

张中州,望俊森,鲁进恒,等. 漯河地区小麦高产品种(系)农艺性状的 KASP 标记检测[J]. 江苏农业科学,2024,52(1):34-40.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2024.01.005

# 漯河地区小麦高产品种(系)农艺性状的 KASP 标记检测

张中州,望俊森,鲁进恒,甄士聪,袁 谦,赵永涛,张 锋,李天奇,范志业,刘立峰

(漯河市农业科学院,河南漯河 462300)

**摘要:**为探究漯河地区小麦高产的内在因素,选择 13 份该地区培育品种(系)作为试验材料,对农艺性状株高、抗旱性、籽粒质量做 KASP (kompetitive allele specific PCR) 标记检测。结果表明,*Rht-D1b* 基因是漯河地区选育小麦品种(系)的主要矮秆基因。5 个抗旱微效基因中,抗旱基因型等位基因组合 *Hap-4A-C+Hap-5D-C* 在所有材料中均含有,为该地区骨干抗旱型基因组合。其中,漯丰 172389 含全部优异等位基因 *Westonia+Hap-4A-C+Hap-5D-C+Hap-H+Bl1a*,田间具有良好的抗旱性表现,是优异抗旱种质资源。18 个粒质量基因检测中,高粒质量等位基因 *TaGS2-A1b*,*GW2-Hap-6A-A*,*TaTGW-7Aa*,*Sus1-7B-Hap-T*,*TaGS5-A1b*,*TaGW2-6B-Hap-I* 和 *TaGW2-6B-Hap-II* 在材料中均检测含有,材料占比 100%。高粒质量等位基因 *TPP-6AL1a* 最低,仅占比 7.7%。漯麦 76 含 11 个高粒质量基因,田间籽粒半角质,千粒质量高,单产高,有望成为黄淮南片主推品种之一。本研究通过了解这些基因分布情况,分析原因,为下一步合理利用和培育高产小麦新品种提供参考。

**关键词:**漯河地区;小麦;高产;农艺性状;KASP 标记

**中图分类号:**S512.103 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2024)01-0034-07

随着世界人口的增长和环境污染、农业灾害性气候、战争等不利因素的影响,人类对于粮食的需

求变得更加突出。在我国,小麦的种植面积和产量均居于前列,除海南岛外,其他区域都有不同规模种植,黄淮海地区是我国小麦重要的主产区<sup>[1]</sup>。我国在小麦生产方面取得了巨大的进步和成就,总产量从 1978 年的 5 384 万 t 到 2021 年的 13 694.4 万 t<sup>[2]</sup>,单产也由 20 世纪 50 年代的南大 2419 的 4 468 kg/hm<sup>2</sup> 提高到郑麦 7698 的 10 934 kg/hm<sup>2</sup>,增长幅度为 145%,60 年来小麦品种的年遗传改良增

收稿日期:2023-03-17

基金项目:河南省现代农业产业技术体系专项资金(编号:HARS-22-01-24)。

作者简介:张中州(1977—),男,河南唐河人,硕士,副研究员,从事冬小麦新品种选育和示范推广研究。E-mail:24718093@qq.com。

通信作者:望俊森,硕士研究生,实习研究员,从事冬小麦新品种选育和示范推广研究。E-mail:15839506621@163.com。

[5]严 敏,嵇正龙. 数字乡村建设对城乡商贸流通一体化融合发展赋能效应检验——以农村电商发展为中介变量[J]. 商业经济研究,2022(24):105-108.

[6]何宏庆. 数字金融助推乡村产业融合发展:优势、困境与进路[J]. 西北农林科技大学学报(社会科学版),2020,20(3):118-125.

[7]李 静. 我国数字金融与城市商业活力的空间协同发展——兼论产业融合的空间溢出效应[J]. 商业经济研究,2021(17):178-181.

[8]张 岳,周应恒. 数字普惠金融、传统金融竞争与农村产业融合[J]. 农业技术经济,2021(9):68-82.

[9]陈培彬,陈斯友,林家俊,等. 乡村治理成效评价与分类提升策略[J]. 统计与决策,2022,38(2):174-178.

[10]尹博文. 数字政府优化乡村治理能力的双重困境、深层原因及法律应对[J]. 现代经济探讨,2022(11):123-132.

[11]黄新华,陈宝玲. 治理困境、数字赋能与制度供给——基层治理数字化转型的现实逻辑[J]. 理论学刊,2022(1):144-151.

[12]苏岚岚,彭艳玲. 农民数字素养、乡村精英身份与乡村数字治理

参与[J]. 农业技术经济,2022(1):34-50.

[13]秦中春. 乡村振兴背景下乡村治理的目标与实现途径[J]. 管理世界,2020,36(2):1-6.

[14]张兆曙. 参与困境、场景升级与数字乡村的全景治理——对湖州市“数字乡村一张图”治理平台的案例研究[J]. 浙江学刊,2022(5):88-99.

[15]邹家峰. 网络技术结构性赋能与乡村治理数字化转型——基于江西省赣州市村务微信群的考察[J]. 南京农业大学学报(社会科学版),2022,22(3):56-64.

[16]苏岚岚,张航宇,彭艳玲. 农民数字素养驱动数字乡村发展的机理研究[J]. 电子政务,2021(10):42-56.

