

小麦单株产量及其相关性状的全基因组 QTL 分析

王升星, 牛 影, 陈聪灵, 郑 乐, 马欢欢, 时曼丽, 秦学峰,
黄 陈, 朱玉磊, 张海萍, 卢 杰, 常 成*, 马传喜

(安徽农业大学农学院/农业部黄淮南部小麦生物学与遗传育种重点实验室, 合肥 230036)

摘 要: 探索和鉴定调控小麦产量因子的基因位点有助于产量的遗传改良。以安农 0711/烟农 19 BC₁F₂ 回交群体 (680 个家系) 为供试材料, 单粒播种, 于黄熟期测定单株有效穗数, 收获后测定穗粒数、千粒重及单株产量。利用完备区间作图法对上述单株产量及其相关性状进行全基因组 QTL 定位。结果表明, 控制千粒重的 QTL 有 3 个, 主要分布在染色体 1D (2 个) 和 4B (1 个) 上, 分别位于标记区间 *Xcfd27-Xwmc432*, *Xwmc432-Xcfd61* 和 *Xwmc89-Xwmc48*; 控制单株产量和单株有效穗数的 QTL 均各有 2 个, 分别位于染色体 1A 和 5D 的相同区间 *Xwmc312-Xwmc120* 和 *Xgwm271-Xcfd18*; 没有检测到控制穗粒数的 QTL 位点。

关键词: 小麦; 产量; 单株有效穗数; 穗粒数; 千粒重; QTL 分析

中图分类号: S512.1

文献标识码: A

文章编号: 1672-352X (2017)04-0720-06

Genome-wide QTL analysis for wheat grain yield per plant and other related traits

WANG Shengxing, NIU Ying, CHEN Congling, ZHENG Le, MA Huanhuan, SHI Manli, QIN Xuefeng,
HUANG Chen, ZHU Yulei, ZHANG Haiping, LU Jie, CHANG Cheng, MA Chuanxi

(School of Agronomy /Key Laboratory of Wheat Biology and Genetic Improvement on South Yellow & Huai River Valley, Ministry of Agriculture, Anhui Agricultural University, Heifei 230036)

Abstract: Identification of QTL for yield components can help further improve wheat production. In this study, a BC₁F₂ population (680 lines) derived from Annong0711 / Yannong19 was planted in automatic single precise seeding. The effective spike number per plant (ESN) and kernel number per spike (KPS) were measured at the yellow ripening stage. The thousand-kernel weight (TKW) and grain yield per plant (GY) were determined after harvest. Inclusive composite interval mapping method was used for QTL analysis of yield and other related traits. The results indicated that three loci for TKW were respectively mapped on chromosome 1D (*Xcfd27-Xwmc432* and *Xwmc432-Xcfd61*) and 4B (*Xwmc89-Xwmc48*); two QTL for ESN and GY were identified on the same linkage interval of 1A (*Xwmc312-Xwmc120*) and 5D (*Xgwm271-Xcfd18*); however, no QTL was detected for KPS.

Key words: wheat; yield; effective spike number per plant; kernel number per spike; thousand-kernel weight; QTL analysis

到 2050 年, 全世界需增加 0.7~1 倍的粮食量才能满足粮食需求^[1]。然而, 世界耕地面积总体上呈下降趋势, 要达到上述目标, 提高小麦单位面积产量将是增加小麦总产的主要途径^[2]。对于提高单产, 仅考虑产量三要素 (亩穗数、穗粒数和千粒重) 的其中之一是不够的, 协调并优化三者之间的关系对产量提高意义重大^[3-4]。在小麦生长发育进程中,

穗数最先形成和决定, 其次是穗粒数和粒重。由于产量三要素对同化物存在竞争关系, 前者对后者存在一定的制约作用^[5], 但这种制约程度因基因型而异^[6]。即在不同遗传背景下, 可以实现产量三要素之间的最大程度的协调和优化, 从而达到产量水平的进一步提高。然而, 控制产量三要素的遗传基础很复杂, 发现和利用关键 QTL 或基因, 解析三者之

