

宁夏春麦区小麦资源株高、籽粒性状及抗病性分析

孙刚, 陈佳静, 姚明明, 毛馨缘, 李清峰, 刘彩霞, 刘凤楼, 李文侠, 王掌军

(宁夏大学农学院, 银川 750021)

摘要: 为评价我国4个主要育种阶段来源于不同麦区的小麦资源在宁夏春麦区的株高、籽粒性状和抗病性, 以及为宁夏小麦育种提供可行的评价方法和优异种质, 本研究以4个育种阶段共228份小麦资源为材料, 采用熵值赋权DTOPSIS法对这些资源的株高和籽粒性状进行综合评价, 以筛选优良育种亲本。通过田间抗性调查结合18个与宁夏小麦主要病害相关的分子标记对这些资源的抗病性及抗病基因分布情况进行评价。结果表明, 从阶段I~IV, 材料的株高和蛋白质性状呈降低趋势, 而穗粒数和粒重呈增加趋势。根据 C_i 值筛选出11份资源(占总数5%), 分别为红兴隆3号、糯麦、新疆小麦、上林小麦、宁春45号、会宁19号、宁春32号、宁春58号、甘春25号、永良15号和小冰33号。抗性调查结果表明, 228份资源中分别有181份、220份和83份表现抗条锈病、叶锈病和白粉病。 C_i 值筛选出的11份资源对条锈病和叶锈病表现出较好的抗性, 其中红兴隆3号、上林小麦和小冰33号还兼抗白粉病。此外, 18个与抗病基因相关的分子标记在228份资源中表现出不同比例的扩增。总之, 基于熵值赋权的DTOPSIS法和小麦主要病害相关分子标记检测可用于国内小麦资源不同育种阶段的评价, 筛选出的综合性状优良的小麦资源可作为宁夏小麦育种的候选亲本。

关键词: 小麦; 株高; 籽粒性状; DTOPSIS法; 抗病性; 分子标记

Analysis of Wheat Resources for Plant Height, Grain Traits, and Diseases Resistance Cultivated in Ningxia Spring Wheat Region

SUN Gang, CHEN Jia-jing, YAO Ming-ming, MAO Xin-yuan, LI Qing-feng, LIU Cai-xia, LIU Feng-lou,
LI Wen-xia, WANG Zhang-jun

(Agricultural College, Ningxia University, Yinchuan 750021)

Abstract: This study attempted to evaluate the plant height, grain traits, and diseases resistance of wheat resources derived from different wheat regions of China at four major breeding stages that were cultivated in spring wheat region of Ningxia Hui Autonomous region, China, in order to provide the methods and excellent germplasm for local wheat breeding in future. A total of 228 wheat resources at four breeding stages were used. The entropy-weighted DTOPSIS method was used for evaluating the plant height and grain traits in order to select good breeding parents. The diseases resistance and proportion of resistant genes were evaluated by field resistance survey, in combination with 18 molecular markers that associate with main wheat diseases in Ningxia, China. The results showed that, at the breeding stages I to IV, the plant height and index of the protein traits were gradually decreased, while the grain number and grain weight were gradually increased. According to the C_i value, 11 resources (Hongxinglong No. 3, Nuomai, Xinjiang wheat, Shanglin wheat, Ningchun No.45, Huining No.19, Ningchun No.32, Ningchun No.58, Ganchun No.25, Yongliang No.15 and Xiaobing No.33) ranking top 5% in population were identified. The resistance survey results showed, there were 181, 220 and 83 in 228 resources that were resistant to stripe rust, leaf rust and powdery mildew,

收稿日期: 2022-11-18 修回日期: 2022-12-28 网络出版日期: 2023-03-02

URL: <https://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20221118001>

第一作者研究方向为小麦遗传育种, E-mail: sungang2812@163.com

通信作者: 王掌军, 研究方向为小麦遗传育种, E-mail: wangzj-gs@126.com

基金项目: 国家自然科学基金项目(32160452); 宁夏农业育种专项(2018NYYZ02); 宁夏自然科学基金项目(2021AAC03069)

Foundation projects: National Natural Science Foundation Project of China (32160452); Ningxia Hui Autonomous Region Agricultural Breeding Special Project(2018NYYZ02); Ningxia Natural Science Foundation Project(2021AAC03069)

respectively. These 11 resources based on the C_i value showed better resistance to stripe rust and leaf rust, and three of them, namely Hongxinglong No.3, Shanglin wheat, and Xiaobing No. 33, were also resistant to powdery mildew. In addition, 18 molecular markers associated with diseases resistance, showed different proportions of amplification results in 228 resources. Collectively, the DTOPSIS method based on entropy weighting and molecular markers associated with main wheat diseases can be used to evaluate the wheat resources at the different breeding stages. These selected wheat resources with good performance can be used as candidate parents for wheat breeding in Ningxia, China.

Key words: wheat; plant height; grain trait; DTOPSIS; disease resistance; molecular marker

小麦是全球人类食用的最重要谷物之一^[1]。在我国,小麦是仅次于玉米、水稻的第三大粮食作物,在保证粮食生产和保障国家粮食安全中占有重要地位^[2]。我国小麦生产先后经历了恢复增长、抗病稳产、矮化高产和高产优质并进等育种阶段,在产量、品质和抗病性等方面均有显著提升^[3-4]。而由于人工选择和骨干亲本单一化使用,造成小麦大量基因丢失,导致当今栽培小麦极易遭受病虫害侵袭,不能满足高产优质育种需要。高产、优质及抗病性仍是目前小麦的主要育种目标。通过广泛搜集和深入评价小麦资源并应用于育种,进而培育优异新品种,可以促进小麦产业可持续发展、保证国家粮食安全。经过不同育种阶段小麦新品种的选育,使得其产量和质量有了显著提升。其中,株高和籽粒性状改良在小麦高产优质育种中发挥着明显作用,了解株高与籽粒性状的演变规律对未来小麦品种的育种设计具有重要参考价值^[5-7]。李红霞等^[8]研究宁夏小麦主栽品种农艺性状演变过程,发现穗粒数增加和株高降低对提高产量起关键作用。李润芳等^[9]以山东省不同年代的 50 个小麦主栽品种为材料,分析农艺性状演变规律,发现随着年代推移,株高呈极显著降低而千粒重呈极显著增加趋势。王成社等^[10]分析了关中地区主栽小麦品种主要农艺性状的演变,认为未来小麦育种应在稳定单位面积穗数基础上增加穗粒数和千粒重,通过提升单穗生产力来增产。李爱国等^[11]利用河南审定的 555 个小麦品种,通过变异分析以阐明其品质演变规律,认为今后应重点改良蛋白质性状。宋健明等^[12]研究近年山东审定小麦品种的品质演变情况,结合差异显著性分析,发现沉降值、形成时间和稳定时间等指标均达到显著差异,说明山东省小麦品质改良空间较大。目前,在小麦品种性状评价中,由于各性状指标间无统一度量,研究人员采用不同评价方法筛选优异种质,如多元回归分析法^[13]、主成分分

析法^[14]和灰色度关联分析法^[15]等,但这些方法在计算不同指标对目标效果的贡献时一般采用等权或经验赋值,不能客观地赋予指标权重。熵权法的权重计算完全按照指标间数值的离散程度来设置,能有效排除人为干扰,是一种客观赋权方法,因而被育种家广泛使用^[16-19]。基于熵值赋权的动态逼近理想解排序法(DTOPSIS, dynamic technique for order preference by similarity to ideal solution)在小麦上鲜有报道^[20]。

小麦在不同生育时期常遭受一些病害的危害,其产量和品质均受到严重影响。宁夏属于小麦条锈病流行区域,叶锈病也出现逐年加重的趋势,白粉病近年已成为宁夏小麦生产第一大病害^[21];秆锈病、纹枯病和赤霉病虽然不是该地区小麦主要病害,但是年份间也时有发生,也属于宁夏小麦新品种审定重点关注的病害。化学防治虽已取得一定成效,但浪费人力、物力和财力,尤其造成环境污染。因此,选育和种植抗病品种是防治小麦病害最经济、有效、环保的措施^[22]。近年来,利用与抗病基因连锁的分子标记进行辅助选择育种显著地提高了小麦的综合抗病能力^[23-25]。张林等^[26]利用 30 个与小麦抗叶锈基因紧密连锁的分子标记对 12 个山东小麦主栽品种(系)进行检测,发现济南 17 携带基因 *Lr16*, 矮抗 58 和山农 20 携带基因 *Lr26*。张华等^[27]对 153 份四川小麦主推品种进行分子标记检测,发现携带抗条锈病基因 *Yr5*、*Yr9*、*Yr10*、*Yr15*、*Yr18* 和 *Yr26* 的材料分别有 12、25、77、12、4 和 90 份。陈天青等^[28]在 135 份贵州地方小麦中,利用 4 个抗赤霉病基因(*Fhb1*, *Fhb2*, *Fhb4*, *Fhb5*)连锁的标记检测到抗病种质 70 份。王掌军等^[29]以普通小麦品种间杂交 F_2 的 331 个单株为材料进行了田间群体抗病性与分子标记分析,发现抗白粉病、条锈病和叶锈病单株分别为 68、54 和 52 个,其中,兼抗白粉病和条锈病、白粉病和叶锈病、条锈病和叶锈病、三种

病害(白粉病、条锈病和叶锈病)的单株分别为50、44、32和29个。彭振英等^[30]利用13个抗白粉病分子标记对354份小麦品种进行检测,其中标记Xcfd81-5D、Xgwm159-5B、LAG95+1、Xgwm337分别在181、178、144、144份品种中有检测结果;2个抗纹枯病分子标记Xwmc273和Xbarc172的检测发现,仅有黑麦AR132有标记Xbarc172的扩增结果。鉴于不同阶段国内小麦在宁夏种植的表现缺乏系统性研究,且宁夏高产、优质、抗病小麦资源相对匮乏、重要性状评价方法单一,因此,本研究对228份种植于宁夏春麦区的小麦株高、籽粒性状及抗病性进行田间调查,利用基于熵值赋权的DTOPSIS法进行综合评价,并对抗病相关基因/QTL进行分子标记分析,以筛选综合性状优异的资源,为宁夏小麦育种和优异亲本挖掘提供参考。

表1 材料名称、来源、所处阶段及育成年份

Table 1 Name, origin, stage and breeding time of materials

编号 Code	名称 Name	来源 Origin	阶段 (育成时间) Stage (breeding time)	编号 Code	名称 Name	来源 Origin	阶段 (育成时间) Stage (breeding time)	编号 Code	名称 Name	来源 Origin	阶段 (育成时间) Stage (breeding time)
S1	新疆小麦	新疆	I	S28	中国春	四川	I	S55	宁春4号	宁夏	III(1980)
S2	墨脱小麦	西藏	I	S29	中国(ph1b)	四川	I	S56	宁春5号	宁夏	III(1982)
S3	白皮小麦	内蒙古	I	S30	成都光头	四川	I	S57	宁春10号	宁夏	III(1988)
S4	大白皮	内蒙古	I	S31	糯麦	重庆	I	S58	宁春12号	宁夏	III(1983)
S5	小和尚头	甘肃	I	S32	上林小麦	广西	I	S59	宁春14号	宁夏	III(1990)
S6	红齐麦	甘肃	I	S33	骊英5号	江苏	I(1923)	S60	宁春15号	宁夏	III(1991)
S7	白芒春麦	甘肃	I	S34	喀什1号	新疆	II	S61	宁春16号	宁夏	III(1992)
S8	红芒春麦	甘肃	I	S35	定西24	甘肃	II(1971)	S62	宁春17号	宁夏	III(1987)
S9	无芒春麦	甘肃	I	S36	斗地1号	宁夏	II(1969)	S63	宁春18号	宁夏	III(1997)
S10	红秃子	宁夏	I	S37	宁春1号	宁夏	II	S64	宁春19号	宁夏	III(1988)
S11	火麦	宁夏	I	S38	宁春2号	宁夏	II	S65	宁春20号	宁夏	III(1989)
S12	毛火麦	宁夏	I	S39	宁春3号	宁夏	II	S66	宁春21号	宁夏	III(1995)
S13	白红火麦	宁夏	I	S40	金麦4号	陕西	II	S67	宁春27号	宁夏	III(1998)
S14	山麦	宁夏	I	S41	内乡5号	河南	II(1958)	S68	宁春31号	宁夏	III(1992)
S15	小红皮	宁夏	I	S42	兰考380	河南	II	S69	陕229	陕西	III(1993)
S16	大红麦	宁夏	I	S43	郑州741	河南	II	S70	豫麦56号	河南	III(1999)
S17	黄-3	宁夏	I	S44	苏麦3号	江苏	II(1970)	S71	石麦4185	河北	III(1999)
S18	大青芒	黑龙江	I	S45	克山8号	黑龙江	II	S72	河东乌麦	山西	III(1995)
S19	秃芒麦	山东	I	S46	新曙光1号	黑龙江	II(1971)	S73	新克早9号	黑龙江	III(1988)
S20	小三月黄	河北	I	S47	东农101	黑龙江	II(1975)	S74	克丰3号	黑龙江	III(1982)
S21	小佛手	河南	I	S48	红兴隆3号	黑龙江	II	S75	克涝4号	黑龙江	III(1991)
S22	大口麦	河南	I	S49	铁春1号	辽宁	II	S76	克育14号	黑龙江	III(1994)
S23	黄绿-3	河南	I	S50	吉春1016	吉林	II	S77	小冰33号	吉林	III(1995)
S24	江西早	湖北	I	S51	台中23	台湾	II	S78	矮孟牛	山东	III(1981)
S25	白蒲	浙江	I	S52	新疆97-24-1	新疆	III(1997)	S79	92R137	江苏	III(1992)
S26	云南小麦	云南	I	S53	巴丰1号	内蒙古	III(1999)	S80	扬麦158	江苏	III(1993)
S27	云南大穗	云南	I	S54	甘春20号	甘肃	III(1997)	S81	温麦8号	浙江	III(1993)

