

中国小麦抗穗发芽种质资源的挖掘与创制

常 成, 王旭阳, 余赵玉, 张海萍, 卢 杰, 司红起, 陈 璨, 马传喜*

(安徽农业大学农学院/农业农村部黄海南部小麦生物学与遗传育种重点实验室, 合肥 230036)

摘 要: 根据 4 年的表型数据, 并结合实验室开发和鉴定的 13 个分子标记, 对我国 833 份小麦种质资源 (主要包括 278 份小麦微核心种质、124 份地方品种和 431 份现代推广品种及高代品系) 穗发芽抗性进行鉴定。结果表明, 13 个分子标记鉴定的抗/感穗发芽等位类型间相对发芽指数 (RGI) 差异均达显著或极显著水平, 其中 TaMFT-222 和 TaMFT-194 标记鉴定的差异最大, U 值分别为 14.98** 和 11.30**, 均达极显著水平, 其优异等位类型可以降低相对发芽指数 0.21 ~ 0.32。其次是 Sdr2A、CNGC2AL、Vp1-b2、TaMKK3-A、PM19、CAPS-2AL、A17-19 和 EX06323 标记, 其等位类型间穗发芽抗性差异也均达极显著水平; Qsd1 和 Barc321 标记也能显著区分穗发芽抗性。共计鉴定出 63 份穗发芽抗性较好的种质资源, 其中达到抗的有 41 份, 多为红皮品种和地方品种; 达到中抗的有 22 份, 白皮半冬性居多。利用分子标记辅助选择, 并结合杂交聚合, 创制出 12 份穗发芽抗性水平达到中抗和抗的种质资源, 至少携带 3 个抗穗发芽基因/位点。该结果为抗穗发芽新品种选育提供重要遗传资源。

关键词: 小麦; 抗穗发芽; 分子标记; 种质资源

中图分类号: S512.102.4

文献标识码: A

文章编号: 1672-352X (2023)05-0745-06

Excavation and creation of pre-harvest sprouting resistant germplasm resources in Chinese wheats

CHANG Cheng, WANG Xuyang, YU Zhaoyu, ZHANG Haiping, LU Jie, SI Hongqi, CHEN Can, MA Chuanxi (School of Agronomy, Anhui Agricultural University/Key Laboratory of Wheat Biology and Genetic Improvement on South Yellow & Huai River Valley, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Hefei 230036)

Abstract: Based on four years' phenotypic data, and combined with 13 molecular markers developed and identified in our laboratory, 833 wheat germplasm resources (including 278 wheat micro-core germplasms, 124 local varieties and 431 modern promoted varieties and advanced lines) were identified for pre-harvest sprouting (PHS) resistance. The results showed that the differences in relative germination index (RGI) were significant or extremely significant between the resistance and sensitive alleles (R/S) of the 13 molecular markers, respectively. Among these markers, the largest difference between R/S was identified in TaMFT-222 and TaMFT-194 markers, which U values were 14.98** and 11.30**, respectively, and reached the extremely significant level. The RGI could be reduced from 0.21 to 0.32 by the two resistant alleles, respectively. The next markers were Sdr2A, CNGC2AL, Vp1-b2, TaMKK3-A, PM19, CAPS-2AL, A17-19 and EX06323, as well as the significant differences in PHS resistance were also detected among R/S alleles. The Qsd1 and Barc321 markers could also significantly distinguish PHS resistance between R/S alleles. A total of 63 germplasm resources with high PHS resistance were identified in this study. The 41 germplasms mainly including red-grained and local varieties had higher PHS resistance than that of the 22 germplasms mostly with the white grained. Through using hybridization combined with marker-assisted selection, the PHS resistance genes/loci were pyramided, and 12 new breeding materials with high pre-harvest sprouting resistance were created, which carried at least 3 genes/loci for PHS resistance. The result can provide important genetic resources for breeding new varieties with high PHS resistance.