收稿日期: 2017-02-14

基金项目: 2015 年省级大学生创新创业训练计划项目 (AH201510364001) 和国家卓越农林人才教育培养计划改革试点项目共同资助。

共同第一作者: 王升星, 博士研究生。E-mail: wang_shengxing@yeah.net; 牛 影, 本科生。E-mail: Niuying@126.com

* 通信作者: 常 成, 教授。E-mail: changtgw@126.com

间复杂的遗传网络, 有助于进一步挖掘产量潜力。

有效穗数作为重要的产量三要素之一, 最易受环境影响, 因此其遗传力较穗粒数、千粒重低^[4]。前人利用不同的做图群体对单株有效穗数/穗数进行大量的 QTL 定位分析, 结果表明, 这些位点几乎分布于小麦 21 条染色体上, 可解释表型变异的 1.97%~24.11%, 属于典型多基因控制的数量性状^[7-15]。其中 3D 和 5B 上具有主效位点^[9-10,12]。对于穗粒数来说, QTL 定位研究也较多, 其位点也几乎分布于小麦 21 条染色体上^[8-11, 15-17]。如 McIntyre 等^[8]在 1D、4D 和 6B 定位到 3 个穗粒数 QTL, 丁安明等^[10]利用 2 个重组自交系群体检测到 25 个控制穗粒数的 QTL 位点, 位于 1D、2A、2B、3A、3B、4A、5A、5D、6A、6B、7A 和 7B 染色体上。姚琴等^[17]则在 1A、3B、5D 和 6D 染色体上检测到 5 个控制穗粒数的 QTL 位点。

由于千粒重的遗传力相对较高, 目前定位到的与千粒重有关的染色体区段相对较多^[9-11, 14-21]。如王瑞霞等^[4]利用和尚麦/豫麦 8679 RILs 群体检测到 21 个控制千粒重的 QTL 位点, 位于 1A、1B、2A、2D、3A、3B、4A、4D、5A、5B、6D 和 7D 染色体上。Wang 等^[9]在 4B、5A 和 7B 染色体鉴定了 8 个粒重 QTL, 其中 4BL 有一个主效的 QTL。丁安明等^[10]检测到 7 个控制千粒重的 QTL 位点, 位于 2A、2B、4B、6B、6D 和 7B 染色体上。Liu 等^[18]

在 1D、2A、3B、4A、5B 和 7D 染色体上检测到 6 个控制千粒重的 QTL 位点; 姚琴等^[17]在 3B、4D 及 6D 染色体上检测到 4 个控制千粒重的 QTL 位点。廖祥政等^[19]在 1A、3D、4B 染色体上检测到 3 个控制千粒重的 QTL 位点。Ramya 等^[20]在 1A、1D、2B、2D、4B、5B 和 5D 染色体鉴定了 10 个控制千粒重的 QTL。

前人所用的 QTL 做图群体多由性状、遗传背景差异较大的亲本杂交而来, 鉴定的位点多具有种质特异性, 在小麦育种实践中难以利用。本研究以安农 0711 和烟农 19 这 2 个遗传背景相近的现代品种为做亲本, 构建了 BC₁F₂ 回交群体 (680 个单株), 对该群体的产量因子进行 QTL 分析, 发掘具有遗传潜力的主要 QTL, 为分子标记辅助高产育种提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 仪器与试剂

安农 0711 是 2014 年安徽省审定品种, 来源于安农 0016/烟农 19 组合后代。安农 0711 在穗粒数、抗倒伏、抗穗发芽等方面优于烟农 19, 在亩穗数、千粒重及小区产量方面不及烟农 19 (表 1)。由安农 0711 和烟农 19 构建的 BC₁F₂ 群体 (680 个家系) 在产量相关性状 (有效穗数、穗粒数及千粒重) 上存在着明显的性状分离。