1 材料与方法

1.1 试验材料

以宁夏大学小麦育种课题组收集的228份来源于国内25个省(直辖市、自治区)的小麦资源为材料(表1)。其中,宁夏58份、甘肃46份、江苏31份、四川13份、其他省份80份。参考育种家对国内小麦品种改良阶段的划分^[3-4],将228份小麦划分为I(1950年以前)、II(1950-1978年)、III(1979-1999年)和IV(2000年至今)4个阶段,分别有33、18、35和142份(表1)。供试材料分别于2020-2022年春季种植于宁夏大学教学实验农场(106°14'12"E,38°13'3"N),每份资源3个重复,每个重复5行区,行长1.10 m,行宽0.20 m,每行点播40粒种子,田间管理同常规品种大田管理水平。

表 1 (续)

编号 Code	名称 Name	来源 Origin	阶段 (育成时间) Stage (breeding time)	编号 Code	名称 Name	来源 Origin	阶段 (育成时间) Stage (breeding time)	编号 Code	名称 Name	来源 Origin	阶段 (育成时间) Stage (breeding time)
S82	皖麦38号	安徽	III(1997)	S131	掖丰315	甘肃	IV(2017)	S180	农大135	北京	IV(2004)
S83	绵阳26M	四川	III(1995)	S132	酒春7号	甘肃	IV(2018)	S181	石麦14号	河北	IV(2004)
S84	绵阳26号	四川	III(1995)	S133	陇春39号	甘肃	IV(2018)	S182	金禾9123	河北	IV(2012)
S85	毕麦26	贵州	III(1985)	S134	甘育4号	甘肃	IV(2018)	S183	衡观35	河北	IV(2004)
S86	兴育7号	贵州	III(1999)	S135	酒春9号	甘肃	IV(2018)	S184	周麦17	河南	IV(2004)
S87	新春26号	新疆	IV(2007)	S136	酒春12号	甘肃	IV(2021)	S185	中育9号	河南	IV(2004)
S88	新春29号	新疆	IV(2008)	S137	银春10号	甘肃	IV(2021)	S186	矮抗58	河南	IV(2005)
S89	新春30号	新疆	IV(2009)	S138	武春10号	甘肃	IV(2021)	S187	郑麦1308	河南	IV
S90	新春37号	新疆	IV(2012)	S139	永良15号	宁夏	IV(2000)	S188	兰考198	河南	IV(2011)
S91	青春38	青海	IV(2005)	S140	永良26号	宁夏	IV	S189	郑州6号	河南	IV(2011)
S92	蒙麦36号	内蒙古	IV(2000)	S141	宁春32号	宁夏	IV(2002)	S190	安农1124	安徽	IV(2018)
S93	巴丰5号	内蒙古	IV(2005)	S142	宁春33号	宁夏	IV(2002)	S191	国红6号	安徽	IV(2019)
S94	巴优2号	内蒙古	IV(2005)	S143	宁春35号	宁夏	IV(2003)	S192	鄂麦170	湖北	IV(2014)
S95	咸农2344	陕西	IV	S144	宁春37号	宁夏	IV(2005)	S193	金丰0515	江苏	IV
S96	武农148	陕西	IV(2000)	S145	宁春38号	宁夏	IV(2005)	S194	徐州25	江苏	IV(2000)
S97	西农2000	陕西	IV(2006)	S146	宁春39号	宁夏	IV(2006)	S195	扬麦11号	江苏	IV(2001)
S98	西农889	陕西	IV(2005)	S147	宁春40号	宁夏	IV(2005)	S196	扬麦13号	江苏	IV(2002)
S99	武农168	陕西	IV	S148	宁春41号	宁夏	IV(2005)	S197	扬麦14号	江苏	IV(2004)
S100	武春3号	甘肃	IV(2001)	S149	宁春42号	宁夏	IV(2006)	S198	扬麦15号	江苏	IV(2004)
S101	陇春23号	甘肃	IV(2004)	S150	宁春43号	宁夏	IV(2007)	S199	扬麦16号	江苏	IV(2004)
S102	陇春30号	甘肃	IV(2004)	S151	宁春44号	宁夏	IV(2007)	S200	扬麦18号	江苏	IV(2005)
S103	陇春24号	甘肃	IV(2005)	S152	宁春45号	宁夏	IV(2007)	S201	宁糯麦1号	江苏	IV(2008)
S104	兰天17号	甘肃	IV(2005)	S153	宁春47号	宁夏	IV(2008)	S202	扬麦19号	江苏	IV(2008)
S105	甘春21号	甘肃	IV(2005)	S154	宁春48号	宁夏	IV(2009)	S203	扬麦20号	江苏	IV(2010)
S106	银春8号	甘肃	IV(2005)	S155	宁春50号	宁夏	IV(2010)	S204	南农0686	江苏	IV(2010)
S107	武春5号	甘肃	IV(2005)	S156	宁春53号	宁夏	IV(2014)	S205	扬糯麦1号	江苏	IV(2010)
S108	武春4号	甘肃	IV(2007)	S157	宁2038	宁夏	IV(2014)	S206	宁麦9号	江苏	IV(2010)
S109	甘春25号	甘肃	IV(2008)	S158	宁春54号	宁夏	IV(2016)	S207	扬麦21号	江苏	IV(2011)
S110	中梁29	甘肃	IV(2009)	S159	宁春55号	宁夏	IV(2017)	S208	扬麦22号	江苏	IV(2012)
S111	甘春24号	甘肃	IV(2009)	S160	宁春56号	宁夏	IV(2018)	S209	镇麦10	江苏	IV(2013)
S112	兰天24号	甘肃	IV(2009)	S161	宁春57号	宁夏	IV(2019)	S210	扬麦23号	江苏	IV(2014)
S113	陇春27号	甘肃	IV(2009)	S162	繁687	宁夏	IV(2020)	S211	扬麦24号	江苏	IV(2015)
S114	陇春29号	甘肃	IV(2009)	S163	鉴076	宁夏	IV(2020)	S212	扬麦25号	江苏	IV(2016)
S115	陇春26号	甘肃	IV(2010)	S164	ND646	宁夏	IV(2020)	S213	宁麦26	江苏	IV(2016)
S116	武春6号	甘肃	IV(2010)	S165	MJ346	宁夏	IV	S214	明麦133	江苏	IV(2017)
S117	武春7号	甘肃	IV(2010)	S166	宁春58号	宁夏	IV(2021)	S215	扬辐麦2054	江苏	IV(2018)
S118	武春8号	甘肃	IV(2012)	S167	宁春61号	宁夏	IV(2021)	S216	华麦1028	江苏	IV(2018)
S119	银春9号	甘肃	IV(2013)	S168	永131921	宁夏	IV	S217	扬麦27号	江苏	IV(2020)
S120	酒春6号	甘肃	IV(2013)	S169	永132256	宁夏	IV	S218	扬辐麦2049	江苏	IV(2020)
S121	甘育2号	甘肃	IV(2014)	S170	永13H887	宁夏	IV	S219	苏麦899	江苏	IV(2022)
S122	甘春26号	甘肃	IV(2014)	S171	锦麦52	辽宁	IV	S220	内麦8号	四川	IV(2003)
S123	陇春34号	甘肃	IV(2015)	S172	烟农19号	山东	IV(2001)	S221	内麦9号	四川	IV(2004)
S124	甘育3号	甘肃	IV(2015)	S173	济麦20号	山东	IV(2004)	S222	内麦10号	四川	IV(2004)
S125	甘春27号	甘肃	IV(2016)	S174	济麦22号	山东	IV(2006)	S223	内麦11号	四川	IV(2004)
S126	甘春32号	甘肃	IV(2016)	S175	三抗十号	山东	IV(2016)	S224	内麦836	四川	IV(2008)
S127	武春9号	甘肃	IV(2016)	S176	青农2号	山东	IV(2010)	S225	蜀麦482	四川	IV(2008)
S128	张春23号	甘肃	IV(2016)	S177	济麦24	山东	IV(2019)	S226	川麦54	四川	IV(2009)
S129	会宁19号	甘肃	IV(2017)	S178	山农102	山东	IV(2021)	S227	内麦3416	四川	IV
S130	酒春8号	甘肃	IV(2017)	S179	农393	北京	IV	S228	云麦52号	云南	IV(2007)

表中没有列出具体年份的部分材料表示育成时间不详

Some materials in the table without a specific year indicate breeding time unknown

1.2 株高和籽粒性状测定

参照《小麦种质资源描述规范和数据标准》^[31]对株高、穗粒数、穗粒重和千粒重进行测量,15次重复。具体标准及方法:株高从每行区中随机选取3个单株,共15株,用卷尺直接测量并计算平均值;穗粒数和穗粒重从每个株系随机选取15个单穗的粒数并称重,分别取其平均值;千粒重为1000粒籽粒的重量。利用瑞典波通DA7200型近红外分析仪测定籽粒粗蛋白含量、湿面筋含量和沉降值,每份材料分别取约30g,5次重复,在国家小麦改良中心西北分中心(银川)进行测试。

1.3 小麦田间抗病性调查

在小麦成株期,对田间自然发病的条锈病、叶锈病和白粉病抗性进行调查,以感病地方品种红秃子为对照。小麦锈病(条锈、叶锈)田间调查参照0~5级标准:0级为免疫(I, immune),1级为高抗(HR, highly resistant),2级为中抗(MR, moderate resistant),

3级为中感(MS, moderate susceptible),4级为高感(HS, highly susceptible),5级为极感(ES, extremely susceptible)^[32]。小麦白粉病抗性调查参照0~9级标准:0级为免疫(I),0;级为近免疫(NI, nearly immune)、1~2级为高抗(HR)、3~4级为中抗(MR)、5~6级为中感(MS)、7~8级为高感(HS)、9级为极感(ES)^[33]。综合田间3年抗病性调查数据,若年份间抗病级别不一,如中抗-中感(MR-MS)、中感-高感(MS-HS),则认为抗病性介于二者之间。

1.4 分子标记分析

小麦苗期叶片基因组DNA提取采用CTAB法^[34]。以文献报道的18个小麦抗病基因/QTL相关分子标记^[35-44]对供试材料进行检测(表2),引物由上海生工生物工程股份有限公司合成。PCR反应扩增体系与程序参照王掌军等^[45]。扩增产物采用6%聚丙烯酰胺凝胶电泳检测,银染后拍照观察,并统计扩增结果。

