

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2011.00255

川麦 42 中源于人工合成小麦的一个高产位点鉴定

李俊¹ 魏会廷² 胡晓蓉¹ 李朝苏¹ 汤永禄¹ 刘登才^{3,4} 杨武云^{1,*}

¹四川省农业科学院作物研究所, 四川成都 610066; ²四川省农业科学院植物保护研究所, 四川成都 610066; ³四川农业大学小麦研究所, 四川温江 611130; ⁴中国科学院西北高原生物研究所高原生物适应与进化重点实验室, 青海西宁 810001

摘要: 人工合成小麦是改良现代小麦的重要基因资源。川麦 42 是人工合成小麦与普通小麦杂交育成的高产、抗条锈、广适小麦新品种。利用小麦全基因组的 1 029 个 SSR 标记扫描, 检测了川麦 42 遗传背景中人工合成小麦导入位点, 并利用川麦 42 与四川小麦品种川农 16 构建的 127 个重组自交系(RIL, F₈), 在 4 年 6 个环境下种植获得的农艺性状数据, 分析了人工合成小麦导入位点对小麦产量和产量构成因子的遗传效应, 在川麦 42 遗传背景中发现一个高产的人工合成小麦导入位点 Barc1183。根据 Barc1183 分子标记, 将 RIL 群体中的 127 个株系分为川麦 42 基因型(具人工合成小麦导入位点)和川农 16 基因型(具川农 16 位点)两组, 前者的人工合成小麦导入位点能促进分蘖能力, 提高有效穗数、每平方米粒数, 增加收获指数、籽粒生产率, 在 4 年 6 个环境下较后者平均增产达 8.92%, Barc1183 为一高产的人工合成小麦导入位点。利用中国春双端体和硬粒小麦 Longdon 的 D 染色体代换系验证, 将其定位于小麦 4D 染色体长臂。川麦 42 遗传背景中的高产人工合成小麦导入位点 Barc1183, 对于进一步开展小麦高产育种研究具有重要价值。

关键词: 川麦 42; 人工合成小麦; 导入位点; 高产

Identification of a High-Yield Introgression Locus from Synthetic Hexaploid Wheat in Chuanmai 42

LI Jun¹, WEI Hui-Ting², HU Xiao-Rong¹, LI Chao-Su¹, TANG Yong-Lu¹, LIU Deng-Cai^{3,4}, and YANG Wu-Yun^{1,*}

¹ Crop Research Institute, Sichuan Academy of Agricultural Sciences, Chengdu 610066, China; ² Institute of Plant Protection, Sichuan Academy of Agricultural Sciences, Chengdu 610066, China; ³ Triticeae Research Institute, Sichuan Agricultural University, Wenjiang 611130, China; ⁴ Northeast Plateau Institute of Biology, Chinese Academy of Sciences, Xining 810001, China

Abstract: Synthetic hexaploid wheat, a carrier of many elite genes, is an important genetic resource in the improvement of common wheat (*Triticum aestivum* L.). Chuanmai 42 is a wheat cultivar with high-yield potential and resistance to strip rust (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*), which was developed by crossing and backcrossing Syn769 (an elite synthetic hexaploid wheat) with Sichuan commercial wheat cultivars. For understanding the genetic effects of the introgression loci of synthetic hexaploid wheat in Chuanmai 42, a total of 78 introgression loci of synthetic hexaploid wheat were identified in Chuanmai 42 by scanning using 1029 SSR markers. Using 127 recombinant inbred lines (RILs, F₈) with Chuanmai 42 (introgression loci) and Chuannong 16 (Chuannong 16 loci) backgrounds, the genetic effects of the introgression loci were evaluated across six environments in Sichuan Province, China from 2006 to 2009. One high-yield potential locus Barc1183 derived from the synthetic hexaploid wheat was detected in Chuanmai 42. It was further located on the long arm of 4D chromosome using the 4DS and 4DL telosomic lines of Chinese Spring and the 4D(4A) and 4D(4B) substitution lines of Longdon. This locus had positive effects on increasing tiller number per plant, number of effective spikes, grain number per square meter, harvest index, and grain production rate, and the average yield was increased by 8.92% compared with Chuannong 16 in the six growing environments. Therefore, the introgression locus Barc1183 of synthetic hexaploid wheat can be useful for breeding high-yield potential wheat.

Keywords: Chuanmai 42; Synthetic hexaploid wheat; Introgression loci; High yield

本研究由国家自然科学基金项目(30771338, 30871532), 国家科技支撑计划项目(2006BAD13B02-03, 2006BAD01A02), 国家高技术研究发展计划(863 计划)项目(2006AA10Z1C6), 国家小麦产业技术体系项目, 四川省育种攻关项目, 四川省应用基础项目和四川省财政育种优秀论文基金资助。

* 通讯作者(Corresponding author): 杨武云, E-mail: yangwuyun@yahoo.com.cn, Tel: 028-84504657

第一作者联系方式: E-mail: lijunchd@yahoo.com.cn

Received(收稿日期): 2010-06-02; Accepted(接受日期): 2010-08-04.