表 1 安农 0711 和烟农 19 品种特性 (小区试验, 15 万基本苗)
Table 1 The characteristics of wheat varieties Annonng 0711 and Yannong19

材料 Material	亩穗数 Spike number/667m ²	穗粒数 Kernel number per spike	千粒重/g TKW	小区产量/kg Yield per plot
安农 0711/Annonng0711	36.75×10 ⁴	49.8	40.12	9.13
烟农 19/Yannong 19	39.90×10 ⁴	40.5	42.25	10.53

1.2 单株产量及其相关性状测定

2014、2015 年度将由安农 0711 和烟农 19 构建的 BC₁F₂ 群体后代 (680 个单株) 秋播于淮北五铺农场试验站, 所有材料均利用 Wintersteiger 点播机进行机械点播, 间距 25 cm, 常规田间管理。

在小麦拔节期对每个 BC₁F₂ 单株进行挂牌编号并剪取部分叶片以提取基因组 DNA。于黄熟期测定每个单株的有效穗数 (effective spike number, ESN)、成熟期按单株收取材料并脱粒。在室内利用万深考种仪测定单株总粒数及单株产量 (GY), 并通过换算获得穗粒数 (kernel number per spike, KPS) 和千粒重 (thousand-kernel weight, TKW)。

1.3 引物筛选

利用 1 723 对 SSR 标记 (*Xbarc*、*Xgwm*、*Xwmc*、*Xcfa*、*Xcfd* 及 *SWES*) 对安农 0711 和烟农 19 进行基因型鉴定, 最终选取目的条带清晰、多态性的 SSR 标记用于后续群体基因型分析。引物信息来自 GrainGenes (<http://wheat.pw.usda.gov/GG2/index>), 并由苏州金唯智生物科技有限公司进行引物合成。

1.4 PCR 扩增及产物检测

采用 CTAB 法提取小麦叶片基因组 DNA, 利用 1.0% 琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 质量, 以及 NanoDrop ND-200 超微量分光光度计检测 DNA 浓度。最终将 DNA 稀释成 60 ng·μL⁻¹ 备用。PCR 扩增体系为 10 μL, 包括 10×*Taq* buffer (含 2.0 mmol·L⁻¹

Mg²⁺) 1.0 μL , 2.5 $\text{mmol}\cdot\mu\text{L}^{-1}$ dNTPs 0.8 μL , 10 $\mu\text{mol}\cdot\mu\text{L}^{-1}$ 上下游引物各 0.4 μL , 5 U *Taq* DNA polymerase 0.1 μL , 2.0 μL 模板 DNA (50~60 $\text{ng}\cdot\mu\text{L}^{-1}$), ddH₂O 5.3 μL 。PCR 反应程序为: 94℃ 预变性 5 min; 94℃ 变性 30 s, 50~62℃ 退火 30 s, 72℃ 延伸 30 s, 30~35 个循环; 72℃ 延伸 8 min; 4℃ 保存。PCR 反应结束后, 加入 3 μL 变性指示剂 (loading buffer) 于 95℃ 变性 10 min 后快速冰浴冷却待用, 最后采用 6% 变性聚丙烯酰胺凝胶电泳及银染法检测 PCR 产物。

1.5 连锁分析与 QTL 定位

将安农 0711 的 SSR 电泳带型记为 A, 烟农 19 带型记为 B, 杂合带型记为 H, 其他记为缺失型。最后统一进行格式转换用于 QTL IciMapping v4.1 软件 (<http://www.isbreeding.net>) 分析, 并利用完备

区间作图法对不同性状进行 QTL 定位, LOD 阈值为 2.5。按照小麦基因编号规则对鉴定的 QTL 进行暂命名 (<http://wheat.pw.usda.gov/ggpages/wgc/98/Intro.htm>)。

