

研究报告

Research Report

太谷核不育小麦衍生材料川 6415 在其后代中的遗传分析

李俊¹, 王琴¹, 魏会廷², 胡晓蓉¹, 蒲宗君¹, 杨武云¹

1. 四川省农业科学院作物研究所, 成都, 610066

2. 四川省农业科学院植物保护研究所, 成都, 610066

✉ 通讯作者: yangwuyun@yahoo.com.cn ✉ 作者

分子植物育种, 2012 年, 第 10 卷, 第 63 篇 doi: 10.5376/mpb.cn.2012.10.0063

收稿日期: 2012 年 06 月 02 日

接受日期: 2012 年 06 月 27 日

发表日期: 2012 年 12 月 16 日

文首次发表在《分子植物育种》(2012 年第 10 卷第 6 期 662-667 页)上。现依据版权所有人授权的许可协议, 采用 Creative Commons Attribution License 协议对其进行授权, 再次发表与传播。只要对原作有恰当的引用, 版权所有人允许并同意第三方无条件的使用与传播。

引用格式(中文):

李俊等, 2012, 太谷核不育小麦衍生材料川 6415 在其后代中的遗传分析, 分子植物育种(online) Vol.10 No.63 pp.1464-1470 (doi:10.5376/mpb.cn.2012.10.0063)

引用格式(英文):

Li et al., 2012, Genetic Analysis of Chuan6415 Derived from Taigu Nuclear Male-sterility Wheat in Its Progenies, Fenzi Zhiwu Yuzhong (online) (Molecular Plant Breeding) Vol.10 No.63 pp. 1464-1470 (doi: 10.5376/mpb.cn.2012.10.0063)

摘要 川 6415 是利用太谷核不育小麦育成的重要小麦育种基因资源, 解析川 6415 在其衍生后代的遗传, 对利用川 6415 进行分子标记辅助选择育种具有重要意义。本研究选用 617 对 SSR 引物对川 6415 及其衍生品种(系)进行扫描, 分析川 6415 在其一代、二代衍生品种(系)的遗传, 结果表明, 一代衍生品种川麦 42 继承了 26.6% 川 6415 的遗传物质; 二代衍生品种(系) 31 区和 R104 更多的继承了川 6415 的遗传物质, 分别为 32.6% 和 37.2%。川麦 42 遗传背景中来源于川 6415 的 SSR 标记位点, 在除 3D、4D、7D 外的 18 条染色体上都有分布, 在 2A、2B 和 4B 染色体上形成染色体区段。4B 上川麦 42 遗传背景中源于川 6415 的染色体区段有利于增加穗数/m²; 2B 和 7A 上的川 6415 染色体区段有利于降低川麦 42 株高。因此, 太谷核不育小麦衍生材料川 6415 可作为增加穗数/m² 和降低株高的重要基因资源用于小麦高产育种。

关键词 太谷不育小麦; 川 6415; 衍生后代

Genetic Analysis of Chuan6415 Derived from Taigu Nuclear Male-sterility Wheat in Its Progenies