六倍体普通小麦是由3个不同的二倍体野生近缘种(拟斯卑尔脱山羊草, *Aegilops speltoides* Tausch, BB, $2n=2x=14$; 乌拉尔图小麦, *Triticum urartu* Tum., AA, $2n=2x=14$; 节节麦, *Ae. tauschii*, DD, $2n=2x=14$), 大约于公元前8 000和6 000年在自然界经两次天然杂交、染色体加倍而成^[1-3]。曾经参与六倍体小麦起源与进化的二倍体小麦野生近缘种的个体极少, 而大量的二倍体小麦野生近缘种仍存在于自然界, 且携带现代小麦所不具有的优良基因, 成为现代小麦育种应用的宝贵基因库。为了发掘小麦野生近缘种的优良基因, 国内外科学家重塑小麦进化过程, 利用四倍体小麦(*T. turgidum*, $2n=28$, AABB)和节节麦(*Ae. tauschii*, $2n=14$, DD)杂交、染色体加倍合成了新的六倍体小麦^[4-6]。该小麦综合了四倍体小麦与节节麦的优良性状, 其遗传变异类型丰富, 蕴藏着丰富的抗病、抗逆、优质和高产基因^[3-4,7], 具大量与千粒重、每穗粒数、单位面积穗数等籽粒产量密切相关的QTL, 对改良现代小麦资源具有很大的潜力^[8-10]。目前, 挖掘和利用人工合成小麦中的优良基因, 已成为世界各国小麦育种家关注的热点问题^[3]。

1995年本课题组从CIMMYT引进了一批硬粒小麦(*T. turgidum* subsp. *durum*, $2n=28$, AABB)——节节麦人工合成小麦基因资源。利用CIMMYT人工合成小麦与四川普通小麦杂交, 成功育成了西南麦区突破性小麦新品种川麦42^[11]。该品种在国家区试长江上游组中比对照川麦107平均增产16.4%, 是四川省区试中唯一连续两年平均达到 $6\ 000\ \text{kg}\ \text{hm}^{-2}$ 以上的品种, 2009年在四川丘陵麦区的江油县创造了 $8\ 865\ \text{kg}\ \text{hm}^{-2}$ 西南麦区高产纪录。川麦42综合农艺性状优良, 已成为我国小麦高产、抗条锈育种的重要基因资源^[12-13], 同时也是国际上植物野生资源成功育种应用的范例之一^[2,14-15]。针对川麦42遗传背景中导入的人工合成小麦遗传位点是否对其高产特性发挥了重要作用这一问题, 本课题组利用川麦42和川农16构建的重组自交系群体, 对川麦42遗传背景中的人工合成小麦导入位点的遗传效应进行了研究, 发现人工合成小麦导入位点(Barc1183)在6个环境下均有利于提高籽粒产量、平均增产达8.92%, 为一个高产遗传位点。

1 材料与方法

1.1 材料

川麦42及其人工合成小麦亲本Syn769、普通小麦亲本SW3243和川6415, 用于检测川麦42遗传

背景下人工合成小麦导入位点。川麦42是课题组利用人工合成小麦Syn769和四川小麦SW3243杂交, F_1 再与川6415杂交(Syn769/SW3243//川6415)育成的穗数穗重并重品种, 高抗条锈病, 且高产、稳产性好, 适应性广, 综合性状优良。Syn769是1995年本课题组从CIMMYT引进的“硬粒小麦-节节麦”人工合成小麦, 其系谱为Decoy 1/*Ae. tauschii* 188。SW3243和川6415由四川省农业科学院作物研究所提供。

川麦42/川农16重组自交系是四川省农业科学院作物研究所利用川麦42和川农16杂交, 以单粒传的方法构建而成的127个重组自交系(F_8 代), 用于分析人工合成小麦导入位点的遗传效应。川农16由四川农业大学小麦研究所选育提供。

六倍体普通小麦中国春($2n=42$, AABBDD)、中国春4D短臂双端体(CSDT4DS)和中国春4D长臂双端体(CSDT4DL), 硬粒小麦Longdon ($2n=28$, AABB)、Longdon的4D/4A染色体代换系LDN4D(4A)和Longdon的4D/4B染色体代换系LDN4D(4B)用于遗传位点Barc1183所在染色体及臂的定位。材料由中国农业科学院作物科学研究所和四川农业大学小麦研究所提供。

1.2 田间设计及考察指标

为了分析川麦42遗传背景下人工合成小麦导入位点的遗传效应, 选取四川省具有不同小麦生态和耕作方式的广汉和井研两点于2005—2009年连续4个小麦生长季种植川麦42、川农16及其RIL群体。广汉属于成都平原, 灌溉方便, 种植制度以小麥—水稻轮作为主, 为稻麦两熟区, 前作为水稻, 土壤肥力中上; 井研属于丘陵麦区, 种植制度以小麥/玉米/甘薯套作为主, 为旱地三熟区, 小麦前作为甘薯, 土壤肥力中等。

在四川广汉点, 2005—2006、2006—2007、2007—2008、2008—2009年连续4个小麦生长季种植川麦42、川农16及其RIL群体。按照随机区组设计, 3次重复, 每个小区种植10行, 行距20 cm, 小区面积 $2.5\ \text{m} \times 2.0\ \text{m}$, 采用免耕、撬窝点播、稻草覆盖栽培方式。在四川井研县点, 2007—2008、2008—2009年连续2个生长季种植上述亲本及RIL群体, 按照随机区组设计, 3次重复, 每个小区种植6行, 行距20 cm, 小区面积 $2.0\ \text{m} \times 1.2\ \text{m}$, 采用翻耕、条沟点播、细土盖种栽培方式。每个环境通过定苗使不同株系的基本苗数一致, 播前和苗期进行化学除草, 中后期施药控制病虫害。

