

网络出版时间:2025-11-04

网络出版地址:https://link.cnki.net/urlid/61.1359.S.20251104.0958.002

基于 FISH 和 660K 芯片的优质弱筋小麦品种 内麦 416 的遗传构成解析

关淑仙,黄辉跃,汪仁全,王相权,杨杰智,宋艳霞,黄丽萍,杨敏

(四川省内江市农业科学院,四川内江 641000)

摘要:为探明优质弱筋小麦品种内麦 416 的染色体和分子遗传构成,利用荧光原位杂交(FISH)和 660K 芯片对内麦 416 及其双亲射 06-245 和 J1094 进行分析。结果表明,内麦 416 根尖细胞含有 42 条染色体,遗传稳定,4A、5A、1B 和 6B 染色体的 Oligo-pSc119.2 FISH 信号与母本射 06-245 有差异,除 1B 外,与亲本 J1094 也有差异。通过 660K 芯片结果显示,母本射 06-245 对内麦 416 的遗传贡献率为 66.51%,父本 J1094 的遗传贡献率为 33.49%,说明内麦 416 具有遗传偏亲现象;在基因组水平,母本射 06-245 对 A、B 和 D 3 个基因组的遗传贡献率(分别为 73.84%、60.73%和 61.64%)高于父本 J1094;在染色体水平,除 1B、6B、4D 和 7D 外,其余染色体的遗传贡献率均表现为射 06-245 高于 J1094,其中 7A、3D 的遗传贡献率分别高达 91.98%和 90.32%。经功能标记鉴定,内麦 416 包含 6 个高千粒重基因(*TaGS2B1*、*TaGW2-6B*、*TaGS-D1*、*TaSus2-2A*、*TaCwi*、*TaGS2A1*),还携带有与抗性(*COMT3B*、*J-FEH-6B*、*TaDREB1*、*Vp1B1*、*Lr34*)和农艺性状(*Rht-D1b*、*TamybR_B1b*)等相关的优异基因。由此可见,内麦 416 染色体具有遗传稳定性,表现出明显的母本遗传偏亲特征,且携带多个高千粒重基因及与抗性相关的优良基因。

关键词: 内麦 416; FISH; 660K 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)12-1606-07

Analysis of the Genetic Composition of High-Quality Weak Gluten Wheat Variety Neimai 416 using FISH and 660K Array

GUAN Shuxian, HUANG Huiyue, WANG Renquan, WANG Xiangquan,
YANG Jiezhi, SONG Yanxia, HUANG Liping, YANG Min

(Neijiang Academy of Agricultural Sciences, Neijiang, Sichuan 641000, China)

Abstract: To elucidate the chromosomal and molecular genetic composition of the premium weak-gluten wheat variety Neimai 416, fluorescence *in situ* hybridization(FISH) and 660K wheat SNP array were employed to analyze Neimai 416 and its parental lines She 06-245 and J1094. The results showed that FISH analysis identified 42 chromosomes in the root tip cells of Neimai 416, with stable inheritance. The Oligo-pSc119.2 FISH signals on chromosomes 4A, 5A, 1B, and 6B differed from those of the maternal parent She 06-245, and except for 1B, also differed from the paternal parent J1094. The 660K SNP array results revealed that the maternal parent She 06-245 contributed 66.51% of the genetic material to Neimai 416, while the paternal parent J1094 contributed 33.49%, indicating a genetic bias towards the maternal parent in Neimai 416. At the genome level, the maternal parent She 06-245 exhibited higher genetic contributions to the A, B, and D genomes(73.84%, 60.73%, and 61.64%, respectively) compared to the paternal parent J1094. Chromosomally, except for chromosomes 1B, 6B,

收稿日期:2025-03-11 修回日期:2025-07-29

基金项目:四川省“十四五”生物育种重大科技专项(2022ZDZX0014);四川省“十四五”农作物及畜禽育种攻关项目(2021YFYZ0002-5);国家现代农业产业技术体系四川麦类作物创新团队项目(SCCXTD-2024-11)

第一作者 E-mail:1446287073@qq.com(关淑仙)

通讯作者 E-mail:1172948730@qq.com(黄辉跃)

4D, and 7D, She 06-245 showed greater genetic contributions than J1094 across all other chromosomes, with particularly great contributions on 7A(91.98%) and 3D(90.32%). Functional marker analysis revealed that Neimai 416 integrates multiple genes of high thousand-kernel weight (*TaGS2B1*, *TaGW2-6B*, *TaGS-D1*, *TaSus2-2A*, *TaCwi*, and *TaGS2A1*), along with superior alleles associated with disease resistance (*COMT3B*, *1-FEH-6B*, *TaDREB1*, *Vp1B1*, and *Lr34*) and agronomic traits (*Rht-D1b* and *TamybR_B1b*). This study demonstrates that Neimai 416 exhibits chromosomal stability, a pronounced maternal-biased inheritance pattern, and carries multiple high thousand-kernel weight genes and resistance-related superior genes.