Li Jun¹, Wang Qin¹, Wei Huiting², Hu Xiaorong¹, Pu Zongjun¹, Yang Wuyun¹

1. Crop Research Institute, Sichuan Academy of Agricultural Sciences, Chengdu, 610066, P.R. China

2. Institute of Plant Protection, Sichuan Academy of Agricultural Sciences, Chengdu, 610066, P.R. China

✉ Corresponding author, yangwuyun@yahoo.com.cn; ✉ Authors

Abstract Chuan6415, a common wheat line developed from Taigu nuclear male-sterility, is an important genetic germplasm in wheat breeding program. Genetic analysis of Chuan6415 in its derivatives could provide useful information for molecular marker-assisted selection breeding by Chuan6415. Chuan6415 and its derivatives were genomically scanned by a total of 617 SSR primers, and analyzed the genetic contribution of Chuan6415 allele to its progenies. The results indicated that the genetic frequency of Chuan6415 allele in Chuanmai42 should be 26.6%, the frequencies of Chuan6415 allele in five secondary generation progenies including Chuanmai56, Chuanmai58, 31Qu, R104, R125 were 27.9%, 34.9%, 32.6%, 37.2% and 25.6%, respectively. Chuan6415 allele in Chuanmai42 were scattered on the 18 chromosomes in the tested progenies except for 3D, 4D and 7D, and the chromosomal fragments of Chuan6415 were also observed on 2A, 2B and 4B. The chromosomal fragments of Chuan6415 in Chuanmai42 on 4B chromosome had positive effects on increasing spike number per square meter, and Chuan6415 chromosomal fragments on 2B and 7A chromosome had positive effects on dwarfing plant height of Chuanmai42. Chuan6415 being an important gene resource derived from Taigu nuclear male-sterility wheat, can be used for developing high-yield potential wheat by increasing spike number per square meter and dwarfing plant height.

Keywords Taigu nuclear; Male-sterility wheat; Chuan 6415; Derivative

研究背景

小麦作为中国第二大粮食作物, 高产、稳产是小麦育种研究的永恒主题。面对耕地锐减和人口剧增

的严峻形势, 要继续增加粮食总产, 满足人类需求, 只有依靠大幅度提高粮食作物的单产, 高产新品种的选育和推广则起着决定性的作用。小麦新品种的

选育工作是其重要组成部分, 而太谷核不育小麦则是小麦选育工作中最重要的种质资源之一。

太谷核不育小麦具有显性核不育单基因 Ms^2 , 其育性稳定、开颖角度大、异交结实率高是常规育种和杂交小麦育种极其珍贵的种质资源(刘秉华等, 1986, 遗传, 8(3): 25-27; 张云芝等, 1987, 山西农业科学, (6): 5-81)。太谷核不育小麦杂交后创造的变异类型多, 通过阶梯杂交、轮回选择等可实现基因交流、重组、累加, 打破不良连锁, 集有益基因, 培育出遗传基础广、适应性强的新小麦品种(隋新霞和孙兰珍, 2001)。经过几十年的基础研究与应用实践, 利用太谷核不育小麦已经创制出许多有育种价值的中间材料, 如矮败小麦, 硬粒蓝标型不育系等(沈季孟等, 1991; Tian and Liu, 2001; 刘秉华等, 1991, 科学通报, 3(4): 306-308)。通过以轮回选择为主, 多种途径综合运用选育方法, 已培育出大批抗旱、耐盐、抗病、抗虫、适应性强的新小麦品种(陈香芝等, 2000; 张绍南等, 1995; 隋新霞和孙兰珍, 2001; 徐保钦, 2002, 农业科技通讯, (7): 8-9)。

本单位利用太谷核不育小麦, 通过轮回选择与阶梯杂交结合的方法, 于 90 年代初选育出大穗、白粒、矮秆的优异小麦育种中间材料川 6415。川 6415 由于具有许多优异特性, 已被许多育种单位利用, 并选育出一大批优良品种(系)。截至目前, 各育种单位已直接或间接利用川 6415 育成小麦新品种 11 个, 其中 3 个通过国家审定; 特别是其育成的川麦 42 在国家区试长江上游组中比对照川麦 107 平均增产 16.4%, 2009、2010 年连续两年在四川省江油县创四川小麦高产纪录。

为了弄清川 6415 对其衍生后代的遗传, 分析其遗传效应。本研究利用 SSR 分子标记扫描技术, 检测川 6415 衍生品种(系)中的川 6415 等位变异, 试图解析川 6415 遗传物质在其衍生后代的作用, 为进一步利用分子标记辅助育种技术培育新品种奠定基础。

1 结果分析

1.1 川 6415 在其一代衍生品种川麦 42 中的遗传分析

利用 617 对 SSR 引物扫描川 6415 一代衍生品种川麦 42 及其亲本 Syn769、SW3243 和川 6415, 除去川 6415 与其它两个亲本 Syn769 和 SW3243 无差异的引物, 共 233 对 SSR 引物可用于统计分析。其中, 川麦 42 与川 6415 基因型一致的 SSR 标记位点 62 个, 川麦 42 遗传背景中来源于川 6415 的特异 SSR 位点比例为 26.6%。

