

网络出版时间:2025-03-25

网络出版地址:https://link.cnki.net/urlid/61.1359.S.20250324.1543.002

硬粒小麦-普通小麦杂交后代农艺与品质性状分析

马本兴, 崔赫, 赵海波, 王莹, 郑豫川, 高翔, 杨明明, 赵万春, 李晓燕, 董剑

(西北农林科技大学农学院, 陕西杨凌 712100)

摘要:为给小麦遗传改良和新品种选育提供丰富材料,对161份硬粒小麦与普通小麦杂交后代 F_6 株系的农艺性状、条锈病抗性和品质性状进行检测,并对主要性状进行相关分析和主成分分析,利用0.1K基因芯片对其进行功能基因检测。结果发现,161份株系的农艺和品质性状变异较大,遗传多样性较丰富,大多数被测性状出现超亲现象。对被测性状进行主成分分析,综合排名前三株系的编号分别为137、98和155。对被测性状进行Q型聚类分析,161份株系可划分为五个类群,其中第Ⅲ类群综合表现最好,包括60个株系,具有高抗条锈病、小穗排列紧密、蛋白质含量高且质量好等特性,10号株系表现最好。利用0.1K芯片分析群体功能基因的分布,结合性状表现分析发现, F_6 群体后代中含有*TaCwi-A1*、*Qpht-2D*、*Yr17*基因,分别对提高千粒重、降低株高、抗条锈病有正向效应。主成分分析排名前列和Q聚类分析第三类群性状较好的株系可用于陕西小麦农艺与品质性状的遗传改良。

关键词:普通小麦;硬粒小麦;杂交株系;农艺性状;芯片分析

中图分类号:S512.1;S330

文献标识码:A

文章编号:1009-1041(2025)04-0440-08

Analysis of Agronomic and Quality Traits in the Progeny of Durum Wheat-Common Wheat Hybrids

MA Benxing, CUI He, ZHAO Haibo, WANG Ying, ZHENG Yuchuan, GAO Xiang,
YANG Mingming, ZHAO Wanchun, LI Xiaoyan, DONG Jian

(College of Agronomy, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi 712100, China)

Abstract: In order to provide abundant materials for genetic improvement and breeding of new wheat varieties, the agronomic traits, stripe rust resistance and quality traits of 161 F_6 lines derived from a crossing between durum wheat and common wheat were determined; the correlation analysis and principal component analysis of the main traits were carried out, and 0.1K gene array was used for the functional gene analysis. The results showed that the top three lines were the number of 137, 98 and 155, respectively. The Q-type cluster analysis of the tested traits showed that the 161 lines were divided into five groups, among which group III showed the best comprehensive performance, including 60 lines, with high resistance to stripe rust, tight spikelet arrangement, high protein content and good quality, and the number 10 line was the most representative. The distribution of population functional genes was analyzed by 0.1K array, and it was found that the offspring of F_6 population contained *TaCwi-A1*, *Qpht-2D* and *Yr17* genes, which had positive effects on increasing 1 000-grain weight, reducing plant height, and resisting to stripe rust. The agronomic and quality traits of the 161 lines varied greatly, and the genetic diversity was rich. The top three lines that the number of 137, 98 and 155, and the third group from Q-type can be used for genetic improvement of wheat agro-

收稿日期:2024-05-07 修回日期:2024-10-21

基金项目:陕西省重点研发计划项目(22NY-184)

第一作者 E-mail:1659119968@qq.com(马本兴)

通讯作者 E-mail:dj4322@163.com(董剑)

onomic and quality traits in Shaanxi.

Keywords: Common wheat; Durum wheat; Hybrid lines; Hybrid lines; Agronomic traits; Microarray analysis