[17]傅晋华. 十六大以来中央涉农科技政策的主要内容、演进特征及发展趋势[J]. 中国科技论坛,2014(4):5-9,26.

[18]赵春江,杨信廷,李 斌,等. 中国农业信息技术发展回顾及展望[J]. 农学报,2018,8(1):172-178.

[19]崔 凯,冯 献. 我国农业农村信息化的阶段性特征与趋势研判[J]. 改革,2020(6):125-135.

长幅度为 96.1 kg/hm<sup>2</sup><sup>[3]</sup>。

小麦单位面积产量不仅与环境相关,还与自身农艺性状密切相关。株高、抗逆性、粒质量等重要性状的改良是提高产量的重要途径。矮秆基因 *Rht - B1b*、*Rht - D1b* 的发现和利用,引发了世界范围内的“绿色革命”<sup>[4]</sup>,到目前已发现 35 个矮秆基因<sup>[5]</sup>,它们被越来越多的育种专家重视。前人研究发现,少数矮秆基因在全国范围内得到广泛应用。优势等位基因 *Rht - B1b*、*Rht - D1b* 在黄淮麦区的 246 份小麦品种中分布频率分别为 41.46%、63.41%<sup>[6]</sup>;在青海省 82 份小麦品种中分布频率分别为 28.0%、9.8%<sup>[7]</sup>;在云南省 42 份小麦品种中分布频率分别为 35.71%、26.10%<sup>[8]</sup>。矮秆基因不仅降低株高,还会影响穗粒数、收获指数等农艺性状<sup>[9]</sup>。小麦生育期的干旱胁迫会对其生长发育和产量产生很大的影响,轻度干旱影响较小,但中度和重度则会导致植株的生物产量降低、早熟和产量下降<sup>[10]</sup>。通过对小麦抗旱基因的挖掘和利用,可以进一步提高小麦的抗旱性和适应性,进而提升小麦应对复杂多变的灾害性农业天气的能力,提高小麦的产量。康振生团队通过利用不同地理来源的小麦自然群体,采用全基因组关联分析的方法,成功地发掘出 1 个小麦抗旱基因 *TaNAC071 - A*,发现 MYB 转录因子 TaMYBL1 可以结合并调控 *TaNAC071 - A* 基因的表达,进而影响小麦的抗旱性<sup>[11]</sup>。

小麦单位面积产量的主要决定因素是单位面积穗数、穗粒数和千粒质量。其中,千粒质量的遗传力相对稳定,受环境因素影响较小,遗传力高达 89%<sup>[12]</sup>。因此,千粒质量对小麦的产量潜力贡献非常大<sup>[13]</sup>。单位面积穗数和穗粒数也是影响小麦产量的重要因素,通过综合调控这些因素,可以进一步提高小麦的产量。曹廷杰等通过 1988—2008 年连续 21 年河南省小麦区域试验冬水组试验认为,千粒质量对产量的贡献最大(0.742 6),其次为穗粒数(0.706 4)<sup>[14]</sup>。李爱国等对 2001—2020 年河南省审定的 333 个半冬小麦品种进行了研究,发现单产平均增加了 610 kg/hm<sup>2</sup>,千粒质量提高了 4.7 g,穗粒数增加了 3 粒/穗<sup>[15]</sup>。目前数 10 个小麦粒质量相关基因已被克隆,开发了相应的分子标记<sup>[16]</sup>,育种家结合常规育种对这些基因加以选择,将极大改良千粒质量性状,提升小麦产量潜力<sup>[12]</sup>。

传统育种技术通过大量的表型性状来选育后代,后代选择不可控,不能准确地对某个或某几个

特定性状从基因角度进行精确选择,选育效率低,育种周期长。随着生物学技术的不断发展,分子标记辅助选择越来越受到育种家的重视,KASP 标记具有成本低、便捷优势,在大范围小麦品种基因鉴定和新品种选育中得到广泛应用<sup>[12]</sup>。前人的研究集中在优势等位基因在不同单位不同品种中的分布频率上,对与产量相关优势等位基因在一个地区选育的品种(系)分析较少。本研究通过对漯河农业科学院 13 份材料的株高、抗旱和千粒质量等多个基因进行 KASP 标记检测,了解这些基因分布情况,分析高产原因,旨在为今后的小麦遗传改良和选育新品种提供参考和指导。

1 材料与方法

1.1 供试材料

13 份供试材料均来自河南省漯河市农业科学院超麦研究室,其中 4 份为审定品种,分别是国审小麦豫麦 158、漯麦 18、郟丰 168 和河南省审小麦漯麦 76,漯丰 2792、漯丰 5143、漯丰 3192 为参加各级试验的新品系,其他 6 份为鉴定的高代系,详见表 1。试验材料的产量数据来源于国家、省历年审定冬小麦品种目录。

表 1 参试材料

名称	组合
豫麦 158	核不育轮回群体Ⅱ中选择
漯麦 18	4336/周麦 16
郟丰 168	SP57/兰 298//周 98165
漯麦 76	S1045/郑麦 366//周麦 16
漯丰 2792	CD08 - 1839/豫麦 158
漯丰 5143	郑麦 366/DR219//周麦 22
漯丰 3192	新麦 3306/荷兰北 1//周麦 18
漯丰 172379	周麦 22/黑麦//良星 66///良星 66
漯丰 172389	周麦 22/黑麦//郑麦 366///郑麦 366
漯丰 172407	周麦 18/黑麦//周 22
漯丰 172408	周麦 18/黑麦//周 22
漯丰 172420	豫麦 158/小黑麦//郑麦 366
漯丰 172429	豫麦 158/小黑麦//郑麦 366