川麦 42 遗传背景中来源于川 6415 的 62 个 SSR 标记位点中, 有 43 个已定位到小麦染色体上, 分布在除 3D、4D、7D 外的所有染色体, 但在 2A、2B 和 4B 染色体上分布较集中(图 1; 表 1)。43 个已定位的标记位点在 2A、2B 和 4B 染色体上形成染色体区段, 区段长度分别为 1.3 cM、9.5 cM 和 7.3 cM (表 1)。

根据汤永禄(2008)和 Tang (2011)利用川麦 42/川农 16 重组自交系(RIL, F8)检测出的重要农艺性状 QTL 发现, 位于 2B、4B 和 7A 上的川 6415 染色体区段对川麦 42 的穗数/ m^2 、产量、千粒重、单穗重、生物产量、株高和穗颈节比有重要影响(表 2; 图 1)。4B 上川 6415 染色体区段间检测到的 QTL 为正效应, 有利于增加穗数/ m^2 ; 2B 和 7A 上检测到的 QTL 都为负效应, 表明 2B 和 7A 上的川 6415 染色体区段有利于降低株高, 但减少产量、千粒重、单穗重、生物产量和穗颈节比。

1.2 川 6415 在其二代衍生品种(系)中的遗传分析

利用川麦 42 遗传背景中来源于川 6415 的 62 个 SSR 标记位点扫描 5 个川 6415 二代衍生品种(系)及其亲本, 5 个衍生品种(系)为川麦 56、川麦 58、31 区、R104 和 R125。除去亲本间无多态性差异和变异的标记, 共 43 个 SSR 标记位点用于分析。结果表明(表 3), 5 个衍生品种继承川 6415 的核基因组存在一定的多样性。31 区和 R104 更多的继承了川 6415 的遗传物质, 分别为 32.6% 和 37.2%, 显著偏离期望亲本值; 川麦 58 川麦 56 和 R125 分别继承了 27.9% 和 25.6% 川 6415 的遗传物质; 川麦 58 继承了 34.9% 川 6415 的遗传物质, 显著低于期望亲本值; 表明在育种的高效选择压下, 31 区和 R104 更多地保留了川 6415 的某些重要农艺性状。川 6415 对二代衍生品种(系)重要农艺性状的遗传效应, 还需进一步研究证明。

2 讨论

在小麦育种过程中, 针对目标性状(如抗条锈, 抗白粉, 抗旱, 耐盐, 耐湿以及高产等)进行人为选择, 多代选择稳定后形成的高代系, 与目标性状紧密连锁的位点将被大量保留下来, 高于或显著高于期望值; 而绝大多数与目标性状不符的位点被丢失, 显著低于期望值。Zhang 等(2005)通过 SSR 分析人工合成小麦与普通小麦杂交、回交, 经多代人工选择