田间调查基本苗数、最高茎蘖数、全生育期天数和有效穗数, 成熟期取样考种, 测定株高、千粒重、每穗粒数、穗长、小穗数、单穗粒重等性状, 收获整个小区测定小区产量。籽粒产量按 12% 水分折算, 生物产量为整个地上部分干重, 每株分蘖数=最高茎蘖数/基本苗-1, 生物生产率=生物产量×100/全生育期天数, 籽粒生产率=籽粒产量×100/抽穗至成熟天数, 收获指数=籽粒产量/生物产量。

1.3 DNA 提取和 SSR 分子标记扫描

随机取各株系种子发芽, 取幼嫩叶片按照 CTAB 法提取 DNA。利用编号为 Barc、Xgwm、Xgdm、Xwmc、Xcfd、Xcfa 等的 SSR 标记 1 029 个^[16-19], 扫描川麦 42 及其亲本 Syn769、SW3243 和川 6415, 分析川麦 42 的遗传背景; 同时利用川麦 42 遗传背景中人工合成小麦导入位点检测川麦 42/川农 16 RIL 群体中各株系的基因型, 用于分析该位点的遗传效应。

PCR 反应体系总体积 20 μ L, 包含 1×buffer (100 mmol L⁻¹ Tris-HCl, pH 8.3, 1.5 mmol L⁻¹ MgCl₂), 0.2 mmol L⁻¹ dNTPs, 50 ng 随机引物, 1 U *Taq* DNA 聚合酶, 50~100 ng 模板 DNA。PCR 扩增程序为 94℃ 预变性 5 min; 94℃ 变性 1 min, 50℃/55℃/60℃ 退火 1 min, 72℃ 延伸 1 min, 35 个循环; 72℃ 延伸 10 min。PCR 扩增在 PTC-200 中进行, SSR 引物由 TaKaRa 公司合成。扩增产物经 6% 聚丙烯酰胺凝胶电泳检测, 电泳缓冲液为 1× TBE, 400 V 电压电泳 40 min, 硝酸银染色后照相。

1.4 遗传效应分析

利用 SPSS V13.0 统计软件分析 SSR 分子数据和农艺性状数据之间的相关性; 再根据 Barc1183 位点分子扫描的结果, 把 RIL 群体中的 127 个株系按照川麦 42 基因型和川农 16 基因型分成两组, 利用 SPSS 分别对 6 个环境的两组数据进行 *t*-检验, 分析其差异显著性。

1.5 Barc1183 位点的染色体定位

利用与 Barc1183 紧密连锁的 SSR 标记在中国春及其双端体、Longdon 及其 4D 代换系材料的基因组 DNA 中进行扩增, 根据扩增产物的有无, 确定其遗传位点所在染色体及染色体臂位置。

2 结果与分析

2.1 川麦 42 遗传背景中人工合成小麦导入位点检测

利用小麦全基因组的 1 029 个 SSR 标记, 对川

麦 42 及其亲本 Syn769、SW3243 和川 6415 进行了扫描, 发现 705 个 SSR 标记在所检测材料中具有多态性差异, 其中 78 个标记揭示的川麦 42 基因型与人工合成小麦 Syn769 一致, 即川麦 42 遗传背景中有 78 个位点来源于人工合成小麦 Syn769, 人工合成小麦导入位点频率为 11.06% (图 1)。其中, 39 个位点来源于人工合成小麦的四倍体供体(硬粒小麦)的 A、B 基因组; 32 个位点来源于人工合成小麦的二倍体供体(节节麦)的 D 基因组; 另有 7 个位点由于前人未连锁到染色体上, 目前尚无法确定其染色体。这 78 个人工合成小麦导入位点被用于川麦 42 和川农 16 的多态性检测, 共有 41 个人工合成小麦导入位点揭示差异, 其扩增结果清晰、稳定, 可用于扫描川麦 42/川农 16 RIL 群体, 分析人工合成小麦导入位点的遗传效应。

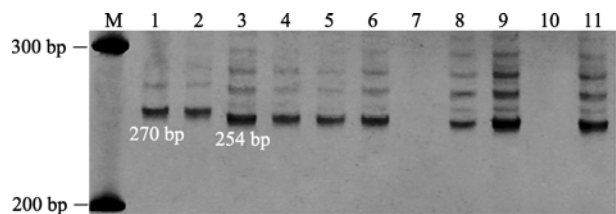


图 1 SSR 标记 Barc1183 分析结果

Fig. 1 Banding patterns of SSR marker Barc1183

M: 100 bp ladder marker; 1: Syn769; 2: 川麦 42; 3: SW3243; 4: 川 6415; 5: 川农 16; 6: 中国春; 7: Longdon; 8: Longdon 的 4D/4A 染色体代换系 LDN4D(4A); 9: Longdon 的 4D/4B 染色体代换系 LDN4D(4B); 10: 中国春 4D 短臂双端体(CSDT4DS); 11: 中国春 4D 长臂双端体(CSDT4DL)。