Keywords: Neimai 416; Fluorescence *in situ* hybridization; 660K array; Genetic composition

普通小麦 (*Triticum aestivum* L.) 作为主粮作物之一,其高产稳产直接影响国家粮食安全^[1]。弱筋小麦适宜制作酥性烘焙食品,在专用粉加工领域的应用需求较大。而中国弱筋小麦育种长期面临遗传基础狭窄,优异种质资源匮乏,品种选育效率低,难以满足产业需求^[2]。因此,揭示弱筋小麦的遗传构成,挖掘关键调控基因,培育优质高产、抗逆稳产的弱筋小麦品种^[3-4],对满足食品加工品质标准化和产业链发展的需求具有重要意义。

传统的小麦遗传研究主要依赖于表型选择和常规杂交育种方法。然而,鉴于小麦基因组的庞大与复杂性,在产量、抗病等性状的遗传解析上面临着极大的挑战。现代分子生物学技术为解决这一困境提供了新思路。荧光原位杂交 (fluorescence *in situ* hybridization, FISH) 技术可实现基因的染色体精确定位和结构变异可视化^[5-7]。例如, Huang 等^[6]利用 FISH 技术,在 373 个小麦品种中检测到 148 个品种存在染色体结构变异,这些变异反映了育种过程中的选择性优势。高密度 SNP 芯片 (如 55K、660K 等) 能够揭示品种间亲缘关系和遗传贡献^[8-10]。陈真真等^[11]利用小麦 55K SNP 芯片扫描信麦 136 及双亲,发现父本信麦 79 (50.74%) 的遗传贡献率稍大于母本杨麦 15-1 (49.26%)。FISH 和 SNP 技术相结合,可整合细胞遗传学与分子标记技术优势,为小麦复杂性状遗传机制研究提供多维视角。

内麦 416 是四川省内江市农业科学院小麦研究所射 06-245 为母本、J1094 为父本杂交选育的优质弱筋小麦品种,已通过国家审定 (国审麦 20230006) 和四川省审定 (川审麦 20210002)。内麦 416 在省区域和国家区域试验中均表现出高产特性^[12]。2023 年,该品种凭其突出的抗病性被纳入国家小麦抗病育种攻关目录,对川南地区的小麦生产具有重要的示范意义。本研究通过整合

FISH 与 SNP 芯片技术,系统分析内麦 416 及亲本 (母本射 06-245, 父本 J1094) 的遗传结构特征,同时对农艺性状、品质性状、抗性等功能基因进行分型,以期充分挖掘该品种的育种价值、推动弱筋小麦分子设计育种提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试材料为内麦 416 及其双亲 (母本射 06-245, 父本 J1094), 其中内麦 416 和 J1094 由四川省内江市农业科学院小麦所提供, 射 06-245 由四川省亿诚现代农业科技有限公司提供。

1.2 根尖染色体制备及荧光原位杂交

选取内麦 416 及其双亲材料的 10~20 粒种子, 进行根尖染色体观察试验。每个根尖至少观察 5~10 个中期细胞, 统计染色体数目及结构类型。根尖染色体制备和荧光原位杂交过程参考 Hao 等^[13]方法进行。选取寡核苷酸荧光探针 Oligo-pSc119.2 和 Oligo-pTa535 识别内麦 416 及其双亲材料的 A、B 和 D 基因组所有染色体^[14], 两种探针均由上海生工生物工程股份有限公司合成。

1.3 基因组 DNA 提取

选取内麦 416、射 06-245 和 J1094 的三叶期幼叶, 采样后立即液氮速冻再转入 -80 °C 超低温冰箱保存备用。采用改良型 CTAB 法提取 3 个小麦材料的基因组 DNA^[15], 使用 Nanodrop 2000 分光光度计进行定量分析。

1.4 遗传贡献率统计及基因型图谱绘制

委托中玉金标记 (北京) 生物技术股份有限公司采用小麦 660K SNP 基因芯片技术, 对内麦 416 及其双亲进行全基因组 SNP 分析。通过数据质控剔除杂合位点及缺失位点后, 筛选出双亲与内麦 416 中均呈纯合状态的 SNP 标记, 用于评估遗传贡献率。基于染色体物理位置的纯合 SNP 标

记数据,运用 GGT 2.0 软件构建基因型图谱^[16],采用差异化着色策略,亲本间 SNP 标记差异以不同颜色区分,内麦 416 与亲本共有的 SNP 标记通过同样的颜色反映遗传相似性。