表2 抗病性相关分子标记引物信息

Table 2 Primer information of molecular markers related to diseases resistance

性状 Traits	基因/QTL Gene/QTL	引物编号 Code of primer	正向引物(5'-3') Forward primer (5'-3')	反向引物(5'-3') Reverse primer (5'-3')	片段大小(bp) Fragment size	退火温度(°C) Annealing temperature	参考文献 Reference
秆锈病 Stem rust	<i>Sr22</i>	Xcfa2019	GACGAGCTAACTGCA GACCC	CTCAATCCTGATGCGG AGAT	234	56	[35]
	<i>Sr25</i>	Xwmc221	ACGATAATGCAGCGGG GAAT	GCTGGGATCAAGGGAT CAAT	190	56	[35]
	<i>Sr28</i>	Wpt-7004	CTCCCACAAAACAG CCTAC	AGATGCGAATGGGCAG TTAG	194	56	[35]
条锈病 Stripe rust	<i>Yr65</i>	Xgwm18	GGTTGCTGAAGAACC TTATTTAGG	TGGCGCCATGATTGCAT TATCTTC	205	58	[36]
	<i>Yr67</i>	Xcfa2040	TCAAATGATTTTCAGGT AACCACTA	TTCCTGATCCCACCAA ACAT	245	60	[36]
叶锈病 Leaf rust	<i>Lr67</i>	cf71	CAATAAGTAGGCCGGG ACAA	TGTGCCAGTTGAGTTT GCTC	214	56	[37]
赤霉病 Fusarium	<i>Qfhs.ifa-5A</i>	Xgwm293	TACTGGTTCACATTGG TGCG	TCGCCATCACTCGTTC AAG	205	55	[38]
head blight	<i>Qfhs.ifa-5A</i>	Xgwm304	AGGAAACAGAAATAT CGCGG	AGGACTGTGGGGAATG AATG	202	55	[38]
	<i>Qfhi.nau-4B</i>	Xgwm149	CATTGTTTTCTGCCTCT AGCC	CTAGCATCGAACCTGA ACAAG	152	55	[38]
纹枯病 Sharp eyespot	<i>Ses1</i>	Xgwm526	CAATAGTTCTGTGAGA GCTGCG	CCAACCCAAATACACA TTCTCA	140	55	[38]
白粉病 Powdery	<i>Pm37</i>	Xgwm332	CATTTACAAAGCGCAT GAAGCC	GAAAACTTTGGGAACA AGAGCA	193	57	[39]
mildew	<i>Pm55</i>	5EST-237	GTTTATCAGGCGGTGC CATA	GGACTTCTTGCTCCCC TTTC	730	56	[40]
	<i>Pm56</i>	KU.962	GGACTTCCTTGTGGCT CAGG	TGTCAGGGCACCAGTG ATAA	400	60	[41]

表 2 (续)

性状 Traits	基因/QTL Gene/QTL	引物编号 Code of primer	正向引物(5'-3') Forward primer (5'-3')	反向引物(5'-3') Reverse primer (5'-3')	片段大小(bp) Fragment size	退火温度(°C) Annealing temperature	参考文献 Reference
	<i>Pm59</i>	XMAG1714	ACGAACTGTATCACAA CACCCA	TAAGCCGAGCATGTAG ATGGA	188	53	[41]
	<i>Pm59</i>	Xmag1759	GTACGAGTATGGCAAC AGC	CCAACTCTAGGGGCAG ATG	204	51	[42]
	<i>Pm61</i>	Xgwm160	TTCAATTCAGTCTTGG CTTGG	CTGCAGGAAAAAAG TACACCC	196	55	[43]
	<i>Pm61</i>	Xicsx79	TTTGAAACTAAAGTTG GGTCA	GTTAACATCCATGTGC CAGA	143	55	[43]
	<i>Pm64</i>	WGGBH218	CCTTCCTCCGGTAACT CATA	CGAGCTAGCAATCAGA GAAG	166	53	[44]

1.5 统计分析

采用Excel 2010统计数据,使用SPSS 26.0对小麦株高和籽粒性状数据进行相关性和变异分析;利用Tbtools进行聚类分析;利用Origin2021软件分析数据并作图;性状评价方法采用基于熵值赋权的DTOPSIS法,具体步骤如下。

(1)各指标熵值 e_j 计算公式为:

$$e_j = -\frac{1}{\ln N} \sum_{i=1}^N P_{ij} \ln p_{ij}$$

式中, P_{ij} 表示第*i*个材料第*j*个指标的值占全部品种第*j*个指标值之和的比重, N 为总数。

(2)各指标权重 W_j 计算公式为:

$$W_j = \frac{1 - e_j}{\sum_{j=1}^N 1 - e_j}$$

(3)对小麦第*i*个材料第*j*个指标建立评价矩阵A,对矩阵A进行无量纲化处理得到矩阵Z,其正向指标与中性指标公式如下:

$$\text{正向指标: } Z_{ij} = \frac{Y_{ij}}{\max(Y_{ij})}$$

$$\text{中性指标: } Z_{ij} = \frac{Y_{j0}}{Y_{j0} + \text{abs}(Y_{j0} - Y_{ij})}$$

式中, Z_{ij} 为第*i*个材料第*j*个性状观察测量值进行无量纲化处理后的对应值; Y_{ij} 为第*i*个材料第*j*个性状观察测量值, Y_{j0} 代表第*j*个指标的目标值,abs代表绝对值。

(4)建立加权决策矩阵R,计算公式如下:

$$R_{ij} = W_j \times Z_{ij}$$

(5)计算各指标的正(X_j^+)和负理想解(X_j^-)。

$$X_j^+ = \max(R_{ij})$$

$$X_j^- = \min(R_{ij})$$

式中, X_j^+ 和 X_j^- 的*j*=1,2,3,⋯,n。

(6)采用欧几里得范数公式计算所有材料各性

状指标与最佳性状的距离(最优距离) S_i^+ ,与最差性状间的距离(最劣距离) S_i^- ,并计算相对接近度 C_i ,根据DTOPSIS法分析原理, C_i 值越大表示综合性状越好,公式如下:

$$S_i^+ = \sqrt{\sum_{j=1}^N (R_{ij} - X_j^+)^2} \quad S_i^- = \sqrt{\sum_{j=1}^N (R_{ij} - X_j^-)^2}$$

$$C_i = \frac{S_i^-}{S_i^+ + S_i^-} \quad C_i \in (0,1)$$

2 结果与分析

2.1 株高和籽粒性状的变异、相关性、聚类分析及变化规律

2.1.1 株高和籽粒性状变异性分析 对国内4个育种阶段228份小麦资源的株高和籽粒性状进行变异分析(表3),结果表明单个材料平均株高变幅为49.45~144.16 cm,阶段I~IV株高平均值分别为110.76、101.89、86.57和79.74 cm,相对于全阶段所有材料平均值87.03 cm分别增加27.27%、17.07%、-0.53%和-8.38%;单个材料平均穗粒数变幅为30.00~69.00粒,阶段I~IV平均值分别为44.00、45.00、47.00和50.00粒,相对于全阶段所有材料平均值48.39粒分别增加了-9.07%、-7.01%、-2.87%和3.33%;单个材料平均穗粒重变幅为1.02~3.37 g,阶段I~IV平均值分别为1.67、1.88、2.01和2.21 g,相对于全阶段所有材料平均值2.08 g分别增加了-19.71%、-9.62%、-3.37%和6.25%;单个材料平均千粒重变幅为23.27~56.41g,阶段I~IV平均值分别为34.86、38.12、39.05和40.47 g,相对于全阶段所有材料平均值39.26 g分别增加了-11.21%、-2.90%、-0.53%和3.08%;单个材料平均粗蛋白含量变幅为13.17%~20.64%,阶段I~IV平均值分别为16.50%、

15.95%、15.33%和15.13%，相对于全阶段所有材料平均值15.42%分别增加了7.00%、3.44%、-0.58%和-1.88%；单个材料平均湿面筋含量变幅为26.70%~43.69%，阶段I~IV平均值分别为35.15%、34.01%、32.86%和32.36%，相对于全阶段所有材料平均值32.97%分别增加了6.61%、3.15%、-0.33%和-1.85%；单个材料平均沉降值变幅为24.11~54.61 mL，阶段I~IV平均值分别为40.21、37.58、36.20和34.72 mL，相对于全阶段所有材料平均值35.97 mL分别增加

了11.79%、4.48%、0.64%和-3.48%。7个性状不同育种阶段变异系数表现为：株高全阶段>IV>II>III>I，穗粒数、千粒重和湿面筋含量I>II>全阶段>III>IV，穗粒重和粗蛋白含量I>全阶段>II>III>IV，沉降值I>II>全阶段>IV>III。变异性结果表明，株高变异系数在不同育种阶段间先大幅上升，然后缓慢下降，最后又表现逐步上升趋势；籽粒性状变异系数除沉降值在阶段III~IV上升，其他性状随着育种进程的演变均呈下降趋势。

表3 株高和籽粒性状变异分析

Table 3 The variable analysis of plant height and grain traits

性状 Traits	阶段 Stage	变异幅度 Variation rang	平均值 Average value	标准差 Standard deviation	变异系数(%) Variable coefficient
株高(cm) PH	I	78.10~144.16	110.76	14.20	12.82
	II	55.66~124.95	101.89	18.66	18.31
	III	52.47~116.10	86.57	14.17	16.37
	IV	49.45~132.94	79.74	14.62	18.33
	全阶段	49.45~144.16	87.03	18.78	21.58
穗粒数 KS	I	30.00~67.00	44.00	8.68	19.73
	II	35.00~61.00	45.00	7.16	16.00
	III	37.00~64.00	47.00	6.90	14.64
	IV	34.00~69.00	50.00	7.04	14.07
	全阶段	30.00~69.00	48.39	7.67	15.85
穗粒重(g) KWS	I	1.02~3.19	1.67	0.42	25.34
	II	1.25~2.72	1.88	0.37	19.40
	III	1.37~2.92	2.01	0.37	18.45
	IV	1.29~3.37	2.21	0.41	18.44
	全阶段	1.02~3.37	2.08	0.45	21.59
千粒重(g) TKW	I	23.27~51.55	34.86	6.66	19.12
	II	26.55~48.85	38.12	5.50	14.42
	III	29.06~48.74	39.05	4.66	11.94
	IV	30.84~56.41	40.47	4.17	10.31
	全阶段	23.27~56.41	39.26	5.18	13.19
粗蛋白含量(%) CPC	I	13.17~20.64	16.50	1.54	9.36
	II	14.14~18.10	15.95	1.18	7.40
	III	13.92~18.34	15.33	1.01	6.61
	IV	13.18~19.00	15.13	0.85	5.63
	全阶段	13.17~20.64	15.42	1.15	7.43
湿面筋含量(%) WGC	I	29.09~43.69	35.15	3.31	9.41
	II	29.44~39.18	34.01	2.77	8.13
	III	29.38~38.81	32.86	2.13	6.49
	IV	26.70~41.58	32.36	1.94	5.40
	全阶段	26.70~43.69	32.97	2.50	7.57
沉降值(mL) SV	I	31.58~54.61	40.21	4.74	11.79
	II	28.28~47.10	37.58	4.38	11.66
	III	30.46~45.78	36.20	3.01	8.32
	IV	24.11~45.28	34.72	3.16	9.11
	全阶段	24.11~54.61	35.97	4.02	11.18

PH: Plant height; KS: Kernels per spike; KWS: Kernel weight per spike; TKW: Thousand kernels weight; CPC: Crude protein content; WGC: Wet gluten content; SV: Sedimentation value; The same as below

2.1.2 株高和籽粒性状相关性分析 对228份小麦资源株高和籽粒性状进行相关性分析(表4),结果表明:株高分别与阶段IV的所有性状、全阶段的蛋白质性状、阶段I的粗蛋白含量和沉降值、阶段III的湿面筋含量和沉降值呈极显著正相关,与阶段III的粗蛋白含量、阶段I的湿面筋含量呈显著正相关,与阶段I穗粒重和千粒重呈显著负相关;穗粒数与所有阶段的穗粒重呈极显著正相关,与全阶段的千粒重和阶段II的沉降值呈显著正相关,与阶段IV的粗蛋白含量呈显著负相关,与全阶段的蛋白质性状呈极

显著负相关;穗粒重与千粒重在不同阶段均呈极显著正相关,与阶段I的粗蛋白含量呈显著负相关,与全阶段的蛋白质性状均呈极显著负相关;千粒重与阶段IV的蛋白质性状均呈极显著正相关,与阶段III的湿面筋含量呈显著正相关;蛋白质性状在所有阶段间均呈极显著正相关;其他阶段其余性状间相关性不显著。相关性结果表明,在当前育种阶段,株高适宜,同时协调的粒数、粒重和蛋白质性状是保证产量和提升品质的关键。