M: 100 bp ladder marker; 1: Syn769; 2: Chuanmai 42; 3: SW3243; 4: Chuan 6415; 5: Chuannong 16; 6: Chinese Spring; 7: Longdon; 8: 4D(4A) substitution lines of Longdon, LDN4D(4A); 9: 4D(4B) substitution lines of Longdon, LDN4D(4B); 10: 4DS telosomic lines of Chinese Spring (CSDT4DS); 11: 4DL telosomic lines of Chinese Spring (CSDT4DL)。

2.2 人工合成小麦 Syn769 导入位点的遗传效应分析

利用川麦 42 和川农 16 有差异的 41 个遗传位点扫描川麦 42/川农 16 RIL 群体, 将分子数据与 6 个环境的农艺性状数据进行相关性分析, 结果发现, 有 13 个位点与籽粒产量等重要农艺性状显著正相关或负相关, 其中 4 个位点(Barc1183、Barc241、Xcfe25 和 Xcfd223)与籽粒产量性状显著正相关, 9 个位点(Xwmc532、Xgwm304、Xgwm314、Barc100、Barc171、Barc197、Barc360、Xcfd60 和 Xcfd65)与籽粒产量性状显著负相关(表 1)。4 个与籽粒产量显著正相关的位点中, 仅 Barc1183 位点在每个环境都

表现出与籽粒产量显著正相关, 6 个环境籽粒产量的平均相关性系数为 0.298, 达显著水平($P=0.001$)。

2.3 Barc1183 位点对小麦产量的遗传效应分析

将 RIL 群体中的 127 个株系分成川麦 42 位点和川农 16 位点两组, 利用成组 t -检验对 6 个环境的田间数据分别进行了差异性分析, 结果表明, 综合 6 个环境, 川农 16 位点有利于提高成穗率; 但川麦 42 位点有利于提高每株分蘖数、有效穗数、每平方米粒数、收获指数、籽粒生产率, 增加籽粒产量, 平均增产达 8.92% (表 2)。6 个环境中人工合成小麦导入位点较川农 16 位点增产分别达 6.95%、8.67%、7.33%、11.25%、9.95% 和 10.38% (表 2)。

2.4 遗传位点 Barc1183 所在染色体位置的验证

Song 等^[14]构建的分子标记的遗传图谱将位点 Barc1183 定位在 4D 染色体长臂末端。本试验利用中国春、中国春双端体 CSDT4DS 和 CSDT4DL、Longdon4D 代换系 LDN4D(4A) 和 LDN4D(4B), 对 Barc1183 位点所在染色体位置进行了验证。结果发现, 缺 4D 长臂的中国春双端体 CSDT4DS 和无 D 基因组的硬粒小麦 Longdon 无扩增产物(图 1), 而中国春、中国春双端体 CSDT4DL、Longdon 4D 代换系 LDN4D(4A) 和 LDN4D(4B) 具扩增产物(图 1), 同时普通小麦 SW3243、川 6415 和川农 16 中扩增的目标带与在中国春中的一致, 均为 254 bp, 而川麦 42 和人工合成小麦亲本 Syn769 的扩增产物略大, 约为 270 bp (图 1)。本研究验证了 Song 等的结果, 即 Barc1183 位于小麦 4D 染色体长臂上, 目标带为 254 bp。因此, 可利用分子标记方法鉴别川麦 42 的 Barc1183 人工合成小麦导入位点。

3 讨论

人工合成小麦携带有双亲(四倍体小麦和节节麦)的抗病、优质和高产基因, 将这些基因导入普通小麦, 有利于提高小麦的品质、抗病性和产量, 有希望改良小麦产量和产量构成因子之类的数量性状^[8]。在未来的几十年里, 杂交小麦和人工合成小麦可能成为提高小麦产量和质量的主要手段^[3]。近年来, 国内外已获得大量人工合成小麦, 并作了很多有关人工合成小麦及其衍生系产量性状方面的研究。CIMMYT 和澳大利亚在灌溉和雨养条件下的试验表明, 人工合成小麦具有良好的产量潜力, 比当地对照品种增产 8%~30%; 同时, 这些人工合成小麦在印度、阿根廷等干旱条件下也增产 5%~40%, 并

推测增产原因很可能源于发达的根系和水分利用能力^[20-22]。Ogbonnaya 等^[21]研究表明, 83% 的人工合成小麦衍生系较其轮回亲本有更高的千粒重和产量。Del Blanco 等^[22]发现, 80% 以上的人工合成小麦衍生系的千粒重和 8 个衍生系的籽粒产量都显著高于其轮回亲本, 平均增产达 11%, 且单位面积穗数和每穗粒数对产量的直接作用较大。

目前, 小麦产量 QTL 几乎被定位在所有染色体上, 在 1A、3A、4A、5A、1B、2B、5B、7B、2D 和 7D 上相对集中^[23-32]; 人工合成小麦中发现的产量及其相关性状 QTL 分布在所有染色体上^[7,9-10,23]。Börner 等^[33]利用 Opata/W-7984 的 RIL 群体, 检测到 64 个 LOD>3 的 QTL, 其中 31 个(30%)来源于人工合成小麦 W-7984; Narasimhamoorthy 等^[9]利用 Karl 92 与人工合成小麦 TA 4152-4 BC₂ 群体, 检测到 10 个有利 QTL, 其中 3 个(30%)来源于 TA 4152-4; Huang 等^[23]利用德国栽培品种 Prinz 与人工合成小麦 W-7984 的 BC₂ 群体, 检测到 40 个来源于 W-7984 的 QTL, 其中 24 个(60%)表现正效应。

