

# 小麦-冰草新种质普冰 2011 姊妹系的育种效应分析

杜丽媛, 刘伟华, 杨欣明, 李秀全, 李立会

(中国农业科学院作物科学研究所/国家农作物基因资源与基因改良重大科学工程, 北京 100081)

**摘要:**远缘杂交是小麦改良的重要途径之一,但在获得稳定创新种质的过程中,通常会衍生出众多的姊妹系,对这些姊妹系进行系统的农艺性状考察和重要性状的基因型分析是进一步利用的基础。本研究对小麦-冰草(*Agropyron cristatum*, PPPP)远缘杂交过程中获得的 205 个普冰 2011 姊妹系进行了综合农艺性状评价和重要性状的基因型分析。结果表明,205 个普冰 2011 姊妹系田间表现相近,其遗传相似系数范围为 0.985 ~ 0.999,在 15 个单一性状上的变异系数范围为 0.54% ~ 20.21%; 205 个姊妹系成株期均抗白粉病,其中 204 个姊妹系成株期抗条锈病,2 个姊妹系苗期抗条锈病;112 个姊妹系含有优质亚基 5 + 10,其中 4 个同时含有优质亚基 2\* 和 5 + 10;普冰 2011-2 的春化基因组成为(*vrn-A1*、*vrn-B1*、*Vrn-D1* 和 *vrn-B3*),其余 204 个姊妹系为(*vrn-A1*、*vrn-B1*、*vrn-D1* 和 *vrn-B3*),205 个姊妹系均含有光周期基因 *Ppd-D1a*,为光不敏感型材料。通过进一步分析,从 7 个高产姊妹系中筛选出 3 个高产、稳产、抗倒伏的姊妹系可直接用于新品种选育,另外 7 个姊妹系在丰产性、品质和抗病性等个别性状上表现突出,可作为育种亲本加以利用。

**关键词:**小麦-冰草;远缘杂交;创新种质;姊妹系

## Breeding Achievement Analysis of Novel Wheat-*Agropyron cristatum* Germplasm Sister Lines Pubing2011

DU Li-yuan, LIU Wei-hua, YANG Xin-ming, LI Xiu-quan, LI Li-hui

(National Key Facility of Crop Gene Resources and Genetic Improvement/Institute of Crop Sciences,  
Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081)

**Abstract:** Wide cross between common wheat and wild relative is an important way for wheat improvement. A number of sister lines were usually acquired during selection of stable novel germplasm from wide cross. To utilize these sister lines in future works is based on the phenotype and genotype of important agronomic traits. In this study, 205 sister lines Pubing2011 derived from the wide cross of wheat-*Agropyron cristatum* were used for comprehensive evaluation and genotype analysis of important agronomic traits. The results showed that 205 sister lines were very similar in genetic background, with the genetic similarity coefficient in the range of 0.985 – 0.999. Meanwhile, the coefficient of variation of 15 different traits ranged from 0.54% to 20.21%. All of 205 lines conferred adult-plant resistance to powdery mildew, and 204 lines conferred adult-plant resistance to stripe rust and two lines conferred seedling resistance to stripe rust. Total 112 sister lines carried high protein quality subunits 5 + 10, including 4 lines with both 2\* and 5 + 10. The composition of vernalization genes of Pubing2011-2 was (*vrn-A1*, *vrn-B1*, *Vrn-D1*, and *vrn-B3*), the others were (*vrn-A1*, *vrn-B1*, *vrn-D1*, and *vrn-B3*), and the photoperiod gene at the *Ppd-D1* locus of the 205 lines was *Ppd-D1a* with non-sensitive character. Phenotype analysis suggested that three lines possessed high yield potential and seven lines carried high protein quality, high yield potential and resistance

收稿日期:2015-05-05 修回日期:2015-06-24 网络出版日期:2016-04-06

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20160406.1413.036.html>

基金项目:国家“973”课题(2011CB100401)

第一作者研究方向为基因挖掘与功能验证。E-mail: duliuyan123@163.com

通信作者:刘伟华,研究方向为基因挖掘与功能验证。E-mail: liuweihua@caas.cn

李立会,研究方向为基因挖掘与功能验证。E-mail: lilihui@caas.cn

to pathogen. These lines could be used as excellent parents for future wheat breeding.

**Key words:** wheat-*Agropyron cristatum*; distant hybridization; novel germplasm; sister lines

普通小麦在长期驯化过程中,由于对目标性状的不不断选择,后代群体逐渐趋同,导致现代品种遗传基础越来越狭窄。然而,小麦基因源较宽,能与小麦族内 300 多个物种进行杂交<sup>[1]</sup>。小麦野生近缘植物蕴藏着丰富的优异性状,如根系发达、多花多蘖、茎秆粗壮、抗病抗逆、耐盐碱等,是小麦杂交育种的供体<sup>[2-3]</sup>。通过远缘杂交把这些优良基因导入普通小麦,是拓宽小麦遗传基础培育优良小麦新品种的重要途径。

远缘杂交在小麦育种中的应用较为广泛。早在 1888 年, W. Rimpau 获得了第 1 个小麦与黑麦杂交的可育株<sup>[3]</sup>。我国以“1B/1R”易位系或代换系品种(洛夫林 10、洛夫林 13 等)为抗源育成了丰抗号品种及其衍生品种<sup>[4]</sup>。鲍文奎<sup>[5]</sup>主要从事八倍体小黑麦育种,创制了大量小黑麦原始品系,并以小黑麦或黑麦为亲本与小麦杂交,培育了一批小麦品种,如郑州 6 号、偃大 25 等。20 世纪 50 年代, Z. S. Li 等<sup>[6]</sup>利用长穗偃麦草与普通小麦杂交成功,把抗条锈病基因导入了普通小麦,获得了八倍体小偃麦、异源附加系、易位系和代换系等一系列中间材料,并成功培育了小偃系统的品种。黑龙江省农业科学院于 1957 年开始利用中间偃麦草与普通小麦杂交,先后育成了一些丰产性、抗逆性和抗锈病性都较好的龙麦 2 号、龙麦 10 号等新品种<sup>[4]</sup>。冰草(*A. cristatum* (L.) Gaertn,  $2n = 4x = 28$ , PPPP)作为小麦的野生近缘种,具有许多可供小麦遗传改良的优异基因<sup>[7]</sup>。王健胜等<sup>[8]</sup>、李立会等<sup>[9]</sup>在小麦与冰草杂交成功的基础上创制了大量的小麦-冰草异附加系、渗入系和衍生系,为小麦的遗传改良提供了优良的遗传材料。