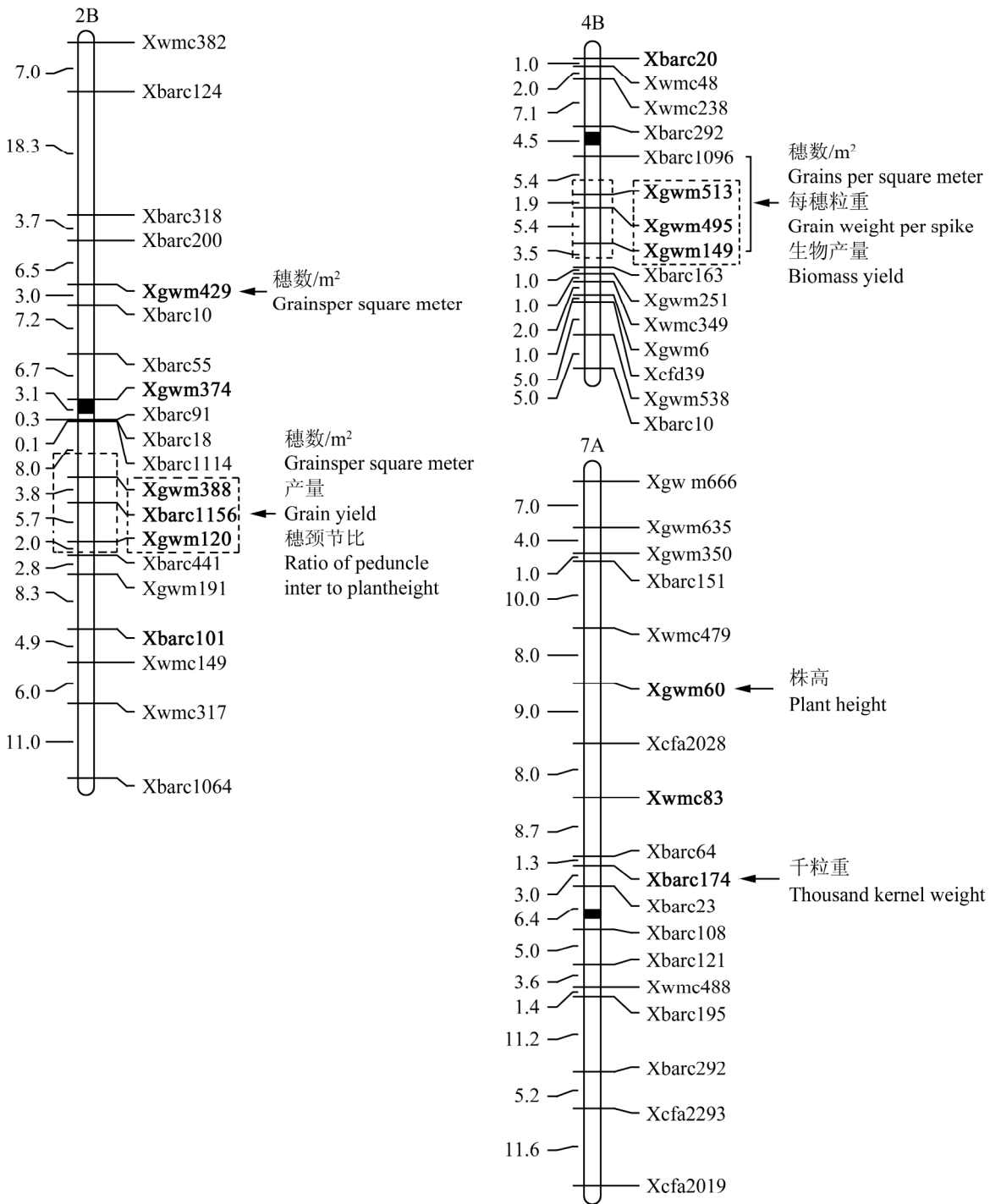


图 1 川麦 42 遗传背景中来源于川 6415 的特异位点在染色体上的分布

注: 红色标注为来源于川 6415 的标记位点; 蓝色虚线为来源于川 6415 的染色体区段; 染色体右边为 QTLS

Figure 1 Distribution of Chuan 6415 special loci on chromosome in Chuanmai42

Note: Marker loci derived from Chuan6415 were labeled to use redness; The chromosome fragments derived from Chuan6415 were labeled to use blue dashed; The QTLS were labeled on the right of chromosome

后形成的高代群体发现, 高代群体中人工合成小麦位点和普通小麦位点都显著偏离孟德尔遗传比例。本研究川 6415 二代衍生品种(系)川麦 58、31 区和 R104

继承川 6415 遗传物质都显著偏离期望值。其中, 31 区和 R104 更多的继承了川 6415 的遗传物质, 分别为 32.6% 和 37.2%。这可能是在后代选育过程中, 人

表 1 川麦 42 遗传背景中来源于川 6415 的染色体区段

Table 1 The chromosome fragments derived from in Chuanmai42

染色体区段	染色体	位点数	长度(cM)
Chromosomal fragment	Chromosome	No. of loci	Length (cM)
Xwmc296-Xgwm122	2A	2	1.3
Xgwm388-Xgwm120	2B	3	9.5
Xgwm513-Xgwm149	4B	3	7.3

表 2 川 6415 染色体区段在川麦 42/川农 16 RIL 群体中检测到的 QTL (汤永禄, 2008; Tang et al., 2011)

Table 2 The QTLs on Chuan6415 chromosome fragments in recombinant inbred lines (Tang, 2008; Tang et al., 2011)