1.2 田间种植规划

材料于 2017 年秋种植在河南省漯河市农业科学院试验基地,每份材料小区面积为 13.5 m<sup>2</sup>,播种量为 0.22 kg。在开花后至成熟期进行株高田间测定,随机测量 20 个主茎,从地面至穗顶端(不连芒)的长度,以 cm 为单位计算,重复 2 次,计算平均值。千粒质量采用逐个数 1 000 粒种子,重复 3 次,用天

平称其质量,取其平均数。

1.3 KASP 标记检测

KASP 标记检测委托中国农业科学院肖永贵老师课题组完成,方法参照赵永涛等的方法<sup>[17]</sup>。试验主要分析了与产量相关的 KASP 标记,主要包括株高主效基因 2 个(*Rht - B1*、*Rht - D1*),抗旱微效基因 5 个(*1 - feh - w3*、*CWI - 4A*、*CWI - 5D*、*TaMoc - A1*、*TaDreb*),粒质量微效基因 18 个(*TaGS2 - A1*、*TaGS - D1*、*TaCwi - A1*、*TaCKX - D1*、*TaTGW6*、*Sus2 - 2A*、*TaGS1a*、*GW2*、*TaTGW - 7A*、*Tabas1*、*TPP - 6A*、*TaSus2 - 2B*、*Sus1 - 7B*、*TaSus - 7A*、*TaGS5 - A1*、*TaGW2 - 6B*、*TEF - 7A*、*TGW6 - 4A*)。

2 结果与分析

2.1 审定品种高产表现

4 个审定品种在参加试验时,均表现出较高的

产量水平,高产潜力突出。由表 2 可知,豫麦 158, 2013—2014 年度国家冬小麦品种试验黄淮南片水地组生产试验,较对照周麦 18 增产 5.85%,居冬水组 B 组生产试验第 1 位,在 2005—2022 年国家审定的黄淮南片冬性品种中,生产试验产量位居 13。郟丰 168 区试试验和生产试验产量分别位于第 9 位和第 68 位。弱春性品种漯麦 18 参加国家黄淮南片的 2 年区域试验及生产试验中,产量均居同组别同类品系第 1 位,在 2005—2022 年国家审定的黄淮南片弱春性品种中,区试试验和生产试验产量分别位于第 10 位和第 26 位。河南省审定的漯麦 76,则分别位于第 2 位和第 7 位。

4 个品种组合显示,除了利用黄淮麦区大面积推广高产品种作为亲本之外,还利用不同生态区和近缘种作为亲本,极大丰富了品种的遗传背景,提升高产潜力(表 2)。

表 2 4 个审定小麦品种参加试验产量水平

名称	审定编号	冬春性	2 年区试平均产量 (kg/hm <sup>2</sup> )	2005—2022 年名次	生产平均产量 (kg/hm <sup>2</sup> )	2005—2022 年名次
豫麦 158	国审麦 2014004	半冬	7 360.50	214	8 977.5	13
郟丰 168	国审麦 20220035	半冬	8 767.50	9	8 734.5	68
漯麦 18	国审麦 2012011	弱春	8 118.75	10	7 254.0	26
漯麦 76	豫审麦 20220031	弱春	8 398.50	2	8 271.0	7

2.2 2 个矮秆基因的分布频率

由表 3 可知,13 份试验材料中,株高平均为 77.8 cm,变化范围为 72.7 ~ 82.8 cm。矮秆基因 *Rht - B1* 和 *Rht - D1* 来自于农林 10 号的,在全世界小麦的绿色革命 - 矮化育种中使用最广泛。13 份材料中只含有 *Rht - B1a + Rht - D1b* 等位基因型组合,占比 100%,*Rht - D1b* 是漯河农科院系列品种(系)主要矮秆基因。分析组合可知,亲本之一主要是黄淮大面积推广品种,优异等位基因 *Rht - D1b* 分布频率较高(表 4、图 1)。

表 3 试验材料株高、千粒质量

名称	株高 (cm)	千粒质量 (g)	名称	株高 (cm)	千粒质量 (g)
豫麦 158	80.1	48.3	漯丰 172379	75.9	51.8
漯麦 18	75.2	49.8	漯丰 172389	77.0	53.4
郟丰 168	81.2	47.5	漯丰 172407	76.1	51.8
漯麦 76	76.8	52.5	漯丰 172408	77.7	52.7
漯丰 2792	82.0	46.7	漯丰 172420	72.7	52.5
漯丰 5143	76.6	43.6	漯丰 172429	77.0	52.6
漯丰 3192	82.8	45.6	平均值	77.8	49.9