收稿日期: 2022-11-15

基金项目: 国家现代小麦产业技术体系专项 (CARS-03), 国家自然科学基金联合基金 (U20A2033), 安徽高校协同创新项目 (GXXT-2021-058) 和安徽省科技重大专项 (2021d06050003) 共同资助。

作者简介: 常 成, 教授。E-mail: changtgw@126.com

* 通信作者: 马传喜, 教授, 博士生导师。E-mail: machuanxi@ahau.edu.cn

Key words: wheat; pre-harvest sprouting resistance; molecular marker; germplasm resources

小麦收获前遇阴雨天气导致籽粒在穗部萌发的现象称之为穗发芽,常导致减产、品质劣化以及种用丧失等,是影响小麦安全生产的主要非生物逆境之一。我国长江中下游、西南冬麦区及北部春麦区常受到穗发芽的危害;但随着气候变化,小麦成熟期雨带北移,黄淮麦区南部也时常发生穗发芽^[1]。作为我国小麦主产麦区,黄淮麦区种植的是白皮半冬性小麦品种,穗发芽抗性普遍较弱,无法有效应对穗发芽问题,已成为制约该区域小麦安全生产的主要因素之一。

小麦生产实践表明,挖掘和应用抗穗发芽种质资源、培育抗穗发芽小麦新品种是解决这一问题的主要途径和有效手段。种子休眠特性是控制小麦穗发芽抗性的关键因子,休眠性强的品种,其穗发芽抗性也较强,反之则较弱^[1]。前人对种子休眠及穗发芽抗性的遗传机制开展了大量研究,结果表明种子休眠属于复杂的数量性状,由基因型和环境共同决定,控制小麦种子休眠/穗发芽抗性的 QTL 位点遍及小麦 21 条染色体^[1]。目前利用同源克隆或图位克隆方法已分离出 6 个基因,如 *TaVp-1*^[2]、*TaPM19*^[3]、*TaMFT/TaPHS1*^[4]、*TaSdr*^[5-6]、*TaMKK3*^[7] 和 *TaQsd1/TaAlaAT*^[8]。

本文通过表型鉴定,并利用实验室开发和鉴定的种子休眠以及抗穗发芽分子标记,对我国小麦种

质资源进行鉴定,并创制抗穗发芽新种质资源,为小麦抗穗发芽品种培育提供重要基因资源。

1 材料与方法

1.1 材料

实验室收集的 833 份国内小麦种质资源,主要包括小麦微核心种质(278 份)、地方品种(124 份)、现代推广品种及高代品系(431 份)等。

1.2 田间试验与设计

于 2018—2021 年度秋播于安徽农业大学合肥大杨店试验站,每份试验材料种植 2 行,行长 2 m,行距 0.25 m,每行 40 粒,随机区组排列,常规田间管理。适期播种,常规栽培管理与病虫害防治。在开花当天选择有代表性的 10 ~ 15 个植株主茎穗,挂牌并注明开花日期。于开花后第 35 天或小麦生理成熟期(即黄熟期)收获 10 个挂牌的麦穗,脱粒后测定相对发芽指数(RGI)。

表 1 小麦抗穗发芽性评价标准

| 相对发芽指数/RGI | 抗性评价 |
|-------------|---------|
| < 0.05 | 高抗 (HR) |
| 0.05 ~ 0.20 | 抗 (R) |
| 0.21 ~ 0.40 | 中抗 (MR) |
| 0.41 ~ 0.60 | 感 (S) |
| > 0.60 | 高感 (HS) |