性状	QTL	标记区间	QTL 位置	最大似然值	加性效应	贡献率(%)
Trait		Marker interval	QTL position	LOD	Add. eff.	R ² (%)
粒数/m ²	QSsm.saas-4B	Xgwm149-Xbarc1096	10.01	3.16	10.5	9.37
Grains per square meter	QSsm.saas-2B.1	Xgwm429-Xbarc373	16.01	4.84	-13.1	14.39
	QSsm.scu-2B.g08	Xbarc373-Xbarc1156	2.00	3.80	-	8.40
产量	QGy.saas-2B	Xbarc373-Xbarc1156	0.01	2.91	-158	7.26
Grain yield						
千粒重	QTKw.saas-7A	Xbarc174-Xbarc22	6.01	2.79	-1.02	8.10
Thousand kernel weight						
每穗粒重	QGws.saas-4B	Xgwm251-Xgwm149	6.01	3.25	-0.07	10.24
Grain weight per spike						
生物产量	QBy.saas-4B	Xgwm149-Xbarc1096	10.01	2.67	-513	9.27
Biomass yield						
穗颈节比	QRpp.scu-2D2.g08	Xbarc18-Xgwm120	6.00	5.20	-	15.40
Ratio of peduncle	QRpp.scu-2D3.g08	Xgwm120-Xwmc441	4.00	3.40	-	17.00
internode to plant height						
株高	QPh.scu-7A1.g08	Xgwm60-Xbarc121	30.00	4.80	-	22.60
Plant height						

注: 加性效应中正值表示川 6415 等位变异有利于增加表型值, 负值表示川 6415 等位变异减少表型值

Note: A positive value in Additive effects implies the Chuan6415 allele increased phenotypic value whereas a negative value implies the Chuan6415 allele decreased phenotypic value

表 3 川 6415 在其二代衍生品种(系)中的遗传

Table 3 The genetic frequency of Chuan6415 allele in its secondary generation varieties (lines)

品种(系)	川 6415 位点数	频率(%)	期望频率(%)
Variety (Line)	No. of Chuan 6415 loci	Frequency (%)	Expected frequency (%)
川麦 56	12	27.9	25
Chuanmai56			
川麦 58	15	34.9	50
Chuanmai58			
31 区	14	32.6	25
31Qu			
R104	16	37.2	25
R125	11	25.6	25

为对高产、抗病、优质等优良性状的强烈选择, 使衍生系 31 区和 R104 中与优良性状紧密连锁的位点被大量保留下来。

李小军等(2009)解析了欧柔在衍生品种的遗传, 发现来源于欧柔的重要染色体区域及相关的优

异性状, 这些区域在育种应用中被优先选择。韩俊等(2009)分析了“胜利麦/燕大 1817”杂交后代的遗传构成, 发现了来源于胜利麦的基因组区段, 这些区段上存在许多与产量、抗病、抗逆和适应性等重要农艺性状相关的基因和 QTL, 对小麦品种遗传改

良起了重要作用。本研究也发现, 川 6415 核基因组位点在部分染色体上也形成染色体区段, 这些染色体区段位于 2A、2B 和 4B 染色体上。同时, 在 2B 和 4B 染色体上的川 6415 染色体区段检测到穗数/m²、产量、穗颈节比、每穗粒重、生物产量 QTL。表明在利用川 6415 选育小麦新品种川麦 42 的过程中, 2B 和 4B 染色体上与穗数/m²、产量、每穗粒重等目标性状相关的川 6415 染色体区段, 在人为选择过程中, 被强烈选择而以单元型的形式保留下来。4B 上保留下来的川 6415 染色体区段有利于增加川麦 42 穗数/m², 2B 上的川 6415 染色体区段有利于降低株高。川 6415 对二代衍生品种(系)川麦 56、川麦 58、31 区、R104 和 R125 的穗数/m²、株高等是否有贡献, 还需进一步研究证实。