本课题组曾对人工合成小麦衍生品种川麦 42 的遗传背景进行了初步研究, 发现来源于人工合成小麦的 1BS 染色体臂对小麦籽粒产量有正向作用, 较 1RS (即 1BL/1RS 易位系)增产 2.91%^[34-35], Li 等^[36]还将川麦 42 的高抗条锈基因 *YrCH42* 定位于 1BS。本试验进一步研究发现, 川麦 42 遗传背景中的人工合成小麦导入位点 Barc1183 对籽粒产量具有显著正效应, 6 个环境平均增产达 8.92%。小麦 4D 染色体上存在产量及与千粒重、每穗粒数、每平方米穗数、株高等产量性状相关的 QTL^[8,23,27,37-39]。Kuchel 等^[39]利用两个栽培小麦 Trident/Molineux 的 DH 群体, 在 18 个环境中定位了 5 个籽粒产量的 QTL, 位于 1B、2D、3D、4A 和 4D 染色体, 但 4DL 染色体上的产量 QTL 受环境影响较大。Huang 等^[23]在 4D 染色体上也检测到 2 个产量 QTL, 但 LOD 值较小(1.7 和 2.1), 且都表现为负效应。本试验在 4D 染色体长臂上发现的高产人工合成小麦导入位点 Barc1183, 在成都平原区和川中丘陵区的 4 年 6 个环境下均表现显著增产效应(表 2), 因此, 推测川麦 42 遗传背景中的导入位点 Barc1183 可能不同于前人发现的 4DL 上的 QTL, 可能是一个新的高产位点。目前, 我们正利用分子标记辅助方法将川麦 42 的高产位点 Barc1183 转育到我国主要麦区主推品种中, 构建高产位点近等基因系, 为进一步的小麦高产育种研究

表1 13个遗传位点与重要农艺性状的相关性
Table 1 Relativity between thirteen genetic loci and main agronomic traits

位点 Locus	每株分蘖数 TNP	成穗率 FSR	有效穗数 ESN	每穗粒数 GNS	每平方米粒数 GSM	千粒重 TGW	单穗粒重 GWS	株高 PH	全生育期 天数 GD	生物产量 BM	收获指数 HI	生物生产率 BPR	籽粒生产率 GPR	籽粒产量 GY
Xwmc532	-0.279**	0.046	-0.387**	0.289**	-0.054	-0.228**	0.106	-0.008	0.167	-0.111	-0.253**	-0.130	-0.282**	-0.310**
Xgwm304	-0.166	0.091	-0.146	-0.071	-0.187*	0.061	-0.026	0.141	0.069	-0.079	-0.171	-0.093	-0.181*	-0.201*
Xgwm314	-0.132	0.002	-0.216*	0.190*	-0.006	-0.179*	0.034	-0.008	-0.017	-0.071	-0.155	-0.069	-0.230**	-0.177*
Xcfe25	0.054	0.127	0.235**	-0.075	0.150	0.003	-0.070	-0.056	-0.010	0.036	0.171	0.048	0.156	0.215*
Barc100	-0.149	0.051	-0.160	-0.118	-0.237**	0.069	-0.076	0.149	0.067	-0.172	-0.153	-0.183*	-0.176*	-0.199*
Barc1183	0.372**	-0.294**	0.246**	0.054	0.253**	0.013	0.055	-0.050	0.053	0.128	0.283**	0.117	0.343**	0.298**
Barc171	-0.096	-0.054	-0.183*	0.143	-0.027	-0.231**	-0.062	-0.031	0.040	-0.108	-0.090	-0.117	-0.143	-0.196*
Barc197	-0.175	0.037	-0.218*	0.077	-0.128	-0.068	0.001	0.147	0.043	-0.039	-0.222*	-0.050	-0.229**	-0.234**
Barc241	-0.155	0.148	-0.066	0.320**	0.236**	-0.174	0.189*	-0.031	-0.120	-0.010	0.279**	0.009	0.148	0.214*
Barc360	-0.172	0.051	-0.221*	-0.038	-0.210*	0.037	-0.026	0.107	-0.019	-0.147	-0.161	-0.158	-0.199*	-0.220*
Xcfd223	0.153	-0.106	0.166	-0.019	0.119	0.020	0.000	-0.017	-0.013	0.120	0.110	0.122	0.153	0.203*
Xcfd60	0.128	-0.246**	-0.105	-0.037	-0.126	-0.061	-0.099	0.053	0.139	0.000	-0.138	-0.024	-0.100	-0.221*
Xcfd65	-0.231**	0.084	-0.303**	0.286**	0.004	-0.225*	0.107	0.068	0.090	-0.015	-0.188*	-0.024	-0.194*	-0.187*

* $P < 0.05$; ** $P < 0.01$. TNP: tiller number per plant; FSR: ratio of fertile spikes; ESN: number of effective spikes per square meter; GNS: grain number per spike; GSM: grain number per square meter; TGW: thousand-grain weight; GWS: grain weight per spike; PH: plant height; GD: growth duration from emergence to maturity; BM: biomass at maturity; HI: harvest index; BPR: biomass production rate; GPR: grain production rate; GY: grain yield.