小麦(*Triticum aestivum* L.)是世界主要粮食作物之一。极端气候、耕地面积减少和病虫害加剧是威胁小麦产量与品质的重要因素,选育广适、多抗品种是实现小麦高产、稳产和优质的重要途径。目前,小麦品种选育多为种内杂交,长期人为选择造成部分优异基因丢失、遗传背景狭窄、品种同质化等问题。硬粒小麦由野生二粒小麦(*Triticum dicoccoides* L.)进化而来,是普通小麦育种的重要种质资源^[1]。由粗山羊草与硬粒小麦杂交再经染色体加倍形成的双二倍体即人工合成小麦,与普通小麦相比,具有一些优异基因和丰富的遗传背景,可用于普通小麦育种^[2-4]。如人工合成小麦 CI184 对条锈病具有抗性,在其 1B 染色体上检测到的抗病 QTL 位点可解释 15% 的抗条锈性^[5];硬粒小麦种内自交重组群体中,1AL、4AL、5AL 上有多个位点与抗白粉病基因相关^[6];在硬粒小麦与栽培二粒小麦杂交重组自交系群体中,筛选出 11 个与产量相关的 QTL,且在多种环境下均能稳定表达^[7];5 个优质硬粒小麦品种(系)两两杂交后,千粒重的杂种优势值最高,而穗长和穗粒数对产量的影响大于千粒重^[8];硬粒小麦与普通小麦杂交后代的有效穗数高于普通小麦^[9]。这些研究结果均表明,硬粒小麦对普通小麦遗传育种具有较高的应用价值,其优秀基因和性状有待进一步研究和挖掘。硬粒小麦品种 474 的千粒重、穗长、穗粒数表现优异,本课题组以其为母本与普通小麦优质高产品种杂交,经系谱法选育获得 F₆ 代群体。本研究对该群体 161 个株系的农艺性状、条锈病抗性和品质性状进行综合分析,并利用 0.1K 基因芯片进行功能基因检测,以筛选优秀株系,为硬粒小麦在普通小麦遗传育种中的应用提供参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试材料为本课题组以农艺性状优秀的硬粒小麦品种 474(母本)与优质高产普通小麦品种西农 333 杂交、通过系谱法选育得到的 161 个 F₆ 株系,硬粒小麦 474、西农 333 和用于条锈病鉴定的感条锈病品种辉县红种子由陕西小麦工程技术研究中心提供。

1.2 试验方法

2021 年 10 月所有材料按照随机区组设计种植于西北农林科技大学北校区试验农场(108.39°E,34.17°N)。人工点播,每个株系种 2 行,行长 1.5 m,行距 0.25 m,株距 0.1 m,播深 0.05 m 左右;两行区,小区间留 0.3 m 过道。在小区中间每隔 1 m 点播 3~5 粒辉县红,用于条锈菌接种。小麦管理同当地大田。

1.3 功能基因鉴定

小麦开花期,选取各材料新鲜叶片,采用 CTAB 方法提取基因组 DNA,送至博瑞迪生物技术有限公司进行 0.1K 基因芯片杂交分析,检测矮秆基因 *Rht-B1b*、*Rht-D1b*、*Rht-8*、*QPhT-2D*、*Rht24-AP2*、千粒重基因 *Tabas1*、*TaGW2-6A*、*TaCwi-A1*、*TaSus2-2B* 和抗条锈病基因 *Yr5*、*Yr17*、*Yr30*、*Yr78*、*Yr82*。

1.4 条锈病抗性鉴定

参照小麦区域试验抗条锈病鉴定技术规程,条锈病接种菌株选用强致病力的 CYR32、CYR33 和 CYR34。将条锈菌混合小种与淀粉以 1:1 000 比例混匀,采用小麦叶心抖粉法,在小麦拔节期对辉县红接种;当辉县红的病害严重度达到 90%~100% 时,对供试材料的发病情况进行田间调查,结果根据严重度分为 0~9 级。参考李桂萍等^[10]方法,根据严重度等级进行抗病性评价,0~3 级为抗病型,4~6 级为中抗型,7 级为中感型,8~9 级为感病型。

1.5 农艺性状调查

小麦成熟期,每个材料随机选取代表性植株 10 株,调查包括株高、穗长、穗粒数、千粒重等农艺性状

1.6 品质性状测定

使用近红外品质分析仪进行籽粒蛋白质含量测定;使用快速粘度仪对面粉进行峰值粘度等粘度特性的测定;使用电子粉质仪对面粉进行稳定时间等粉质特性的测定。HMW-GS 的检测参考范家霖等^[11]方法进行;按照 Payne 等^[12]对 HMW-GS 的评分标准进行得分统计。

1.7 数据处理

用 Excel 进行数据整理,用 SPSS 进行相关性分析和主成分分析,用 Origin 对农艺性状进行

聚类分析及绘图。

2 结果与分析

2.1 F₆ 群体的农艺性状及品质性状分析

从表1可以看出,F₆群体农艺性状的变异系数由小到大依次为穗长、穗粒数、株高、千粒重、发病等级和严重度。母本穗长8.12 cm,小穗排列紧密,穗粒数59.58粒,株高93.60 cm,千粒重49.25 g。F₆杂交后代中,穗长大于母本的株系占95.13%;株高最小为67.20 cm,低于80 cm的约占三分之一;千粒重平均值大于两个亲本,但变异系数较小。穗长、株高和千粒重均有超亲遗传现象,超亲株系可作为小麦性状改良的种质资源。

品质性状的变异系数从小到大依次为蛋白质含量、粉质质量、高分子量麦谷蛋白评分、峰值时间、最终粘度、形成时间、弱化度、峰值粘度、低谷粘度和稳定时间。161个株系的蛋白质含量为10.03%~14.78%,变异系数仅7.19%,父本和母本的蛋白质含量分别为13.35%和12.45%。峰值黏度、低谷黏度、最终黏度均有超亲株系,且161个株系的平均值均大于双亲。F₆代其余被测指标的平均值介于双亲之间,除稳定时间外,其余指标均有超亲株系出现;稳定时间最小值1.70 min,最大值14.00 min,没有大于母本(16.10 min)的株系,但变异系数最大,说明后代群体变异丰富,可根据不同育种需求进行选择。