1.6 统计分析

利用 SPSS19.0 软件 (<http://www.spss.com>) 对表型鉴定结果进行描述性统计分析及相关性分析。

2 结果与分析

2.1 产量相关性状的统计分析

BC₁F₂ 群体中不同单株在有效穗数、穗粒数、千粒重及单株产量等性状上都存在明显的分离。有效穗数变异范围为 5~42, 平均为 20.7; 穗粒数变异范围为 28~92, 平均为 50.98; 千粒重变异范围为 41.88~60.19, 平均为 51.97; 单株产量变异范围

表 2 安农 0711/烟农 19 群体 (BC₁F₂) 产量相关性状的描述性统计分析

Table 2 Descriptive statistical analysis of yield-related traits in BC₁F₂ population from the cross between Annong0711 and Yannong19

性状 Trait	样本数 N	最大值 Maximum	最小值 Minimum	平均值 Mean	标准差 SD	变异系数 CV
单株有效穗数 ESN	680	42	5	20.7	6.37	0.3077
穗粒数 KPS	680	92	28	50.98	7.51	0.1473
千粒重/g TKW	680	60.19	41.88	51.97	3.26	0.0627
单株产量/g GY	680	128.20	11.66	54.68	18.24	0.3336

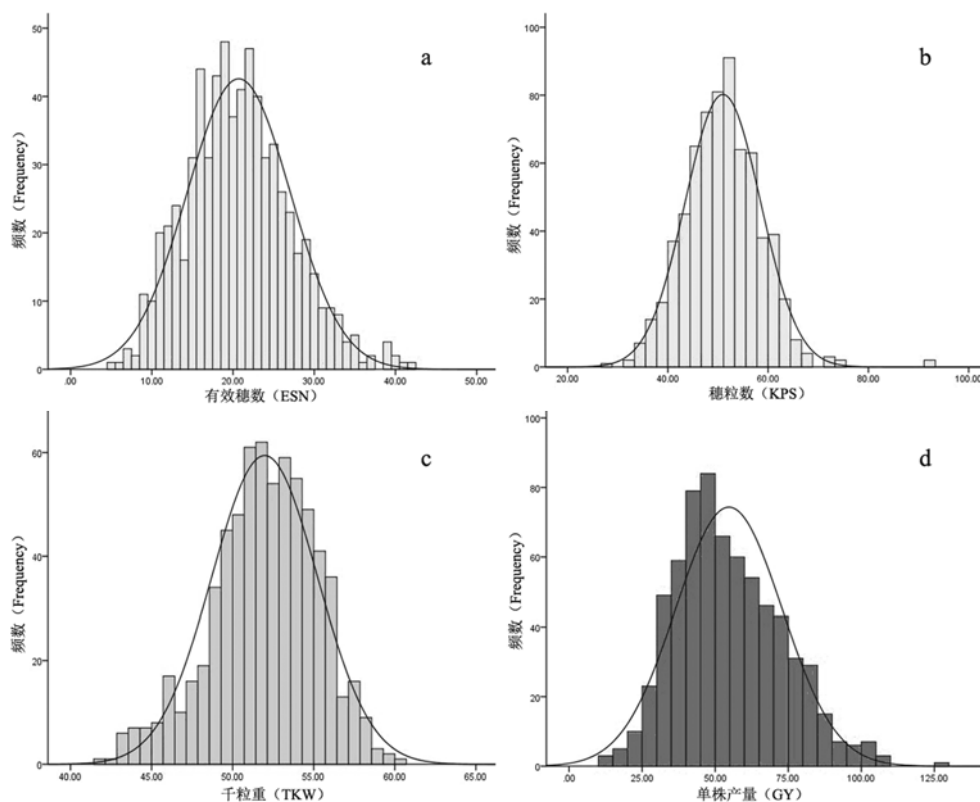


图 1 安农 0711/烟农 19 群体 (BC₁F₂) 产量相关性状的频率分布

Figure 1 Frequency distribution of yield and related traits in BC₁F₂ population from the cross between Annong0711 and Yannong19

表 3 安农 0711/烟农 19 群体 (BC_1F_2) 产量相关性状的相关性分析Table 3 Correlation analysis of yield related traits in BC_1F_2 population from the cross between Annon0711 and Yannong19