表 2 川麦 42/川农 16 RILs 群体中川麦 42 位点株系与川农 16 位点株系主要农艺性状成组比较结果
Table 2 The comparison of main agronomic traits between Chuanmai 42 loci lines and Chuannong 16 loci lines in RILs

性状 Trait	2006, 广汉 Guanghan, 2006		2007, 广汉 Guanghan, 2007		2008, 广汉 Guanghan, 2008		2008, 井研 Jingyan, 2008		2009, 广汉 Guanghan, 2009		2009, 井研 Jingyan, 2009		平均 Mean	
	CM42	CN16	CM42	CN16	CM42	CN16	CM42	CN16	CM42	CN16	CM42	CN16	CM42	CN16
	每株分蘖数 TNP	<u>2.6</u>	2.2	<u>2.9</u>	2.4	<u>2.1</u>	1.7	<u>1.0</u>	0.9	<u>2.9</u>	2.5	<u>1.2</u>	1.1	<u>2.1</u>
成穗率 FSR (%)	<u>75.4</u>	79.4	<u>59.3</u>	63.4	<u>77.2</u>	82.7	84.8	85.8	<u>56.8</u>	62.6	75.5	76.4	<u>71.5</u>	75.0
每平方米有效穗数 ESN	<u>427.8</u>	392.0	414.9	394.6	<u>463.1</u>	441.4	<u>412.4</u>	386.9	432.6	422.5	373.8	360.9	<u>420.8</u>	399.7
每平方米粒数 GSM	<u>17590</u>	15801	<u>14244</u>	13086	18312	17490	<u>17190</u>	15419	14591	13896	13562	12749	<u>15915</u>	14740
每穗粒数 GNS	41.3	40.5	34.5	33.1	39.7	39.8	41.8	40.0	33.9	33.1	36.2	35.3	37.9	37.0
千粒重 TGW (g)	43.3	44.4	49.3	49.0	44.4	44.1	45.8	45.7	51.8	51.8	48.3	47.5	47.2	47.1
单穗粒重 GWS (g)	1.79	1.80	1.64	1.57	1.76	1.75	1.91	1.83	1.74	1.69	1.74	1.67	1.76	1.72
株高 PH (cm)	86.8	88.7	93.6	94.2	89.7	90.5	88.5	87.2	92.5	93.6	88.5	90.1	89.9	90.7
全生育期天数 GD (d)	188.5	188.5	183.1	181.5	180.2	179.4	174.7	174.3	188.5	188.3	165.4	165.1	177.6	177.3
生物产量 BM (kg hm ⁻²)	—	—	—	—	13497	13103	<u>14357</u>	13578	13764	13804	12714	12584	13583	13267
收获指数 HI	—	—	—	—	<u>0.50</u>	0.48	0.38	0.36	<u>0.49</u>	0.44	<u>0.33</u>	0.30	<u>0.43</u>	0.40
生物生产率 BPR (kg hm ⁻² d ⁻¹)	—	—	—	—	73.8	71.8	<u>82.6</u>	78.3	73.0	73.3	76.9	76.3	76.6	74.9
籽粒生产率 GPR (kg hm ⁻² d ⁻¹)	<u>143.1</u>	133.7	<u>140.2</u>	129.0	<u>147.7</u>	136.6	<u>123.7</u>	110.2	<u>140.9</u>	125.4	<u>93.0</u>	83.5	<u>126.3</u>	113.9
籽粒产量 GY (kg hm ⁻²)	<u>7149.1</u>	6684.3	<u>7292.1</u>	6710.2	<u>7768.4</u>	7237.6	<u>6129.3</u>	5509.3	<u>7781.2</u>	7076.9	<u>4709.1</u>	4266.1	<u>6804.8</u>	6247.4
增产率 Yield increased (%)	6.95		8.67		7.33		11.25		9.95		10.38		8.92	

下画线表示性状表现在川麦 42 位点株系和川农 16 位点株系之间差异显著($P < 0.05$); 增产率为川麦 42 位点较川农 16 位点的增产率; “—”表示数据缺失。CM42: 川麦 42; CN16: 川农 16。

Values underlined are significantly different between lines with Chuanmai 42 loci and lines with Chuannong 16 loci at $P < 0.05$ according to pair-wise t -test. “Yield increased” is the percentage of yield increased in Chuanmai 42 compared to Chuannong 16. “—” indicates data not available. CM42: Chuanmai 42; CN16: Chuannong 16. Other abbreviations as in Table 1.

奠定基础。

4 结论

川麦 42 中人工合成小麦导入位点 Barc1183 能促进分蘖能力, 提高有效穗数、每平方米粒数, 增加收获指数、籽粒生产率, 川麦 42/川农 16 重组自交系在 4 年 6 个环境下表现人工合成小麦导入位点可使产量平均增加 8.92%。该位点位于 4D 染色体长臂, 可用于进一步小麦高产育种研究。