远缘杂交和小麦品种选育过程中产生众多的姊妹系,姊妹系间具有不同的育种效应。长穗偃麦草与普通小麦杂交选育出一批优良的小偃系统新品种小偃 4 号、小偃 5 号、小偃 6 号等,其中小偃 6 号是大面积推广的品种,在生产上使用长达 16 年<sup>[6]</sup>。赵洪璋<sup>[10]</sup>利用地方品种蚂蚱麦与美国引进品种碧玉麦杂交,选育出碧蚂 1~6 号姊妹系。周跃东等<sup>[11]</sup>报道了颜济等利用 7 个具有不同遗传性状的材料,采用多亲本复合杂交的方法,并注重后代中显性性状的选择,选育出优良种质繁 6 及其姊妹系。程顺和等<sup>[12]</sup>利用“滚动回交”的方法,进行重要目的性

状的回交转育,从同一杂交组合中先后选育出扬麦 10 号和扬麦 11。其中小偃 6 号、碧蚂 1 号、繁 6 由于产量高、遗传稳定、综合性状优良以及产量构成因素协调,成为大面积推广品种;小偃 6 号、碧蚂 4 号和繁 6 由于其性状突出、遗传基础丰富,均被用作亲本衍生出一大批优良的小麦新品种,是我国小麦育种的骨干亲本。

本实验室在小麦-冰草远缘杂种后代中,选育出优良新品系普冰 2011 及 200 余个姊妹系。本研究通过综合农艺性状考察、白粉病和条锈病抗性鉴定、HMW-GS 组成分析、春化基因和光周期基因检测等对这些姊妹系进行了遗传多样性分析,筛选出了一批综合农艺性状优良,并在产量、抗性、品质等重要性状上表现突出的姊妹系,为进一步培育小麦新品种奠定了良好基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

小麦-冰草新种质普冰 2011 姊妹系来自杂交组合([ (4201/CMH83.605//FC 大穗)  $F_3$  × 藁城 8901] × 邯 4589),本实验室从  $F_5$  开始选择,  $F_8$  共获得 205 个姊妹系。亲本 4201 为小麦 Fukuho 与冰草(*accession* Z559)杂交得到的无蜡材料,再与莱州 953 杂交后获得;FC 大穗为小麦 Fukuho 与冰草(*accession* Z559)杂交获得,由本实验室培育而成。对照品种为京冬 8 号、偃展 4110、辉县红、中作 9504、中国春和 Neepawa,均由中国农业科学院作物科学研究所种质资源研究中心小麦室保存并提供。

### 1.2 方法

**1.2.1 农艺性状调查** 本研究采用常规育种中的农艺性状调查与选择方法,对 205 个普冰 2011 姊妹系的株高、有效分蘖、穗粒数和千粒重等 15 个主要性状(表 1)进行测量和统计分析。田间试验设计:2012-2014 年在北京和河南新乡试验田分别播种 205 个普冰 2011 姊妹系,以京冬 8 号、偃展 4110 为对照,每个姊妹系播种 2 行,每行 30 粒,行长 2 m,行间距 30 cm,播种行周围播种条锈病和白粉病诱发行中作 9504,诱发行与播种行行向垂直,每隔 4 m 设 1 行。农艺性状调查方法参考《小麦种质资源描述规范和数据标准》<sup>[13]</sup>。

产量试验设计:2013-2014 年在北京顺义和河南新乡试验田分别播种 205 个普冰 2011 姊妹系,以京冬 8 号、偃展 4110 为对照,每个姊妹系播种 5 行,每行 120 粒(300 万基本苗/hm<sup>2</sup>),行长 2 m,行间距 20 cm,小区面积为 2 m<sup>2</sup>。成熟后,收取每个小区中间 0.9 m<sup>2</sup>的材料,脱粒、测产。

**1.2.2 抗病性、品质、春化和光周期基因分析** 抗病性鉴定:苗期进行生理小种鉴定,分别采用张宏等<sup>[14]</sup>、李洪杰等<sup>[15]</sup>的方法,对普冰 2011 姊妹系的条锈病和白粉病进行抗性检测,感病对照品种为辉县红;成株期采用人工接种条锈病菌混合生理小种(条中 31、条中 32、条中 33、贵 22-9、贵 22-14、水源 4 号等)和白粉病菌流行生理小种 E09 的方法进行,感病对照品种为中作 9504。高分子量谷蛋白亚基分析:以中国春(null、7+8、2+12)、Neepawa(2\*、7\*+9、5+10)<sup>[16]</sup>为标准对照,利用 SDS-PAGE 方法检测普冰 2011 姊妹系的 HMW-GS,蛋白提取和电泳过程参照闫媛媛等<sup>[17]</sup>的方法,亚基命名和评分按照 I. P. Payne 等<sup>[18]</sup>、G. J. Lawrence 等<sup>[19]</sup>的方法进行。春化和光周期基因分析:以京冬 8 号、中国春、偃展 4110、ddH<sub>2</sub>O 为对照,利用春化基因 *Vrn-A1*、*Vrn-B1*、*Vrn-D1*、*Vrn-B3* 和光周期基因 *Ppd-D1* 等位点的分子标记<sup>[20-24]</sup>,检测普冰 2011 姊妹系的春化基因型和光周期基因。