表1 F₆ 群体主要农艺性状

Table 1 Main agronomic traits of the F₆ population

性状 Trait	母本 Female	父本 Male	最小值 Min	最大值 Max	平均值 Mean	变异系数 CV/%	标准偏差 SD
SL/cm	8.12	8.10	6.37	12.53	10.38	10.40	1.08
GNS	59.58	63.5	33.00	61.33	47.70	11.51	5.49
PH/cm	93.60	83.57	67.20	110.20	90.82	10.78	9.79
TGW/g	49.25	50.45	37.50	62.68	51.95	8.12	4.22
IT	1	5	1	8	3	78.55	2
SE/%	5.0	60.0	5.0	80.0	26.7	95.20	25.4

Min;最小值;Max;最大值;CV;变异系数;SD;标准偏差;SL;穗长;GNS;穗粒数;PH;株高;TGW;千粒重;IT;感病等级;SE;严重度。下同。

Min; Minimum; Max; Maximum; CV; Coefficient of variation; SD; Standard deviation; SL; Spike length; GNS; Grain number per spike; PH; Plant height; TGW; Thousand grains weight; IT; Infection type; SE; Severity. The same below.

表2 F₆ 群体品质性状表现

Table 2 Performance of quality traits of F₆ progeny population

性状 Trait	母本 Female	父本 Male	最小值 Min	最大值 Max	平均值 Mean	变异系数 CV/%	标准偏差 SD
PC/%	13.35	12.45	10.03	14.78	12.24	7.19	0.88
PV/cP	855	910	378	3 007	1 820	35.13	639
TV/cP	660	661	314	2 746	1 564	39.45	618
FV/cP	1 584	1 428	403	3 590	2 189	32.85	713
PT/min	5.60	5.73	3.08	6.87	5.15	19.61	1.01
ST/min	16.10	2.60	1.70	14.00	5.42	61.07	3.31
DT/min	6.32	3.20	2.40	10.50	4.61	34.49	1.59
FQN/%	72.3	56.2	47.9	82.0	64.1	13.50	8.6
HMW-GS	3.0	9.0	7.0	10.0	8.3	13.67	1.1
WD/FU	86.3	52.8	20.0	110.0	66.2	35.10	23.2

PC;蛋白质含量;PV;峰值粘度;TV;低谷粘度;FV;最终粘度;PT;峰值时间;ST;稳定时间;DT;形成时间;FQN;粉质质量;HMW-GS;高分子量麦谷蛋白评分;WD;弱化度。下同。

PC; Protein content; PV; Peak viscosity; TV; Trough viscosity; FV; Final viscosity; PT; Peak time; ST; Stability time; DT; Development time; FQN; Quality number; HMW-GS; Score of high molecular weight glutenin subunits; WD; Weakening degree. The same below.

2.2 F₆ 群体农艺性状与品质性状的相关分析

农艺性状的相关性分析结果(表 3)表明,穗长与穗粒数呈极显著正相关($P < 0.01$),与株高呈显著相关($P < 0.05$),与千粒重、发病等级和严重度相关不显著。穗粒数与其他被测性状相关性均不显著。株高与千粒重呈极显著正相关,与条锈病发病等级和严重度均呈极显著负相关。

从品质性状相关性分析结果(表 4)看,峰值粘度、峰值时间及低谷粘度三者之间存在极显著正相关($P < 0.01$);稳定时间与形成时间、粉质质量均呈极显著正相关,与弱化度呈极显著负相关;弱化度与形成时间呈极显著负相关;形成时间与粉质质量呈极显著正相关。

2.3 F₆ 群体被测指标的主成分分析

对 F₆ 群体的被测性状进行主成分分析发现,农艺性状可分为三个主成分(表 5),其累计贡献率大于 80%,可以反应大部分数据信息。第一主

成分的主效因子是发病等级和严重度,二者均与抗条锈病能力有关,将其称为抗条锈病因子。第二主成分的主效因子为穗长和穗粒数,二者均为穗部特征,将其称为穗部因子。第三主成分的主效因子是千粒重。根据 3 个主成分对 F₆ 进行综合排位分析,排名前 3 的编号依次为 135、143、103。

品质性状通过主成分分析可划分为四个主成分(表 6),其累计贡献率大于 92%。在第一主成分中,峰值粘度、低谷粘度、最终粘度和峰值时间载荷值较高,且均与粘度有关,将其称为粘度特性因子;在第二主成分中,稳定时间、弱化度、粉质质量和形成时间载荷值较高,且均与面团流变学特性有关,将其称为面团强度因子;在第三主成分中,高分子量麦谷蛋白载荷值最高;第四主成分中蛋白质含量载荷值最高。根据 4 个主成分对 F₆ 进行综合排位分析,排名前 3 的编号依次为 32、137、33。