性状 Trait	单株有效穗数 ESN	穗粒数 KPS	千粒重 TKW
穗粒数 KPS	-0.112**		
千粒重 TKW	-0.119**	0.225**	
单株产量 GY	0.861**	0.338**	0.165**

为 11.66~128.20, 平均为 54.68。其中单株产量的变异系数最大 (0.3336), 其次为单株有效穗数 (0.3077), 千粒重的变异系数最小 (0.0627) (表 2)。

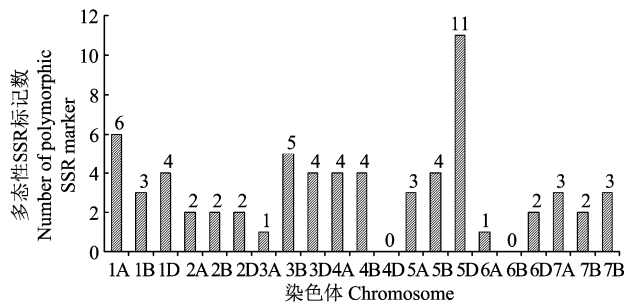


图 2 在安农 0711 和烟农 19 间存在多态性 SSR 标记数

Figure 2 The number of SSR markers with polymorphisms between Annon0711 and Yannong19

此外, 单株有效穗数、穗粒数、千粒重及单株产量在 BC_1F_2 群体中的频率分布均接近正态分布 (图 1), 说明这 4 个性状属于典型的数量性状, 受多个数量性状基因座 (QTL) 调控。

表 4 安农 0711/烟农 19 群体 (BC_1F_2) 产量相关性状 QTL 分析Table 4 The mapped QTL of yield and related traits in a BC_1F_2 population from Annon0711/Yannong19

QTL	位置 Pos. (cM)	标记区间 Marker interval	LOD	表型解释率 PVE(%)	加性效应 Additive effect
<i>Qgy.ahau-1A</i>	22	<i>Xwmc312 - Xwmc120</i>	11.92	1.92	0.15
<i>Qesn.ahau-1A</i>	25	<i>Xwmc312 - Xwmc120</i>	36.11	2.86	-0.05
<i>Qtkw.ahau-1D</i>	33	<i>Xcfd27 - Xwmc432</i>	4.71	2.08	-0.28
<i>Qtkw.ahau-1D</i>	38	<i>Xwmc432 - Xcfd61</i>	4.39	2.17	-0.19
<i>Qtkw.ahau-4B</i>	1	<i>Xwmc89 - Xwmc48</i>	2.79	4.44	-0.81
<i>Qesn.ahau-5D</i>	52	<i>Xgwm271 - Xcfd18</i>	31.31	2.71	-0.44
<i>Qgy.ahau-5D</i>	55	<i>Xgwm271 - Xcfd18</i>	11.83	1.81	-3.46

2.3 连锁分析与 QTL 定位

利用上述 66 对 SSR 标记对 680 个 BC_1F_2 单株进行基因型分析, 并利用完备区间作图法进行连锁分析和产量性状的 QTL 定位。结果表明, 在小麦 1A 染色体各检测到 1 个调控单株有效穗数相关 QTL (*Qesn.ahau-1A*) 以及 1 个与单株产量相关 QTL (*Qgy.ahau-1A*), 均位于 *Xwmc312 - Xwmc120* 标记之间, 分别解释 2.86% 和 1.92% 的表型变异。在 1D 染色体检测到 2 个与千粒重相关的 QTL (*Qtkw.ahau-1D* 和 *Qtkw.ahau-1D*), 分别位于 *Xcfd27 - Xwmc432* 与