表4 株高和籽粒性状相关性分析

Table 4 The correlation analysis of plant height and grain traits

性状 Traits	阶段 Stage	株高 PH	穗粒数 KS	穗粒重 KWS	千粒重 TKW	粗蛋白含量 CPC	湿面筋含量 WGC
穗粒数 KS	I	-0.163					
	II	-0.064					
	III	0.115					
	IV	0.339**					
	全阶段	-0.045					
穗粒重 KWS	I	-0.392*	0.623**				
	II	0.267	0.756**				
	III	0.297	0.796**				
	IV	0.492**	0.850**				
	全阶段	-0.045	0.810**				
千粒重 TKW	I	-0.383*	-0.199	0.616**			
	II	0.307	0.066	0.605**			
	III	0.324	0.031	0.568**			
	IV	0.466**	0.131	0.557**			
	全阶段	-0.038	0.136*	0.634**			
粗蛋白含量 CPC	I	0.476**	-0.331	-0.381*	-0.120		
	II	0.302	0.309	0.374	0		
	III	0.373*	-0.327	-0.188	0.202		
	IV	0.222**	-0.208*	-0.072	0.271**		
	全阶段	0.477**	-0.303**	-0.285**	-0.065		
湿面筋含量 WGC	I	0.435*	-0.340	-0.293	-0.003	0.985**	
	II	0.381	0.301	0.388	0.028	0.985**	
	III	0.430**	-0.278	-0.084	0.336*	0.972**	
	IV	0.300**	-0.113	0.036	0.321**	0.961**	
	全阶段	0.496**	-0.249**	-0.194**	0.017	0.976**	
沉降值 SV	I	0.458**	-0.266	-0.285	-0.101	0.907**	0.896**
	II	0.243	0.498*	0.426	-0.114	0.923**	0.914**
	III	0.534**	-0.306	-0.194	0.176	0.862**	0.852**
	IV	0.315**	-0.020	0.069	0.225**	0.833**	0.850**
	全阶段	0.539**	-0.195**	-0.217**	-0.107	0.889**	0.890**

*表示显著相关($P < 0.05$), **表示极显著相关($P < 0.01$)

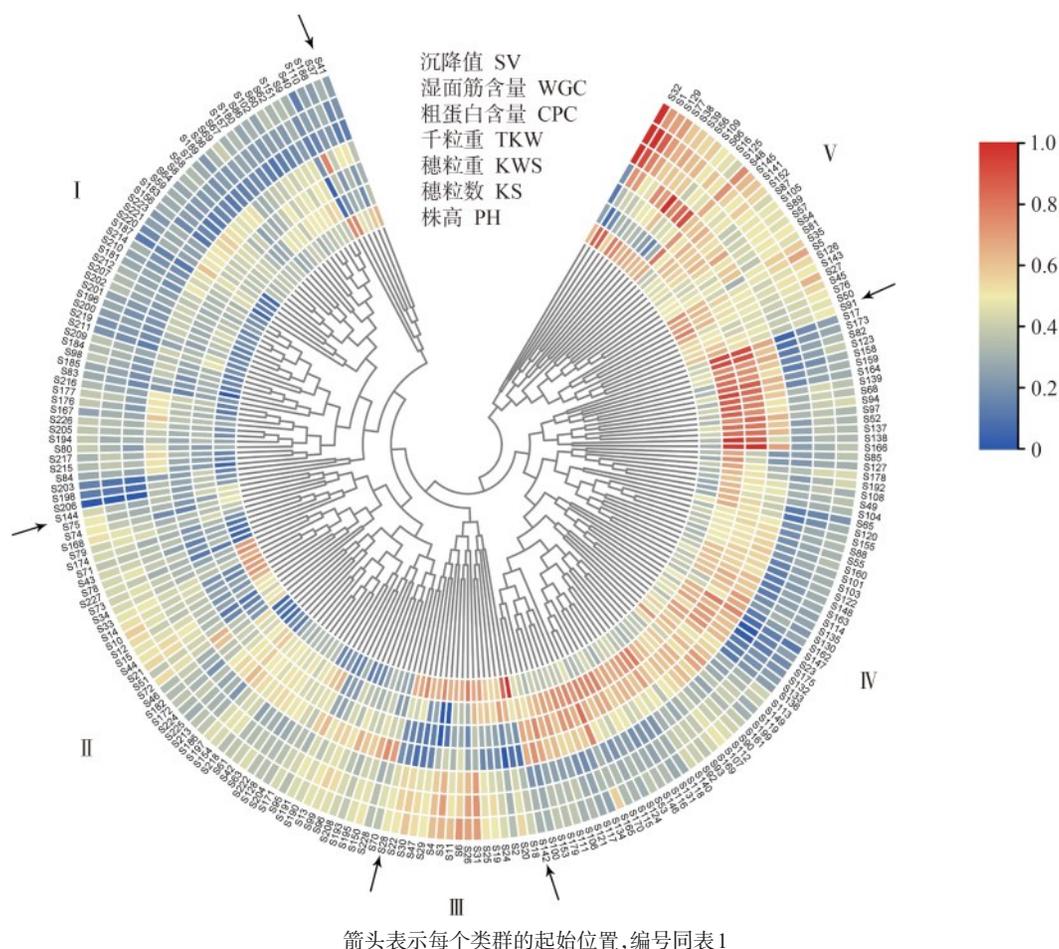
*indicated significant correlation ($P < 0.05$), **indicated extremely significant correlation ($P < 0.01$)

2.1.3 株高与籽粒性状聚类分析 对228份小麦资源的株高和籽粒性状进行聚类分析(图1),所有资

源分为5个类群(I~V),其中第I类群包括S41、S37等58份材料,主要是以江苏为代表的江淮麦区弱冬

性品种,这类材料平均株高最矮;第II类群包括S144、S75等50份材料,其来源涵盖我国大部分麦区的一些春性和冬性品种,每个麦区材料数量相对较少,代表性不强,特点不一;第III类群包括S28、S22等17份材料,主要为各省地方品种,这类材料平均株高较高,穗部性状一般,但蛋白质性状较优;第IV类群包括S142、S100等73份材料,主要以甘肃、

宁夏为主的西北春麦区的一些现代育成品种,这类材料株高适宜、穗部性状优异,为该地区长期推广种植的品种;第V类群包括S91、S50等30份材料,主要为北方春麦区的地方品种及早期选育品种,这类品种的特点是平均株高较高,但穗部性状和蛋白质性状较优。



箭头表示每个类群的起始位置,编号同表1
The arrow indicates the starting position of each group, the number is the same as table 1

图1 基于株高与籽粒性状的小麦资源聚类图

Fig.1 Cluster diagram of wheat resources based on the plant height and grain traits

5大类群的株高和籽粒性状主要表现为:平均株高(图2A),III>V>IV>II>I;平均穗粒数(图2B),IV>V>III>I>II;平均穗粒重(图2C),IV>V>II>I>III;平均千粒重(图2D),V>IV>II>I>III;平均粗蛋白含量(图2E)、湿面筋含量(图2F)和沉降值(图2G),V>III>II>IV>I。其中,类群I的平均株高最矮,为 74.84 ± 15.17 cm;类群IV的平均穗粒数和穗粒重均最高,分别为 63.61 ± 2.82 粒和 2.97 ± 0.18 g;类群V的平均千粒重、粗蛋白含量、湿面筋含量和沉降值均最高,分别为 42.75 ± 5.56 g、 $17.01\% \pm 1.16\%$ 、 $36.61\% \pm 2.53\%$ 和 41.54 ± 3.65 mL。

2.1.4 株高与籽粒性状的变化 种植于宁夏春麦区的小麦随其选育阶段的变化,株高表现为下降趋势,阶段I与II、III、IV的平均株高差异不显著、无明显下降,阶段II~III株高的平均值差异显著、下降较明显(图3A);阶段I与II平均穗粒数差异不显著、增加不明显,阶段II~IV的平均值差异显著、增加较明显(图3B);阶段I~IV的平均穗粒重差异显著、增加较明显(图3C);阶段I与其他3个阶段平均千粒重差异显著、增加较明显,而阶段II、III与IV的平均值差异不显著、增加不明显(图3D);4个阶段的平均粗蛋白含量、湿面筋含量和沉降值均表现为下降趋

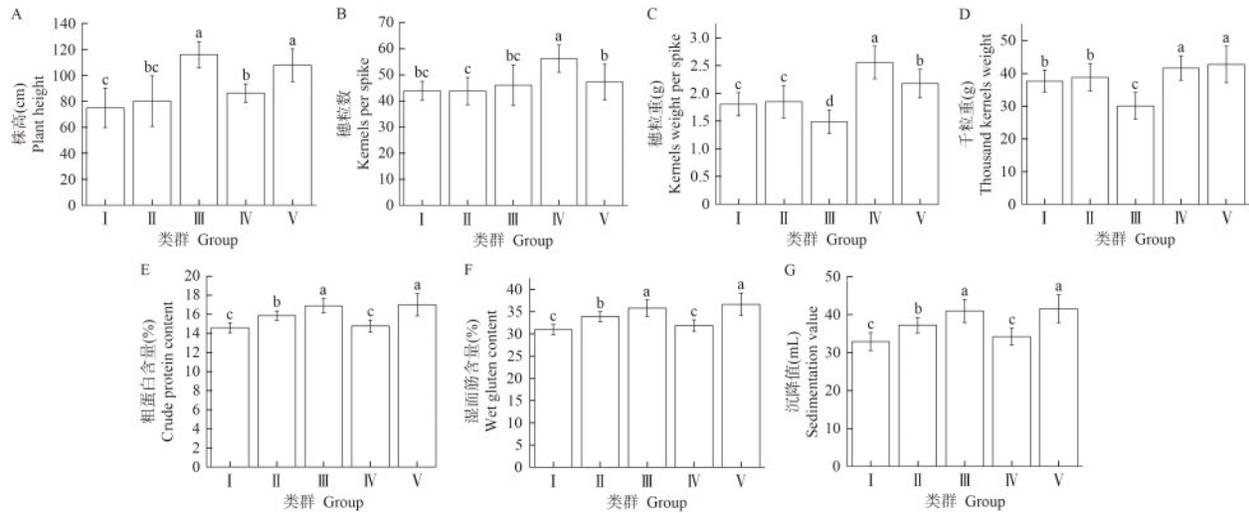
势, 差异显著、下降较明显(图 3E~G)。

2.2 株高和籽粒性状评价

2.2.1 单一性状优异的材料及表现

在 228 份小麦资源中, 分别选取了株高较矮、籽粒性状优异的 11 份材料(表 5), 其中株高最矮的材料 S185, 为 49.45 cm;

穗粒数最多的材料 S138, 为 68.57 粒; 穗粒重最重的材料 S166, 为 3.37 g; 千粒重最重的材料 S109, 为 56.41 g; 蛋白质性状最好的材料 S32, 其粗蛋白含量、湿面筋含量和沉降值分别为 20.64%、43.69% 和 54.61 mL。



不同小写字母表示显著差异 ($P < 0.05$), 下同

Different lowercase letters indicate significant difference ($P < 0.05$), the same as below

图 2 5 大类群小麦资源株高和籽粒性状

Fig.2 Plant height and grain traits of five groups in wheat resources

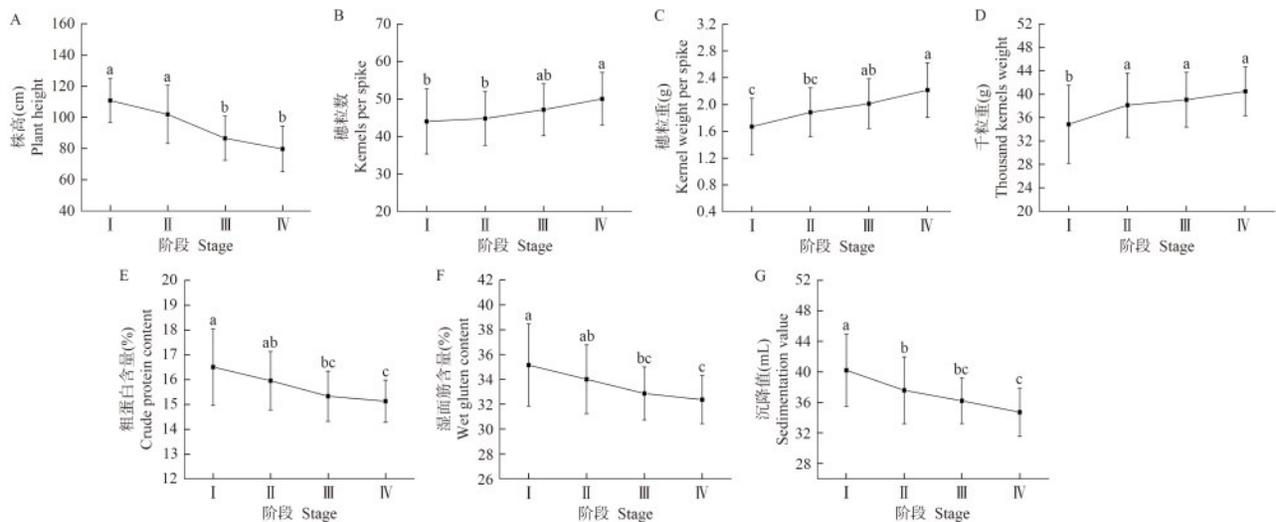


图 3 不同阶段小麦资源的株高和籽粒性状变化

Fig.3 The changes of plant height and grain traits of wheat resources at the different breeding stages