表 3 F₆ 代农艺性状的相关系数
Table 3 Correlation coefficients of agronomic traits in F₆ generation

性状 Trait	穗长 SL	穗粒数 GNS	株高 PH	千粒重 TGW	发病等级 Infection type	严重度 Severity
SL	1					
GNS	0.438**	1				
PH	0.182*	0.010	1			
TGW	0.126	-0.059	0.222**	1		
IT	-0.045	-0.108	-0.483**	-0.116	1	
SE	-0.001	-0.134	-0.442**	-0.064	-0.116	1

* : $P < 0.05$; ** : $P < 0.01$ 。表 4 同。The same in table 4.

表 4 参试品系主要品质性状间的相关性
Table 4 Correlation between the main quality traits of the tested lines

Trait	PC	PV	TV	FV	PT	ST	DT	FQN	HMW-GS	WD
PC	1									
PV	0.092	1								
TV	-0.050	0.871**	1							
FV	-0.024	0.895**	0.977**	1						
PT	-0.138	0.532**	0.713**	0.708**	1					
ST	-0.099	-0.074	-0.087	-0.065	-0.032	1				
DT	-0.060	-0.103	-0.139	-0.121	-0.089	0.876**	1			
FQN	-0.037	-0.019	-0.019	-0.035	0.005	0.815**	0.693**	1		
HMW-GS	0.001	0.013	0.013	-0.054	0.037	-0.009	0.006	-0.083	1	
WD	0.035	0.015	0.007	0.007	-0.041	-0.646**	-0.491**	-0.929**	0.081	1

表 5 F₆ 群体的农艺性状主成分分析结果

Table 5 Principal component analysis of agronomic traits of F₆ lines

性状 Trait	PC1	PC2	PC3
SL	0.023	0.833	0.279
GNS	-0.110	0.842	-0.227
PH	-0.605	0.091	0.461
TGW	-0.036	-0.001	0.902
IT	0.965	-0.034	-0.038
SE	0.965	-0.026	0.037
ChV	2.352	1.374	1.085
CR/%	39.198	22.903	18.089
AC/%	39.198	62.100	80.190

PC1: 第一主成分; PC2: 第二主成分; PC3: 第三主成分; ChV: 特征值; CR: 贡献率; AC: 累计贡献率。下同。

PC1: The first principal component; PC2: The second principal component; PC3: The third principal component; ChV: Characteristic value; CR: Contribution rate; AC: Accumulative contribution. The same in table 6.

表 6 F₆ 群体的品质性状主成分分析结果

Table 6 Principal component analysis results of quality traits of F₆ lines

性状 Trait	PC1	PC2	PC3	PC4
PC	0.050	-0.051	0.000	0.997
PV	0.997	-0.013	0.005	0.042
TV	0.999	-0.018	0.010	0.026
FV	0.997	-0.022	0.009	0.020
PT	0.993	-0.024	0.007	0.007
HMW-GS	0.016	-0.054	0.992	0.000
ST	-0.055	0.933	-0.045	-0.069
DT	0.003	0.780	0.106	0.017
WD	0.010	-0.990	0.098	0.021
FQN	-0.010	0.968	-0.075	-0.020
ChV	4.018	3.223	1.000	0.986
CR/%	40.178	32.229	9.996	9.864
AC/%	40.178	72.406	82.402	92.266

2.4 F₆ 群体被测性状聚类分析

对 F₆ 群体所有被测性状进行 Q 型聚类分析, 结果(图 1)显示, 供试材料可分成 (I、II、III、IV、V) 五大类群, 第 I 类群有 31 个株系, 综合表现为穗较长, 穗粒数多, 千粒重高, 稳定时间较长, 但植株较高, 糊化特性较低, 株系 143 为类代表; 第 II 类群有 16 个株系, 和第 I 类群相比, 农艺性状和粉质特性表现稍好, 株系 25 为此类代表; 第

III 类群包括 60 个株系, 占 F₆ 的 40% 左右, 综合表现为植株较低, 小穗排列相对紧密, 千粒重高, 高抗条锈病, 蛋白质含量高, 峰值时间长, 高分子量麦谷蛋白评分高, 其中千粒重、蛋白质含量、峰值时间和高分子量麦谷蛋白评分为五大类中最高, 抗条锈病表现最好, 但穗较短、穗粒数较少, 株系 10 为此类代表; 第 IV 类群包含 13 个株系, 综合表现为穗较长, 穗粒数多, 千粒重高, 稳定时间和形成时间较长, 但植株较高, 高分子量麦谷蛋白评分较低, 株系 126 是此类群中最具代表性的; 第 V 类群有 41 个株系, 综合表现为短穗, 穗粒数少, 发病等级较高, 蛋白质含量低, 千粒重和高分子量麦谷蛋白评分为五类中最低, 稳定时间、形成时间最高, 株系 77 为此类群代表。