太谷核不育小麦由于蕴藏着许多高产、优质、抗病、抗逆的优异基因(陈香芝等, 2000; 张绍南等, 1995; 隋新霞和孙兰珍, 2001; 徐保钦, 2002, 农业科技通讯, (7): 8-9), 且其不育基因 ms2 雄性败育彻底稳定, 异交结实率高, 在小麦育种中被广泛应用(刘秉华等, 1986, 遗传, 8(3): 25-27; 张云芝等, 1987, 山西农业科学, (6): 5-81)。目前, 利用太谷核不育小麦已培育出多个大面积推广品种。山东农业大学选育的鲁麦 15 号, 在山东、江苏、安徽、河南等省大面积种植, 比当地推广品种增产 8% 左右(孙兰珍, 1994, 山东农业科学, (4): 6-8); 中国农业科学院选育的抗旱和耐盐品种轮抗 6、轮抗 7、轮选 987 等, 山东农科院选育的济核 2 号等(隋新霞和孙兰珍, 2001; 杨丽等, 2004, 中国种业, 12: 51), 均在当地的小麦生产中做出了重大的贡献, 创造了巨大的社会效益和经济效益。本单位利用太谷核不育小麦创制了多份抗条锈、优质、具有高产潜力的中间材料。川 6415 就是利用太谷核不育小麦, 通过轮回选择创制出的优异中间材料, 已直接或间接育成小麦新品种 11 个。其中, 育成品种川麦 42 在 2010 年四川丘陵麦区的江油县创造了 700 kg 的西南麦区最高纪录。太谷核不育小麦衍生系川 6415 具有高产潜力, 是小麦高产育种的重要基因资源, 其 2B 上与穗数/m² 相关的染色体区段, 可通过杂交转育到我国主推品种中, 为进一步小麦高产育种奠定材料基础。

3 材料与方法

3.1 材料

供试材料共 11 份: 包括川 6415 及其 6 个衍生

系川麦 42、川麦 56、川麦 58、31 区、R104 和 R125 (系谱见表 4), 以及亲本川农 16、间 3、SW3243 和 Syn769。川 6415 是四川省农业科学院作物研究所利用太谷核不育小麦选育出的优异种质资源, 6 个衍生系和亲本间 3 都由四川省农业科学院作物研究所提供; SW3243 是四川省农业科学院作物研究所培育出的小麦核心种质资源; Syn769 是四川省农业科学院作物研究所从国际玉米小麦中心引进的人工合成六倍体小麦; 川农 16 由四川农业大学提供。

表 4 6 个川 6415 衍生品种(系)系谱

Table 4 The pedigree of 6 derivatives from Chuan6415

品种(系)	系谱
Variety (line)	Pedigree
川麦 42	Syn769/SW3243//川 6415
Chuanmai42	Syn769/SW3243//Chuan6415
川麦 56	川麦 42/SW3243
Chuanmai56	Chuanmai42/ SW3243
川麦 58	川麦 42/间 3//川麦 42
Chuanmai58	Chuanmai42/Jian 3//Chuanmai42
31 区	川麦 42/间 3
31Qu	Chuanmai42/Jian3
R104	川麦 42/川农 16
	Chuanmai42/Chuannong16
R125	川麦 42/川农 16
	Chuanmai42/Chuannong16

3.2 DNA 提取和分子标记扫描

取供试材料的幼嫩叶片, 按照 CTAB 法分别提取 11 份材料基因组总 DNA。选用覆盖小麦 21 条染色体的 617 个 SSR 引物(Roder et al., 1998; Pestsova et al., 2000; Somers et al., 2004; Song et al., 2005)检测川 6415 衍生系及其亲本的多态性, 分析川 6415 在其一代、二代衍生品种(系)中的遗传。

PCR 扩增和电泳根据李俊等(2011; 2012)的方法。PCR 反应体积 15 μL, 包括 1×Buffer (100 mmol/L Tris-HCl, Ph 8.3, 1.5 mmol/L MgCl₂) 1.5 μL, dNTPs 200 μmol/L, 引物 50~10 ng, DNA 聚合酶 1 U, 模板 DNA 50~100 ng。PCR 扩增程序: 94℃ 预变性 5 min; 94℃ 变性 1 min, 根据不同引物选取 50℃、55℃ 或 60℃ 的温度退火 1 min, 72℃ 延伸 1 min, 共 35 个循环; 72℃ 最后延伸 8 min。在 PTC-200 PCR 仪中进行 PCR 扩增, SSR 引物由大连 TaKaRa 公司合成。用 6% 聚丙烯酰胺凝胶和 1×TBE 电泳缓冲液电泳, 检