References

- [1] Feldman, M. Origin of cultivated wheat. In: Bonjean A P, Angus W J, eds. *The World Wheat Book: a History of Wheat Breeding*. Paris: Lavoisier Publishing Inc., 2001. pp 3–56
- [2] Van Ginkle M, Francis O. Novel genetic diversity from synthetic wheats in breeding cultivars for changing production conditions. *Field Crops Res*, 2007, 104: 86–94
- [3] David H, Mireille K, Timothy R, Jean M R, Bent S, Suketoshi T, Marilyn W. Plant genetic resources: what can they contribute toward increased crop productivity? *Proc Natl Acad Sci USA*, 1999, 96: 5937–5943
- [4] Mujeeb-Kazi A, Rosas V, Roldan S. Conservation of the genetic variation of *Triticum tauschii* (Coss.) Schmalh. (*Aegilops squarrosa* auct. non L.) in synthetic hexaploid wheats (*T. turgidum* L. S. lat. × *T. tauschii*; 2n = 6x = 42, AABBDD) and its potential utilization for wheat improvement. *Genet Resour Crop Evol*, 1996, 43: 129–134
- [5] Lan X-J(兰秀锦), Yan J(颜济). An amphidiploid derived from a Chinese landrace of tetraploid wheat, Ailanmai crossed with *Aegilops tauschii* native to China and with reference to its utilization in wheat breeding. *J Sichuan Agric Univ* (四川农业大学学报), 1992, 10(4): 581–585 (in Chinese with English abstract)
- [6] Xu S-J(许树军), Dong Y-C(董玉琛). Cytogenetic study on the formation of amphiploids in the F₁ hybrids of *Triticum carthlicum* Nevski var. *darginicum* and *Aegilops tauschii* Cosson. *Acta Agron Sin* (作物学报), 1989, 15(3): 251–259 (in Chinese with English abstract)
- [7] Liu S B, Zhou R H, Dong Y C, Li P, Jia J Z. Development, utilization of introgression lines using a synthetic wheat as donor. *Theor Appl Genet*, 2006, 112: 1360–1373
- [8] Huang X Q, Cloutier S, Lycar L, Radovanovic N, Humphreys D G, Noll J S, Somers D J, Brown P D. Molecular detection of QTLs for agronomic and quality traits in a doubled haploid population derived from two Canadian wheats (*Triticum aestivum* L.). *Theor Appl Genet*, 2006, 113: 753–766
- [9] Narasimhamoorthy B, Gill B S, Fritz A K, Nelson J C, Brown-Guedira G L. Advanced backcross QTL analysis of a hard winter wheat × synthetic wheat population. *Theor Appl Genet*, 2006, 112: 787–796
- [10] Liao X-Z(廖祥政), Wang J(王瑾), Zhou R-H(周荣华), Ren Z-L(任正隆), Jia J-Z(贾继增). Mining favourable alleles of QTLs conferring 1000-grain weight from synthetic wheat. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2008, 34(11): 1877–1884 (in Chinese with English abstract)
- [11] Ge H-M(盖红梅), Wang L-F(王兰芬), You G-X(游光霞), Hao C-Y(郝晨阳), Dong Y-C(董玉琛), Zhang X-Y(张学勇). Fundamental roles of cornerstone breeding lines in wheat reflected by SSR random scanning. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2009, 42(5): 1503–1511 (in Chinese with English abstract)
- [12] Yang W Y, Liu D C, Li J, Zhang L Q, Wei H T, Hu X R, Zheng Y L, He Z H, Zou Y C. Synthetic hexaploid wheat and its utilization for wheat genetic improvement in China. *J Genet Genomics*, 2009, 36: 539–546
- [13] Zhang Y(张颀), Yang W-Y(杨武云), Hu X-R(胡晓蓉), Yu Y(余毅), Zou Y-C(邹裕春), Li Q-M(李青茂). Analysis of agronomic characters of new wheat variety Chuanmai 42 derived from synthetics (*Triticum durum* × *Aegilops tauschii*). *Southwest China J Agric Sci* (西南农业学报), 2004, 17(2): 141–145 (in Chinese with English abstract)
- [14] Hajjar R, Hodgkin T. The use of wild relatives in crop improvement: a survey of developments over the last 20 years. *Euphytica*, 2007, 156: 1–13
- [15] Maxted N, Kell S P. Establishment of a Global Network for the In Situ Conservation of Crop Wild Relatives: Status and Needs. FAO Commission on Genetic Resources for Food and Agriculture, Rome, Italy. 2009, p 24
- [16] Röder M S, Korzun V, Wendehake K, Plaschke J, Tixier M H, Leroy P, Ganal M W. A microsatellite map of wheat. *Genetics*, 1998, 149: 2007–2023
- [17] Pestsova E, Ganal M W, Röder M S. Isolation and mapping of microsatellite markers specific for the D genome of bread wheat. *Genome*, 2000, 43: 689–697
- [18] Somers D J, Isaac P, Edwards K. A high-density microsatellite consensus map for bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor Appl Genet*, 2004, 109: 1105–1114
- [19] Song Q J, Shi J R, Singh S, Fickus E W, Costa J M, Lewis J, Gill B S, Ward R, Cregan P B. Development and mapping of microsatellite (SSR) marker in wheat. *Theor Appl Genet*, 2005, 110: 550–560
- [20] Dreccer M F, Borgognone M G, Ogbonnaya F C, Trethowan R M, Winter B. CIMMYT-selected derived synthetic bread wheat for rainfed environments: yield evaluation in Mexico and Australia. *Field Crops Res*, 2007, 100: 218–228
- [21] Ogbonnaya F C, Ye G Y, Trethowan R, Dreccer F, Lush D, Shep-