2.3 5 个抗旱微效基因的分布频率

*1 - feh - w3*、*TaDreb*、*CWI - 4A*、*CWI - 5D* 和 *TaMoc - A1* 是与抗旱有关的重要基因,其中 *1 - feh - w3* 和 *TaDreb* 在干旱条件下,对高千粒质量影响较大。干旱基因优异等位基因分布频率结果如表 4、图 1 所示,*1 - feh - w3 Westonia* 等位基因型占比 53.8%,*TaDREB B1a* 等位基因型占比 30.8%,*CWI - 4A Hap - 4A - C* 等位基因型占比 100%,*CWI - 5DHap - 5D - C* 等位基因型占比 100%,*TaMoc - A1 Hap - H* 等位基因型占比 15.4%。其中漯丰 172389 含有全部 5 个优异等位基因 *Westonia + Hap - 4A - C + Hap - 5D - C + Hap - H + B1a*,占 7.7%;*Westonia + Hap - 4A - C + - Hap - 5D - C + Hap - H* 组合只有 1 份,占比 7.7%;*Westonia + Hap - 4A - C + Hap - 5D - C + B1a* 组合 2 份,占比 15.4%;*Westonia + Hap - 4A - C + Hap - 5D - C* 组合 4 份,占比 30.8%;*Hap - 4A - C + Hap - 5D - C + B1a* 组合 1 份,占比 7.7%。4 个审定品种中,均含有 *Hap - 4A - C + Hap - 5D - C* 等位基因组合,豫麦 158 含有除了 *TaMoc - A1 Hap - H* 等位基因外的其他 4 个等

表 4 供试验材料株高、抗旱 KASP 检测

项目	株高主效基因		抗旱微效基因				
基因	<i>Rht - B1</i>	<i>Rht - D1</i>	<i>1 - feh - w3</i>	<i>CWI - 4A</i>	<i>CWI - 5D</i>	<i>TaMoc - A1</i>	<i>TaDreb</i>
等位基因型	<i>Rht - B1b</i> , <i>Rht - B1a</i> , 矮秆	<i>Rht - D1b</i> 矮秆	<i>Westonia</i> : 抗旱	<i>Hap - 4A - C</i> : 抗旱	<i>Hap - 5D - C</i> : 抗旱	<i>Hap - H</i> : 抗旱	<i>TaDREB - B1a</i> : 耐旱
等位基因型	<i>Rht - B1a</i> 高秆	<i>Rht - D1a</i> 高秆	<i>Kauz</i> : 不抗旱	<i>Hap - 4A - T</i> : 不抗旱	<i>Hap - 5D - G</i> : 不抗旱	<i>Hap - L</i> : 不抗旱	<i>TaDREB - B1b</i> : 水分敏感
豫麦 158	<i>Rht - B1a</i>	<i>Rht - D1b</i>	<i>Westonia type</i>	<i>Hap - 4A - C</i>	<i>Hap - 5D - C</i>	<i>Hap - L</i>	<i>TaDREB - B1a</i>
漯麦 18	<i>Rht - B1a</i>	<i>Rht - D1b</i>	<i>Westonia type</i>	<i>Hap - 4A - C</i>	<i>Hap - 5D - C</i>	<i>Hap - L</i>	<i>TaDREB - B1b</i>
漯麦 76	<i>Rht - B1a</i>	<i>Rht - D1b</i>	<i>Westonia type</i>	<i>Hap - 4A - C</i>	<i>Hap - 5D - C</i>	<i>Hap - L</i>	<i>TaDREB - B1b</i>
郾丰 168	<i>Rht - B1a</i>	<i>Rht - D1b</i>	<i>Kauz type</i>	<i>Hap - 4A - C</i>	<i>Hap - 5D - C</i>	<i>Hap - L</i>	<i>TaDREB - B1b</i>
漯丰 2792	<i>Rht - B1a</i>	<i>Rht - D1b</i>	<i>Westonia type</i>	<i>Hap - 4A - C</i>	<i>Hap - 5D - C</i>	<i>Hap - L</i>	<i>TaDREB - B1b</i>
漯丰 5143	<i>Rht - B1a</i>	<i>Rht - D1b</i>	<i>Kauz type</i>	<i>Hap - 4A - C</i>	<i>Hap - 5D - C</i>	<i>Hap - L</i>	<i>TaDREB - B1a</i>
漯丰 3192	<i>Rht - B1a</i>	<i>Rht - D1b</i>	<i>Kauz type</i>	<i>Hap - 4A - C</i>	<i>Hap - 5D - C</i>	<i>Hap - L</i>	<i>TaDREB - B1b</i>
漯丰 172379	<i>Rht - B1a</i>	<i>Rht - D1b</i>	<i>Westonia type</i>	<i>Hap - 4A - C</i>	<i>Hap - 5D - C</i>	<i>Hap - L</i>	<i>TaDREB - Bb</i>
漯丰 172389	<i>Rht - B1a</i>	<i>Rht - D1b</i>	<i>Westonia type</i>	<i>Hap - 4A - C</i>	<i>Hap - 5D - C</i>	<i>Hap - H</i>	<i>TaDREB - B1a</i>
漯丰 172407	<i>Rht - B1a</i>	<i>Rht - D1b</i>	<i>Kauz type</i>	<i>Hap - 4A - C</i>	<i>Hap - 5D - C</i>	<i>Hap - L</i>	<i>TaDREB - B1b</i>
漯丰 172408	<i>Rht - B1a</i>	<i>Rht - D1b</i>	<i>Westonia type</i>	<i>Hap - 4A - C</i>	<i>Hap - 5D - C</i>	<i>Hap - L</i>	<i>TaDREB - B1a</i>
漯丰 172420	<i>Rht - B1a</i>	<i>Rht - D1b</i>	<i>Kauz type</i>	<i>Hap - 4A - C</i>	<i>Hap - 5D - C</i>	<i>Hap - H</i>	<i>TaDREB - B1b</i>
漯丰 172429	<i>Rht - B1a</i>	<i>Rht - D1b</i>	<i>Kauz type</i>	<i>Hap - 4A - C</i>	<i>Hap - 5D - C</i>	<i>Hap - L</i>	<i>TaDREB - B1b</i>