相关性分析结果表明, 单株产量与单株有效穗数、穗粒数及千粒重均呈极显著正相关, 尤其与单株有效穗数相关性最高 (0.861**), 其次为穗粒数 (0.338**), 与千粒重相关性最低 (0.165**), 说明该群体中单株有效穗数对单株产量的影响最大。此外, 单株有效穗数同穗粒数和千粒重均呈极显著负相关 (-0.112** 和 -0.119**), 穗粒数与千粒重呈极显著正相关 (0.225**) (表 3)。

2.2 亲本间差异 SSR 标记筛选

利用覆盖全基因组的 1 723 对 SSR 标记对安农 0711 和烟农 19 2 个亲本进行多态性筛选, 共获得 74 对在双亲间存在基因型差异的 SSR 标记, 其中 66 对 SSR 标记含有具体染色体位置信息。尤其 5D 染色体标记数最多 (11 个), 其次为 1A 染色体 (6 个), 4D 和 6B 染色体没有筛到多态性标记 (图 2), 上述说明 1A 和 5D 染色体可能存在调控该群体单株产量及其相关性状的重要位点。

Xwmc432 - Xcfd61 标记间, 均靠近 *Xwmc432*, 分别解释 2.08% 和 2.17% 的表型变异。在 4B 染色体上检测到 1 个与千粒重相关 QTL (*Qtkw.ahau-4B*), 位于 *Xwmc89 - Xwmc48* 标记间, 解释 4.44% 的表型变异; 在 5D 染色体上检测到 1 个与单株有效穗数相关 QTL (*Qesn.ahau-5D*) 以及 1 个与单株产量相关 QTL (*Qgy.ahau-5D*), 均位于 *Xgwm271 - Xcfd18* 标记间, 分别解释 2.71% 和 1.81% 的表型变异 (表 4 和图 3)。本研究没有检测到与穗粒数相关的 QTL, 可能与标记密度较低有关。

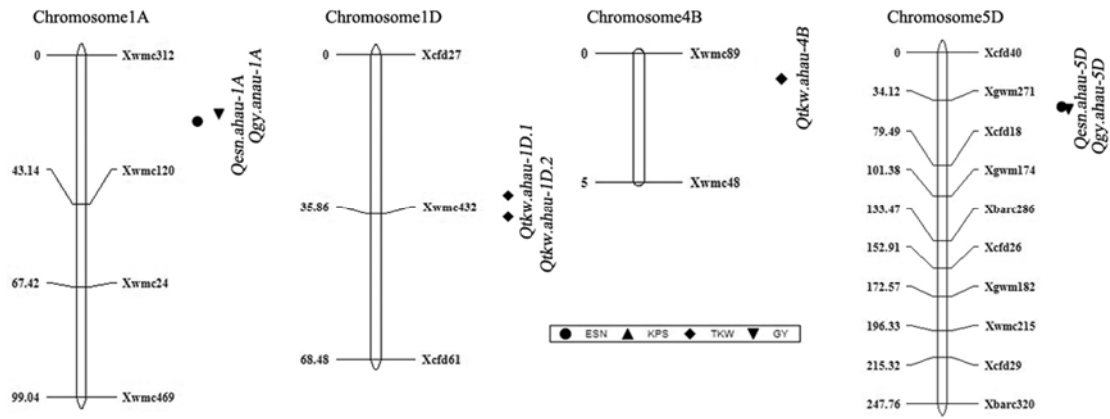


图 3 安农 0711/烟农 19 F₂ 群体产量相关性状的连锁定位分析

Figure 3 Linkage analysis of yield-related traits in a BC₁F₂ population from Annon0711/Yannong19

此外，除 *Qgy.ahau-1A* 外，其他 QTL 的加性效应均为负值，说明正向调控该产量相关性状的等位类型均来源于烟农 19，而增加单株产量的等位类型则来源于安农 0711，可能与安农 0711 较高的穗粒数有关。