测扩增产物, 400 V 电压电泳 40 min, 硝酸银染色, 显影后照相保存。

3.3 数据处理

根据 PCR 扩增结果, 除去亲本间无差异的、缺失的、效果不好的引物, 计算各衍生品种(系)中川 6415 特异 SSR 位点的频率。川 6415 的遗传物质的频率为检测到川 6415 等位变异的位点数与川 6415 特异位点总数的百分比。

作者贡献

李俊是本研究的实验设计和实验研究的执行人, 完成数据收集和分析, 论文初稿的写作; 王琴和魏会廷参与实验设计和试验结果分析; 胡晓蓉参与田间杂交与数据收集; 蒲宗君参与试验结果分析与论文修改; 杨武云是项目的构思者及负责人, 指导实验设计, 数据分析, 论文写作与修改。全体作者都阅读并同意最终的文本。

致谢

本研究由国家重点基础研究发展计划(2011CB100100)、现代农业产业技术体系建设专项资金(CARS-3-2-41)、863 计划(2011AA10A106)、西南冬麦区小麦新品种培育与扩繁(2011BAD35B03-4)、四川省育种攻关项目、四川省国际合作项目(2010HH0052, 2011HH0026)、四川省财政教育种优秀论文项目和四川省财政教育种青年基金项目共同资助。

参考文献

Chen X.Z., Zhang Q.L., and Zhang L.X., 2000, Production of new wheat germplasm using Taigu nuclear sterile gene, *Shandong Nongye Kexue (Shandong Agricultural Sciences)*, 3: 8-10 (陈香芝, 张其鲁, 张连晓, 2000, 利用太谷核不育基因创造小麦新种质的研究, *山东农业科学*, 3: 8-10)

Han J., Zhang L.S., Li J.T., Shi L.J., Xie C.J., You M.S., Yang Z.M., Liu G.T., Sun Q.X., and Liu Z.Y., 2009, Molecular dissection of core parental cross "Triumph/Yanda1817" and its derivatives in wheat breeding program, *Zuowu Xuebao (Acta Agronomica Sinica)*, 35(8): 1395-1404 (韩俊, 张连松, 李静婷, 石丽娟, 解超杰, 尤明山, 杨作民, 刘广田, 孙其信, 刘志勇, 2009, 小麦骨干亲本“胜利麦/燕大1817”杂交组合后代衍生品种遗传构成解析, *作物学报*, 35(8): 1395-1404)

Li J., Wang Q., Wei H.T., Hu X.R., and Yang W.Y., 2012, SSR mapping locus conferring on the triple-spikelet trait of the Tibetan triple-spikelet wheat (*Triticum aestivum* L. conv. *tripletum*), *Fenzi Zhiwu Yuzhong (Molecular Plant Breeding)*, 10(1): 80-85 (李俊, 王琴, 魏会廷, 胡晓蓉, 杨武云, 2012, 西藏三联小穗小麦中三联小穗性状控制基因的SSR分子标记定位, *分子植物育种*, 10(1): 80-85)

Li J., Wei H.T., Hu X.R., Li C.S., Tang Y.L., Liu D.C., and Yang W.Y., 2011, Identification of a high-yield introgression locus from synthetic hexaploid wheat in Chuanmai42, *Zuowu Xuebao (Acta Agronomica Sinica)*, 37(2): 255-262 (李俊, 魏会廷, 胡晓蓉, 李朝苏, 汤永禄, 刘登才, 杨武云, 2011, 川麦42中源于人工合成小麦的一个高产位点鉴定, *作物学报*, 37(2): 255-262)

Li X.J., Xu X., Liu W.H., Li X.Q., and Li L.H., 2009, Genetic diversity of the founder parent Orofen and its progenies revealed by SSR markers, *Zhongguo Nongye Kexue (Scientia Agricultura Sinica)*, 42(10): 3397-3404 (李小军, 徐鑫, 刘伟华, 李秀全, 李立会, 2009, 利用SSR标记探讨骨干亲本欧柔在衍生品种的遗传, *中国农业科学*, 42(10): 3397-3404)