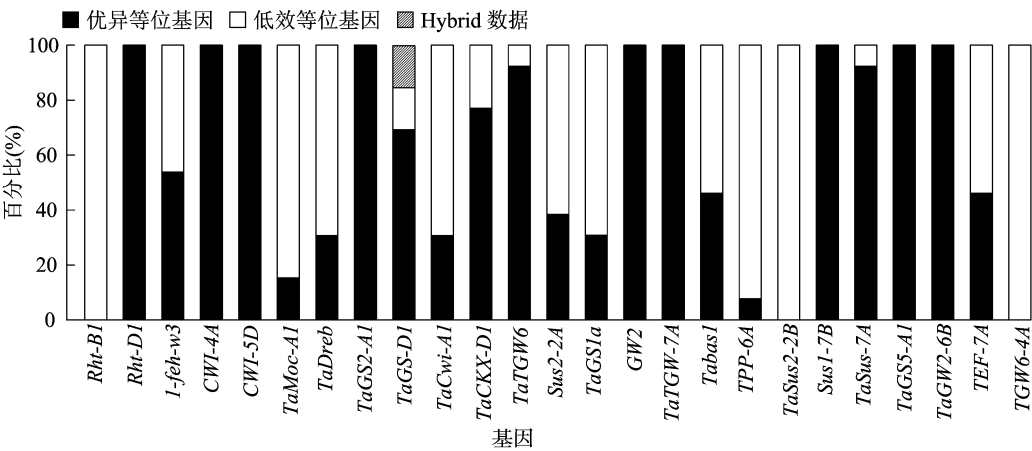


图1 KASP 标记分布

位基因。

2.4 18 个粒质量微效基因的分布频率

13 份试验材料的千粒质量平均为 49.9 g,变化范围为 43.6 ~53.4 g(表 3)。表 5、图 1 显示,试验共标记了 18 个粒质量相关的微效基因 KASP 分布,频率分布为高粒质量等位基因 *TaGS2 - A1b*、*GW2 Hap - 6A - A*、*TaTGW - 7Aa*、*Sus1 - 7B Hap - T*、*TaGS 5 - A1b*、*TaGW2 - 6B Hap - I*、*TaGW2 - 6B Hap - II* 占比 100%,高粒质量等位基因 *TaTGW6 - A1a*、*TaSus - 7A - I* 占比较高,为 92.3%,高粒质量等位基因 *TaGS - D1a*、*TaCKX - D1a* 分别占比 69.2%、77.0%,高粒质量等位基因 *TaCwi - A1a*、*Sus2 - 2A Hap - A*、*TaGS1a Hap - II*、*Tabas1 - B1a*、*TPP - 6A11a*、*Hap - 7A - 3* 分别占比 30.8%、38.5%、30.8%、46.2%、7.7%、46.2%,所有供试材料均不含高粒质量基因 *TaSus 2 - 2B Hap - H*、*TaTGW6 - A1a*。4 个审定品种中,豫麦 158 含有 14 个高粒质量等位基因,漯麦 18 含有 10 个高粒质量等位基因,漯麦 76 含有 11 个高粒质量等位基因,郾丰 168 含有 13 个高粒质量等位基因。

表 5 供试材料千粒质量 KASP 检测

项目		粒质量微效基因							
基因	<i>TaGS2 - A1</i>	<i>TaGS - D1</i>	<i>TaCwi - A1</i>	<i>TaCKX - D1</i>	<i>TaTCW6</i>	<i>Sus2 - 2A</i>	<i>TaGS1a</i>	GW2	<i>TaTCGW - 7A</i>
高千粒质量/等位基因型	<i>TaGS2 - A1b</i>	<i>TaGS - D1a</i>	<i>TaCwi - A1a</i>	<i>TaCKX - D1a</i>	<i>TaTCGW6 - A1a</i>	<i>Hap - A</i>	<i>Hap - II</i>	<i>Hap - 6A - A</i>	<i>TaTCGW - 7Aa</i>
低千粒质量/等位基因型	<i>Low TCW</i>	<i>TaGD - D1b</i>	<i>TaCwi - A1b</i>	<i>TaCKX - D1b</i>	<i>TaTCGW6 - A1b</i>	<i>Hap - G</i>	<i>Hap - I</i>	<i>Hap - 6A - G</i>	<i>TaTCGW - 7Ab</i>
豫麦 158	+	+	+	+	+	+	+	+	+
漯麦 18	+	+	-	+	+	-	-	+	+
漯麦 76	+	+	-	+	+	-	-	+	+
郾丰 168	+	+	-	-	+	+	+	+	+
漯丰 2792	+	+	+	+	+	+	-	+	+
漯丰 3192	+	+	+	-	+	+	-	+	+
漯丰 5143	+	+	+	+	+	+	-	+	+
漯丰 172379	+	Hybrid	-	+	+	-	+	+	+
漯丰 172389	+	-	-	-	-	-	+	+	+
漯丰 172407	+	+	-	+	+	-	-	+	+
漯丰 172408	+	Hybrid	-	+	+	-	-	+	+
漯丰 172420	+	-	-	+	+	-	-	+	+
漯丰 172429	+	+	-	+	+	-	-	+	+