**1.2.3 统计分析** 采用最优线性无偏估计(BLUP, best linear unbiased prediction)方法<sup>[25-26]</sup>对多年多点条件下获得的数据进行处理,估计普冰 2011 姊妹系在不同性状上的育种值。利用 SAS9.2 软件对其主要性状进行聚类分析,分析不同姊妹系的农艺性状差异。利用 R i386 3.1.2 对普冰 2011 姊妹系不同性状进行 GGE 双标图分析<sup>[27]</sup>,分析每个姊妹系在不同环境下的稳定性表现。

## 2 结果与分析

### 2.1 普冰 2011 姊妹系的主要农艺性状评价

农艺性状调查和分析发现,205 个普冰 2011 姊妹系综合表现非常相近,遗传相似系数范围为 0.985~0.999。但是,不同姊妹系在 15 个单一性状上表现出一定的差异,变异系数范围为 0.54%~20.21%。以有效分蘖和不育小穗数变异范围较大,变异系数分别为 14.44% 和 20.21%(表 1)。205 个姊妹系中,普冰 2011-2 田间表现优良,性状突出,株高 71.4 cm、有效分蘖数为 19,穗粒数为 55,千粒重为 45.06 g,旗叶偏宽(1.8 cm),抗寒性

较好(越冬返青率 >95%);此外,5 个姊妹系的分蘖力旺盛,单株有效分蘖为 19.2~22.2 个;20 个姊妹系的不育小穗数低,均为 1.3。这些材料可为小麦新品种的选育和改良提供优良的种质资源。

表 1 普冰 2011 姊妹系主要农艺性状的基本统计量分析  
Table 1 Basic statistics analysis of agronomic traits of sister lines Pubing2011

农艺性状 Traits	均值 Mean	最小值 Min.	最大值 Max.	变异系数 (%) CV
开花期(d)FD	222	220	225	0.54
抽穗期(d)HD	217	213	220	0.64
小穗数 SN	20.1	19.0	21.1	2.07
小穗密度 SD	19.6	16.9	21.4	3.99
旗叶宽度(cm)FLW	1.5	1.3	1.8	4.73
穗长(cm)SL	9.8	8.6	11.6	4.82
小穗粒数 KPS	3.5	3.0	4.0	4.93
株高(cm)PH	75.3	67.3	86.4	4.94
穗粒数 GNPS	50.0	43.7	56.9	5.15
千粒重(g)TGW	36.72	31.21	45.06	5.60
穗下茎(cm)USS	24.6	19.3	30.1	6.80
旗叶长度(cm)FLL	14.7	12.2	17.5	6.94
旗叶面积 (cm <sup>2</sup> )FLA	21.8	17.6	27.6	8.55
有效分蘖 ET	14.3	8.7	22.2	14.44
不育小穗数 SSN	2.2	1.3	3.2	20.21

PH: Plant height, SL: Spike length, SN: Spikelet number, GNPS: Grain number per spike, SD: The density of spikelet, TGW: Thousand grain weight, ET: Effective tiller, KPS: Kernel number per spikelet, USS: Under spike stalk, SSN: Sterile spikelet number, FLL: Flag leaf length, FFW: Flag leaf width, FLA: Flag leaf area, HD: Heading date, FD: Flowering date, Min: Minimum, Max: Maximum, CV: Variable coefficient

### 2.2 普冰 2011 姊妹系的抗病性鉴定

苗期接种鉴定发现,普冰 2011 姊妹系中 2011-2 和 2011-158 表现为苗期抗条锈病,其中 2011-2 对条中 31、条中 32、条中 33 均表现为抗病,抗病等级分别为 1、0;和 2 级;2011-158 对条中 33 表现为抗病,抗病等级为 2 级;其他姊妹系苗期均感条锈病。205 个姊妹系对白粉病菌生理小种 E09、E20、E16、B13 均表现为感病,感病等级为 3 级。

成株期接种鉴定发现,2011-2 对条锈病表现为感病(S),其他均表现为高抗(HR)或抗病(R)。2011-109 对白粉病表现为中抗(MR),其他均为高抗(HR)或抗病(R)(表 2)。

表2 普冰2011姊妹系白粉病和条锈病抗性鉴定结果

Table 2 Stripe rust and powdery mildew resistance identification of sister lines Pubing2011

小麦病害 Wheat disease	生理小种 Isolated races	苗期 Seedling stage		成株期 Adult-plant stage	
		抗 R	感 S	抗 R	感 S
条锈病 Stripe rust	条中31 CYR31	1	204	204	1
	条中32 CYR32	1	204		
	条中33 CYR33	2	203		
白粉病 Powdery mildew	E09	0	205	205	0
	E20	0	205		
	E16	0	205		
	B13	0	205		

结果表明,普冰2011姊妹系普遍携带成株期抗条锈病和抗白粉病基因,2011-2和2011-158携带苗期抗条锈病基因,可以为抗病基因的挖掘和抗病性小麦新品种的培育提供优良的抗病基因资源。

### 2.3 普冰2011姊妹系的HMW-GS组成分析

经SDS-PAGE分析,205个姊妹系在编码HMW-GS的 *Glu-A1*、*Glu-B1* 和 *Glu-D1* 3个基因位点上表现出多态性,共发现5种亚基类型和3种不同的亚基组合形式。其中4个姊妹系的 *Glu-A1* 位点上具有优质亚基2\*;205个姊妹系在 *Glu-B1* 位点上均检测到7\*+9;112个姊妹系的 *Glu-D1* 位点上具有优质亚基5+10(表3,图1)。3种亚基组合(null,7\*+9,5+10)、(null,7\*+9,2+12)和(2\*,7\*+9,5+10)出现频率依次为52.68%、45.37%和1.95%(表4)。由于7\*+9亚基未能确定评分标准,故亚基组合未能给予评分。

