

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2011.00202



中国小麦育种进展与展望

何中虎^{1,2} 夏先春¹ 陈新民¹ 庄巧生¹

¹ 中国农业科学院作物科学研究所/国家小麦改良中心/国家农作物基因资源与基因改良重大科学工程, 北京 100081; ² CIMMYT 中国办事处, 北京 100081

摘要: 近 10 年我国小麦育种研究在 3 个方面取得新进展: 育成一批高产优质多抗新品种, 周 8425B、鲁麦 14 和普通小麦-簇毛麦 6VS/6AL 易位系在全国小麦育种中发挥了重要作用, 育种技术研究也取得重要进展。但育种工作也存在 4 个主要问题。从育种角度评述分子标记辅助育种中连锁标记和功能标记的研究现状和存在的主要问题, 并提出今后的重点领域。概括小麦品质研究中与育种密切相关的实用技术和方法, 即面包、面条和饼干品质育种中的品质评价方法和选择指标, 建议今后加强 5 个方面的工作。对未来小麦育种中的 4 个重要问题做了分析, 提出国内进一步加强高产潜力研究的初步设想, 建议加大持久抗性的研究力度, 重视抗旱、抗热及适应性等与气候变化相关性状的研究, 还分析了种业商业化等问题。

关键词: 育种; 分子标记; 产量潜力; 加工品质; 抗病性; 普通小麦

Progress of Wheat Breeding in China and the Future Perspective

HE Zhong-Hu^{1,2}, XIA Xian-Chun¹, CHEN Xin-Min¹, and ZHUANG Qiao-Sheng¹

¹ Institute of Crop Sciences / National Wheat Improvement Center / National Key Facility for Crop Gene Resources and Genetic Improvement, Chinese Academy of Agricultural Sciences (CAAS), Beijing 100081, China; ² CIMMYT-China Office, c/o CAAS, Beijing 100081, China

Abstract: During the last ten years, Chinese wheat breeding has mainly made progresses in three aspects, i.e., (1) two sets of cultivars with high yielding potential, improved quality, and multi-resistance to various diseases were developed and extended; (2) three elite parents, viz. Zhou 8425B, Lumai 14, and 6VS/6AL translocation line played a leading role in cultivar development; and (3) a significant progress has been achieved in breeding methodology and applied research. Main constrains on wheat breeding were also summarized. The development and utilization of molecular markers such as SSR marker and functional marker, was reviewed from breeding point of view, and the priority areas for the next five to ten years were proposed. It summarized the progress of wheat quality study which is closely associated with cultivar development, including laboratory evaluation methods and selection criteria for pan bread, cookie, Chinese noodles and steamed bread. China's strategies for wheat breeding were analyzed in four areas: (1) a draft points on improving Chinese wheat yield potential; (2) utilization of durable resistance for cultivar development; (3) more efforts on water use efficiency, tolerance to high temperature and traits associated with broad adaptation due to the serious impact of climate change; and (4) increased investment in breeding and seed marketing from private sector.

Keywords: Breeding; Molecular marker; Yield potential; Processing quality; Disease resistance; Common wheat

1950 年以来, 我国小麦育种大致经历了抗病稳产、矮化高产和高产优质并进三个阶段, 以第一阶段时间最长。我国最重要的小麦产区黄淮麦区, 1950 年开始大面积推广抗条锈品种碧蚂 1 号和碧蚂 4 号等, 1956 年引进的阿夫和阿勃也得到大面积种植, 1970 和 1971 年育成了半矮秆品种泰山 4 号和矮丰 3 号, 1980—2000 年前主要推广 1B/1R 衍生品种如陕农 7859 和豫麦 21 等, 近 10 年优质高产兼顾品种如

济南 17 和豫麦 34 等大面积种植^[1]。在远缘杂交和骨干亲本创制方面也取得显著进展, 如用长穗偃麦草后代育成的高产多抗优质广适型品种小偃 6 号, 在陕西关中等地大面积推广 20 多年, 并已成为我国优质小麦的骨干亲本之一; 育成的骨干亲本“繁六”和“矮孟牛”等在育种中发挥了重要作用, 发现的太谷核不育基因在育种中也发挥了较好作用。

1960—2000 年, 黄淮冬麦区的河北、山东和河

本研究由引进国际先进农业科学技术计划(948 计划)重大国际合作项目(2006-G2), 现代农业产业技术体系专项资金和国家高新技术发展计划(863 计划)项目(2006AA100102)资助。

第一作者联系方式: E-mail: zhhecaas@163.com, Tel: 010-82108547

Received(收稿日期): 2010-05-05; Accepted(接受日期): 2010-12-14.