项目		粒质量微效基因							
基因	<i>Tabas1</i>	<i>TPP - 6A</i>	<i>TaSus2 - 2B</i>	<i>Sus1 - 7B</i>	<i>TaSus - 7A</i>	<i>TaGS5 - A1</i>	<i>TaGW2 - 6B</i>	<i>TEF - 7A</i>	<i>TGW6 - 4A</i>
高千粒质量/等位基因型	<i>Tabas1 - B1a</i>	<i>TPP - 6A11a</i>	<i>Hap - H</i>	<i>Hap - T</i>	<i>TaSus - 7A - I and 2</i>	<i>TaGS5 - A1b</i>	<i>Hap - I 、Hap - II</i>	<i>Hap - 7A - 3</i>	<i>TaTCGW6 - A1a</i>
低千粒质量/等位基因型	<i>Tabas1 - B1b</i>	<i>TPP - 6A11b</i>	<i>Hap - L</i>	<i>Hap - C</i>	<i>TaSus - 7A - 2,3,4,5</i>	<i>TaGS5 - A1a</i>	<i>Hap - III, Hap - IV, Hap - V, Hap - VI</i>	<i>Hap - 7A - I, 2</i>	<i>TaTCGW6 - A1b</i>
豫麦 158	-	-	-	+	+	+	+	+	-
漯麦 18	-	-	-	+	+	+	+	-	-
漯麦 76	+	-	-	+	+	+	+	-	-
郾丰 168	+	+	-	+	+	+	+	-	-
漯丰 2792	-	-	-	+	+	+	+	+	-
漯丰 3192	+	-	-	+	+	+	+	-	-
漯丰 5143	+	-	-	+	+	+	+	-	-
漯丰 172379	-	-	-	+	+	+	+	+	-
漯丰 172389	-	-	-	+	+	+	+	-	-
漯丰 172407	-	-	-	+	+	+	+	+	-
漯丰 172408	+	-	-	+	+	+	+	+	-
漯丰 172420	-	-	-	+	+	+	+	-	-
漯丰 172429	+	-	-	+	+	+	+	+	-

注:“+”表示高千粒质量等位基因,“-”表示低千粒质量等位基因。

### 3 讨论与结论

小麦单位面积产量的提升,需要众多农艺性状的改良,其中株高降低是主要因素之一,它不仅能有效增强抗倒伏能力,还能提升水肥利用。我国培育的矮秆小麦品种大面积推广以来,产量有了巨大提升。金善宝统计了从矮秆育种起 30 年的矮秆品种,发现株高从 107.0 cm 降到 97.1 cm<sup>[13]</sup>,常萍等对 60 年审定小麦进行分析,50 年代的南大 2419 株高为 138 cm,2005 年国审的矮抗 58 最低,为 67 cm,变异幅度为 51.4%<sup>[3]</sup>。随着育种家的不断努力,矮秆基因品种在黄淮海推广面积不断增大。本试验 13 份材料 *Rht - D1b* 优异等位基因分布频率为 100%,*Rht - B1b* 为 0,*Rht - D1b* 分布频率显著高于 *Rht - B1a* 基因,这与前人的研究一致。郭保宏等研究 76 个品种发现,*Rht - D1b*、*Rht - B1b* 分布频率分别为 72%、21%,同时携带 *Rht - B1b* 与 *Rht2 - D1b* 的品种仅有 5 份<sup>[18]</sup>。13 份材料的亲本含有周麦 16、周麦 22 等黄淮小麦主产区大面积推广品种,这 2 个矮秆等位基因分布频率<sup>[6]</sup>与由这些品种培育的本试验材料一致。20 世纪以来,河南省半冬性小麦平均株高 79.1 cm<sup>[14]</sup>,本研究材料平均株高 77.8 cm,略低于河南省小麦平均株高,*Rht - B1* 基因型对株高没有明显影响,*Rht - D1b* 等位基因型的小麦株高相对较低,同时它还对千粒质量效益最大<sup>[6]</sup>。这与本研究结果一致,参试材料的矮秆基因型与表型性状相符,与高千粒质量关联紧密。漯河市农业科学院培育的新品种(系)在株高适中或略低的基础上,加大了对高粒质量的选择,以提升小麦产量潜力。

小麦的抗旱性是由众多基因协调调控的复杂数量性状,在遗传上存在着基因间的连锁与互作等复杂关系,同时还受到环境因素的影响。因此,仅仅对单个或少数优异等位基因进行选择,难以高效改良小麦抗旱性。相反,聚合更多的抗旱基因,可以显著提高小麦的抗旱性<sup>[19]</sup>。*TaDreb - b1* 基因参与了干旱等植物逆境胁迫,*1 - feh - w3* 基因在干旱环境中与高千粒质量相关<sup>[20]</sup>。几种优异等位基因在不同麦区均有较高的分布频率,黄淮麦区 *1 - feh - w3*、*TaDreb - b1* 的分布频率为 43.1%、71.5%<sup>[21]</sup>;扬麦 *1 - feh - w3*、*TaDreb - B1*、*CWI - 4A*、*CWI - 5D*、*TaMoc - A1* 的分布频率为 90.0%、20.0%、66.7%、100.0%、13.3%<sup>[19]</sup>;云南省 *1 - feh - w3*、*TaDreb - B1*、*CWI - 4A* 的分布频率为