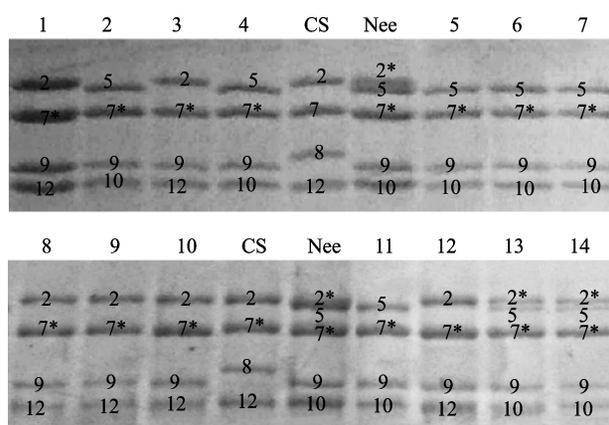
表3 普冰2011姊妹系HMW-GS在不同位点上的变异类型、亚基得分及其频率

Table 3 Allelic frequency and score at three *Glu-1* loci in sister lines Pubing2011

基因位点 Locus	等位基因 Allele	亚基类型 Subunit	评分 Score	类型数/姊妹系数 No. of materials	频率(%) Frequency
<i>Glu-A1</i>	b	2*	3	4/205	1.95
	c	null	1	201/205	98.05
<i>Glu-B1</i>	a	7*+9	-	205/205	100.00
<i>Glu-D1</i>	a	2+12	2	93/205	45.37
	d	5+10	4	112/205	54.63

-表示未参与亚基评分

-represent the subunit were not scored



泳道1~14分别对应普冰2011-2,3,4,5,6,7,8,155,156,157,161,165,175,177;CS:中国春;Nee;Nee-pawa;泳道中的数字分别代表相对应的亚基

The lanes from 1 to 14 respectively stands for Pubing 2011-2, 3,4,5,6,7,8,155,156,157,161,165,175,177,CS:Chinese Spring, Nee;Nee-pawa, The numbers in the lanes represent the corresponding HMW-GS

图1 部分普冰2011姊妹系HMW-GS的SDS-PAGE分析  
Fig.1 SDS-PAGE analysis of HMW-GS in several Pubing2011 sister lines

表4 普冰2011姊妹系的HMW-GS组成类型及其频率  
Table 4 The genotype and frequency of HMW-GS in sister lines Pubing2011

亚基组成类型 Subunit composition	材料数 No. of materials	频率(%) Frequency
2* 7*+9 5+10	4	1.95
null 7*+9 2+12	93	45.37
null 7*+9 5+10	108	52.68
合计 Total	205	100.00

综上所述,普冰2011姊妹系的HMW-GS组成具有一定的多态性,112个姊妹系含优质亚基5+10,其中4个姊妹系同时含优质亚基2\*和5+10,这些材料为培育优质小麦新品种提供宝贵资源。

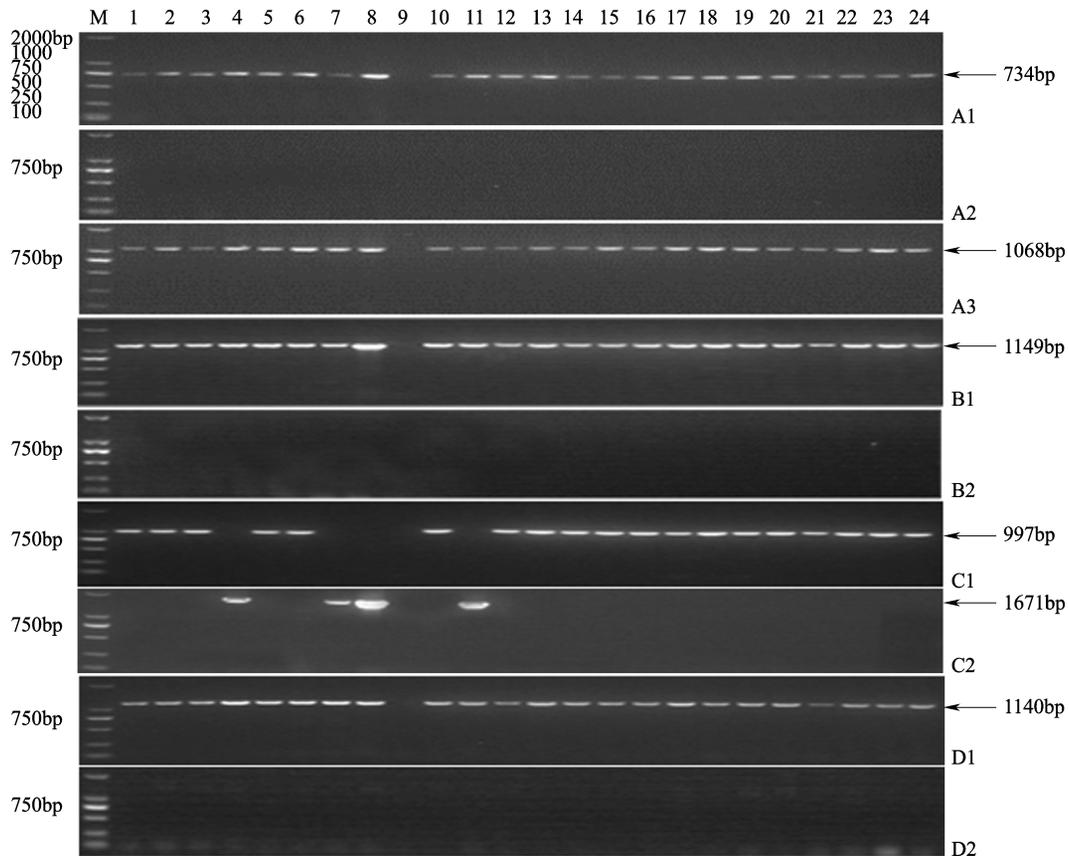
### 2.4 普冰2011姊妹系的春化和光周期基因分析

STS分子标记检测发现,普冰2011姊妹系在 *Vrn-A1*、*Vrn-B1*、*Vrn-B3* 位点均为隐性等位基因 *vrn-A1*、*vrn-B1*、*vrn-B3*(图2A、2B、2D); *Vrn-D1* 位点,2011-2的等位基因为显性 *Vrn-D1*,其他均为隐性 *vrn-D1*(图2C)。普冰2011姊妹系共有2种春化基因型,其中204个姊妹系的基因型组成为(*vrn-A1*、*vrn-B1*、*vrn-D1*和*vrn-B3*),其发育特性为半冬性;普冰2011-2基因型组成为(*vrn-A1*、*vrn-B1*、*Vrn-D1*和