表 2 小麦抗 PHS 基因/位点分子标记信息

Table 2 The information of genes/loci for PHS resistance

| 基因/位点 | 标记 | 引物序列 (5'-3') | 文献 |
|----------------------|-----------|-------------------------------------------------------|-------|
| <i>TaMFT-3A</i> | TaMFT-222 | F: GTAGCGGGTCAAATCTGCAT; R: GGGACGTACGAGGGTGTAGA | [4] |
| | TaMFT-194 | F: GGCTACGTGTCGCTTGAC; R: GCGGCGGATTATTAAGT | [12] |
| <i>TaMKK3-4A</i> | TaMKK3-A | F: CACCAAAGAATAGAAATGCTCTCT; R: AGGAGTAGTCTCATTGCGG | [7] |
| <i>TaVP-1B</i> | Vp1-b2 | F: TGCTCCTTTCCCAATTGG; R: TGCTTCTTCTCTCACCAGTG | [11] |
| <i>TaQsd1-5B</i> | Qsd1 | F: GTTTGACCGTACAAGTTTCC; R: AGACAGCAATGCCTCCC | [8] |
| <i>TaSdr-2A</i> | Sdr-2A | F: CGTCGGCAGACATCGACTCC; R: GAAGCTCACTAGCTCAGAACACGC | [5-6] |
| <i>TaPM19-4A</i> | PM19 | F: CATGTACTAGTGCACGGATG; R: CTGCGCTAGTTTCACTACAC | [3] |
| <i>TaCNGC8-2A</i> | CNG-2L | F: TGATTCCTTAGGATTGC; R: CCCAGGTCAGGGTTCAG | [13] |
| <i>BS00019095_51</i> | CAPS-2AL | F: CCCTGATGTCAAATACGGC; R: CAACTTGTAGTGCTCGGTGA | [14] |
| <i>TaVP-1A</i> | A17-19 | F: TGCTTTCATTAGTTCACTTTTATC; R: GCAGGTTTGGTTCTCTTCTCT | [15] |
| <i>TaDFR-1B</i> | DFR-3B | F: TGCGGTCCTGGCGGGG; R: CGT ACGTCGAGAGAGAGAG | [16] |
| <i>Qphs.ahau-6B</i> | EX06323 | F: GAAATAATGCCTGTTTCCG; R: GGTCATCTTCATTTGCGTC | [17] |
| <i>Qsd.ahau-3A</i> | Barc321 | F: TGCACTTCCCACAACACATC; R: TTGCCACGTAGGTGATTTATGA | [18] |

1.3 相对发芽指数测定 (RGI, relative germination rate)

测定方法参考农业农村部穗发芽鉴定行业标准 (NY/T 1739—2009)^[9]和高威^[10] 等方法,加以优化与改进。以中优 9507 为对照品种。取 100 粒胚部完整发育正常的小麦籽粒,腹股沟朝下均匀的摆

放在已灭菌铺有发芽纸的培养皿 (Φ90 mm) 中,加入 10 mL 无菌水,2 个重复。将培养皿放入人工气候室进行发芽实验 (22 °C、100% RH),光照时间为 14 h/10 h (白天/黑夜),连续培养 48 h。

分别测定每份材料和对照品种中优 9507 的平

均发芽率 GI, 然后根据以下公式, 计算相对发芽指数 RGI, 作为评估穗发芽抗性的指标, 具体如表 1。

$$GI = (\text{穗发芽籽粒数} / \text{总籽粒数}) \times 100.$$

$$RGI = \text{待测样品平均发芽率} / \text{对照品种发芽率}$$

1.4 DNA 提取及引物设计

DNA 提取参照 Chang 等^[1]方法完成。本实验室所用分子标记及其引物如表 2 所示, 特异引物合成由上海生物工程有限公司完成。功能标记检测所需的限制性核酸内切酶在 NEB 和 TaKaRa 公司订购。PCR 扩增、酶切和产物琼脂糖凝胶电泳检测均

参考前人报道。

2 结果与分析

2.1 年份间相对发芽指数分析

检测了 2018—2021 年度 833 份小麦种质资源的相对发芽指数, 结果如表 3 所示。年度间变异系数差异较大, 其中 2018 年度 RGI 变异系数最大, 为 51%; 其次是 2019 年度, 为 48%; 最低的为 2020 年度, 变异系数为 38%。

表 3 相对发芽指数 RGI 分析
Table 3 The analysis of relative germination index (RGI)

| 年份 | 样品数 | 最小值 | 最大值 | 均值 | 变异系数 CV/% |
|------|-----|------|------|-----------|-----------|
| 2018 | 833 | 0.09 | 1.03 | 0.61±0.31 | 51 |
| 2019 | 833 | 0.07 | 0.92 | 0.56±0.27 | 48 |
| 2020 | 833 | 0.03 | 0.89 | 0.45±0.17 | 38 |
| 2021 | 833 | 0.04 | 0.98 | 0.58±0.23 | 40 |