1.5 内麦 416 重要功能基因检测

委托中玉金标记(北京)生物技术股份有限公司采用小麦 50K SNP 芯片技术,对小麦品种内麦 416 及其双亲开展功能性基因 KASP 检测。功能基因标记包括产量性状相关基因(株高、千粒重等),品质性状相关基因,光周期、春化等适应性相关基因,以及抗旱抗逆抗病、抗穗发芽等抗性基因。

2 结果与分析

2.1 内麦 416 染色体遗传构成

经染色体分析,内麦 416 及其亲本(射 06-245 和 J1094)均具有完整且稳定的染色体组(2n = 42)。利用 Oligo-pSc119.2 和 Oligo-pTa535 荧光探针针对内麦 416 及亲本材料的染色体进行荧光原位杂交分析,发现内麦 416 的 4A、5A、1B 和 6B 染色体 Oligo-pSc119.2 信号与母本射 06-245 有差异,4A、5A 和 6B 染色体 Oligo-pSc119.2 信号与父本 J1094 有差异,其余染色体的 Oligo-pSc119.2 信号完全一致;3 个材料的 Oligo-pTa535 信号均一致(图 1)。

2.2 双亲对内麦 416 的遗传贡献率

对内麦 416 及其双亲(射 06-245 与 J1094)进行小麦 660K SNP 芯片基因分型分析,共鉴定出 332 797 个纯合 SNP 位点。亲本间存在 65 565 个纯合差异位点,相同位点数量为 267 232 个,表明亲本基因组在遗传过程中保持了高度稳定性。在 SNP 纯合差异位点中,43 608 个 SNP 位点来源于亲本射 06-245,21 957 个位点来源于 J1094。母本射 06-245 和父本 J1094 对内麦 416 的遗传贡献率分别为 66.51% 和 33.49%,即母本射 06-245

对内麦 416 的遗传贡献率大于父本 J1094(表 1)。

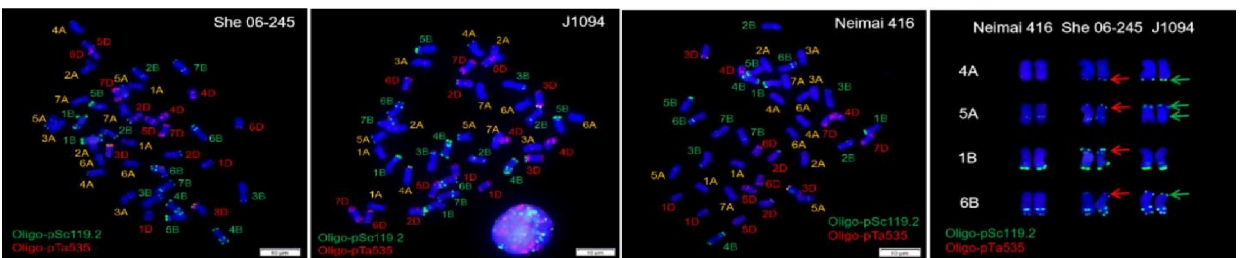
从基因组水平来看,内麦 416 从双亲继承的 SNP 位点在 A、B、D 三套基因组中呈现非均衡分布特征(表 1)。660K SNP 芯片扫描结果显示,母本射 06-245 在 A、B 和 D 3 个基因组中的平均遗传贡献率(分别为 73.84%、60.73% 和 61.64%)高于父本 J1094。从染色体水平看,内麦 416 所携带的 65 565 个亲本特异性 SNP 标记在 21 条染色体上呈现出非均匀分布的特征(表 1)。母本射 06-245 在 2A、4A、6A、7A、2B、4B、7B、1D、3D 和 5D 染色体上的遗传贡献率大于 70%,其中 7A 染色体上的 SNP 位点分布最多(遗传贡献率为 91.98%);父本 J1094 在 1B、6B、4D 和 7D 染色体上的遗传贡献率超过 50%,同时在 5B 染色体上拥有最多的 SNP 位点分布。

2.3 内麦 416 来源于双亲的染色体区段

基于 332 797 个纯合 SNP 标记的遗传解析显示,有 301 892 个(90.7%)位点成功锚定至 21 条染色体上,包含 236 327 个保守型位点(内麦 416 及亲本间无差异)及 65 565 个差异位点(双亲存在等位差异)。通过 GGT 2.0 软件构建的内麦 416 SNP 基因型图谱(图 2)显示,内麦 416 的 21 条染色体均检测到有来自双亲的染色体区段,但各亲本的占比不同。SNP 标记分析表明,A 基因组所有染色体,B 基因组 2B~5B、7B,以及 D 基因组 1D~3D、6D 染色体上,母本射 06-245 贡献了较多的遗传区段;父本 J1094 在 1B、6B、4D 和 7D 染色体上有优势遗传区段(父本标记占比 > 50%),其中 1B 染色体作为父本特异性标记富集热点,表现出最显著的父本 SNP 位点传递倾向。