南小麦品种产量潜力的年遗传进度为 $0.48\% \sim 1.05\%$ 或 $32.1 \sim 72.1 \text{ kg hm}^{-2}$ 。矮秆基因和1B/1R易位系的利用使株高降低、收获指数提高、穗粒重增加,这是品种产量潜力提高的主要原因^[2]。这说明我国小麦育种在产量改良方面取得了举世瞩目的成绩。但同时还应看到,国内外广泛采用的常规育种技术改进不大,效率较低,亟待提升完善。分子标记辅助选择等新技术代表了未来小麦育种的发展方向,在发达国家应用日益广泛^[3],而且还为未来育种技术革新提供了许多重要信息和知识,推动了品质和抗病性等研究的不断深入。本文旨在初步总结近10年国内小麦育种的主要进展,评述分子标记辅助育种的进展与存在问题,概括小麦品质研究中与育种密切相关的实用技术和方法的新进展,并在分析当前国内小麦育种的一些热点问题的基础上提出今后应着重加强的领域。暂不涉及可能具有重要潜在价值,但目前还不能用于育种实践的基础性研究问题。

1 育种主要进展

从1998—2008年,我国小麦面积从3 000万公顷下降到2 350万公顷,单产从 3685 kg hm^{-2} 提高到 4762 kg hm^{-2} ,总产从1.10亿吨增长到1.12亿吨。10年小麦单产增长29.2%,而同期水稻和玉米分别增长5.5%和3.1%,其中新品种选育和栽培技术进步在增产中发挥了重要作用^[4]。1981—2008年河南省小麦品种产量潜力年遗传进度为0.60%或 51.3 kg hm^{-2} ,1971—2006年山东省小麦品种产量潜力年遗传进度为0.92%或 66.6 kg hm^{-2} (本实验室未发表资料)。这说明由于育种家的不断努力,主产区的小麦品种产量潜力还在继续提高,常规育种仍然发挥着重要作用。2000年以来,我国小麦育种取得的新进展主要表现在3个方面。一是主产麦区育成一批高产、优质、多抗、广适的新品种,实现了两次品种更新换代,单产显著增加,一批强筋小麦品种的大面积推广使商品粮的整体加工品质明显改善,还实现优质小麦的小批量出口。根据种植面积,代表性品种有石4185、邯6172、衡观35、石麦15、石家庄8号(河北)、济南17、济麦19、济麦20、济麦22、烟农19(山东)、郑麦9023、豫麦34、新麦18、周麦18、矮抗58(河南)、皖麦52(安徽)、小偃22、西农979(陕西)、晋麦47(山西)、扬麦11、扬麦12、扬麦13(江苏)、川麦107(四川)、新冬20(新疆)和龙麦26(黑龙江)。总体来说,大面积推广品种的产

量潜力和加工品质显著提高,而最突出的特点是对多种病害表现较好的抗性,抗逆性强,适应性广。二是矮秆高产抗病亲本周8425B及高产广适品种鲁麦14在全国小麦育种中发挥了重要作用,成为新的骨干亲本;具远缘血统的抗病亲本普通小麦-簇毛麦6VS/6AL易位系(如92R137等)和人工合成小麦在抗病育种中广泛应用。周8425B矮秆高产配合力好,含有新的抗条锈病基因 $YrZH84$ 和抗叶锈病基因 $LrZH84$ ^[5-6],抗白粉病,用做亲本育成22个品种如河南省的主栽品种矮抗58和周麦16。鲁麦14既是好品种,又是好亲本,用做亲本育成11个品种如山东省的主栽品种济麦22和良星99等。6VS/6AL易位系抗白粉病和条锈病,农艺性状较好^[7-8],用做亲本育成15个品种如石麦14和扬麦18等;用人工合成小麦育成的川麦42和川麦47等高产抗病,已在西南地区大面积推广^[9]。三是育种技术研究取得重要进展。分子标记辅助育种技术开始用于抗病性品种培育^[10],用小麦与玉米杂交诱导单倍体育成了高产节水品种中麦533;小麦品质评价体系建立和分子技术研究取得较大进展^[11];在太谷核不育的基础上,把不育和矮秆两个基因紧密连锁在一起的“矮败小麦”正在育种中应用^[12];冬小麦一年多代加代技术和两系杂交小麦也取得较好进展^[13];另外,将中间偃麦草的抗黄矮病基因和冰草的多粒基因导入小麦并已在新品种选育中发挥作用,磷高效等研究为培育营养高效和广适性品种提供了有效方法。