*vrn-B3*),其发育特性为弱春性。经光周期基因分子标记检测,普冰 2011 姊妹系在 *Ppd-D1* 位点均为 *Ppd-D1a*,为光不敏感型材料。

根据 X. K. Zhang 等<sup>[23]</sup>对我国小麦品种及其发育特性的研究结果,春化基因型为(*vrn-A1*、*vrn-B1*、*Vrn-D1* 和 *vrn-B3*)的材料主要分布在黄淮冬麦区、长江中下游冬麦区和西南冬麦区;春化基因型为

(*vrn-A1*、*vrn-B1*、*vrn-D1* 和 *vrn-B3*)的材料主要分布在北部平原冬麦区和黄淮冬麦区。因此,普冰 2011 姊妹系主要为半冬性材料(除 2011-2 为弱春性外),且对光周期不敏感,适应性广,主要适宜播种地区为黄淮冬麦区。2011-2 为弱春性,抗寒性较好,主要适宜播种地区为黄淮冬麦区和长江中下游冬麦区。



A1:VRN1-INT1R and VRN1AF,A2:Intr1/A/F2 andIntr1/A/R3,A3:Intr1/C/F and Intr1/AB/R,B1:Intr1/B/F and Intr1/B/R4,B2:Intr1/B/F and Intr1/B/R3,C1:Intr1/D/F and Intr1/D/R4,C2:Intr1/D/F and Intr1/D/R3,D1:VRN4-BNOINS-F and VRN4-BNOINS-R,D2:VRN4-B-INS-F and VRN4-B-INS-R

箭头所指为对应引物扩增条带。M:DL2000;1:4201;2:FC 大穗;3:CMH83. 605;4:藁城 8901;5:邯 4589;6:京冬 8 号;7:中国春;8:偃展 4110;9:ddH<sub>2</sub>O;泳道 10~24 分别对应普冰 2011 的姊妹系 2011-1、2、147、148、154、155、159、160、161、163、166、190、191、192、194

The arrows in the diagrams refer to the PCR amplification amplified by corresponding primer pairs. M:DL2000,1:4201,2:FC,3:CMH83. 605,4:Gaocheng8901,5:Han4589,6:Jingdong8,7:Chinese Spring,8:Yanzhan4110,9:ddH<sub>2</sub>O,The lanes from 10 to 24 refer to several accessions of PuBing2011-1,2,147,148,154,155,159,160,161,163,166,190,191,192,and 194

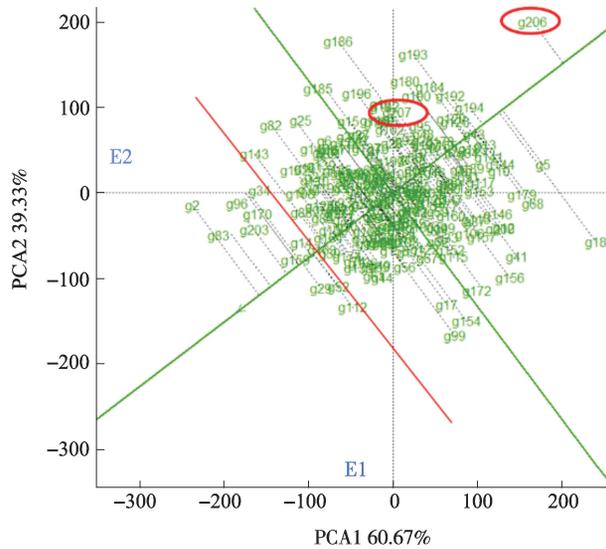
图 2 普冰 2011 姊妹系 *Vrn-A1*、*Vrn-B1*、*Vrn-D1*、*Vrn-B3* 位点的等位变异

Fig. 2 PCR amplification using primer pairs to detect allelic variations at the *Vrn-A1*, *Vrn-B1*, *Vrn-D1* and *Vrn-B3* locus

## 2.5 普冰 2011 姊妹系的产量试验

分别对河南新乡(E1)和北京顺义(E2)两个环境下的小区(收获面积为 0.9 m<sup>2</sup>)测产发现,205 个姊妹系平均产量为 640 g,变异幅度为 518~787 g,变异系数为 7.89%。利用 GGE 双标图对两个环境下的姊妹系进行高产稳产分析,发现 12 个姊妹系产量较高(727~787 g),显著高于对照品

种京冬 8 号(460 g)和偃展 4110(596 g),且稳定性较好(图 3)。其中 7 个姊妹系抗倒伏能力较强,为高产、稳产、抗病、抗倒伏姊妹系,产量由高到低依次为 2011-2(787 g)、34(743 g)、159(743 g)、96(740 g)、29(740 g)、14(729 g)、112(727 g)(表 5),可作为选育高产抗病小麦新品种的育种材料。



产量沿箭头所示方向增加,红线左边为 12 份高产材料;g1 ~ g205 分别对应普冰 2011-1 ~ 2011-205;g206:京冬 8 号;g207:偃展 4110  
The yield increase in the direction of the arrow,twelve high yield materials are on the left of the red line. g1 to g205 are respectively Pubing 2011-1 ~ 2011-205,g206;Jingdong8,g207;Yanzhan4110