2.4 内麦 416 及双亲重要性状功能基因

基于小麦 50K SNP 育种芯片的竞争性等位基因特异性 PCR(KASP)标记检测体系,对内麦 416 及其亲本(射 06-245 和 J1094)的产量、品质及



绿色和红色分别为 Oligo-pSc119.2 和 Oligo-pTa535 信号。

The green and red correspond to Oligo-pSc119.2 and Oligo-pTa535 signals, respectively.

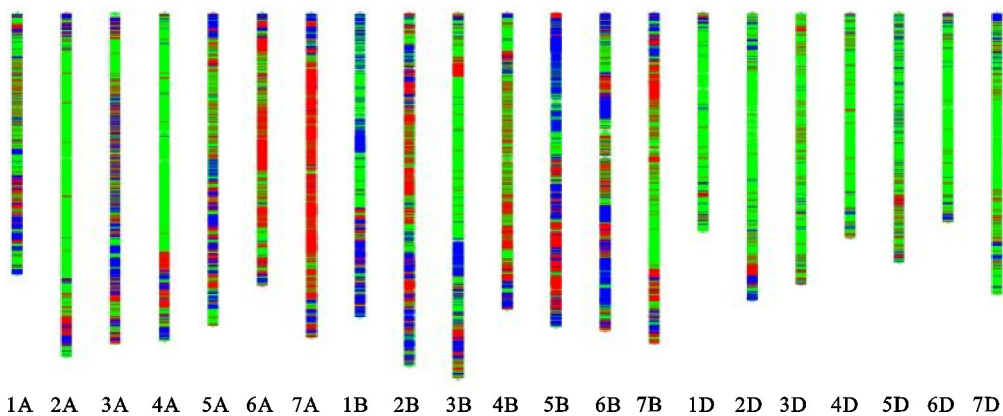
图 1 内麦 416 及亲本的 FISH 结果

Fig. 1 FISH results of Neimai 416 and its parental lines

表 1 射 06-245 和 J1094 对内麦 416 的遗传贡献率

Table 1 Genetic contribution rate of She 06-245 and J1094 to Neimai 416 on different chromosomes

染色体/基因组 Chromosome/ Genome	总差异位点数 No. of total differential loci	射 06-245 She 06-245		J1094	
		差异位点数 No. of differential loci	贡献率 Contribution rate/%	差异位点数 No. of differential loci	贡献率 Contribution rate/%
1A	3 741	2 173	58.09	1 568	41.91
2A	1 712	1 332	77.80	380	22.20
3A	3 684	2 191	59.47	1 493	40.53
4A	2 513	1 765	70.23	748	29.77
5A	4 960	3 024	60.97	1 936	39.03
6A	2 761	2 109	76.39	652	23.61
7A	9 421	8 665	91.98	756	8.02
1B	3 585	1 009	28.15	2 576	71.85
2B	5 974	4 498	75.29	1 476	24.71
3B	4 594	2 995	65.19	1 599	34.81
4B	2 264	1 746	77.12	518	22.88
5B	10 134	6 282	61.99	3 852	38.01
6B	5 418	2 229	41.14	3 189	58.86
7B	3 107	2 544	81.88	563	18.12
1D	200	155	77.50	45	22.50
2D	475	269	56.63	206	43.37
3D	186	168	90.32	18	9.68
4D	106	48	45.28	58	54.72
5D	281	219	77.94	62	22.06
6D	139	83	59.71	56	40.29
7D	310	104	33.55	206	66.45
A 基因组 Subgenome A	28 792	21 259	73.84	7 533	26.16
B 基因组 Subgenome B	35 076	21 303	60.73	13 773	39.27
D 基因组 Subgenome D	1 697	1 046	61.64	651	38.36



绿色表示内麦 416、射 06-245 和 J1094 相同区段;红色表示射 06-245 区段;蓝色表示 J1094 区段。

Green indicates the identical fragment among Neimai 416, She 06-245 and J1094; Red indicates the fragment derived from She 06-245; Blue indicates the fragment derived from J1094.