表 4 年份间 RGI 方差分析

Table 4 The variance analysis of RGI between years

| 变异来源 | 平方和 | 自由度 | 均方 | F 值 |
|----------|--------|-------|-------|-----------|
| 组间 (年份间) | 8.975 | 3 | 2.898 | 64.705*** |
| 组内 | 49.875 | 3 329 | 0.045 | |
| 总数 | 58.850 | 3 332 | | |

注: ***指差异显著性达 0.001 水平。下同。

表 5 年份间 RGI 相关性分析

Table 5 The correlation analysis of RGI between years

| 年份 | 年份 | | |
|------|----------|----------|----------|
| | 2019 | 2020 | 2021 |
| 2018 | 0.697*** | 0.702*** | 0.631*** |
| 2019 | | 0.644*** | 0.626*** |
| 2020 | | | 0.662*** |

不同年份间的 RGI 差异达极显著水平 (表 4), 说明该性状除了受基因型控制之外, 也受环境影响。由表 5 可知, 不同年份间, 相关性均达极显著水平, 其中 2018 和 2020 年度 RGI 相关性最好, 相关系数为 0.702***。说明本文测定的 RGI 值在不同环境下具有较好的一致性。

2.2 抗穗发芽基因型鉴定及分析

本文根据实验室挖掘以及前人报道的 12 个抗穗发芽基因/位点, 开发和鉴定了 13 个分子标记, 对 833 份国内小麦种质资源进行基因型检测。根据 4 年的 RGI 均值, 分析这些基因/位点的抗性等位类型 (R) 和感性等位类型 (S) 间的差异显著性, 以确定基因/位点对穗发芽抗性的作用。从表 6 可看出, 通过 U-test, 这 13 个标记鉴定的抗/感穗发芽类型间

相对发芽指数差异均达显著或极显著水平, 其中 TaMFT-222 和 TaMFT-194 标记鉴定的抗/感类型间差异最大, U 值分别为 14.98**和 11.30**, 均达极显著水平, 平均可以降低相对发芽指数 0.21~0.32, 在分子标记辅助选择中具有较高的应用价值。其次是 Sdr2A、CNGC2AL、Vp1-b2、TaMKK3-A、PM19、CAPS-2AL、A17-19 和 EX06323 标记, 其等位类型间穗发芽抗性差异也均达极显著水平; Qsd1 和 Barc321 标记也能显著区分穗发芽抗性, 具有一定的应用价值。在鉴定的 12 个基因/位点中, 抗穗发芽等位类型的相对发芽指数均显著低于感性等位类型, 但对穗发芽抗性表型变异的作用不同, 与前期研究结果较为一致^[14]。

2.3 抗穗发芽种质资源挖掘与鉴定

对 833 份小麦种质资源进行抗穗发芽测定, 并结合分子标记辅助鉴定, 共挖掘 63 份抗性达中抗及以上的品种/系。其中, 安农 1118、安农 1124、安农 1121 及扬麦 18528 等 41 个品种/系为抗穗发芽, 安农 196、安农 0711、百农 64 及皖垦麦 081 等品种/系为中抗穗发芽。由表 7 可知: 本文所用的试验材料中, 抗穗发芽品种/系多为红皮品种或地方农家种; 中抗穗发芽品种多为白皮半冬性品种; 未鉴定出高抗穗发芽品种所示。

2.4 抗穗发芽育种新材料创制

本实验室长期开展小麦抗穗发芽分子机制、育种材料创新及新品种选育等研究工作, 根据已挖掘和鉴定的基因/位点, 开发出 13 个分子标记用于抗

穗发芽辅助选择,并结合常规育种手段,聚合抗穗发芽基因。本研究创制抗穗发芽育种新材料12份,其中白皮半冬性5份(中抗),红皮品种7份(抗),如表8所示。通过分子标记鉴定,这些育种新材料包含3~4个抗穗发芽基因/位点,主要位于2AL (*TaCNGC-2A*)、3AS (*BARC321*, *TaMFT-3A*)、3BL