图 3 普冰 2011 姊妹系的产量稳定性分析

Fig. 3 The yield stability analysis of sib-lines Pubing2011

2.6 普冰 2011 姊妹系的育种利用分析

普冰 2011 姊妹系是从小麦 - 冰草远缘杂交后代与普通小麦多亲本杂交 F<sub>5</sub> 材料中经多年选择选育出的 F<sub>8</sub> 材料。普冰 2011 姊妹系田间表现优良,不同姊妹系在农艺性状、抗病性、HMW-GS 组成、春化基因组成、产量等方面具有丰富的遗传多样性,既能选育高产稳产的小麦新品种,又能发掘遗传基础丰富的亲本材料。

2.6.1 高产、稳产的姊妹系育种材料

由 2.5 可知,普冰 2011 中共筛选出 7 个产量高、稳定性好、抗倒伏的姊妹系。其中普冰 2011-2 为弱春性材料,较其他姊妹系旗叶短宽、千粒重高、抗寒性较好、高抗白粉病,适应性较广,适宜播种地区主要为黄淮冬麦区、长江中下游冬麦区。2011-14 和 2011-34 为半冬性材料,小区(0.9 m<sup>2</sup>)产量较高,分别为 729g、743g,稳定性好、抗倒伏,并且 2011-14 含优质亚基 5 + 10,二者主要适宜播种地区为黄淮冬麦区。上述 3 个姊妹系田间表现稳定,可直接用于新品种选育。

表 5 普冰 2011 姊妹系中 7 份高产材料的主要性状表现

Table 5 The main character performance of seven high yield materials in sister lines Pubing2011

姊妹系 Lines	株高(cm) PH	小区产量 (g)PY	穗粒数 GNPS	千粒重(g) TGW	有效分蘖 ET	越冬返青率(%) GR	高分子量 谷蛋白亚基 HMW-GS	春化基因组成 Vernalization gene
2011-2	71.7	787	55.4	45.06	12.8	>95.0	N 7* +9 2 +12	<i>vrn-A1, B1, B3, Vrn-D1</i>
2011-34	70.5	743	55.0	34.48	15.7	75.9	N 7* +9 2 +12	<i>vrn-A1, B1, D1, B3</i>
2011-159	71.6	743	49.1	35.39	13.6	61.9	N 7* +9 2 +12	<i>vrn-A1, B1, D1, B3</i>
2011-96	73.2	740	52.8	37.58	14.4	63.1	N 7* +9 2 +12	<i>vrn-A1, B1, D1, B3</i>
2011-29	69.8	740	52.4	37.81	10.6	49.5	N 7* +9 5 +10	<i>vrn-A1, B1, D1, B3</i>
2011-14	80.8	729	49.0	36.68	14.7	74.5	N 7* +9 5 +10	<i>vrn-A1, B1, D1, B3</i>
2011-112	71.6	727	47.8	35.04	13.4	62.9	N 7* +9 2 +12	<i>vrn-A1, B1, D1, B3</i>
偃展 4110	76.4	596	38.2	46.82	18	40.12	-	-
京冬 8 号	102.6	460	37.5	45.39	16.2	>95.0	-	-
均值(205 份)	75.3	640	50.0	36.72	14.3	59.9	-	-

PY:Plot yield,ER:Earing rates,GR:Green rates,“-” represent the data were not acquired

**2.6.2 性状突出的姊妹系亲本材料** 根据有效分蘖多、不育小穗数低、优质、抗病性好、广适性强等指标,对普冰 2011 进行综合分析,筛选出 8 个有突出优良性状的材料,可用作小麦育种的亲本。其中 3 个姊妹系不育小穗数为 1.3,且穗粒数和千粒重相对较高;3 个姊妹系具有优质亚基 2\* 和 5+10;2 个

姊妹系具有苗期抗病性(表 6)。其中,2011-2 越冬返青率大于 95%,抗寒性较好,不仅在表型上与其他姊妹系有差异,在基因型(SNP 位点)上更突出了其丰富的遗传多样性(结果未发表),是很有潜力的亲本材料。这些普冰 2011 姊妹系作为亲本材料,有助于小麦新品种丰产性、品质、抗病性和抗寒性的提高。

表 6 普冰 2011 姊妹系中 8 份突出材料的主要性状表现

Table 6 The main character performance of eight prominent materials in sister lines Pubing2011

姊妹系 Lines	株高(cm) PH	有效分蘖 ET	不育小穗数 SSN	穗粒数 GNPS	千粒重(g) TGW	高分子量谷蛋白亚基 HMW-GS
2011-1	71.4	13.1	1.3	50.6	38.29	N 7* +9 5+10
2011-17	74.2	14.8	1.3	56.9	36.93	N 7* +9 2+12
2011-30	68.7	11.0	1.3	55.0	38.43	N 7* +9 2+12
2011-175	79.5	14.7	2.0	51.4	39.09	2* 7* +9 5+10
2011-205	83.3	13.7	2.0	49.5	37.97	2* 7* +9 5+10
2011-203	79.6	12.8	2.6	52.6	40.20	2* 7* +9 5+10
2011-158	74.9	16.0	2.6	44.9	37.04	N 7* +9 2+12
2011-2	71.7	12.8	2.6	55.4	45.06	N 7* +9 2+12
偃展 4110	76.4	18	2.0	38.2	45.39	-
京冬 8 号	102.6	16.2	1.5	37.5	46.82	-
均值 Mean	75.3	14.3	2.2	50.0	36.72	-

“-” represent the data were not acquired

### 3 讨论

#### 3.1 姊妹系间具有丰富的遗传多样性

育种家在育种过程中为了得到理想的个体,往往伴随着对目标性状的人为选择,使得后代来自不同亲本的基因组组成存在一定的多样性<sup>[28]</sup>。李小军<sup>[29]</sup>分析碧蚂 1~6 号遗传构成时发现,6 个姊妹系品种继承两个亲本的核基因组存在遗传多样性。王庆专等<sup>[30]</sup>在分析碧蚂 4 号及其姊妹系遗传差异时表明,碧蚂 4 号在 188 个位点上与其姊妹系存在差异,其中许多特异位点与产量、抗病、抗逆和适应性有关,存在很丰富的遗传变异。F. Cui 等<sup>[31-32]</sup>、C. H. Zhao 等<sup>[33-34]</sup>分析矮孟牛 7 个姊妹系遗传差异表明,7 个姊妹系在株高等 16 个性状上存在差异,其中矮孟牛 V 型的主要产量构成因素比较协调,总体优于其他 6 个类型;在矮孟牛 V 型的 6 条染色体上检测到 8 个特异位点,部分特异位点附近存在与产量构成因素等重要性状相关的 QTL。碧蚂 4 号和矮孟牛 V 型存在的特异位点可能是二者作为重要骨