图 2 内麦 416 的 21 条染色体 SNP 基因型图谱

Fig. 2 SNP genotype pattern on 21 chromosomes of Neimai 416

抗性相关候选基因进行解析(表 2)。结果显示,内麦 416 及双亲的株高均表现为矮秆,其基因为 *Rht-D1b*;粒色为红色,基因为 *TamybR_B1b*。内麦 416 聚合了 6 个高千粒重基因(*TaGS2B1*、*TaGW2-6B*、*TaGS-D1*、*TaSus2-2A*、*TaCwi* 和 *TaGS2A1*)、1 个高粒数基因(*TaMoc*)、1 个低千粒重基因(*TaTGW7*)和 1 个千粒重不利型基因(*TaCWI-*

5D)。在这 9 个基因的组成上,内麦 416 与母本射 06-245 完全一致,与父本 J1094 在 *TaGS2B1*、*TaGW2-6B* 和 *TaTGW7* 基因存在差异。内麦 416 为弱筋小麦,品质检测结果为 *Glu-Ax1* 等位基因类型。内麦 416 及双亲的低分子量谷蛋白亚基 *Glu-A3* 和 *Glu-B3* 位点组成均为 *Glu-A3b* 和 *Glu-B3e*,且均含有高多酚氧化酶基因 *PPOA2b_230*、

表 2 内麦 416、射 06-245 和 J1094 重要性状相关基因分型
Table 2 Genotyping of the important traits in Neimai 416, She 06-245 and J1094

性状 Trait	基因 Gene	内麦 416 Neimai 416	射 06-245 She 06-245	J1094	表型 Phenotype
株高 Plant height	<i>Rht-D1b</i>	<i>Rht-D1b</i>	<i>Rht-D1b</i>	<i>Rht-D1b</i>	矮秆 Dwarf
粒色 Grain color	<i>TamybR_B1</i>	<i>TamybR_B1b</i>	<i>TamybR_B1b</i>	<i>TamybR_B1b</i>	红色 Red
芒 Awn	<i>AWN</i>	<i>AWN</i>	<i>AWN</i>	<i>AWN</i>	有芒 Awne
产量 Yield	<i>TaGS2B1</i>	<i>Hap-H</i>	<i>Hap-H</i>	<i>Hap-L</i>	<i>Hap-H</i> : 高千粒重 High thousand grain weight <i>Hap-L</i> : 低千粒重 Low thousand grain weight
	<i>TaCWI-5D</i>	<i>Hap-5D-G</i>	<i>Hap-5D-G</i>	<i>Hap-5D-G</i>	不利型 Unfavorable type
	<i>TaGW2-6B</i>	<i>Hap-1</i>	<i>Hap-1</i>	<i>Hap-2</i>	<i>Hap-1</i> : 高千粒重 High thousand grain weight <i>Hap-2</i> : 低千粒重 Low thousand grain weight
	<i>TaMoc</i>	<i>Hap-H</i>	<i>Hap-H</i>	<i>Hap-H</i>	高粒数 High grain number
	<i>TaGS-D1</i>	<i>TaGS-D1a</i>	<i>TaGS-D1a</i>	<i>TaGS-D1a</i>	高千粒重 High thousand grain weight
	<i>TaSus2-2A</i>	<i>Hap-A</i>	<i>Hap-A</i>	<i>Hap-A</i>	高千粒重 High thousand grain weight
	<i>TaCwi</i>	<i>TaCwi-A1a</i>	<i>TaCwi-A1a</i>	<i>TaCwi-A1a</i>	高千粒重 High thousand grain weight
	<i>TaGS2A1</i>	<i>Hap-H</i>	<i>Hap-H</i>	<i>Hap-H</i>	高千粒重 High thousand grain weight
	<i>TaTGW7</i>	<i>TaTGW-7Ab</i>	<i>TaTGW-7Ab</i>	<i>TaTGW-7Aa</i>	<i>TaTGW-7Aa</i> : 高千粒重 High thousand grain weight <i>TaTGW-7Ab</i> : 低千粒重 Low thousand grain weight
品质 Quality	<i>Glu-A1_1_1594</i>	<i>Ax1</i>	<i>Ax1</i>	<i>Ax1</i>	弱筋 Weak gluten
	<i>Glu-A3</i>	<i>Glu-A3b</i>	<i>Glu-A3b</i>	<i>Glu-A3b</i>	有利型 Favorable type
	<i>Glu-B3</i>	<i>Glu-B3e</i>	<i>Glu-B3e</i>	<i>Glu-B3e</i>	不利型 Unfavorable type
	<i>NAM-6A</i>	<i>A1b</i>	<i>A1b</i>	<i>A1b</i>	增加蛋白积累 Increased protein accumulation
	<i>PPO</i>	<i>Ppo-A1b</i>	<i>Ppo-A1b</i>	<i>Ppo-A1b</i>	低多酚氧化酶活性 Low polyphenol oxidase
	<i>PPOA2b_230</i>	<i>Ppo-A2a,c</i>	<i>Ppo-A2a,c</i>	<i>Ppo-A2a,c</i>	高多酚氧化酶活性 High polyphenol oxidase
	<i>PsyA1</i>	<i>Psy-A1b</i>	<i>Psy-A1b</i>	<i>Psy-A1b</i>	低黄色素含量 Low yellow pigment content
春化、光周期 Vernalization, photoperiodic reaction	<i>Vrn-A1</i>	<i>Vrn-A1b</i>	<i>Vrn-A1b</i>	<i>Vrn-A1b</i>	冬性 Winteriness
	<i>vrn_5Aprom</i>	<i>vrn_5Aprom</i>	<i>vrn_5Aprom</i>	<i>vrn_5Aprom</i>	冬性 Winteriness
	<i>VrnL_new</i>	<i>Jagger type</i>	<i>Jagger type</i>	<i>Jagger type</i>	短春化 Short-vernalization
	<i>VrnD3</i>	<i>Jagger type</i>	<i>Jagger type</i>	<i>Jagger type</i>	短春化 Short-vernalization
	<i>Ppd-D1</i>	<i>Wild type</i>	<i>Wild type</i>	<i>Wild type</i>	光周期敏感 Photoperiod sensitivity
抗旱抗逆 Drought and stress resistance	<i>COMT3B</i>	<i>COMT-3Bb</i>	<i>COMT-3Bb</i>	<i>COMT-3Bb</i>	低木质素 Low lignin
	<i>1-FEH-6B</i>	<i>1feh3</i>	<i>1feh3</i>	<i>1feh3</i>	抗旱 Tolerant
	<i>TaDREB1</i>	<i>TaDRE-B1a</i>	<i>TaDRE-B1a</i>	<i>TaDRE-B1a</i>	抗旱 Tolerant
穗发芽 Pre-harvest sprouting	<i>Vp1B1</i>	<i>Vp1B1b</i>	<i>Vp1B1b</i>	<i>Vp1B1b</i>	抗穗发芽 Pre-harvest sprouting resistance
抗病 Disease resistance	<i>Lr34</i>	<i>Lr34</i>	<i>Lr34</i>	<i>Lr34</i>	抗叶锈病 Resistance to leaf rust