57.14%、54.76%、83.33%<sup>[22]</sup>。本试验 *1 - feh - w3*、*TaDreb - B1*、*CWI - 4A*、*CWI - 5D*、*TaMoc - A1* 的分布频率为 53.8%、30.8%、100%、100%、15.4%,*1 - feh - w3*、*TaDreb - B1* 的优异等位基因与前人关于黄淮麦区的研究结果基本一致,比云南省小麦品种分布频率稍低,*1 - feh - w3* 优异等位基因在杨麦中分布频率较高;河北省旱作区近 30 年育成小麦品种中,*1 - feh - w3*、*TaDreb - B1* 这 2 个基因均呈现上升趋势,推测与育种家加大对抗旱高效等位基因的选择结果<sup>[23]</sup>有关。试验材料漯丰 172389 在田间表现出一定的抗旱性,千粒质量高达 53.4 g,产量水平比同期对照周麦 18 略微增产(科室产量鉴定数据)。KASP 分析显示,漯丰 172389 是唯一一个含有 5 个抗旱优异等位基因的品种(系),分析等位基因来源,组合(周麦 22/黑麦//郑麦 366//郑麦 366)含有抗旱亲本黑麦,推测与其有关。后代选育时,没有采取特殊的抗旱鉴定或水旱地交替育种等方式胁迫选择,表明它实现了抗旱与高产的完美结合,将会是一个较好的育种材料。

小麦粒质量受到多个基因影响,不同基因的互作会影响小麦粒质量,同时还普遍存在多因一效和一因多效的现象,优异等位基因已成为小麦粒质量高低的关键因素。同时,株高、旗叶、粒型等农艺性状和病虫害、环境胁迫都会对其产生影响<sup>[24-25]</sup>。高千粒质量受到农民和育种家的偏爱,经过不断对表现型和基因型选择,一些高千粒质量优异等位基因 *GW2 - 6B Hap - 1* 等分布频率在新疆现代品种比地方品种高,分布频率也随着育种时期呈上升趋势<sup>[26]</sup>。本研究结果与之一致,漯河市农业科学院近年 13 份材料中,检测 18 个高千粒质量优异等位基因变异,其中 *TaGS2 - A1b* 等 6 个优异等位基因分布频率达 100%,2 个优异等位基因分布频率达 90% 以上。*TaSus2* 基因与蔗糖合酶有关,蔗糖合酶是蔗糖转化为淀粉第一步的酶,*TaTGW6* 基因与生长素水解酶合成有关,通过控制生长素的合成影响小麦粒质量<sup>[15]</sup>。陈杰等用 *TaSus2 - 2Ba* 检测了黄淮南片麦区小麦新品种,分布频率为 25.53%<sup>[27]</sup>,简大为研究新疆冬性改良品种,*TaTGW6 - A1a* 优异等位基因分布为 87.9%<sup>[26]</sup>,本研究 2 个优异等位基因 *TaSus2 - 2B Hap - H*、*TaTGW6 - A1a* 未检出,分布频率为 0,均为低粒质量相关等位基因 *TaSus2 - 2Bb* 和 *TaTGW6 - A1b*,漯河市农业科学院对这 2 个基因选择不够重视,今后在杂交组配高千粒质量组合时选择含有这

2 个优异等位基因的材料作为亲本。本研究中,4 个审定品种均含有较多的高粒质量优异等位基因,分析品种组合可知,这几个品种均用黄淮麦区大面积推广品种作为亲本,同时创新型种质、不同生态区品种也得到了充分利用。4 个品种参加各级试验产量水平较高,千粒质量平均 49.5 g,证实了聚合多个千粒质量优异等位基因有助于提升品种产量潜力。千粒质量优异等位基因豫麦 158 含有 14 个,漯麦 76 含有 11 个,豫麦 158 比漯麦 76 多了 *TaCwi - A1a*、*Sus2 - 2A Hap - A*、*TaGSl a Hap - II*、*TEF - 7A Hap - 7A - 3* 等位基因,却少了 *Tabas1 - B1a* 等位基因,但豫麦 158 的千粒质量却没有漯麦 76 高,主要原因可能是千粒质量受多基因调控、环境胁迫等影响,等位基因在品种中的表达情况各不相同。本试验仅仅检测了 18 个等位基因,还有许多调控基因没有检测,下一步将进一步研究漯麦 76 更多高粒重基因,发现更高效的基因或基因型组合。漯麦 76 高产、高千粒质量,籽粒半角质,并且大粒的遗传能力突出<sup>[28]</sup>,有望成为黄淮南片主推品种之一。