干亲本区别于其他姊妹系的基因组特征,也是二者成为骨干亲本的重要遗传基础。本研究中普冰 2011 姊妹系在主要农艺性状、抗病性、HMW-GS 组成和春化基因组成上存在丰富的遗传多样性。其中普冰 2011-2 在田间表现优良,主要农艺性状明显区别于其他姊妹系,在 SNP 水平上也存在较大的差异,具有丰富的遗传基础,既可用于选育小麦新品种,又可作为育种亲本改良现代小麦品种,拓宽小麦遗传基础。

#### 3.2 保留较多的姊妹系能够提高创新种质的利用效率

冰草属、偃麦草属等小麦近缘种属与普通小麦存在远缘杂交不亲和现象,即便在一些远缘杂交高世代材料中,也会出现遗传不稳定的现象<sup>[35]</sup>。育种家们采用“搭梯上楼”的思想,以远缘杂交中间材料、中间选系或姊妹系为亲本与生产上的优良品种杂交培育新品种,把优良基因快速地聚合到普通小麦中,加快基因纯合速度,提高小麦育种效率。钟冠昌等<sup>[36]</sup>利用远缘杂交中间材料八倍体

小偃麦与普通小麦杂交,快速地将偃麦草的优良基因导入到普通小麦中,丰富小麦遗传基础。小偃6号由小偃麦新类型小偃96与意大利普通小麦品种ST<sup>2422</sup>/464杂交选育而成,高产、优质、广适、高抗条锈病,作为骨干亲本衍生出50多个小麦新品种<sup>[3,6]</sup>。骨干亲本碧蚂4号与早洋麦杂交选育了北京8号、石家庄54和济南2号等7个小麦姊妹系新品种,其中北京8号作为亲本又衍生了许多小麦新品种<sup>[37]</sup>。扬麦系列新品种的选育同样利用了通过选择得到的选系来作为杂交育种的亲本,很快地得到了适合当地推广的新品种<sup>[38]</sup>。因此,利用小麦-冰草远缘杂交新种质普冰2011姊妹系中的亲本材料与普通小麦杂交,把优良基因快速转移到不同地区的小麦品种,有助于加快小麦新品种的选育速度,提高远缘杂交创制新种质的利用效率,缩短育种进程。

目前,由于突破性育种材料的缺乏,我国小麦育种工作已进入艰难的“爬坡”阶段。连续的定向选择导致品种内、品种间的遗传基础越来越狭窄<sup>[39-40]</sup>。因此,突破性育种材料的发掘和利用变得极为迫切。本实验室利用小麦近缘种冰草Z559与日本小麦品种Fukuho杂交,成功地获得了小麦-冰草远缘杂交后代,并创制了大量的易位系、附加系和渗入系等,有助于拓宽我国小麦育种的遗传基础。同时在远缘杂交创制新种质过程中选留多个性状优良的姊妹系,以满足不同育种目标的需求。选择高产、稳产以及产量构成因素协调的材料应用于产量试验,选育符合现代育种目标的新品种;选择具有优良突出性状的材料作为中间亲本,以改良现代小麦新品种;不同姊妹系在农艺性状表现、抗逆性和品质等方面具有一定差异,存在剩余变异,为小麦新种质的有效利用提供了更为广阔的空间。不同姊妹系丰富的等位变异和遗传多样性,为提高小麦新品种对不同环境变化的适应性,增强小麦新品种的广适性和持久性奠定了良好的物质基础。因此,在远缘杂交创新种质过程中,围绕目标性状,保留较多的姊妹系,对于促进创新种质的有效利用将是有益的。

致谢:条锈病苗期抗病性鉴定由西北农林科技大学农学院吉万全教授、张宏老师协助指导完成。白粉病苗期抗病性鉴定由中国农业科学院作物科学研究所李洪杰研究员协助指导完成。非常感谢三位老师在普冰2011姊妹系抗病性鉴定中给予的指导和帮助!

