*, 2020, 39(9): 117.
- [8] 梅耀杰,刘成,韩冉,等. 利用 660K 芯片解析小麦品种济麦 262 的遗传构成[J]. 山东农业科学, 2021, 53(5): 94.  
MEI Y J, LIU C, HAN R, et al. Analysis on genetic composition of wheat variety Jimai 262 using 660K array [J]. *Shandong Agricultural Sciences*, 2021, 53(5): 94.
- [9] 徐云碧,杨泉女,郑洪建,等. 靶向测序基因型检测(GBTS)技术及其应用[J]. 中国农业科学, 2020, 53(15): 2983.  
XU Y B, YANG Q N, ZHENG H J, et al. Genotyping by target sequencing (GBTS) and its applications [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2020, 53(15): 2983.
- [10] XIANG M, LIU S, WANG X, et al. Development of breeder chip for gene detection and molecular-assisted selection by target sequencing in wheat [J]. *Molecular Breeding*, 2023, 43(2): 13.
- [11] HUANG S, ZHANG Y, REN H, et al. High density mapping of wheat stripe rust resistance gene *QYrXN3517-1BL* using QTL mapping, BSE-Seq and candidate gene analysis [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2023, 136(3): 39.
- [12] 韩德俊,张培禹,王琪琳,等. 1980 份小麦地方品种和国外种质抗条锈性鉴定与评价[J]. 中国农业科学, 2012, 45(24): 5013.  
HAN D J, ZHANG P Y, WANG Q L, et al. Identification and evaluation of resistance to stripe rust in 1980 wheat landraces and abroad germplasm [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2012, 45(24): 5013.

- [13]胡朝月,王凤涛,郎晓威,等.小麦抗条锈病基因对中国条锈菌主要流行小种的抗性分析[J].中国农业科学,2022,55(3):491.  
HU C Y, WANG F T, LANG X W, *et al.* Resistance analyses on wheat stripe rust resistance genes to the predominant races of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in China [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2022, 55(3):491.
- [14]LINE R, QAYOUM A. Virulence, aggressiveness, evolution and distribution of races of *Puccinia striiformis* (the cause of stripe rust of wheat) in North America, 1968—87 [R]. U S Department of Agriculture Technical Bulletin No 1788, 1992
- [15]李北,徐琪,杨宇衡,等.重庆麦区小麦品种(系)抗条锈性评价与基因分析[J].中国农业科学,2017,50(3):413.  
LI B, XU Q, YANG Y H, *et al.* Stripe rust resistance and genes in Chongqing wheat cultivars and lines [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2017, 50(3):413.
- [16]戴妙飞,穆京妹,王晓婷,等. ICARDA 小麦种质抗条锈资源筛选和抗病基因分析[J].麦类作物学报,2019,39(8):934.  
DAI M F, MU J M, WANG X T, *et al.* Screening of stripe rust resistance resources and analysis of resistance genes in ICARDA wheat germplasm [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2019, 39(8):934.
- [17]黄硕.三个小麦品种(系)条锈病抗性遗传解析以及成株期抗条锈病基因YrXZ9104的精细定位[D].杨凌:西北农林科技大学,2021.  
HUANG S. Genetic analysis and molecular mapping of stripe rust resistant genes in three wheat varieties and fine mapping for adult-plant resistance gene YrXZ9104 to stripe rust in wheat [D]. Yangling: Northwest A&F University, 2021.
- [18]PETERSON R F, CAMPBELL A B, HANNAH A E. A diagrammatic scale for estimating rust intensity on leaves and stems of cereals [J]. *Canadian Journal of Research*, 1948, 26c(5):496.
- [19]刘胜杰.四个小麦品种(系)的抗条锈病遗传解析与QYrnap.nwafu-2BS(YrNP63)的图位克隆[D].杨凌:西北农林科技大学,2022.  
LIU S J. Genetic analysis of stripe rust resistance of four wheat varieties (lines) and map-based cloning of QYrnap.nwafu-2BS (YrNP63) [D]. Yangling: Northwest A&F University, 2022.
- [20]VAN BERLOO R, GGT 2. 0: Versatile software for visualization and analysis of genetic data [J]. *Journal of Heredity*, 2008, 99(2):232.
- [21]杨正钊,王梓豪,胡兆荣,等.小麦主栽品种济麦22与良星99的基因组序列多态性比较分析[J].作物学报,2020,46(12):1870.  
YANG Z Z, WANG Z H, HU Z R, *et al.* Comparative analysis of the genomic sequences between commercial wheat varieties Jimai 22 and Liangxing 99 [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2020, 46(12):1870.
- [22]李式昭,王琴,郑建敏,等.利用基因芯片分析西南麦区主栽小麦品种川麦104的遗传构成[J].麦类作物学报,2021,41(6):665.  
LI S Z, WANG Q, ZHENG J M, *et al.* Analysis of genetic components in the major wheat cultivar Chuanmai 104 in southwest wheat region based on three wheat SNP arrays [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2021, 41(6):665.
- [23]刘丽华,庞斌双,刘阳娜,等.基于SNP标记的小麦高通量身份鉴定模式[J].麦类作物学报,2018,38(5):529.  
LIU L H, PANG B S, LIU Y N, *et al.* High-throughput identification mode for wheat varieties based on SNP markers [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2018, 38(5):529.
- [24]郑建敏,罗江陶,万洪深,等.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.  
ZHENG J M, LUO J T, WAN H S, *et al.* Genetic contribution of Chuanmai 44 to its derivatives analyzed by a wheat 660K SNP array [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2019, 39(11):1293.
- [25]袁园园,王庆专,崔法,等.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.  
YUAN Y Y, WANG Q Z, CUI F, *et al.* Specific loci in genome of wheat milestone parent Bima 4 and their transmission in derivatives [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2010, 36(1):9.
- [26]肖永贵,殷贵鸿,李慧慧,等.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.  
XIAO Y G, YIN G H, LI H H, *et al.* 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.
- [27]邹少奎,殷贵鸿,唐建卫,等.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.  
ZOU S K, YIN G H, TANG J W, *et al.* Genetic analysis of new wheat variety Zhoumai 23 and screening of specific primers [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2015, 48(19):3941.
- [28]杨子博,王安邦,冷苏凤,等.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.  
YANG Z B, WANG A B, LENG S F, *et al.* Genetic analysis of the novel high-yielding wheat cultivar Huaimai33 [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2018, 51(17):3237.
- [29]陈晓杰,范家霖,杨保安,等.郑品麦24号的遗传构成及重要性状功能基因组解析[J].河南农业科学,2021,50(11):15.  
CHEN X J, FAN J L, YANG B A, *et al.* Genetic component and important traits gene composition of new wheat variety Zhengpinmai 24 [J]. *Journal of Henan Agricultural Sciences*, 2021, 50(11):15.
- [30]ZENG Q, WU J, LIU S, *et al.* Genome-wide mapping for stripe rust resistance loci in common wheat cultivar Qinnong 142 [J]. *Plant Disease*, 2019, 103(3):439.
- [31]WARD B P, MERRILL K, BULLI P, *et al.* Analysis of the primary sources of quantitative adult plant resistance to stripe rust in U. S. soft red winter wheat germplasm [J]. *The Plant Genome*, 2021, 14(1):e20082.
- [32]LIU S, WANG X, ZHANG Y, *et al.* Enhanced stripe rust resistance obtained by combining Yr30 with a widely dispersed, consistent QTL on chromosome arm 4BL [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2022, 135(1):351.