(*TaVp-1B*)、4AL (*TaMKK3-A*)、5B (*TaQsd1-5B*)和6B (*Qphs.ahau-6B*)染色体上。在抗穗发芽基因/位点中, *TaMFT-3A* (3AS)、*BARC321* (3AS)、*TaVp-1B* (3BL)和 *TaMKK3-A* (4AL)出现的频率较多(表8)。

表6 抗穗发芽基因鉴定及其对表型的作用分析

Table 6 The identification and analysis of effect of PHS resistance genes/loci on phenotypes

| 基因/位点 | 标记 | 等位类型 | RGI 均值±标准差 | U 检验 |
|--------------------------|-----------|------|-------------|---------|
| <i>TaMFT-3A</i> | TaMFT-222 | R | 0.41±0.21 | 11.30** |
| | | S | 0.62±0.30 | |
| <i>TaMFT-194</i> | TaMFT-194 | R | 0.38±0.18 | 14.98** |
| | | S | 0.70±0.26 | |
| <i>TaMKK3-4A</i> | TaMKK3-A | R | 0.52±0.29 | 4.51** |
| | | S | 0.65±0.26 | |
| <i>TaVP-1B</i> | Vp1-b2 | R | 0.44±0.19 | 5.17** |
| | | S | 0.63±0.28 | |
| <i>TaQsd1-5B</i> | Qsd1 | R | 0.49±0.23 | 3.16* |
| | | S | 0.59±0.28 | |
| <i>TaSdr-2A</i> | Sdr-2A | R | 0.42±0.29 | 5.14** |
| | | S | 0.60±0.32 | |
| <i>TaPM19-4A</i> | PM19 | R | 0.46±0.31 | 4.37** |
| | | S | 0.60±0.29 | |
| <i>TaCNGC-2A</i> | CNGC2AL | R | 0.45±0.21 | 5.08** |
| | | S | 0.63±0.15 | |
| <i>BS00019095_51-2AL</i> | CAPS-2AL | R | 0.45 ± 0.23 | 4.49** |
| | | S | 0.59 ± 0.24 | |
| <i>TaVP-1A</i> | A17-19 | R | 0.50± 0.23 | 4.33** |
| | | S | 0.63± 0.26 | |
| <i>TaDFR-1B</i> | DFR-3B | R | 0.50±0.23 | 2.97* |
| | | S | 0.59±0.28 | |
| <i>Qphs.ahau-6B</i> | EX06323 | R | 0.41 ± 0.22 | 4.73** |
| | | S | 0.57 ± 0.21 | |
| <i>Qsd.ahau-3A</i> | Barc321 | R | 0.54± 0.22 | 2.83* |
| | | S | 0.63± 0.21 | |

注: R: 抗穗发芽等位类型; S: 感穗发芽类型。*和**指差异显著性分别达0.05和0.01水平。

表7 中抗穗发芽及以上的小麦品种/系

Table 7 The wheat varieties and advanced lines with MR and R levels

| 抗性水平/RGI | 数量 | 品种/系名称 |
|--------------------|----|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 抗/R 0.05~0.20 | 41 | 安农1118、安农1124、扬麦18528、扬麦91F138、扬麦16、扬麦23、扬麦19、扬麦20、Niavt14、内麦836、扬糯麦1号、红蚰子、02P67、02Y151、徽农98、宁0717、大白麦、定西24、金麦4号、大红皮、Am3、万县白麦子、百农3217、安农1121、安农1123、安徽3号、安农1131、扬麦11、安农1039、安农1130、茶淀红麦、涪陵须须麦、阆中白麦子、遂宁坨坨麦、大黄花、白花麦、白芒麦、丰产3号、江东门、品冬34、安农0942-14 |
| 中抗/MR 0.21~0.40 | 22 | 安农196、安农0711、扬麦90-30、扬辐93-11、百农64、矮早64、内麦836、百农898、安农1014、安农1008、安农1006、鲁原502、宿853、皖垦麦081、京冬10、百农3271、衡97-4119、晋麦8、小偃6号、鲁麦1号、铭贤169、安农9267 |