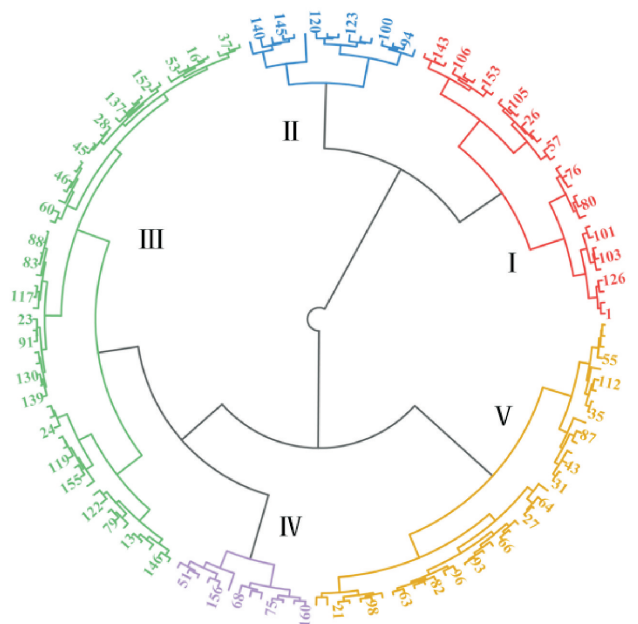


图 1 小麦群体农艺性状和品质性状综合聚类
Fig. 1 Comprehensive clustering of agronomic and quality traits of the wheat population

2.5 F₆ 群体功能基因的分布及其效应

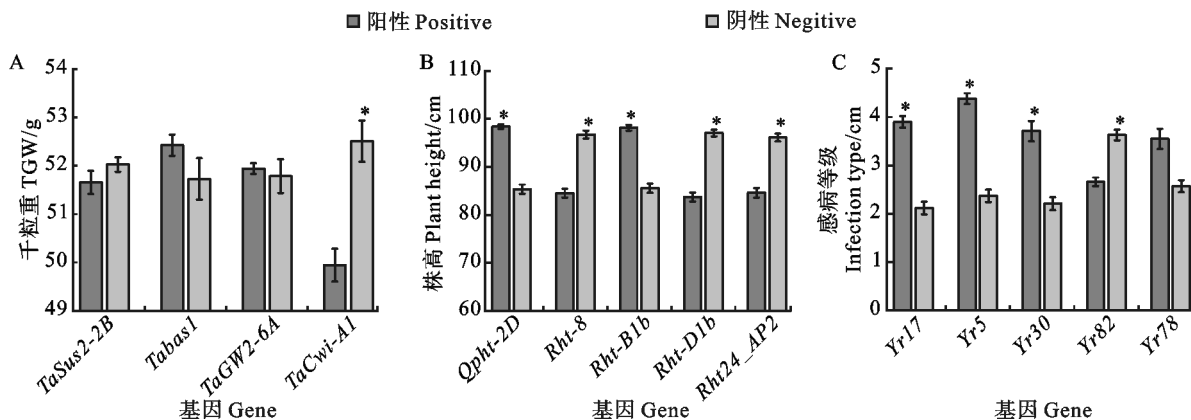
利用 0.1K 基因芯片对 F₆ 株系的粒重、株高和条锈病抗性相关基因检测结果(表 7)发现, 粒重基因 *Tabas1*、*TaGW2-6A*、*TaCwi-A1*、*TaSUS2-2B* 的分布频率依次为 80.12%、56.52%、4.97%、54.04%; 株高基因 *Rht-B1b*、*Rht-D1b*、*Rht-8*、*Qpht-2D*、*Rht24-AP2* 的分布频率依次为 59.01%、55.28%、52.80%、59.01%、55.28%; 抗条锈病相关基因 *Yr5*、*Yr17*、*Yr30*、*Yr78*、*Yr82* 的分布频率依次为 81.99%、65.22%、74.53%、80.12%、14.29%。

表 7 F₆ 群体中功能基因检测结果

Table 7 Detection result of functional genes in F₆ population

性状 Trait	基因 Gene	频率 Frequency/%	频数 Counts
粒重 Grain weight	<i>Tabas1</i>	80.12	129
	<i>TaGW2-6A</i>	56.52	91
	<i>TaCwi-A1</i>	4.97	8
	<i>TaSus2-2B</i>	54.04	87
株高 Plant height	<i>Rht-B1b</i>	59.01	95
	<i>Rht-D1b</i>	55.28	89
	<i>Rht-8</i>	52.80	85
	<i>Qpht-2D</i>	59.01	95
	<i>Rht24-AP2</i>	55.28	89
条锈病 Stripe rust	<i>Yr5</i>	81.99	132
	<i>Yr17</i>	65.22	105
	<i>Yr30</i>	74.53	120
	<i>Yr78</i>	80.12	129
	<i>Yr82</i>	14.29	23