2.2.2 熵权法确定各指标的权重

各指标权重排序由高到低依次为: 粗蛋白含量 > 穗粒重 > 穗粒数 > 湿面筋含量 > 千粒重 > 沉降值 > 株高, 除株高外, 其余 6 个性状权重均高于 0.1, 对品种综合性状影响较大, 也是育种及生产实践中直接影响小麦产量和蛋白质性状的主要指标(表 6)。

2.2.3 基于熵值赋权的 DTOPSIS 法分析

228 份小麦资源的 C_i 值为 0.155~0.700, 平均值为 0.414, 其

中, 排名靠前(占材料总数 5%) 的 11 份材料的 C_i 值为 0.550~0.700, 平均值为 0.578(表 7), 这些材料株高适宜, 籽粒性状表现优异。

2.3 抗病性调查及分子标记分析

2.3.1 抗病性调查

对 228 份小麦资源进行成株期条锈病、叶锈病和白粉病抗性调查(图 4), 其中, 181 份材料(79.39%)抗条锈病(图 4A, 表 8), 有 17 份(7.46%)介于中抗和中感之间, 表现感病的有 38 份

(16.67%); 220份材料(96.49%)抗叶锈病(图4B, 表8), 有8份材料(3.51%)介于中抗和中感之间; 83份材料(36.40%)抗白粉病(图4C, 表8), 有45份材料(19.74%)介于中抗和中感之间, 有80份材料(35.09%)介于中感和高感之间, 有20份材料(8.77%)表现为极感。

表5 小麦株高和籽粒性状排名前11的优异种质

Table 5 Excellent germplasm with top 11 ranking in wheat plant height and grain traits

排名 Ranking	株高(cm) PH		穗粒数 KS		穗粒重(g) KWS		千粒重(g) TKW	
	编号 Code	平均值±标准差 Average±SD	编号 Code	平均值±标准差 Average±SD	编号 Code	平均值±标准差 Average±SD	编号 Code	平均值±标准差 Average±SD
1	S185	49.45±1.33	S138	68.57±6.16	S166	3.37±0.29	S109	56.41±0.19
2	S78	52.47±1.54	S166	67.60±3.43	S17	3.19±0.23	S125	53.60±0.14
3	S182	54.35±1.99	S17	66.50±4.64	S173	3.16±0.10	S16	51.55±0.15
4	S187	54.60±2.13	S164	66.27±2.59	S138	3.13±0.34	S40	48.85±0.18
5	S227	54.66±2.20	S173	65.73±3.55	S159	3.08±0.29	S165	48.82±0.27
6	S84	54.68±1.29	S68	64.00±4.40	S97	3.02±0.55	S66	48.74±0.14
7	S224	54.93±1.84	S139	63.57±3.02	S164	2.99±0.12	S147	48.49±0.30
8	S223	54.98±2.93	S94	63.50±4.06	S165	2.97±0.21	S39	48.21±0.11
9	S225	56.08±3.58	S159	63.23±3.92	S137	2.96±0.31	S228	48.02±0.16
10	S43	56.66±4.50	S137	62.33±3.52	S52	2.92±0.20	S100	47.66±0.10
11	S172	58.45±1.35	S52	62.00±1.35	S147	2.88±0.11	S1	47.50±0.02

排名 Ranking	粗蛋白含量(%) CPC		湿面筋含量(%) WGC		沉降值(mL) SV	
	编号 Code	平均值±标准差 Average±SD	编号 Code	平均值±标准差 Average±SD	编号 Code	平均值±标准差 Average±SD
1	S32	20.64±0.14	S32	43.69±0.37	S32	54.61±0.45
2	S1	20.02±0.14	S1	43.67±0.37	S48	47.10±0.31
3	S129	19.00±0.07	S129	41.58±0.21	S6	46.14±0.43
4	S31	18.43±0.25	S48	39.18±0.17	S1	46.09±0.69
5	S77	18.34±0.08	S31	39.07±0.46	S77	45.78±0.21
6	S48	18.10±0.05	S77	38.81±0.16	S31	45.60±0.71
7	S3	17.96±0.03	S3	38.66±0.13	S129	45.28±0.16
8	S26	17.84±0.03	S26	38.40±0.18	S26	45.17±0.55
9	S39	17.65±0.06	S39	38.23±0.34	S5	44.94±0.29
10	S109	17.54±0.04	S38	37.73±0.30	S27	43.76±0.44
11	S4	17.52±0.04	S109	37.43±0.09	S3	43.45±0.22

表6 各评价指标的熵值和权重

Table 6 The entropy values and weights of each evaluation index

评价指标 Evaluation index	熵值 Entropy	权重 Weight	权重排序 Ranking
株高PH	0.992	0.075	7
穗粒数KS	0.983	0.168	3
穗粒重KWS	0.982	0.174	2
千粒重TKW	0.989	0.107	5
粗蛋白含量CPC	0.977	0.231	1
湿面筋含量WGC	0.986	0.140	4
沉降值SV	0.989	0.105	6

表7 DTOPSIS法分析结果

Table 7 The results analyzed by DTOPSIS method

编号 Code	C _i 值排名 Ranking of C _i value	最劣距离 S _i ⁻	最优距离 S _i ⁺	相对接近度 C _i
S48	1	0.283	0.122	0.700
S31	2	0.245	0.173	0.586
S1	3	0.283	0.207	0.577
S32	4	0.297	0.219	0.575
S152	5	0.229	0.173	0.569
S129	6	0.255	0.195	0.567
S141	7	0.229	0.179	0.562
S166	8	0.273	0.213	0.561
S109	9	0.237	0.187	0.559
S139	10	0.247	0.196	0.557
S77	11	0.231	0.189	0.550

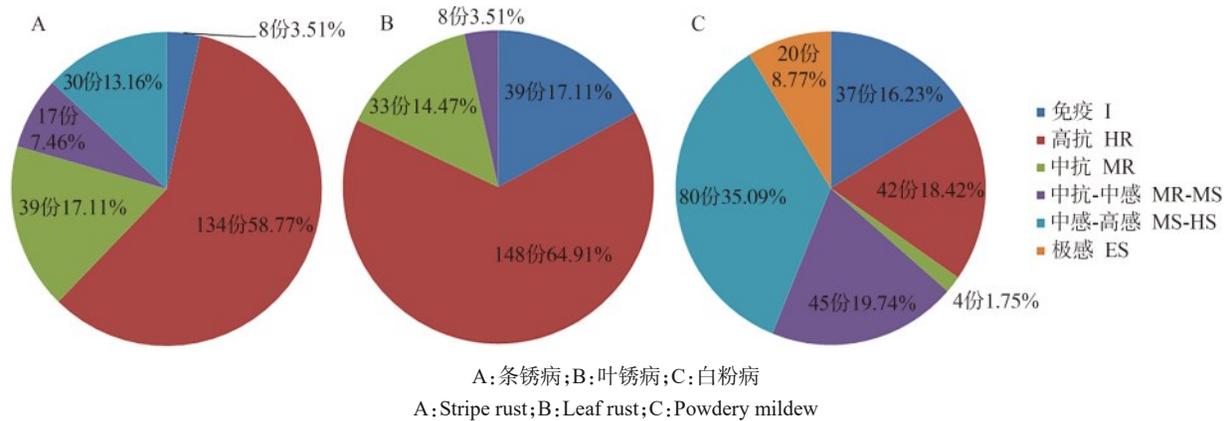


图4 小麦条锈病、叶锈病和白粉病抗性调查结果

Fig.4 The survey results of strip rust, leaf rust and powdery mildew in wheat

表8 抗病材料分布结果

Table 8 The distribution of materials resistant to diseases

病害类型 Disease types	抗病材料编号 The code of disease-resistant materials	材料数 Numbers	比例(%) Proportion
条锈病 Stripe rust	S1~S6, S10~S32, S35, S38, S39, S42~S51, S53~S56, S61~S63, S66, S67, S69~S74, S76~S80, S82, S84~S90, S93~S96, S98~S101, S103~S105, S107~S117, S119, S121~S126, S128~S130, S132~S137, S139, S141~S169, S171~S174, S177, S180, S182, S185, S186, S189~S195, S197, S199~S202, S204, S207~S218, S220~S228	181	79.39
叶锈病 Leaf rust	S1~S8, S10~S120, S122~S129, S131~S136, S139~S156, S158~S179, S181~S200, S202~S228	220	96.49
白粉病 Powdery mildew	S4, S6, S13, S17, S18, S23, S25, S28, S29, S32, S35~S37, S42, S45, S48, S52, S56, S63, S66, S68, S71, S72, S79, S81, S82, S84, S90, S92, S95, S100, S104, S106, S107, S108, S110, S112, S117, S119, S125, S134, S140, S143, S150, S151, S164, S165, S170~S173	83	36.40