3 讨论与结论

小麦穗发芽是一种严重的非生物逆境,一旦发

生,难防难控,对小麦生产往往造成重大损失。选育和应用抗穗发芽小麦品种是解决这一问题的主要途径,而挖掘和应用抗穗发芽优异种质资源是新品

种选育的前提^[1]。小麦穗发芽既受环境因素影响, 如成熟期降水等, 也与品种本身的穗发芽抗性密切相关。种子休眠特性是影响穗发芽抗性的关键因子, 均受多基因控制, 聚合有效抗穗发芽基因/位点是提高抗性的主要手段^[1, 3]。本研究结果表明, 不同抗穗发芽基因/位点对于抗性的作用也不同, 其中 2A (*TaCNGC-2A*、*TaSdr-2A*)、3AS (*TaMFT-3A*、*BARC321*) 和 3BL (*TaVp-1B*) 作用较大, 而

TaMFT-3A、*BARC321*、*TaVp-1B* 和 *TaMKK3-A* 等在抗穗发芽品种/系中分布较大 (结果未列出)。本实验室在前期的研究中, 利用开发及鉴定的抗穗发芽分子标记进行辅助选择, 聚合多个抗穗发芽基因/位点, 创制出多份抗穗发芽育种新材料, 选育出安农 0711、安农 1124 等抗穗发芽小麦新品种。从种质资源创制、新品种的选育等育种实践来看, 分子标记辅助选择可有效用于抗穗发芽遗传改良。

表 8 小麦育种新材料穗发芽抗性及其抗性基因/位点

Table 8 The PHS resistance of wheat breeding materials and PHS resistance genes/loci

| 品系名称 | 种皮颜色 | 抗穗发芽基因/位点 | RGI | 抗性水平 /PHS |
|------------|------|-------------------------------------------------------------------------------------------|------|-----------|
| 安农 196 | 白 | <i>TaMFT-3A</i> (3AS), <i>TaVp-1B</i> (3BL), <i>TaMKK3-A</i> (4AL) | 0.30 | 中抗/MR |
| 安农 1008 | 白 | <i>BARC321</i> (3AS), <i>TaVp-1B</i> (3BL), <i>TaMKK3-A</i> (4AL) | 0.29 | 中抗/MR |
| 安农 1006 | 白 | <i>TaMFT-3A</i> (3AS), <i>BARC321</i> (3AS), <i>TaVp-1B</i> (3BL), <i>TaMKK3-A</i> (4AL) | 0.26 | 中抗/MR |
| 安农 1014 | 白 | <i>BARC321</i> (3AS), <i>TaVp-1B</i> (3BL), <i>TaMKK3-A</i> (4AL), <i>TaCNGC-2A</i> (2A) | 0.21 | 中抗/MR |
| 安农 9267 | 白 | <i>TaMFT-3A</i> (3AS), <i>TaCNGC-2A</i> (2A), <i>Qphs.ahau-6B</i> (6B) | 0.30 | 中抗/MR |
| 安农 1123 | 红 | <i>TaMFT-3A</i> (3AS), <i>BARC321</i> (3AS), <i>TaVp-1B</i> (3BL), <i>TaMKK3-A</i> (4AL) | 0.12 | 抗/R |
| 安农 0942-14 | 红 | <i>TaMFT-3A</i> (3AS), <i>TaVp-1B</i> (3BL), <i>TaMKK3-A</i> (4AL), <i>TaCNGC-2A</i> (2A) | 0.20 | 抗/R |
| 安农 1121 | 红 | <i>TaMFT-3A</i> (3AS), <i>BARC321</i> (3AS), <i>TaMKK3-A</i> (4AL), <i>TaQsd1-5B</i> (5B) | 0.17 | 抗/R |
| 安农 1131 | 红 | <i>TaMFT-3A</i> (3AS), <i>TaVp-1B</i> (3BL), <i>TaQsd1-5B</i> (5B) | 0.18 | 抗/R |
| 安农 1130 | 红 | <i>TaMFT-3A</i> (3AS), <i>TaVp-1B</i> (3BL), <i>TaQsd1-5B</i> (5B) | 0.20 | 抗/R |
| 安农 1039 | 红 | <i>TaMFT-3A</i> (3AS), <i>TaMKK3-A</i> (4AL), <i>TaQsd1-5B</i> , <i>TaCNGC-2A</i> (2A) | 0.19 | 抗/R |
| 安农 1118 | 红 | <i>TaMFT-3A</i> (3AS), <i>TaVp-1B</i> (3BL), <i>TaQsd1-5B</i> (5B) | 0.15 | 抗/R |