低黄色素含量基因 *PsyA1* 以及能增加籽粒蛋白质积累的基因 *NAM-6A*。在内麦 416 及双亲中,共检测到 4 个春化基因和 1 个光周期基因,这 5 个基因的组成在内麦 416 和双亲间完全一致。此外,还检测到 3 个与抗逆、抗旱相关的基因 (*COMT3B*、*J-FEH-6B* 和 *TaDREB1*), 1 个抗穗发芽基因 (*Vp1B1*) 以及 1 个抗叶锈病基因 (*Lr34*), 内麦 416 与双亲在这 5 个基因的组成上也完全一致。

3 讨论

FISH 技术在小麦亲本溯源和遗传构成分析中具有重要作用^[5-6, 17]。本研究利用 FISH 技术对内麦 416 及其亲本进行染色体结构变异以及遗传构成分析,发现内麦 416 的 4A、5A、1B 和 6B 染色体 Oligo-pSc119.2 FISH 信号与亲本存在差异,可能是染色体结构变异造成的结果^[6]。其余染色体的 Oligo-pSc119.2 信号及所有染色体的 Oligo-pTa535 信号均与亲本一致,说明内麦 416 在这些染色体上的 FISH 信号片段序列与双亲一致,这与 SNP 基因型分析结果相符。关淑仙等^[5]报道内麦系列品种在 5A 和 6B 染色体具有较高的 FISH 多态性。本研究也发现内麦 416 在这两条染色体上存在变异。尽管本研究通过 Oligo-pSc119.2 和 Oligo-pTa535 两种荧光探针鉴定出内麦 416 的 4 条染色体与双亲存在差异,但为了更全面地分析内麦 416 的遗传构成,建议增加更多小麦特异性探针进行深入分析^[6]。

在作物新品种辅助选育过程中,可以从分子水平对作物的遗传基础进行研究,揭示亲本对育成品种的遗传作用^[18-19]。基于小麦 660K SNP 芯片分析表明,内麦 416 的遗传物质主要来源于母本射 06-245,其平均遗传贡献率为 66.51%,表现出明显的偏亲现象。类似地,泰科麦 33 和南麦 660 更多地遗传了母本的遗传物质,遗传贡献率分别为 66.57% 和 59.08%^[3, 20];而信麦 136 则例外,其父本遗传贡献率(50.74%)略高于母本(49.26%)^[11]。在育种实践中,育种家通常倾向于选择适应当地生态环境的骨干亲本或主栽品种,后代在遗传物质的继承上更多地偏向于这些亲本。例如,川麦 42 和周 8425B 分别是西南麦区和黄淮海麦区的主栽品种及骨干亲本,比其他亲本拥有更多的优异遗传位点,其衍生品种在遗传物质上也更倾向于这两者^[21-22]。