#### 参考文献:

- [1] 赵广才. 中国小麦种植区域的生态特点[J]. 麦类作物学报, 2010,30(4):684-686.
- [2] 中华人民共和国国家统计局工业统计司. 中国工业统计年鉴 2014[M]. 北京:中国统计出版社,2015.
- [3] 常 萍,张 煜,张建周,等. 河南省 60a 来小麦品种株型和光合特性的遗传改良研究[J]. 河南农业科学,2016,45(12):20-24.
- [4] Borlaug N E. Contributions of conventional plant breeding to food production[J]. Science,1983,219(4585):689-693.
- [5] Mo Y,Vanzetti L S,Hale I,et al. Identification and characterization of *Rht25*, a locus on chromosome arm 6AS affecting wheat plant height,heading time, and spike development[J]. Theoretical and Applied Genetics,2018,131(10):2021-2035.
- [6] 周晓变. 黄淮麦区小麦种质资源矮秆基因分布及其与农艺性状关系分析[D]. 郑州:河南农业大学,2017:24-33.
- [7] 徐晶晶,蒋礼玲,马晓岗,等. 青海育成小麦 5 个主效矮秆基因的分子检测[J]. 植物遗传资源学报,2017,18(3):564-572.
- [8] 王志伟,王志龙,乔祥梅,等. 云南小麦品种(系)株高和粒重相关功能基因的 KASP 标记检测[J]. 种子,2020,39(3):1-6.
- [9] Liu Y X,Zhang J L,Hu Y G,et al. Dwarfing genes *Rht4* and *Rht - B1b* affect plant height and key agronomic traits in common wheat under two water regimes[J]. Field Crops Research, 2017, 204: 242-248.
- [10] 许振柱,于振文,王 东,等. 灌溉条件对小麦籽粒蛋白质组分积累及其品质的影响[J]. 作物学报,2003,29(5):682-687.
- [11] Mao H D,Li S M,Chen B,et al. Variation in cis-regulation of a NAC transcription factor contributes to drought tolerance in wheat[J]. Molecular Plant,2022,15(2):276-292.
- [12] 张福彦,范家霖,陈晓杰,等. 小麦粒重相关基因的遗传定位和分子标记辅助育种进展[J]. 植物遗传资源学报,2020,21(3):507-516.
- [13] 金善宝. 中国小麦学[M]. 北京:中国农业出版社,1996.
- [14] 曹廷杰,赵 虹,王西成,等. 河南省半冬性小麦品种主要农艺性状的演变规律[J]. 麦类作物学报,2010,30(3):439-442.
- [15] 李爱国,宋晓霞,张文斐,等. 2001—2020 年河南省审定小麦品种育种特点及表型性状演变分析[J]. 麦类作物学报,2021,41(8):947-959.
- [16] 张香宇. 小麦 *RHL32* 籽粒发育相关基因克隆及其与 *TaRPPI3L1* 多效性功能初析[D]. 杨凌:西北农林科技大学,2022:11-12.
- [17] 赵永涛,张 锋,张中州,等. 豫麦 158 及其硬质变异系重要性状基因的 KASP 标记检测[J]. 河南农业科学,2021,50(10):37-43.
- [18] 郭保宏,宋春华,贾继增. 我国小麦品种的 *Rht1*、*Rht2* 矮秆基因鉴定及分布研究[J]. 中国农业科学,1997,30(5):50-60.
- [19] 王君娉,吴旭江,胡文静,等. 扬麦系列品种(系)重要性状功能基因的 KASP 检测[J]. 江苏农业学报,2019,35(6):1271-1283.
- [20] 吴晓军,胡喜贵,陈向东,等. 基于小麦外引种质资源的抗旱性分子标记检测及实用性评价[J]. 华北农学报,2021,36(3):74-82.
- [21] 邹景伟,王伟伟,王 伟,等. 黄淮麦区部分小麦品种重要性状基因的检测与分析[C]//第十届全国小麦基因组学及分子育种大会摘要集. 北京:中国作物学会,2019:311.
- [22] 王志伟,乔祥梅,王志龙,等. 云南小麦品种(系)抗逆性相关基因的 KASP 标记检测[J]. 西南农业学报,2020,33(8):1601-1607.
- [23] 高振贤,赵彦坤,班进福,等. 河北省小麦重要农艺性状的 KASP 标记检测[J]. 分子植物育种,2021,19(2):518-528.
- [24] 简大为,周 阳,刘宏伟,等. 利用功能标记揭示新疆小麦改良品种与地方品种的遗传变异[J]. 作物学报,2018,44(5):657-671.
- [25] 袁 谦,张 锋,张中州,等. 国审小麦品种漯麦 18 重要功能基因的 KASP 标记检测[J]. 江苏农业科学,2021,49(24):56-59.
- [26] 陈 杰,赵君瑶,宋全昊,等. 黄淮南片麦区小麦粒重基因 *TaSus2 - 2B* 和 *TaGuo8 - B1* 等位变异的分子检测[J/OL]. 分子植物育种, [2023-02-17]. <https://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.s.20210809.1001.006.html>.
- [27] 袁 谦,赵永涛,张中州,等. 小麦籽粒性状的遗传效应分析及其育种策略[J/OL]. 麦类作物学报, [2023-02-17]. <https://kns.cnki.net/kcms/detail/61.1359.S.20221020.1607.002.html>.
- [28] 袁 谦,赵永涛,孟凡奇,等. 大穗型小麦新种质穗部性状遗传效应分析[J]. 江苏农业科学,2022,50(16):86-91.