对上述基因的效应进行分析,结果发现,粒重基因 *TaSus2-2B*、*Tabas1* 和 *TaGW2-6A* 对被测株系的粒重均无显著效应, *TaCwi-A1* 基因则效应显著 ($P < 0.05$), 携带此基因株系的平均粒重显著高于未检出株系(图 2A)。矮秆基因 *Rht-B1b*、*Rht-D1b*、*Rht-8*、*Qpht-2D*、*Rht24-AP2* 对被测株系的株高均有显著效应, 含有 *Qpht-2D*、*Rht-B1b* 基因的株系平均株高显著低于不含基因株系的平均株高, 说明这 2 个基因降低株高作用明显; 而含有 *Rht-8*、*Rht-D1b* 和 *Rht24-AP2* 基因的株系平均株高显著高于不含这三个基因的株系, 说明这三个基因可能会提升株高(图 2B)。携带抗条锈病基因 *Yr17*、*Yr5*、*Yr30* 的株系平均发病等级显著低于不含基因的株系, 表明这三个基因对小麦抗条锈性均有显著效应; 含有 *Yr78* 基因的株系平均发病等级较不含该基因的株系差异不显著; 含有 *Yr82* 基因的株系平均发病等级显著高于与不含该基因的株系(图 2C), 具体原因有待进一步研究。



* : 阳性与阴性株系间差异显著 ($P < 0.05$)。

* : Significant difference between the lines positive and negative ($P < 0.05$).

图 2 粒重、株高、条锈病相关基因对性状的影响

Fig. 2 Effects of grain weight, plant height, and stripe rust resistance genes on the corresponding traits

3 讨论

为探寻小麦育种优质种质资源, 本研究对 161 个硬粒小麦与普通小麦杂交后代 F₆ 株系进行农艺性状、品质性状等的研究。结果表明, 杂交后代中, 穗长、株高和千粒重均有超亲遗传现象, 超亲株系可作为小麦性状改良的种质资源。丁明亮^[9]通过测定 12 份硬粒小麦与普通小麦杂交稳定株系的产量及其构成因素, 发现杂交后代的产量和有效穗数极显著高于普通小麦种内杂交选育的新品系。而李慧敏等^[13]也认为, 普通小麦与硬

粒小麦远缘杂交是实现种质创新和培育高千粒重新种质有效途径。本研究中, 品质性状的峰值黏度、低谷黏度、最终黏度均有超亲株系, 且 161 个株系的平均值均大于双亲, 其余被测指标的平均值介于双亲之间; 粉质仪指标中, 除稳定时间外, 其余指标均有超亲遗传株系出现, 后代群体变异丰富, 可根据不同育种要求进行选择。而丁明亮^[9]研究表明, 硬粒小麦对普通小麦品质性状的改良效果不显著。这些差异可能与所用材料和种植环境有关, 具体原因有待更多试验的检验。

对 F₆ 群体被测性状进行相关性分析表明, 株

高与千粒重呈极显著正相关,穗长与株高存在显著相关性,穗粒数与穗长呈极显著正相关,这与前人结论一致^[14-16]。品质性状方面,蛋白质含量与粉质质量呈显著正相关,稳定时间、形成时间和粉质质量三者间存在显著或极显著正相关,这与郭家宝等的研究结论一致^[17],而尹成华等^[18]研究表明,弱化度与面粉加工品质呈显著负相关。

主成分分析表明,在高产育种过程中,要注意平衡千粒重构成因子的数值,在保持株高合适的同时,要协调好穗部构成因子和千粒重构成因子的关系,不能追求其中某个指标而导致最终产量降低,这与闫雪等^[19]研究结论类似。

利用 0.1K 基因芯片技术检测了粒重、株高和抗条锈病相关 14 个基因,结果表明,*Qpht-2D* (降低株高)、*Qpht-B1b* (降低株高)、*Yr17* (抗条锈)、*Yr5* (抗条锈)、*Yr30* (抗条锈) 和 *Yr78* (抗条锈) 对目标性状具有显著改良效果。携带 *TaCwi-A1* 和 *TaSUS2-2B* 基因株系的平均粒重显著高于不携带基因株系。前人对 *TaCwi-A1* 等位基因进行研究,发现含有 *TaCwi-A1a* 的粒重比含有 *TaCwi-A1b* 的高^[20]。杨雪敏等^[21] 对 *TaSUS2-2B* 基因进行研究,发现含有 *TaSUS2-2BH* 株系的粒重高于含有 *TaSUS2-2BL* 的株系,但两者间差异不显著。*Qpht-2D* 基因能够使中麦 895 显著降低株高^[22],这与本研究结果类似。但含有粒重、株高相关基因 *Taba1*、*Rht-8*、*Rht-D1b* 和 *Rht24-AP2* 的株系并未表现预期效应。抗条锈病方面,不含有 *Yr82* 基因株系的平均发病等级低于含有该基因株系。这种现象的出现与前人的研究有出入,即阳性品种(系)并未表现出抗病性^[23],推测这种差异可能是由于不同的遗传背景造成的。