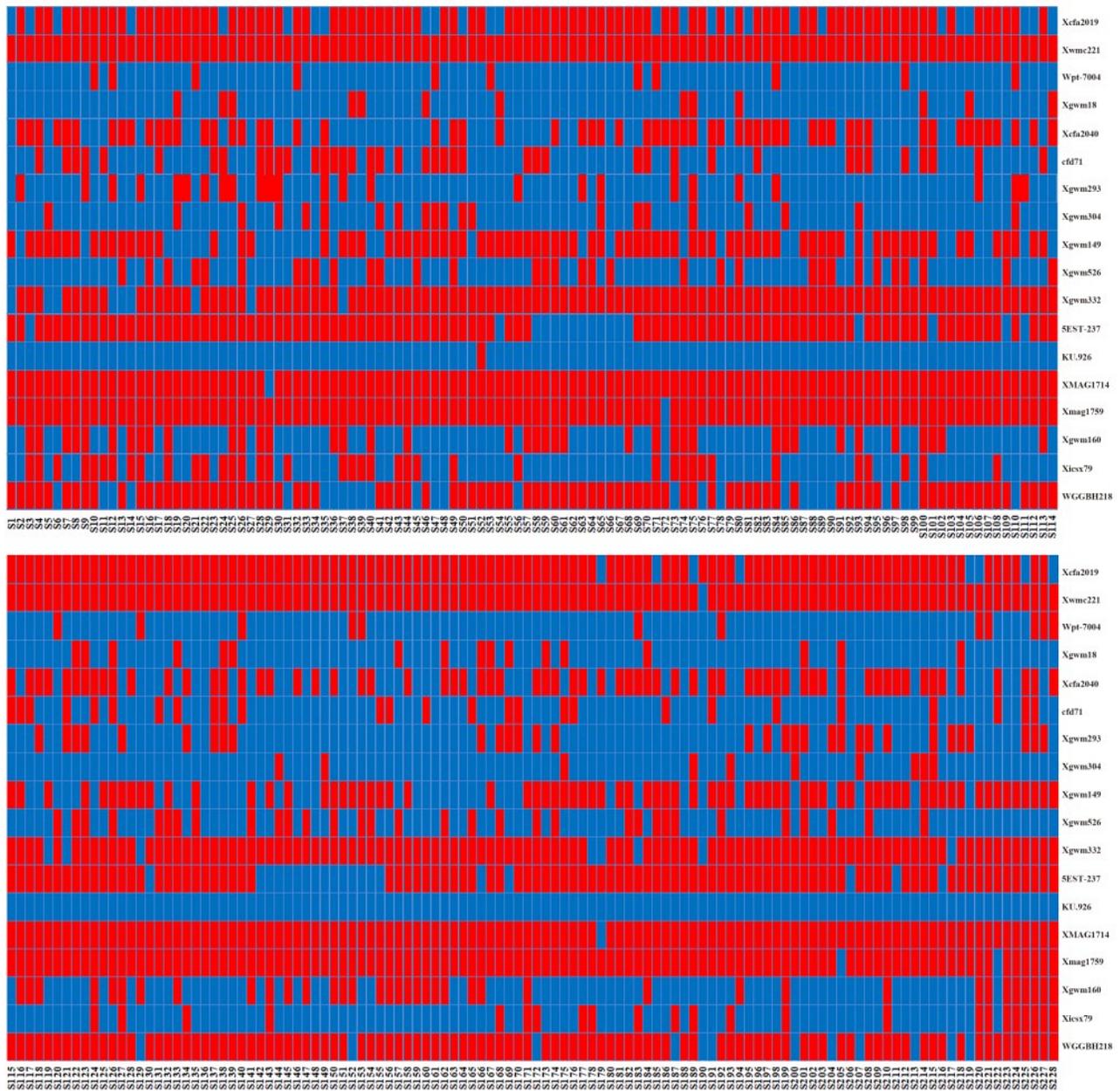
2.3.2 抗病基因/QTL 相关分子标记分析 18个与小麦抗病基因/QTL相关的分子标记在228份资源中分布比例不同(图5),其中,抗秆锈病基因 *Sr22*、*Sr25* 和 *Sr28* 相关标记 Xcfa2019、Xwmc221 和 Wpt-7004 分别在194、227和23份材料中有检测结果,分别占材料总数的85.09%、99.56%和10.09%;抗条锈病基因 *Yr65* 和 *Yr67* 相关标记 Xgwm18 和 Xcfa2040 分别在30和127份材料中有检测结果,分别占材料总数的13.16%和55.70%;抗叶锈病基因 *Lr67* 相关标记 cfd71 在68份材料中有检测结果,占材料总数的29.82%;抗赤霉病基因 *Qfhs.ifa-5A* 和 *Qfhi.nau-4B* 相关标记 Xgwm293、Xgwm304 和 Xgwm149 分别在57、31和153份材料中有检测结果,分别占材料总数的25.00%、13.60%和67.11%;抗纹枯病基因 *Sesl* 相关标记 Xgwm526 在65份材料中有检测结果,占材料总数的28.51%;抗白粉病基因 *Pm37*、*Pm55*、*Pm56*、*Pm59*、*Pm61* 和 *Pm64* 相关标记 Xgwm332、5EST-237、KU.962、XMAG1714、Xmag1759、Xgwm160、Xicsx79 和 WGGBH218 分别在211、191、1、226、225、77、62和191份材料中有检测结果,分别占材料总数的92.54%、83.77%、0.44%、99.12%、98.68%、

33.77%、27.19%和83.77%。其中标记 Xcfa2019、Xwmc221、Xgwm332、5EST-237、XMAG1714、Xmag1759 和 WGGBH218 在材料中检测到的频率均超过80%,这7个与抗病基因连锁的标记在材料中广泛分布,说明携带抗性基因 *Sr22*、*Sr25*、*Pm37*、*Pm55*、*Pm59*、*Pm64* 的小麦品种在不同育种阶段对秆锈和白粉病的抗性发挥着重要作用。

18个小麦抗病性相关分子标记在不同阶段材料中的分布频率也不同,抗秆锈病基因 *Sr25* 在阶段I、II、III所有材料中均有分布,*Sr22* 和 *Sr28* 分别在阶段IV和I的材料中分布最高,为89.44%和12.12%;抗条锈病基因 *Yr65* 和 *Yr67* 分别在阶段II和I的材料中分布最高,为16.67%和60.61%;抗叶锈病基因 *Lr67* 在阶段II材料中分布最高,为72.22%;抗赤霉病基因 *Qfhs.ifa-5A* 在阶段I和II材料中分布均较广泛,分别为36.36%和44.44%,*Qfhi.nau-4B* 在阶段III材料中分布最高,为82.86%;抗纹枯病基因 *Sesl* 在阶段II材料中分布最高,为33.33%;抗白粉病基因 *Pm37* 和 *Pm55* 分别在阶段III和II材料中均有分布,*Pm56* 和 *Pm64* 分别在阶段II和IV材料中分布最高,为5.56%和87.32%,*Pm59* 相关标记 XMAG1714 在阶段II和

III材料中均有分布、标记 Xmag1759 在阶段I和II材料中均有分布, Pm61 相关两个标记 Xgwm160

和 Xicsx79 均在阶段I分布最高, 分别为 42.42% 和 54.55%(表9)。



红色和蓝色分别表示引物在材料中有和没有扩增结果, 横坐标编号同表 1

Red and blue bars indicate positive and negative amplification results in materials; The code of abscissa is the same as table 1

图 5 抗病性相关分子标记在 228 份国内小麦资源中的检测结果

Fig.5 The detected result of molecular markers related to disease resistance in 228 wheat resources

表 9 抗病性基因/QTL 相关分子标记在不同阶段材料中的分布

Table 9 Distribution of molecular markers related to genes/QTL for disease resistance in materials from different stages

性状 Traits	基因/QTL Gene/QTL	引物编号 Code of primer	比例(%) Proportion			
			I	II	III	IV
秆锈病 Stem rust	<i>Sr</i> 22	Xcfa2019	81.82	72.22	77.14	89.44
	<i>Sr</i> 25	Xwmc221	100.00	100.00	100.00	99.30
	<i>Sr</i> 28	Wpt-7004	12.12	5.56	11.43	9.86
条锈病 Stripe rust	<i>Yr</i> 65	Xgwm18	9.09	16.67	11.43	14.08
	<i>Yr</i> 67	Xcfa2040	60.61	22.22	57.14	58.45

表9 (续)

性状 Traits	基因/QTL Gene/QTL	引物编号 Code of primer	比例(%) Proportion			
			I	II	III	IV
叶锈病 Leaf rust	<i>Lr67</i>	cfD71	36.36	72.22	22.86	24.65
赤霉病 Fusarium head blight	<i>Qfhs.ifa-5A</i>	Xgwm293	36.36	16.67	20.00	24.65
	<i>Qfhs.ifa-5A</i>	Xgwm304	15.15	44.44	17.14	8.45
	<i>Qfhi.nau-4B</i>	Xgwm149	54.55	72.22	82.86	65.49
纹枯病 Sharp eyespot	<i>Ses1</i>	Xgwm526	24.24	33.33	25.71	29.58
白粉病 Powdery mildew	<i>Pm37</i>	Xgwm332	75.76	94.44	100.00	94.37
	<i>Pm55</i>	5EST-237	96.97	100.00	65.71	83.10
	<i>Pm56</i>	KU.962	0	5.56	0	0
	<i>Pm59</i>	XMAG1714	96.97	100.00	100.00	99.30
	<i>Pm59</i>	Xmag1759	100.00	100.00	97.14	98.59
	<i>Pm61</i>	Xgwm160	42.42	22.22	40.00	31.69
	<i>Pm61</i>	Xicsx79	54.55	44.44	22.86	19.72
	<i>Pm64</i>	WGGBH218	84.85	50.00	85.71	87.32

3 讨论

为保证小麦产业发展和保障国家粮食安全,培育高产、优质且抗病的小麦新品种,是目前小麦育种的主要目标。大量研究表明,株高和籽粒性状对提高小麦单产和品质具有较大贡献^[5-7]。因此,阐明国内不同育种阶段的小麦在宁夏春麦区的表现对宁夏小麦高产优质品种选育十分关键。本研究连续3年在宁夏春麦区生态条件下测定了228份国内小麦资源的株高及籽粒性状,利用变异分析和相关分析等方法进行比较分析。结果表明,种植于宁夏的小麦资源,株高在阶段III显著下降,与此同时,穗粒数、穗粒重和千粒重较阶段I已有较大提升,平均分别达到47粒、2.01 g和39.05 g,在此阶段,全世界“绿色革命”兴起,矮秆基因的广泛利用极大提高了小麦抗倒伏及单位面积产量^[46]。然而一味追求矮秆必然导致生物学产量降低,不利于提高品种产量潜力^[47]。本研究相关性分析发现,小麦株高与阶段IV所有性状均呈极显著正相关,说明对于当前育种阶段,适当增加株高有利于小麦产量和品质提升。在穗部性状中,穗粒重变异系数最大(21.59%),具有较大改良潜力,与许娜丽等^[48]和倪永静等^[49]研究结果一致;且穗粒重与穗粒数和千粒重均呈极显著正相关,改良穗粒重对于提高产量具有重要意义。蛋白质性状变异系数表现为沉降值(11.18%)>湿面筋含量(7.57%)>粗蛋白含量(7.43%),其中,粗蛋白含量与国外面包小麦基本接近,提升蛋白质质量尤为重要,而沉降值作为蛋白质质量指标,且变异系数较大,具有较大改良潜力,与王掌军等^[45]研究结果一致。此外,高产一直作为小麦首要育种目标,

随着改良和育种进程演变,虽然穗粒数、穗粒重和千粒重等与产量相关的性状表现不断增加趋势,但其变异系数逐渐降低,小麦品种间表现出极大相似性,遗传基础日趋狭窄、脆弱^[21],使得小麦极易受气候变化和病虫害的影响,对小麦产量和质量造成了不同程度的损害^[50]。聚类分析表明,类群III主要包括地方品种,品种间特异性强,蛋白质性状表现优异,因此,今后应重视对地方品种中优异品质及抗病基因的发掘和利用。此外,类群I的平均株高最矮,可作为矮秆育种的中间亲本;类群IV在穗粒数和穗粒重上优势明显,类群V在千粒重、粗蛋白含量、湿面筋含量和沉降值上表现突出,这两个类群的一些材料可作为栽培小麦丰产、优质资源有选择地利用;其他类群所包括的材料在株高与籽粒性状中表现一般,今后应加强对其他性状的分析,以鉴定和筛选可用性状。科学的性状评价方法可为精准育种提供方法支撑。DTOPSIS法已被广泛应用于小麦综合评价中^[51-52],采用熵权法对评价系统中的各个指标赋予权重,可解决DTOPSIS法中权重参数无法客观分配的问题,规避主观因素对结果造成的影响^[16]。目前基于熵值赋权的DTOPSIS法,在水稻^[53]、玉米^[19]等作物上应用广泛,在小麦上应用较少。本研究基于熵权法,株高用中性指标、其他性状用正向指标度量,使各性状量化指标更合理,符合目前小麦育种目标,结合DTOPSIS法筛选出11份优异资源依次为:红兴隆3号、糯麦、新疆小麦、上林小麦、宁春45号、会宁19号、宁春32号、宁春58号、甘春25号、永良15号和小冰33号。这些综合性状优异的资源在株高和籽粒性状上均有优异表现,是高产、优质新品种选育的物质基础,今后在宁

夏小麦品种改良中应充分利用其优异基因。

病害对小麦生产造成严重危害,尽管化学防治已取得一定效果,但应用抗病品种是防治病害最经济、有效、安全的途径^[22]。国内近几年出现了条锈病和白粉病的新小种,不少品种开始丧失抗性^[54],通过主效抗病基因聚合,可显著提高小麦的综合抗病能力^[24]。通过分子标记辅助选择可有目的地进行基因累加,而利用抗病性相关分子标记对小麦品种携带的抗病基因/QTL位点进行辅助选择是重要前提^[20]。本研究利用18个与小麦6种病害抗性基因/QTL位点相关的分子标记,对228份国内小麦资源进行鉴定,发现抗秆锈病基因*Sr22*和*Sr25*以及抗白粉病基因*Pm37*、*Pm55*、*Pm59*和*Pm64*在材料中分布频率均超过80%,这些基因在不同阶段为小麦抗病发挥了重要作用。此外,根据田间抗病性调查以及抗病基因相关分子标记的分布结果表明:红兴隆3号抗条锈、叶锈和白粉病,同时检测到抗秆锈和赤霉病基因;宁春58号和永良15号抗条锈和叶锈病,同时检测到抗秆锈、赤霉和白粉病相关基因;新疆小麦、宁春45号、会宁19号、宁春32号、甘春25号和小冰33号抗条锈和叶锈病,同时检测到抗秆锈、赤霉和白粉病相关基因。