#### 参考文献

- [1] 董玉琛. 小麦远缘杂交育种[C]//21世纪小麦遗传育种展望——小麦遗传育种国际学术讨论会文集. 北京:中国农业科技出版社,2001
- [2] 陈尚安,董玉琛,周荣华,等. 小麦野生近缘植物抗病性鉴定[J]. 中国农业科学,1990,23(1):54-59
- [3] 李振声. 小麦远缘杂交[M]. 北京:科学出版社,1985
- [4] 庄巧生. 中国小麦品种改良及系谱分析[M]. 北京:中国农业出版社,2003
- [5] 鲍文奎. 八倍体小黑麦育种与栽培[M]. 贵阳:贵州人民出版社,1981
- [6] Li Z S, Li B, Tong Y P. The contribution of distant hybridization with decaploid *Agropyron elongatum* to wheat improvement in China[J]. J Genet Genomics 2008, 35(8):451-456
- [7] 李立会,董玉琛. 冰草属研究进展[J]. 遗传,1993,15(1):45-48
- [8] 王健胜,刘伟华,王辉,等. 小麦-冰草衍生系3228主要产量性状的遗传分析[J]. 植物遗传资源学报,2010,11(2):147-151
- [9] 李立会,赵桂慎. 小麦-冰草异源附加系的创建:I, F<sub>3</sub>, F<sub>2</sub>BC<sub>1</sub>, BC<sub>4</sub>和BC<sub>3</sub>F<sub>1</sub>世代的细胞学[J]. 遗传学报,1997,24(2):154-159
- [10] 赵洪璋. 碧蚂一号小麦选育经过[J]. 西北农学院学报,1956(1):4
- [11] 周跃东. 小麦优良种质资源繁六及姊妹系的选育和应用分析[J]. 四川农业大学学报,1992,10(4):682-688
- [12] 程顺和,高德荣,张伯桥,等. 小麦抗白粉病的遗传改良及多系品系的配制[J]. 麦类作物学报,2003,23(2):34-38
- [13] 李立会,李秀全. 小麦种质资源描述规范和数据标准[M]. 北京:中国农业出版社,2006
- [14] 张宏,任志龙,胡银岗,等. 陕麦139抗条锈病基因遗传分析[J]. 作物学报,2010,36(1):109-114
- [15] 李洪杰,王晓鸣,宋风景,等. 中国小麦品种对白粉病的抗性反应与抗病基因检测[J]. 作物学报,2011,37(6):943-954
- [16] Espí A, Giraldo P, Rodriguez-Quijano M, et al. A PCR-based method for discriminating between high molecular weight glutenin subunits Bx7 and Bx7\* in *Triticum aestivum* L. [J]. Plant Breeding, 2012, 131(5):571-573
- [17] 闫媛媛,郭晓敏,刘伟华,等. 具有优良农艺性状的小麦种质资源高分子量麦谷蛋白亚基组成分析[J]. 中国农业科学,2012,45(15):3203-3212
- [18] Payne P I, Nightingale M A, Krattiger A F, et al. The relationship between HMW glutenin subunit composition and the bread-making quality of British-grown wheat varieties[J]. J Sci Food Agric, 1987, 40(1):51-65
- [19] Lawrence G J, Payne P I. Detection by gel electrophoresis of oligomers formed by the association of high-molecular-weight glutenin protein subunits of wheat endosperm[J]. J Exp Bot, 1983, 34(3):254-267
- [20] Yan L, Fu D, Li C, et al. The wheat and barley vernalization gene *VRN3* is an orthologue of *FT*[J]. Proc Natl Acad Sci USA, 2006, 103(51):19581-19586
- [21] Yan L, Helguera M, Kato K, et al. Allelic variation at the *VRN-1* promoter region in polyploid wheat[J]. Theor Appl Genet, 2004, 109(8):1677-1686
- [22] Liu Y N, He Z H, Appels R, et al. Functional markers in wheat: current status and future prospects[J]. Theor Appl Genet, 2012, 125(1):1-10
- [23] Zhang X K, Xiao Y G, Zhang Y, et al. Allelic variation at the vernalization genes, and in chinese wheat cultivars and their association with growth habit[J]. Crop Sci, 2008, 48(2):458-470
- [24] Beales J, Turner A, Griffiths S, et al. A pseudo-response regulator is misexpressed in the photoperiod insensitive *Ppd-D1a* mutant of wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. Theor Appl Genet, 2007, 115:

- 721-733
- [25] Piepho H P, Möhring J, Melchinger A E, et al. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing[J]. *Euphytica*, 2008, 161(1-2):209-228
- [26] Henderson C R. Progress in statistical methods applied to quantitative genetics since 1976[C]//Proceedings of the Second International Conference on Quantitative Genetics. Sundeland Sinauer Associates, Inc., 1988:85-90
- [27] 严威凯. 双标图分析在农作物品种多点试验中的应用[J]. *作物学报*, 2010, 36(11):1805-1819
- [28] St Martin S K. Effective population size for the soybean improvement program in maturity groups 00 to IV[J]. *Crop Sci*, 1982, 22(1):151-152
- [29] 李小军. 小麦骨干亲本碧蚂 4 号的遗传效应分析[D]. 北京:中国农业科学院, 2009
- [30] 王庆专, 袁园园, 崔法, 等. 小麦骨干亲本碧蚂 4 号及其姊妹系遗传差异分析[J]. *分子植物育种*, 2009, 7(6):1100-1105
- [31] Gui F, Zhao C H, Bao Y G, et al. Genetic differences in homoeologous group 1 of seven types of winter wheat Aimengniu[J]. *Acta Agron Sin*, 2010, 36(9):1450-1456
- [32] 崔法, 赵春华, 鲍印广, 等. 冬小麦种质矮孟牛第一部分同源群染色体遗传差异分析[J]. *作物学报*, 2010, 36(9):1450-1456
- [33] Zhao C H, Cui F, Fan Z Q, et al. Genetic analysis of important loci in the winter wheat backbone parent Aimengniu-V[J]. *AJCS*, 2013, 7(2):182-188
- [34] 赵春华. 小麦骨干亲本矮孟牛姊妹系基因组差异及 1RS 遗传效应分析[D]. 泰安:山东农业大学, 2012
- [35] 王含彦. 硬粒小麦种质资源遗传评价及育种利用研究[D]. 成都:四川农业大学, 2007
- [36] 钟冠昌, 穆素梅, 张荣琦, 等. 八倍体小偃麦与普通小麦杂交育种的研究[J]. *西北植物学报*, 1995, 15(1):6-9
- [37] Li X J, Xu X, Yang X M, et al. Genetic diversity among a founder parent and widely grown wheat cultivars derived from the same origin based on morphological traits and microsatellite markers[J]. *Crop Past Sci*, 2012, 63(4):303-310
- [38] 吴兆芬, 魏燮中. 扬麦系统小麦新品种选育给予的启示[J]. *作物杂志*, 1990(3):12
- [39] Zhang X Y, Li C W, Wang L F, et al. An estimation of the minimum number of SSR alleles needed to reveal genetic relationships in wheat varieties. I. Information from large-scale planted varieties and cornerstone breeding parents in Chinese wheat improvement and production[J]. *Theor Appl Genet*, 2002, 106(1):112-117
- [40] 郝晨阳, 王兰芬, 张学勇, 等. 我国育成小麦品种的遗传多样性演变[J]. *中国科学:C 辑*, 2006, 35(5):408-415