本研究还发现,一些株系虽然未携带被检测基因,但目标性状表现较好,特别是粒重,部分 F₆ 株系的平均粒重为 51.95 g,推测出现该情况的原因可能是后代中存在未被检测到的粒重基因,而且该基因对粒重具有较大贡献。将农艺性状、条锈病抗性和品质性状主成分分析所得综合得分进行排名,发现 3 个综合表现较好的株系,编号分别为 137、98 和 155,可对其进行进一步应用。

参考文献:

- [1] MASTRANGELO A M, CATTIVELLI L. What makes bread and durum wheat different? [J]. *Trends in Plant Science*, 2021, 26(7): 677.
- [2] 王世红,周宽基,冯毓琴,等. 硬粒小麦-节节麦人工合成小麦的鉴定和利用[J]. 甘肃农业科技, 2006(7): 12.
- [3] WANG S H, ZHOU K J, FENG Y Q, et al. Appraisal and breeding utilization of syndeme developed by CIMMYT with durum wheat and *Aegilops tauschii* [J]. *Gansu Agricultural Science and Technology*, 2006(7): 12.
- [3] 魏广辉,李执,陈强,等. 人工合成小麦 SHW-L1 高硒含量 KASP 分子标记开发及其应用[J]. 中国农业科学, 2020, 53(20): 4103.
- [4] WEI G H, LI Z, CHEN Q, et al. Development and utilization of KASP marker for Se concentration in synthetic wheat SHW-L1 [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2020, 53(20): 4103.
- [4] 赵远玲,孙连发,高凤梅,等. 人工合成小麦衍生春小麦新品种龙春 1 号[J]. 黑龙江农业科学, 2020(11): 128.
- [5] ZHAO Y L, SUN L F, GAO F M, et al. A new spring wheat variety Longchun 1 derived from synthetic hexaploid wheat [J]. *Heilongjiang Agricultural Sciences*, 2020(11): 128.
- [5] 张森,张增艳,蒲宗君,等. 人工合成小麦 CI184 条锈病成株抗性基因的鉴定及分子标记定位[J]. 西北植物学报, 2014, 34(7): 1291.
- [6] ZHANG M, ZHANG Z Y, PU Z J, et al. Identification and molecular mapping of adult-plant stripe rust resistance in synthetic wheat CI184 [J]. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2014, 34(7): 1291.
- [6] 任妍,吕侠雷,吴晓辉,等. 硬粒小麦白粉病成株抗性 QTL 的遗传分析[J]. 麦类作物学报, 2022, 42(3): 289.
- [7] REN Y, LV X L, WU X H, et al. Genetic analysis of resistant QTL in durum wheat [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2022, 42(3): 289.
- [7] PETERS AR, ZHANG Q, GREEN AJ, et al. Identification of stable QTL controlling multiple yield components in a durum × cultivated emmer wheat population under field and greenhouse conditions [J]. *G3-Genes Genomes Genetic*, 2023, 13(2): 281.
- [8] IANNUCCI A, CODIANNI P. Phenotypic parent selection within a Khorasan wheat collection and genetic variation in advanced breeding lines derived by hybridization with durum wheat [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2019, 10: 1460.
- [9] 丁明亮,金轻,黄格,等. 硬粒小麦在云南高原麦区对普通小麦改良效果评价[J]. 西南农业学报, 2018, 31(9): 1779.
- [10] DING M L, JIN Q, HUANG G, et al. Evaluation effect of using durum wheat to improve common wheat in Yunnan Plateau area [J]. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2018, 31(9): 1779.
- [10] 李桂萍,王圣龙,柏晓宇,等. 皖北地区小麦条锈病的抗性鉴定[J]. 淮北师范大学学报(自然科学版), 2022, 43(3): 64.
- [11] LI G P, WANG S L, BAI X Y, et al. Identification of resistance of wheat varieties to stripe rust in Northern Anhui [J]. *Journal of Huaibei Normal University (Natural Sciences)*, 2022, 43(3): 64.
- [11] 范家霖,陈晓杰,张建伟,等. 高分子量麦谷蛋白亚基组成及其与小麦品质性状的关系分析[J]. 麦类作物学报, 2021, 41