本研究显示,在基因组层面,内麦 416 母本射

06-245 在 A、B、D 基因组的遗传贡献率分别为 73.84%、60.73% 与 61.64%,显著高于父本 J1094 对应的 26.16%、39.27% 和 38.36%。染色体水平分析显示,射 06-245 在 10 条染色体(2A、4A、6A、7A、2B、4B、7B、1D、3D、5D)的遗传贡献率超过 70%,其中 7A 染色体高达 91.98%;而 J1094 仅在 4 条染色体(1B、6B、4D、7D)实现遗传优势(>50%),其中 1B 染色体遗传贡献率为 71.85%。这种亲本遗传偏向性可能源于现代小麦育种中骨干亲本选择策略所引发的遗传累加效应^[3],以及针对特定农艺性状(如抗逆性、产量构成)的表型定向筛选压力^[4],其分子机制可能还与同源染色体配对偏好性以及重组抑制等遗传调控网络紧密相关。

重要性状功能基因的 KASP 标记结果发现,内麦 416 携带 1 个小麦弱筋基因 (*Glu-A1x*)^[20]、1 个矮秆基因 (*Rht-D1b*)^[23]、2 个冬性基因 (*Vrn-A1* 和 *vrn_5Aprom*)^[10, 20]、5 个抗性基因 (*COMT3B*、*J-FEH-6B*、*TaDREB1*、*Vp1B1* 和 *Lr34*)^[20, 23] 和 7 个高千粒重及高粒数基因 (*TaGS2B1*、*TaGW2-6B*、*TaGS-D1*、*TaSus2-2A*、*TaCwi*、*TaGS2A1* 和 *TaMoc*)^[11, 23]。通过多基因协同效应,内麦 416 成功整合了弱筋特性、矮秆表型、高产潜力及冬性生长习性,同时在抗寒/旱等非生物胁迫和病害抗性方面表现突出,其表型特征与审定报告中性状描述一致。内麦 416 重要性状功能基因的聚合是该品种今后遗传改良的目标之一。

参考文献:

- [1] 何中虎, 庄巧生, 程顺和, 等. 中国小麦产业发展与科技进步 [J]. 农学学报, 2018, 8(1): 99.
HE Z H, ZHUANG Q S, CHENG S H, et al. Wheat production and technology improvement in China [J]. *Journal of Agriculture*, 2018, 8(1): 99.
- [2] 祁鹏飞, 李庆成, 陈庆, 等. 四川小麦加工品质调查 [J]. 四川农业大学学报, 2021, 39(6): 705.
QI P F, LI Q C, CHEN Q, et al. Processing quality of wheat samples harvested from Sichuan Province [J]. *Journal of Sichuan Agricultural University*, 2021, 39(6): 705.
- [3] 元晓蕾, 王君, 吕广德, 等. 优质高产小麦新品种泰科麦 33 的遗传构成分析 [J]. 中国农业科学, 2024, 57(22): 4391.
QI X L, WANG J, LÜ G D, et al. Genetic composition analysis of a new high quality and high yield wheat cultivar Taikemai 33 [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2024, 57(22): 4391.
- [4] 王鑫, 殷岩, 王昊, 等. 小麦品种烟农 999 高产遗传基础解析 [J]. 植物遗传资源学报, 2023, 24(3): 732.
WANG C, YIN Y, WANG H, et al. Unlocking the genetic ba-