综上所述,本研究基于熵值赋权DTOPSIS法筛选出的11份综合性状优异的小麦资源,结合田间抗病性调查和分子标记辅助选择结果,可作为宁夏小麦育种亲本。同时,不同育种阶段的小麦资源在宁夏春麦区表现出株高和蛋白质性状随年代增加而降低、而粒数和粒重上升的趋势。今后,在保证小麦抗倒伏基础上适当增加株高,以提高生物产量进而提高经济产量,增加穗粒重达到增产的效果,改良蛋白质质量性状,进而改善加工品质,同时,要注重抗病资源在育种的应用。

参考文献

- [1] Tian Z W, Jing Q, Dai T B, Jiang D, Cao W X. Effects of genetic improvements on grain yield and agronomic traits of winter wheat in the Yangtze River Basin of China. *Field Crops Research*, 2011, 124(3):417-425
- [2] 马艳明,冯智宇,王威,张胜军,郭营,倪中福,刘杰.新疆冬小麦品种农艺及产量性状遗传多样性分析. *作物学报*, 2020, 46(12):1997-2007
- Ma Y M, Feng Z Y, Wang W, Zhang S J, Guo Y, Ni Z F, Liu J. Genetic diversity analysis of winter wheat landraces and modern bred varieties in Xinjiang based on agronomic traits. *Acta Agronomica Sinica*, 2020, 46(12):1997-2007
- [3] 李振声.我国小麦育种的发展历程. *中国农村科技*, 2010(2):26-28
- Li Z S. The development of wheat breeding in China. *China Rural Science & Technology*, 2010(2):26-28
- [4] 何中虎,庄巧生,程顺和,于振文,赵振东,刘旭.中国小麦产业发展与科技进步. *农学学报*, 2018, 8(1):99-106
- He Z H, Zhuang Q S, Cheng S H, Yu Z W, Zhao Z D, Liu X. Wheat production and technology improvement in China. *Journal of Agriculture*, 2018, 8(1):99-106
- [5] 王掌军,刘妍,刘凤楼,李清峰,张晓岗,刘生祥,贾彪.宁春4号与河东乌麦杂交F₂代穗部性状分析及其重要QTL发掘. *南方农业学报*, 2019, 50(4):685-694
- Wang Z J, Liu Y, Liu F L, Li Q F, Zhang X G, Liu S X, Jia B. Analysis on panicle traits and important QTL discovery of F₂ hybrids from Ningchun No.4 and Hedong black wheat. *Journal of Southern Agriculture*, 2019, 50(4):685-694
- [6] 王志伟,黄锦,杨金华,程加省,胡银星,程耿,于亚雄.云南省小麦主栽品种产量改良遗传进展研究. *安徽农业科学*, 2012, 40(32):15617-15621
- Wang Z W, Huang J, Yang J H, Cheng J S, Hu Y X, Cheng G, Yu Y X. Genetic improvement of grain yield in leading wheat cultivars of Yunnan province. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2012, 40(32):15617-15621
- [7] 伍维模,李世清.小麦品种演变过程中性状遗传改良规律综述. *塔里木大学学报*, 2006, 18(1):43-47
- Wu W M, Li S Q. A summary of genetic improvement of various characters during wheat cultivars evolution. *Journal of Tarim University*, 2006, 18(1):43-47
- [8] 李红霞,方亮,魏亦勤,裘敏,张双喜,刘旺清,王平.宁夏五十年来春小麦主栽品种农艺性状和品质性状演变. *种子*, 2007, 26(3):63-66
- Li H X, Fang L, Wei Y Q, Qiu M, Zhang S X, Liu W Q, Wang P. Development of agronomic traits and quality traits in main cultivars of spring wheat from Ningxia in the past 50 years. *Seed*, 2007, 26(3):63-66
- [9] 李润芳,张晓冬,王栋,王存娥,刘世华,路凌云,丁汉凤,李娜娜.山东省近60年来主推小麦品种主要农艺性状演变规律. *中国农学通报*, 2019, 35(7):20-27
- Li R F, Zhang X D, Wang D, Wang C E, Liu S H, Lu L Y, Ding H F, Li N N. Evolution characteristics of major agronomic characters of main planting wheat varieties in Shandong province in 60 years. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2019, 35(7):20-27
- [10] 王成社,刘录祥,谢彦周,许喜堂,魏红升,张小燕.陕西关中麦区小麦品种产量及其构成的演变. *麦类作物学报*, 2018, 38(9):1080-1083
- Wang C S, Liu L X, Xie Y Z, Xu X T, Wei H S, Zhang X Y. Evolution of yield and its components for wheat varieties in Guanzhong of Shaanxi. *Journal of Triticeae Crops*, 2018, 38(9):1080-1083
- [11] 李爱国,宋晓霞,张文斐,王改革.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. *麦类作物学报*, 2021, 41(8):947-959

- Li A G, Song X X, Zhang W W, Wang G G. Breeding characteristics and phenotypic traits evolution of wheat varieties approved in Henan province during 2001-2020. *Journal of Triticeae Crops*, 2021, 41(8):947-959
- [12] 宋健民, 戴双, 李豪圣, 程敦公, 刘爱峰, 曹新有, 刘建军, 赵振东. 山东省近年来审定小麦品种农艺和品质性状演变分析. *中国农业科学*, 2013, 46(6):1114-1126
Song J M, Dai S, Li H S, Chen D G, Liu A F, Cao X Y, Liu J J, Zhao Z D. Evolution of agronomic and quality traits of wheat cultivars released in Shandong province recently. *Scientia Agricultura Sinica*, 2013, 46(6):1114-1126
- [13] 陈朝阳, 易晓余, 熊君, 杨珂, 许珂, 匡成浩, 张志鹏, 丁丽, 蒲至恩, 陈国跃, 李伟. 118 个小麦新品系的农艺性状和分子标记评价. *四川农业大学学报*, 2018, 36(6):722-728
Chen Z Y, Yi X Y, Xiong J, Yang K, Xu K, Kuang C H, Zhang Z P, Ding L, Pu Z E, Chen G Y, Li W. Evaluation of agronomic traits and molecular markers in 118 new wheat strains. *Journal of Sichuan Agricultural University*, 2018, 36(6):722-728
- [14] 余慧霞, 刘彩霞, 李清峰, 许娜丽, 王彦青, 姚明明, 陈佳静, 孙刚, 王掌军. 普通小麦及其亲缘种农艺与籽粒品质性状及金属元素含量相关分子标记分析. *南方农业学报*, 2022, 53(7):1821-1831
Yu H X, Liu C X, Li Q F, Xu N L, Wang Y Q, Yao M M, Chen J J, Sun G, Wang Z J. Analysis of agronomic and grain quality traits and molecular markers related to metal element content in common wheat and its related species. *Journal of Southern Agriculture*, 2022, 53(7):1821-1831
- [15] 薛伟, 张玮, 毕经纬, 田军, 赵禹凯, 谭丽萍. 基于灰色关联度分析法综合评价小麦区域试验品种. *安徽农学通报*, 2022, 28(10):88-90
Xue W, Zhang W, Bi J W, Tian J, Zhao Y K, Tan L P. Applying the grey correlation analysis method to the comprehensive evaluation of wheat varieties. *Anhui Agricultural Science Bulletin*, 2022, 28(10):88-90
- [16] 罗思良, 费永红, 农媛, 韦德斌, 韦静, 周银慧, 钟维. 基于熵值赋权 DTOPSIS 法对 9 个温棚西甜瓜品种综合评价. *南方农业*, 2022, 16(17):16-19
Luo S L, Fei Y H, Nong Y, Wei D B, Wei J, Zhou Y H, Zhong W. Comprehensive evaluation of nine greenhouse watermelon varieties based on entropy weight DTOPSIS method. *South China Agriculture*, 2022, 16(17):16-19
- [17] 郭强, 马文清, 秦昌鲜, 施泽升, 彭崇, 闭德金, 何洪良, 梁永检, 唐利球. 基于 DTOPSIS 法的广西崇左市引进甘蔗新品种(系)综合评价及优良品(系)筛选. *南方农业学报*, 2021, 52(2):341-347
Guo Q, Ma W Q, Qin C X, Shi Z S, Peng C, Bi D J, He H L, Liang Y J, Tang L Q. Comprehensive evaluation of new sugarcane varieties(lines) by DTOPSIS method and screening of excellent varieties in Chongzuo, Guangxi. *Journal of Southern Agriculture*, 2021, 52(2):341-347
- [18] 李文砚, 黄丽君, 卢美瑛, 蒋娟娟, 韦优, 罗培四, 赵静, 孔方南, 卓福昌, 杨志强, 周婧. DTOPSIS 法在荦婆不同品系综合评价中的应用. *南方农业学报*, 2019, 50(7):1527-1533
Li W Y, Huang L J, Lu M Y, Jiang J J, Wei Y, Luo P S, Zhao J, Kong F N, Zhuo F C, Yang Z Q, Zhou J. Comprehensive evaluation of *Sterculia nobilis* Smith lines by DTOPSIS method. *Journal of Southern Agriculture*, 2019, 50(7):1527-1533
- [19] 张春艳, 吴荣华, 庄克章, 徐杰, 李新新, 李静, 王恒, 齐孝峰. 基于熵值赋权的 DTOPSIS 法对不同玉米品种在鲁南地区的综合评价研究. *中国农学通报*, 2021, 37(23):8-14
Zhang C Y, Wu R H, Zhuang K Z, Xu J, Li X X, Li J, Wang H, Qi X F. Comprehensive evaluation of maize varieties in southern Shandong province by DTOPSIS method based on entropy weight. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2021, 37(23):8-14
- [20] 黄杰, 王君, 宋丹阳, 葛昌斌. 基于熵权法的 DTOPSIS 分析法与灰色关联度分析法对'漯麦 906'的综合评价. *天津农业科学*, 2021, 27(11):20-25
Huang J, Wang J, Song D Y, Ge C B. Comprehensive evaluation of 'Luomai 906' based on entropy DTOPSIS method and gray relational degree analysis. *Tianjin Agricultural Sciences*, 2021, 27(11):20-25
- [21] 王掌军, 刘妍, 王姣, 付青青, 刘凤楼, 张双喜, 张文杰, 张晓岗, 刘生祥. 小麦种质资源农艺性状遗传分析及白粉病抗性鉴定. *西南农业学报*, 2018, 31(7):1338-1348
Wang Z J, Liu Y, Wang J, Fu Q Q, Liu F L, Zhang S X, Zhang W J, Zhang X G, Liu S X. Genetic analysis on agronomic traits and identification of powdery mildew resistance of wheat germplasm resources. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2018, 31(7):1338-1348
- [22] 胡朝月, 王凤涛, 郎晓威, 冯晶, 李俊凯, 蔺瑞明, 姚小波. 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. *中国农业科学*, 2022, 55(3):491-502
Hu Z Y, Wang F T, Lang X W, Feng J, Li J K, Lin R M, Yao X B. Resistance analyses on wheat stripe rust resistance genes to the predominant races of *Puccinia striiformis* f. sp. tritici in China. *Scientia Agricultura Sinica*, 2022, 55(3):491-502
- [23] 尉法刚, 王光浩, 王长有, 张宏, 刘新伦, 田增荣, 朱建峰, 陈春环, 吉万全, 王亚娟. 400 份小麦品种(系)条锈病成株期抗性鉴定与评价. *植物遗传资源学报*, 2020, 21(4):846-854
Yu F G, Wang G H, Wang C Y, Zhang H, Liu X L, Tian Z R, Zhu J F, Chen C H, Ji W Q, Wang Y J. Evaluation and identification of adult resistance to stripe rust from 400 wheat varieties(lines). *Journal of Plant Genetic Resources*, 2020, 21(4):846-854
- [24] 王鑫, 宋鹏博, 王笑笑, 杨孟于, 周锋, 吕栋云, 孙道杰. 305 份国内外小麦种质条锈病与白粉病抗性鉴定与评价. *麦类作物学报*, 2021, 41(6):689-698
Wang X, Song P B, Wang X X, Yang M Y, Zhou F, Lv D Y, Sun D J. Identification and evaluation of resistance to stripe rust and powdery mildew of 305 domestic and foreign wheat germplasms. *Journal of Triticeae Crops*, 2021, 41(6):689-698
- [25] 王心宇, 陈佩度, 张守忠. 小麦白粉病抗性基因的聚合及其