Pestsova E., Ganal M.W., and Roder M.S., 2000, Isolation and mapping of microsatellite markers specific for the D genome of bread wheat, *Genome*, 43(4): 689-697 <http://dx.doi.org/10.1139/g00-042> PMID:10984182

Roder M.S., Korzun V., Wendehake K., Plaschke J., Tixier M.H., Leroy P., and Ganal M.W., 1998, A microsatellite map of wheat, *Genetics*, 149(4): 2007-2023

Shen J.M., Fan L., Deng J.Y., and Zhang Y.Z., 1991, A preliminary study on marking blue grain character on Tai-gu dominant male sterile wheat, *Zuowu Xuebao (Acta Agronomica Sinica)*, 17(5): 387-391 (沈季孟, 樊路, 邓景扬, 张云芝, 1991, 太谷核不育小麦籽粒标记蓝色性状的初步研究, *作物学报*, 17(5): 387-391)

Somers D.J., Isaac P., and Edwards K., 2004, A high-density microsatellite consensus map for bread wheat (*Triticum aestivum* L.), *Theor. Appl. Genet.*, 109(6): 1105-1114 <http://dx.doi.org/10.1007/s00122-004-1740-7> PMID:15490101

Song Q.J., Shi J.R., Singh S., Fickus E.W., Costa J.M., Lewis J., Gill B.S., Ward R., and Cregan P.B., 2005, Development and mapping of microsatellite (SSR) marker in wheat, *Theor. Appl. Genet.*, 110(3): 550-560 <http://dx.doi.org/10.1007/s00122-004-1871-x> PMID:15655666

Sui X.X., and Sun L.Z., 2001, Studies and utilizations of Taigu male-sterile wheat, *Shandong Nongye Daxue Xuebao (Journal of Shandong Agricultural University)*, 32(2): 239-244 (隋新霞, 孙兰珍, 2001, 太谷核不育小麦的研究和利用, *山东农业大学学报*, 32(2): 239-244)

Tang Y.L., Li J., Wu Y.Q., Wei H.T., Li C.S., Yang W.Y., and Chen F., 2011, Identification of QTLs for yield-related traits in the recombinant inbred line population derived from the cross between a synthetic hexaploid wheat-derived variety Chuanmai42 and a Chinese elite variety Chuannong16, *Agricultural Sciences in China*, 10(11): 1665-1680 [http://dx.doi.org/10.1016/S1671-2927\(11\)60165-X](http://dx.doi.org/10.1016/S1671-2927(11)60165-X)

Tang Y.L., 2008, Study on the potential of synthetic hexaploid

- wheat (SHWs) and SHW-derived wheat variety for quality and yield-related traits improvement, Dissertation for Ph.D., College of Life Science, Sichuan University, Supervisor: Chen F., pp.56-76 (汤永禄, 2008, 人工合成六倍体小麦(SHWs)及其衍生品种的应用潜力研究, 博士学位论文, 四川大学生命科学院, 导师: 陈放, pp.56-76)
- Tian N., and Liu Z.Q., 2001, Development of dominant nuclear male-sterile lines with a blue seed marker in durum and common wheat, *Plant Breeding*, 120(1): 79-81 <http://dx.doi.org/10.1046/j.1439-0523.2001.00548.x>
- Zhang S.N., Ye D.S., Zhang Q.Y., and Yu J.H., 1995, Improvement of resistance to headblight of wheat by recurrent selections with Taigu nucleus sterile line, *Fujian Nongye Xuebao (Journal of Fujian Agriculture)*, 10(2): 1-4 (张绍南, 叶定生, 张秋英, 余建华, 1995, 采用太谷核不育小麦轮回选择法提高小麦品种抗赤霉病性的研究, *福建农业学报*, 10(2): 1-4)
- Zhang P.Z., Dreisigacker S., Melchinger A.E., Reif J.C., MujeebKazi A., Van Ginkel M., Hoisington D., and Warburton M.L., 2005, Quantifying novel sequence variation and selective advantage in synthetic hexaploid wheats and their backcrossderived lines using SSR markers, *Molecular Breeding*, 15: 1-10 <http://dx.doi.org/10.1007/s11032-004-1167-5>