- (5):544.
- FAN J L, CHEN X J, ZHANG J W, *et al.* Composition of high molecular weight glutenin subunits and their relationship with wheat quality traits [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2021, 41(5):544.
- [12] PAYNE P I, NIGHTINGALE M A, KRATTIGER A F, *et al.* The relationship between HMW glutenin subunit composition and the bread-making quality of British-grown wheat varieties [J]. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 1987, 40(1):51.
- [13] 李慧敏, 赵凤梧, 戴茂华, 等. 利用普通小麦、硬粒小麦种间杂种优势选育高千粒重新种质研究[J]. 华北农学报, 2006(S2):68.
- LI H M, ZHAO F W, DAI M H, *et al.* Study on re-germplasm of high 1 000-grain breeding using interspecific heterosis of common wheat and durum wheat [J]. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 2006(S2):68.
- [14] 欧俊梅, 王治斌, 何员江, 等. 矮秆糯小麦 F₁ 代株高及构成指数与产量性状的相关性分析[J]. 安徽农业科学, 2015, 43(7):58.
- OU J M, WANG Z B, HE Y J, *et al.* Analysis on the correlation between the plant height component indexes and the grain yield in dwarf waxy F₁ generation [J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2015, 43(7):58.
- [15] 潘正茂, 王红梅, 贡庆勇, 等. 不同来源小麦品种主要产量性状的比较分析[J]. 安徽农业科学, 2022, 50(19):35.
- PAN Z M, WANG H M, GONG Q Y, *et al.* Comparative analysis of main yield traits of wheat varieties from different sources [J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2022, 50(19):35.
- [16] 王贺亚, 李怀胜, 孟玲, 等. 冬小麦产量相关性状鉴定与筛选[J]. 黑龙江农业科学, 2023(1):25.
- WANG H Y, LI H S, MENG L, *et al.* Identification and screening of yield-related traits in winter wheat [J]. *Heilongjiang Agricultural Science*, 2023(1):25.
- [17] 郭家宝, 赵彦坤, 高振贤, 等. 小麦制粉系统各粉路面粉品质特性差异性分析[J]. 食品工业科技, 2022, 43(23):267.
- GUO J B, ZHAO Y K, GAO Z X, *et al.* Analysis on the difference of quality characteristics of different flour flow of wheat milling system [J]. *Science and Technology of Food Industry*, 2022, 43(23):267.
- [18] 尹成华, 王亚平, 路辉丽, 等. 小麦品质指标与面团流变学特性指标的相关性分析[J]. 河南工业大学学报(自然科学版), 2012, 33(4):41.
- YIN C H, WANG Y P, LU H L, *et al.* Correlation analysis of wheat quality index and dough rheological property index [J]. *Journal of Henan University of Technology (Natural Science Edition)*, 2012, 33(4):41.
- [19] 张丹丹, 张元庆, 梁圆, 等. 基于主成分分析的精料、构树和全株玉米青贮的组合效应评价[J]. 草地学报, 2022, 30(7):1909.
- ZHANG D D, ZHANG Y Q, LIANG Y, *et al.* Evaluation of the combined effects of concentrate, tree structure and whole plant corn silage based on principal component analysis [J]. *Acta Grassland Sinica*, 2022, 30(7):1909.
- [20] 闫雪, 史雨刚, 王曙光, 等. 小麦穗部性状与产量的相关性分析[J]. 山西农业科学, 2015, 43(9):1073.
- YAN X, SHI Y G, WANG S G, *et al.* Correlation analysis between panicle traits and yield in wheat [J]. *Journal of Shanxi Agricultural Sciences*, 2015, 43(9):1073.
- [21] 张业猛, 朱丽丽, 郭仁世, 等. 3个粒重基因在青海高原春小麦品种中的分布[J]. 麦类作物学报, 2022, 42(10):1200.
- ZHANG Y M, ZHU L L, GUO R S, *et al.* Distribution of three grain weight genes in spring wheat varieties in Qinghai Plateau [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2022, 42(10):1200.
- [22] 杨雪敏, 李鲁华, 任明见, 等. 贵州小麦品种(系)粒重相关基因TaCwi-A1、TaSus2-2B和TaGW2-6A等位变异类型鉴定[J]. 南方农业学报, 2020, 51(9):2071.
- YANG X M, LI L H, REN M J, *et al.* Identification of grain weight-related genes TaCwi-A1, TaSus2-2B and TaGW2-6A alleles of wheat varieties (lines) in Guizhou [J]. *Journal of Southern Agricultural Sciences*, 2020, 51(9):2071.
- [23] 张勇, 阎俊, 肖永贵, 等. 中麦895高产稳产优质特性遗传解析[J]. 中国农业科学, 2021, 54(15):3158.
- ZHANG Y, YAN J, XIAO Y G, *et al.* Genetic analysis of high-yield, stable-yield, and high-quality characteristics of Zhongmai 895 [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2021, 54(15):3158.