- perd J, van Ginkel M. Yield of synthetic backcross-derived lines in rainfed environments of Australia. *Euphytica*, 2007, 3: 321–336
- [22] Del Blanco I A, Rajaram S, Kronstad W E. Agronomic potential of synthetic hexaploid wheat derived populations. *Crop Sci*, 2001, 41: 670–676
- [23] Huang X Q, Coster H, Ganai M W, Röder M S. Advanced backcross QTL analysis for the identification of quantitative trait loci alleles from wild relatives of wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor Appl Genet*, 2003, 106: 1379–1389
- [24] Kato K, Miura H, Sawada S. Mapping QTLs controlling grain yield and its components on chromosome 5A of wheat. *Theor Appl Genet*, 2000, 101: 1114–1121
- [25] Zhang K-P(张坤普), Xu X-B(徐宪斌), Tian J-C(田纪春). QTL mapping for grain yield and spike related traits in common wheat. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2009, 35(2): 270–278 (in Chinese with English abstract)
- [26] Groos C, Robert N, Bervas E, Charmet G. Genetic analysis of grain protein-content, grain yield and thousand-kernel weight in bread wheat. *Theor Appl Genet*, 2003, 106: 1032–1040
- [27] McCartney C A, Somers D J, Humphreys D G, Lukow O, Ames N, Noll J, Cloutier S, McCallum B D. Mapping quantitative trait loci controlling agronomic traits in the spring wheat cross RL4452 × ‘AC Domain’. *Genome*, 2005, 48: 870–883
- [28] Marza F, Bai G H, Carver B Y, Zhou W C. Quantitative trait loci for yield and related traits in the wheat population Ning 7840 × Clark. *Theor Appl Genet*, 2006, 112: 688–698
- [29] Kumar K, Kulwal P L, Balyan H S, Gupta P K. QTL mapping for yield and yield contributing traits in two mapping populations of bread wheat. *Mol Breed*, 2007, 19: 167–177
- [30] Snape J W, Foulkes M J, Simmonds J, Leverington M, Fish L J, Wang Y K, Ciavarrella M. Dissecting gene 3 environmental effects on wheat yields via QTL and physiological analysis. *Euphytica*, 2007, 154: 401–408
- [31] Li S S, Jia J Z, Wei X Y, Zhang X C, Li L Z, Chen H M, Fan Y D, Sun H Y, Zhao X H, Lei T D, Xu Y F, Jiang F S, Wang H G, Li L H. An intervarietal genetic map and QTL analysis for yield traits in wheat. *Mol Breed*, 2007, 20: 167–178
- [32] Wang R X, Hai L, Zhang X Y, You G X, Yan C S, Xiao S H. QTL mapping for grain filling rate and yield-related traits in RILs of the Chinese winter wheat population Heshangmai × Yu 8679. *Theor Appl Genet*, 2009, 118: 313–325
- [33] Börner A, Schumann E, Furste A, Coster H, Leithold B, Röder M S, Weber W E. Mapping of quantitative trait loci for agronomic important characters in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor Appl Genet*, 2002, 105: 921–936
- [34] Liao J(廖杰), Wei H-T(魏会廷), Li J(李俊), Yang Y-M(杨玉敏), Zeng Y-C(曾云超), Peng Z-S(彭正松), Yang W-Y(杨武云). Detection of the introgression loci of synthetic hexaploid wheat in wheat cultivar Chuanmai 42 by SSR markers. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2007, 33(5): 703–707 (in Chinese with English abstract)
- [35] Li J(李俊), Wei H-T(魏会廷), Yang S-J(杨粟洁), Li C-S(李朝苏), Tang Y-L(汤永禄), Hu X-R(胡晓蓉), Yang W-Y(杨武云). Genetic effects of 1BS chromosome arm on the main agronomic traits in Chuanmai 42. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2009, 35(12): 2167–2173 (in Chinese with English abstract)
- [36] Li G Q, Li Z F, Yang W Y, Zhang Y, He Z H, Xu S C, Singh R P, Qu Y Y, Xia X C. Molecular mapping of stripe rust resistance gene *YrCH42* in Chinese wheat cultivar Chuanmai 42 and its allelism with *Yr24* and *Yr26*. *Theor Appl Genet*, 2006, 112: 1434–1440
- [37] Sourdille P, Cadalen T, Guyomarc’h H, Snape J W, Parretant M R, Charmet G, Boeuf C, Bernard S, Bernard M. An update of the Courlot × Chinese Spring intervarietal molecular marker linkage map for the QTL detection of agronomic traits in wheat. *Theor Appl Genet*, 2003, 106: 530–538
- [38] Quarrie S A, Steed A, Calestani C, Semikhodskii A, Lebreton C, Chinoy C, Steele N, Pljevljakusic D, Waterman E, Weyen J, Schondelmaier J, Habash D Z, Farmer P, Saker L, Clarkson D T, Abugalieva A, Yessimbekova M, Turuspekov Y, Abugalieva S, Tuberosa R, Sanguineti M C, Hollington P A, Aragues R, Royo A, Dodig D. A high-density genetic map of hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.) from the cross Chinese Spring × SQ1 and its use to compare QTLs for grain yield across a range of environments. *Theor Appl Genet*, 2005, 110: 865–880
- [39] Kuchel H, Williams K, Langridge P, Eagles H A, Jefferies S P. Genetic dissection of grain yield in bread wheat: II. QTL-by-environment interaction. *Theor Appl Genet*, 2007, 115: 1015–1027