- 分子标记辅助选择. 遗传学报, 2001, 28(7):640-646
Wang X Y, Chen P D, Zhang S Z. Pyramiding and marker-assisted selection for powdery mildew resistance genes in common wheat. *Acta Genetica Sinica*, 2001, 28(7):640-646
- [26] 张林, 张梦雅, 高颖, 许换平, 刘成, 刘建军, 闫红飞, 刘大群. 山东省12个主栽小麦品种(系)抗叶锈性分析. 植物遗传资源学报, 2017, 18(4):676-684
Zhang L, Zhang M Y, Gao Y, Xu H P, Liu C, Liu J J, Yan H F, Liu D Q. Analysis of leaf rust resistance in 12 main wheat cultivars (lines) in Shandong. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2017, 18(4):676-684
- [27] 张华, 任勇, 何勇江, 郑首航, 吴舸, 邹凤亮, 雷加容, 杜小英, 陶军, 欧俊梅. 153份四川小麦主推品种和后备品种抗病基因的分子检测. 麦类作物学报, 2022, 42(1):26-35
Zhang H, Ren Y, He Y J, Zheng S H, Wu K, Zou F L, Lei J R, Du X Y, Tao J, Ou J M. Molecular detection of disease resistance genes in 153 sichuan wheat varieties and lines. *Journal of Triticeae Crops*, 2022, 42(1):26-35
- [28] 陈天青, 吴文强, 何庆才, 王伟, 隋建枢, 罗永露, 李红艳, 程斌, 王艳丽, 张立异. 贵州小麦地方品种赤霉病抗病基因的分子检测. 分子植物育种, 2022, URL: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20220620.1759.008.html>
Chen T Q, Wu W Q, He Q C, Wang W, Sui J S, Luo Y L, Li H Y, Cheng B, Wang Y L, Zhang L Y. Molecular detection of fusarium head blight resistance gene (s) of guizhou wheat landraces. *Molecular Plant Breeding*, 2022, URL: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20220620.1759.008.html>
- [29] 王掌军, 刘妍, 张双喜, 刘凤楼, 李清峰, 张晓岗, 刘生祥, 贾标. 宁春4号与河东乌麦杂交F₂代抗病性及分子标记鉴定. 浙江农业学报, 2019, 31(5):677-687
Wang Z J, Liu Y, Zhang S X, Liu F L, Li Q F, Zhang X G, Liu S X, Jia B. Identification on disease resistance and molecular markers of F₂ hybrids from Ningchun No.4 and Hedong black wheat. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*, 2019, 31(5):677-687
- [30] 彭振英, 崔海燕, 李娜娜, 张斌, 丁汉凤. 小麦品种抗病相关分子标记检测研究. 山东农业科学, 2017, 49(2):1-9
Peng Z Y, Cui H Y, Li N N, Zhang B, Ding H F. Disease resistance related molecular marker detection in *Triticum aestivum* L. *Shandong Agricultural Sciences*, 2017, 49(2):1-9
- [31] 李立会, 李秀全, 杨欣明. 小麦种质资源描述规范和数据标准. 北京: 中国农业出版社, 2006: 26-28
Li L H, Li X Q, Yang X M. Wheat germplasm resources description specification and data standard. Beijing: China Agriculture Press, 2006: 26-28
- [32] 李复宁. 小麦条锈病严重度分级标准的研究简报. 植物保护, 1991, 17(2):30
Li F N. Study on severity grading standard of wheat stripe rust. *Plant Protection*, 1991, 17(2):30
- [33] 盛宝钦, 段霞瑜. 对记载小麦成株白粉病“0—9级法”的改进. 北京农业科学, 1991, 9(1):38-39
Sheng B Q, Duan X Y. Improvement of '0—9 grade method' for recording wheat adult powdery mildew. *Beijing Agricultural Sciences*, 1991, 9(1):38-39
- [34] Zhang L L, Wang B, Pan L, Pen J H. Recycling isolation of plant DNA, a novel method. *Journal of Genetics and Genomics*, 2013, 40(1):45-54
- [35] 吴限鑫, 李天亚, 陈思, 王冠钦, 曹远银, 马世良, 李明菊. 139份小麦品种(系)抗秆锈性测定及其Ug99抗病基因分子检测. 中国农业科学, 2014, 47(23):4618-4626
Wu X X, Li T Y, Chen S, Wang G Q, Cao Y Y, Ma S L, Li M J. Stem rust resistance evaluation and Ug99-resistance gene detection of 139 wheat cultivars. *Scientia Agricultura Sinica*, 2014, 47(23):4618-4626
- [36] 习玲, 王昱琦, 杨修, 朱微, 陈国跃, 王益, 覃鹏, 周永红, 康厚扬. 243份云南普通小麦地方品种抗条锈病鉴定及分子标记检测. 中国农业科学, 2021, 54(4):684-695
Xi L, Wang Y Q, Yang X, Zhu W, Chen G Y, Wang Y, Qin P, Zhou Y H, Kang H Y. Evaluation of resistance to stripe rust and molecular detection of resistance gene (s) in 243 common wheat landraces from the Yunnan province. *Scientia Agricultura Sinica*, 2021, 54(4):684-695
- [37] Hiebert C W, Thomas J B, McCallum B D, Gavin H D, DePauw R M, Hayden M J, Rohit M, Wendelin S, Wolfgang S. An introgression on wheat chromosome 4DL in RL6077 (Thatcher* 6/PI 250413) confers adult plant resistance to stripe rust and leaf rust (*Lr67*). *Theoretical and Applied Genetics*, 2010, 121(6):1083-1091
- [38] 李继发, 邓志英, 孙福来, 关西贞, 王诞训, 田纪春. 小麦新品种“山农20”抗病基因的分子检测. 作物学报, 2014, 40(4):611-621
Li J F, Deng Z Y, Sun F L, Guan X Z, Wang D X, Tian J C. Resistance genes of wheat variety Shannong 20 identified by diagnostic molecular markers. *Acta Agronomica Sinica*, 2014, 40(4):611-621
- [39] Emara H M, Omar A F, El-Shamy M M, Mohamed M E. Identification of *Pm24*, *Pm35* and *Pm37* in thirteen Egyptian bread wheat cultivars using SSR markers. *Ciência e Agrotecnologia*, 2016, 40:279-287
- [40] Zhang R Q, Sun B X, Chen J, Cao A Z, Xing L P, Feng Y G, Lan C X, Chen P D. *Pm55*, a developmental-stage and tissue-specific powdery mildew resistance gene introgressed from *Dasypyrum villosum* into common wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 2016, 129(10):1975-1984
- [41] Hao M, Liu M, Luo J T, Fan C L, Yi Y J, Zhang L Q, Yuan Z W, Ning S Z, Zheng Y L, Liu D C. Introgression of powdery mildew resistance gene *Pm56* on rye chromosome arm 6RS into wheat. *Frontiers in Plant Science*, 2018, 9(9): 1040
- [42] 胡经煌. 小麦地方品种须须三月黄抗白粉病基因 *Pm61* 的精细定位. 北京: 中国农业科学院, 2019
Hu J H. Fine mapping of the powdery mildew resistance gene *Pm61* in wheat landrace Xuxusanyuehuang. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2019
- [43] Sun H G, Hu J H, Song W, Qiu D, Cui L, Wu P P, Zhang

- H J, Liu H, Yang W L, Qu Y F, Li Y H, Li T, Cheng W, Zhou Y, Liu Z Y, Li J T, Li H J. *Pm61*: A recessive gene for resistance to powdery mildew in wheat landrace Xuxusanyuehuang identified by comparative genomics analysis. *Theoretical and Applied Genetics*, 2018, 131(10):2085-2097
- [44] Zhang D Y, Zhu K Y, Dong L L, Ling Y, Li G Q, Fang T L, Guo G H, Wu Q H, Xie J Z, Chen Y X, Lu P, Li M M, Zhang H Z, Wang Z Z, Zhang Y, Sun Q X, Liu Z Y. Wheat powdery mildew resistance gene *Pm64* derived from wild emmer (*Triticum turgidum* var. *dicoccoides*) is tightly linked in repulsion with stripe rust resistance gene *Yr5*. *The Crop Journal*, 2019, 7(6):761-770
- [45] 王掌军, 刘妍, 李阳, 杨乔乔, 田蕊, 亢铃, 张晓岗, 刘萍, 刘生祥. 宁春4号与河东乌麦杂交F₂品质性状及其分子标记分析. *河南农业科学*, 2019, 48(2):17-24
- Wang Z J, Liu Y, Li Y, Yang Q Q, Tian R, Kang L, Zhang X G, Liu P, Liu S X. Analysis of quality traits and their molecular markers of F₂ hybrids from Ningchun No.4 and Hedong black wheat. *Journal of Henan Agricultural Sciences*, 2019, 48(2):17-24
- [46] Gao F M, Ma D Y, Yin G H, Rasheed A, Dong Y, Xiao Y G, Xia X C, Wu X X, He Z H. Genetic progress in grain yield and physiological traits in Chinese wheat cultivars of southern yellow and Huai Valley since 1950. *Crop Science*, 2017, 57(2):760-773
- [47] Shearman V J, Sylvester-Bradley R, Scott R K, Foulkes M J. Physiological processes associated with wheat yield progress in the UK. *Crop Science*, 2005, 45(1):175-185
- [48] 许娜丽, 王新华, 马冬花, 杨杰, 李清峰, 刘凤楼, 刘彩霞, 刘根红, 张晓岗, 王掌军. 251份小麦种质资源的主要农艺与品质性状遗传多样性分析. *南方农业学报*, 2021, 52(9):2404-2416
- Xu N L, Wang X H, Ma D H, Yang J, Li Q F, Liu F L, Liu C X, Liu G H, Zhang X G, Wang Z J. Genetic diversity analysis of main agronomic and quality traits of 251 wheat germplasm resources. *Journal of Southern Agriculture*, 2021, 52(9):2404-2416
- [49] 倪永静, 姜晓君, 卢祖权, 朱培培, 胡新, 韩同进. 30份国内外小麦种质资源主要农艺性状的分析与评价. *中国农学通报*, 2020, 36(3):16-22
- Ni Y J, Jiang X J, Lu Z Q, Zhu P P, Hu X, Han T J. 30 worldwide wheat germplasm resources: Analysis and evaluation of main agronomic traits. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2020, 36(3):16-22
- [50] 李灿, 杨耸月, 王家林, 刘全兰. 分子标记在植物抗病育种中的应用. *安徽农学通报*, 2015, 21(17):21-22
- Li C, Yang S Y, Wang J L, Liu Q L. Marker-associated selection for disease resistance in plant breeding. *Anhui Agricultural Science Bulletin*, 2015, 21(17):21-22
- [51] 吴志会, 白玉龙, 董玉武, 王淑芳. DTOPSIS法综合评价冀中北冬小麦新品种的初步研究. *麦类作物学报*, 2005, 25(6):108-111
- Wu Z H, Bai Y L, Dong Y W, Wang S F. A preliminary evaluation of new winter wheat varieties of Middle-North Hebei with DTOPSIS method. *Journal of Triticeae Crops*, 2005, 25(6):108-111
- [52] 曹彦龙, 孙占波, 唐健, 李前荣, 裘志新, 汤忠, 伍昌. 运用DTOPSIS法评价春小麦新品系综合性状的统计研究. *种子科技*, 2010, 28(7):24-25
- Cao Y L, Sun Z B, Tang J, Li Q R, Qiu Z X, Tang Z, Wu C. Statistical study on evaluation of comprehensive characters of new spring wheat lines by DTOPSIS method. *Seed Technology*, 2010, 28(7):24-25
- [53] 刘丽娟, 刘延刚, 金桂秀. 用基于熵值赋权的DTOPSIS法综合评价水稻品种. *山东农业科学*, 2022, 54(7):39-45
- Liu L J, Liu Y G, Jin G X. Comprehensive evaluation of rice varieties by DTOPSIS method based on entropy weight. *Shandong Agricultural Sciences*, 2022, 54(7):39-45
- [54] 何中虎, 兰彩霞, 陈新民, 邹裕春, 庄巧生, 夏先春. 小麦条锈病和白粉病成株抗性研究进展与展望. *中国农业科学*, 2011, 44(11):2193-2215
- He Z H, Lan C X, Chen X M, Zou Y C, Zhuang Q S, Xia X C. Progress and perspective in research of adult-plant resistance to stripe rust and powdery mildew in wheat. *Scientia Agricultura Sinica*, 2011, 44(11):2193-2215