3 讨论

安农 0711 是 2014 年安徽省审定小麦品种，为安农 0016/烟农 19 杂交组合后代。2015 年小区试验结果表明，安农 0711 的穗粒数高于烟农 19，但其亩穗数、千粒重以及小区产量低于烟农 19。推测安农 0711 与烟农 19 间可能存在调控产量相关性状差异的 QTL。本研究以安农 0711 与烟农 19 作为亲本构建了一个 BC₁F₂ 群体用于产量相关性状（单株有效穗数、穗粒数及千粒重）的遗传机理研究，发掘调控产量相关性状的 QTL，以期通过分子标记辅助育种手段来进一步协调并优化产量三因素之间的遗传关系，从而实现单产水平的进一步提高。

利用覆盖小麦 21 条染色体的 1 723 对 SSR 标记进行安农 0711 与烟农 19 两个亲本间多态性标记的筛选，结果仅检测到 74 对 SSR 标记在亲本间存在基因型差异，这可能与 2 个亲本间遗传相似性较高有关。

现有研究已证明产量相关性状（如单株有效穗数、穗粒数、千粒重及单株产量等）大都属于数量性状遗传模式，易受播种深度、播种密度及气候条件等影响。为确保本试验所测定的产量相关性状表型数据的准确性和可靠性，本研究采用机械等间距等深度进行点播。相关性分析表明，单株有效穗数、穗粒数、千粒重均与单株产量呈极显著正相关，其中单株有效穗数与单株产量的相关性最高，说明单

株有效穗数对于小麦产量的形成具有重要的影响。

通过连锁定位分析，本研究在小麦 1A、1D、4B 及 5D 染色体上鉴定了 2 个与有效穗数相关 QTL，3 个与千粒重相关 QTL，以及 2 个与单株产量相关 QTL。其中，4B 染色体上与千粒重相关 QTL (*Qtkw.ahau-4B*)，以及 5D 染色体上与单株有效穗数相关 QTL (*Qesn.ahau-5D*) 与丁安明等^[10]同样利用烟农 19 为父本构建的 2 个重组自交系群体所定位到的 QTL 结果相一致。上述结果证实了 4B 和 5D 染色体上确实存在调控千粒重和有效穗数的 QTL 位点，且正向调控千粒重和有效穗数的等位基因来自于烟农 19。Liu 等^[18]也在 1D 染色体上鉴定到与千粒重相关的 QTL，与本研究结果相似，是否为同一位点还需要进一步验证。但利用不同群体材料均能在 1D 染色体上检测到千粒重相关的 QTL，这个信息为今后千粒重 QTL 的精细定位以及克隆候选基因提供重要的遗传信息，目前还没有 1D 染色体上的千粒重基因被克隆的相关报道。本研究没有检测到与穗粒数相关的 QTL，推测其主要原因可能与图 3 中标记太少（多数染色体仅有 1~3 个标记）、标记密度太低有关。另一原因可能是双亲遗传背景相近，该性状差异不明显所致。此外，已鉴定的产量相关 QTL 的表型解释率均较小(1.81%~4.44%)，这主要受双亲基因型、标记密度等的影响。但本研究以遗传背景相近的现代品种为亲本构建回交群体，进行产量及其相关性状的 QTL 分析，其结果对现推广品种的遗传改良等具有重要的应用价值。本研究下一步将继续利用标记密度更高的 SNP 等标记进行加密，精细定位重要 QTL 区段，克隆候选基因。

参考文献:

- [1] GODFRAY H C, BEDDINGTON J R, CRUTE I R, et al. Food security: the challenge of feeding 9 billion people[J]. *Science*, 2010, 327(5967): 812-818.
- [2] 黄承彦, 管延安, 楚秀生, 等. 山东省优质小麦产业发展探讨[J]. *山东农业科学*, 2004, 36(1): 7-9.
- [3] MIR R R, KUMAR N, JAISWAL V, et al. Genetic dissection of grain weight in bread wheat through quantitative trait locus interval and association mapping[J]. *Mol Breeding*, 2012, 29(4): 963-972.
- [4] 王瑞霞, 张秀英, 伍玲, 等. 不同生态环境条件下小麦籽粒灌浆速率及千粒重 QTL 分析[J]. *作物学报*, 2008, 34(10): 1750-1756.
- [5] 胡承霖. 安徽麦作学[M]. 合肥: 安徽科学技术出版社, 2009.
- [6] DENG S, WU X, WU Y, et al. Characterization and precise mapping of a QTL increasing spike number with pleiotropic effects in wheat[J]. *Theor Appl Genet*, 2011, 122(2): 281-289.
- [7] 周淼平, 任丽娟, 张旭, 等. 小麦产量性状的 QTL 分析[J]. *麦类作物学报*, 2006, 26(4): 35-40.
- [8] MCINTYRE C L, MATHEWS K L, RATTEY A, et al. Molecular detection of genomic regions associated with grain yield and yield-related components in an elite bread wheat cross evaluated under irrigated and rainfed conditions[J]. *Theor Appl Genet*, 2010, 120(3): 527-541.
- [9] WANG J S, LIU W H, WANG H, et al. QTL mapping of yield-related traits in the wheat germplasm 3228[J]. *Euthytica*, 2010, 177(2): 277-292.
- [10] 丁安明, 李君, 崔法, 等. 利用小麦关联 RIL 群体定位产量相关性状 QTL[J]. *作物学报*, 2011, 37(9): 1511-1524.
- [11] CUI F, ZHAO C H, DING A M, et al. Construction of an integrative linkage map and QTL mapping of grain yield-related traits using three related wheat RIL populations[J]. *Theor Appl Genet*, 2014, 127(3): 659-675.
- [12] WU X, CHANG X, JING R. Genetic analysis of carbon isotope discrimination and its relation to yield in a wheat doubled haploid population[J]. *J Integr Plant Biol*, 2011, 53(9): 719-730.
- [13] 严俊, 张玲玲, 万兵, 等. 硬粒小麦与野生二粒小麦重组自交系群体穗部性状的 QTL 定位[J]. *四川农业大学学报*, 2011, 29(2): 147-153.
- [14] HUANG X Q, CÖSTER H, GANAL M W, et al. Advanced backcross QTL analysis for the identification of quantitative trait loci alleles from wild relatives of wheat (*Triticum aestivum* L.)[J]. *Theor Appl Genet*, 2003, 106(8): 1379-1389.
- [15] HUANG X Q, KEMPF H, GANAL M W, et al. Advanced backcross QTL analysis in progenies derived from a cross between a German elite winter wheat variety and a synthetic wheat (*Triticum aestivum* L.)[J]. *Theor Appl Genet*, 2004, 109(5): 933-943.
- [16] KUMAR N, KULWAL P L, BALYAN H S, et al. QTL mapping for yield and yield contributing traits in two mapping populations of bread wheat[J]. *Mol Breeding*, 2006, 19(2): 163-177.
- [17] 姚琴, 周荣华, 潘昱名, 等. 小麦品种偃展 1 号与品系早穗 30 重组自交系群体遗传连锁图谱构建及重要农艺性状的 QTL 分析[J]. *中国农业科学*, 2010, 43(20): 4130-4139.
- [18] LIU S, ZHOU R, DONG Y, et al. Development, utilization of introgression lines using a synthetic wheat as donor[J]. *Theor Appl Genet*, 2006, 112(7): 1360-1373.
- [19] 廖祥政, 王瑾, 周荣华, 等. 发掘人工合成小麦中千粒重 QTL 的有利等位基因[J]. *作物学报*, 2008, 34(11): 1877-1884.
- [20] RAMYA P, CHAUBAL A, KULKARNI K, et al. QTL mapping of 1000-kernel weight, kernel length, and kernel width in bread wheat (*Triticum aestivum* L.)[J]. *J Appl Genet*, 2010, 51(4): 421-429.
- [21] HEIDARI B, SAYED-TABATABAEI B E, SAEIDI G, et al. Mapping QTL for grain yield, yield components, and spike features in a doubled haploid population of bread wheat[J]. *Genome*, 2011, 54(6): 517-527.