优异的抗穗发芽种质资源是培育抗穗发芽新品种的前提, 是“种子芯片”, 对挖掘和创制优异种质资源尤为重要。在穗发芽抗性鉴定时, 前人多采用籽粒发芽指数和穗发芽指数进行评价, 由于穗发芽易受环境影响, 这些方法对于测定不同环境下的穗发芽抗性会产生不可避免的误差^[3-4, 7, 18]。因此, 本文采用相对发芽指数来测定穗发芽抗性, 可有效减少环境因素的影响, 提高鉴定的准确性。而且, 本文综合分析 4 年的穗发芽抗性测定数据, 保证了鉴定结果的可靠性。

本文挖掘和鉴定了 63 份抗穗发芽品种/系, 其中抗性品种多为红皮品种, 白皮品种多为中抗水平。创制的抗穗发芽育种新材料中, 白皮品种穗发芽抗性也低于红皮品种, 这与前人结果一致^[1, 18]。在我国核心种质和地方农家品种中, 也有穗发芽抗性好的白皮品种。这些种质资源和育种新材料对于抗穗发芽品种培育具有重要的应用价值。

参考文献:

- [1] 肖世和, 闫长生, 张海萍, 等. 小麦穗发芽研究[M]. 北京: 中国农业科学技术出版社, 2004.
- [2] YANG Y, ZHAO X L, XIA L Q, et al. Development and validation of a *Viviparous-1* STS marker for pre-harvest sprouting tolerance in Chinese wheats[J]. *Theor Appl Genet*, 2007, 115(7): 971-980.
- [3] BARRERO J M, CAVANAGH C, VERBYLA K L, et al. Transcriptomic analysis of wheat near-isogenic lines identifies PM19-A1 and A2 as candidates for a major dormancy QTL[J]. *Genome Biol*, 2015, 16(1): 1-18.
- [4] NAKAMURA S, ABE F, KAWAHIGASHI H, et al. A wheat homolog of *MOTHER OF FT AND TFL1* acts in the regulation of germination[J]. *Plant Cell*, 2011, 23(9): 3215-3229.
- [5] ZHANG Y J, MIAO X L, XIA X C, et al. Cloning of seed dormancy genes (*TaSdr*) associated with tolerance to pre-harvest sprouting in common wheat and development of a functional marker[J]. *Theor Appl Genet*, 2014, 127(4): 855-866.
- [6] ZHANG Y J, XIA X C, HE Z H. The seed dormancy allele *TaSdr-A1a* associated with pre-harvest sprouting tolerance is mainly present in Chinese wheat landraces[J]. *Theor Appl Genet*, 2017, 130(1): 81-89.
- [7] TORADA A, KOIKE M, OGAWA T, et al. A causal gene for seed dormancy on wheat chromosome 4A encodes a MAP kinase kinase[J]. *Curr Biol*, 2016, 26(6): 782-787.
- [8] WEI W X, MIN X Y, SHAN S Y, et al. Isolation and characterization of *TaQsd1* genes for period of dormancy in common wheat (*Triticum aestivum* L.)[J]. *Mol Breeding*, 2019, 39(10): 150.