- sis of high-yield wheat variety Yannong 999 [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2023, 24(3): 732.
- [5] 关淑仙, 黄辉跃, 汪仁全, 等. 内麦系列小麦品种(系)的染色体结构变异分析[J]. 麦类作物学报, 2021, 41(6): 673.
GUAN S X, HUANG H Y, WANG R Q, *et al.* Analysis of chromosomal structural variation in Neimai wheat varieties (lines) [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2021, 41(6): 673.
- [6] HUANG X Y, ZHU M Q, ZHUANG L F, *et al.* Structural chromosome rearrangements and polymorphisms identified in Chinese wheat cultivars by high-resolution multiplex oligonucleotide FISH [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2018, 131(9): 1967.
- [7] ZHAO L B, NING S Z, YU J J, *et al.* Cytological identification of an *Aegilops variabilis* chromosome carrying stripe rust resistance in wheat [J]. *Breeding Science*, 2016, 66(4): 522.
- [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] 杨瑞哈, 宋晓朋, 孔子明, 等. 利用小麦 55K SNP 芯片解析‘丰德存麦 5 号’的遗传基础[J]. 分子植物育种, 2023, 21(15): 5025.
YANG R H, SONG X P, KONG Z M, *et al.* Genetic analysis of the new wheat variety ‘Fengdecunmai 5’ by wheat 55K SNP chip scanning [J]. *Molecular Plant Breeding*, 2023, 21(15): 5025.
- [10] 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.
- [11] 陈真真, 申冠宇, 王轲, 等. 小麦遗传构成及重要性状功能基因组组成解析[J]. 南方农业学报, 2024, 55(10): 2980.
CHEN ZZ, SHEN G Y, WANG K, *et al.* Genetic composition and important trait functional genes composition of wheat [J]. *Journal of Southern Agriculture*, 2024, 55(10): 2980.
- [12] 王相权, 黄辉跃, 朱丽, 等. 小麦新品种内麦 416 的选育及栽培[J]. 四川农业科技, 2022(8): 4.
WANG X Q, HUANG H Y, ZHU L, *et al.* Breeding and cultivation of the new wheat variety Neimai 416 [J]. *Science and Technology of Sichuan Agriculture*, 2022(8): 4.
- [13] HAO M, LUO J T, YANG M, *et al.* Comparison of homoeologous chromosome pairing between hybrids of wheat genotypes Chinese Spring *ph1b* and Kaixian-Luohanmai with rye [J]. *Genome*, 2011, 54(12): 959.
- [14] TANG Z X, YANG Z J, FU S L. Oligonucleotides replacing the roles of repetitive sequences pAs1, pSc119. 2, pTa-535, pTa71, CCS1, and pAWRC. 1 for FISH analysis [J]. *Journal of Applied Genetics*, 2014, 55(3): 313.
- [15] 张晓祥, 王玲, 寿路路. 一种快速提取小麦基因组 DNA 的改良 CTAB 方法[J]. 中国农学通报, 2012, 28(36): 46.
ZHANG X X, WANG L, SHOU L L. A rapid modified CTAB method of extracting genomic DNA from wheat leaf [J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2012, 28(36): 46.
- [16] VANBERLOO R. GGT 2. 0: Versatile software for visualization and analysis of genetic data [J]. *The Journal of Heredity*, 2008, 99(2): 232.
- [17] 葱玮, 蒋进, 唐宗祥, 等. 南麦号系列小麦品种的染色体结构演变[J]. 麦类作物学报, 2019, 39(5): 567.
XI W, JIANG J, TANG Z X, *et al.* Structural variation of chromosomes of Nanmai wheat varieties [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2019, 39(5): 567.
- [18] 杨剑, 王岩, 胡卫国, 等. 小麦新品种郑麦 16、郑麦 20 和郑麦 22 的遗传基础解析[J]. 种子, 2024, 43(8): 69.
YANG J, WANG Y, HU W G, *et al.* Analysis on the genetic basis of new wheat varieties Zhengmai 16, Zhengmai 20 and Zhengmai 22 [J]. *Seed*, 2024, 43(8): 69.
- [19] 王昊, 孙妮娜, 王鑫, 等. 烟农系列小麦高产遗传基础解析[J]. 作物学报, 2023, 49(6): 1584.
WANG H, SUN N N, WANG C, *et al.* Genetic basis analysis of high-yielding in Yannong wheat varieties [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2023, 49(6): 1584.
- [20] 蒋进, 张明虎, 李小雨, 等. 小麦品种南麦 660 的遗传构成解析[J]. 作物研究, 2024, 38(3): 211.
JIANG J, ZHANG M H, LI X Y, *et al.* Analysis of genetic composition of wheat variety Nanmai 660 [J]. *Crop Research*, 2024, 38(3): 211.
- [21] 刘泽厚, 万洪深, 杨凡, 等. 西南麦区骨干亲本川麦 42 重要基因组区段的确定及其对衍生品种的遗传贡献[J]. 西南农业学报, 2024, 37(5): 897.
LIU Z H, WAN H S, YANG F, *et al.* Identification of important genomic regions for foundational parent Chuanmai 42 of southwest wheat-growing zone and their genetic contribution [J]. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2024, 37(5): 897.
- [22] 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.
- [23] 陈晓杰, 杨科, 范家霖, 等. 优质强筋小麦新品种郑品优 9 号的遗传基础解析[J]. 麦类作物学报, 2021, 41(10): 1211.
CHEN X J, YANG K, FAN J L, *et al.* Analysis on genetic basis of a new wheat variety Zhengpinyou 9 with strong gluten [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2021, 41(10): 1211.