- [9] 中华人民共和国农业部. 小麦抗穗发芽性检测方法 (NY/T 1739—2009) [S]. 北京: 中国标准出版社, 2009.
- [10] 高威, 徐康乐, 刘雪, 等. 小麦穗发芽抗性鉴定标准的改进与优化[J]. 安徽农业大学学报, 2021, 48(2): 179-184.
- [11] CHANG C, ZHANG H P, FENG J M, et al. Identifying alleles of *Viviparous-1B* associated with pre-harvest sprouting in micro-core collections of Chinese wheat germplasm[J]. Mol Breeding, 2010, 25(3): 481-490.
- [12] JIANG H, ZHAO L X, CHEN X J, et al. A novel 33-bp insertion in the promoter of *TaMFT-3A* is associated with pre-harvest sprouting resistance in common wheat[J]. Mol Breeding, 2018, 38(5): 69.
- [13] 朱玉磊. 小麦2A染色体抗穗发芽主效QTL鉴定与候选基因挖掘[D]. 合肥: 安徽农业大学, 2017.
- [14] ZHU Y L, WANG S X, ZHANG H P, et al. Identification of major loci for seed dormancy at different post-ripening stages after harvest and validation of a novel locus on chromosome 2AL in common wheat[J]. Mol Breed, 2016, 36(12): 174.
- [15] CHANG C, ZHANG H P, ZHAO Q X, et al. Rich allelic variations of *Viviparous-1A* and their associations with seed dormancy/pre-harvest sprouting of common wheat[J]. Euphytica, 2011, 179(2): 343-353.
- [16] BI H H, SUN Y W, XIAO Y G, et al. Characterization of DFR allelic variations and their associations with pre-harvest sprouting resistance in a set of red-grained Chinese wheat germplasm[J]. Euphytica, 2014, 195(2): 197-207.
- [17] ZHU Y L, WANG S X, WEI W X, et al. Genome-wide association study of pre-harvest sprouting tolerance using a 90K SNP array in common wheat (*Triticum aestivum* L.)[J]. Theor Appl Genet, 2019, 132(11): 2947-2963.
- [18] 朱玉磊, 王升星, 赵良侠, 等. 以关联分析发掘小麦整穗发芽抗性基因分子标记[J]. 作物学报, 2014, 40(10): 1725-1732.

安徽农业大学生物质健康家居团队在太阳能界面海水淡化方面取得的研究进展

安徽农业大学林学与园林学院陈玉霞教授和郭勇教授在中科院一区 top 期刊《清洁生产》(《Journal of Cleaner Production》)发表了题为《源于天然丝瓜藤的高性能海水淡化系统: 一种简单、高效、环保的生物基太阳能蒸发器解决方案》(High-performance desalination systems from Natural Luffa Vine: A simple, efficient and environmentally friendly solution for bio-based solar evaporators)的文章。该研究受植物藤蔓超强水分输送能力和特殊孔隙结构的启发, 利用天然和简单工艺改性丝瓜藤制备太阳能海水淡化装置, 同时实现了高效蒸发和耐盐沉积。

该研究以农业废弃丝瓜藤为原料, 采用表面碳化、KOH 处理与冷冻干燥相结合的方法制备太阳能蒸发器。在 1 个太阳光下, 表面碳化后的丝瓜藤基太阳能蒸发器单个柱体水蒸气蒸发速率高达 $3.26 \text{ kg} \cdot \text{m}^{-2} \cdot \text{h}^{-1}$, 蒸发效率 (118%) 甚至超过了理论极限。天然丝瓜藤的多层级三维梯度孔隙结构形成了自发的盐回流体系, 使其具有优异的抗盐沉积性能, 连续使用 36 小时后, 几乎没有盐沉积。基于丝瓜藤的太阳能蒸发器脱盐率超过 99.9%, 对染料和含油废水也有很好的去除效果。该研究有效解决了植物来源的生物基太阳能蒸发器高效蒸发与耐盐沉积不易兼得的技术瓶颈, 为绿色低碳生物质太阳能海水淡化装置的开发提供了新思路。

近年来, 淡水资源的日益短缺引起了人们的广泛关注。太阳能界面水蒸发实现海水淡化被认为是清洁生产淡水的一种有利的途径。然而, 太阳能界面蒸发器同时实现较低的水蒸发能耗、高效水蒸发速率和优异的耐盐沉积能力仍然是一项挑战。

林学与园林学院硕士生吕燕、博士生徐润民、张凯婷和洪璐讲师为共同第一作者, 陈玉霞教授和郭勇教授为论文的通讯作者, 我校为论文第一完成单位与通讯作者单位。该研究得到安徽省重点研究与开发计划项目、安徽省科技重大专项、国家级创新创业训练项目、安徽省研究生教育质量工程项目资助和安徽省健康睡眠家居产品工程研究中心及安徽省研究生联合培养示范基地的重要支持。该论文的相关研究成果同时也申请了国家发明专利。