但是育种中还存在一些较为突出的问题。总的来说,组织形式落后,育种单位多,规模小,缺乏有效协作,材料和信息交流不畅,影响工作质量和效率。具体来讲,一是主产区所用亲本趋于单一。山东省以改造济麦19和济麦22为主,河北省以改造冀5418和邯6172为主,河南省多为周麦16的后代,亲本单一导致新品种的遗传相似性增加,今后育成突破性品种的难度加大。二是抗病育种还需进一步加强。根据我们2010年在四川省的观察,人工合成小麦后代如川麦42所带新的抗条锈病基因 $YrCH42$ ^[14]已丧失对条锈病的抗性;6VS/6AL易位系和贵农号品系所携带的 $Yr24/Yr26$ 在四川等地比例很高,这是一个全生育期抗性的主基因,已开始感病,应引起高度重视(康振生,个人交流)。过去我们曾认为 $YrCH42$ 与 $Yr24/Yr26$ 可能是同一基因^[14],2010年四川省的观察结果并不支持这一推断。2009年河南等地不少品种出现白粉病抗性丧失现象,原因尚不清楚。另外,

吸浆虫危害在河北南部和北部冬麦区有蔓延趋势; 生产上缺乏高抗纹枯病的品种, 全蚀病日益严重但普通小麦缺乏抗源, 有关研究(包括育种家急需的可靠的抗病性鉴定技术等)亟待加强。三是新技术应用慢, 可用的标记数量少, 有关产量和抗病性的功能标记更少, 分子标记发掘与主流育种项目结合不够紧密, 缺乏为育种服务的分子技术平台, 育种家对分子标记研究的进展也不够了解, 标记选择尚未真正起到辅助新品种培育的作用(见本文第二部分)。四是品种审定还需进一步规范化。近几年审定的品种数量较“十五”期间有所减少, 但仍然偏多, 可以更严格些, 因为审定品种过多对良种推广不利, 品种寿命也明显缩短; 同时在审定品种中对品质和抗病性的把握不切合实际, 影响一些确有潜力的品种通过审定。

今后我国小麦育种面临更严峻的挑战, 既要继续提高单产又要改善品质, 还要提高水肥利用率。建议进一步加强品种高产潜力研究; 日益明显的气候变化对小麦适应性提出新的要求, 应重视抗旱、抗热等性状和冬麦北移的研究; 以及进一步推动分子标记辅助选择、转基因、双单倍体和远源杂交等技术的实用化研究, 实现育种技术革新。

2 分子标记发掘与应用

分子标记辅助选择用于作物育种的研究已有 20 多年历史, 目前虽已在发达国家的育种中发挥了较重要的作用, 但总体来说与育种家的期望尚有较大差距, Xu 和 Crouch^[15]曾对其原因和对策做了深入分析。分子标记的成功应用与标记的种类和质量、使用成本、相关信息的处理和分析、标记与双单倍体等技术的结合、育种目标的复杂性等息息相关, 也和育种家对标记的认识程度有关。近几年国外有关小麦分子育种的综述也较多^[16-20], Gupta 等^[3]对小麦分子标记的应用现状和前景做了较详细的评述。

小麦育种中常用的分子标记包括连锁标记(SSR 等)和依据基因序列开发的功能标记(STS 等)两大类, SNP 和 DArT 目前还仅限于有关研究, 全基因组选择也处在研究阶段, 分子设计育种则是对未来育种工作的愿景设想, 要付之实践尚需相当长的时间。数量性状位点(QTL)定位可提供位点数目、在染色体上的位置及效应大小等重要信息, 若将被定位亲本用于杂交, 可用标记对后代进行跟踪选择。由于小麦基因组很大, 对数量性状来说, 要获得紧密连锁

的标记不容易。从理论上讲, 如目标基因两侧都有标记, 连锁距离 2~5 cM 即可应用; 如仅基因一侧有标记则连锁距离应小于 2 cM。对主效基因来说, 获得紧密连锁(小于 2 cM)的标记并不太难。定位的准确性与群体大小、表型数据的质量或可靠性及连锁图的质量(标记的数量与分布)等密切相关。连锁标记不能用于检测其他亲本(尽管国内外也有一些不恰当的应用报道), 因此育种应用价值受到限制。有时由于定位所用亲本的农艺性状太差, 导致育种家不愿利用定位亲本进行品种选育, 只能用于种质创新。正是基于上述原因, 有关 QTL 定位或连锁标记的论文很多, 但育种实际应用的例子屈指可数^[15], 据作者所知, 在小麦中真正用于育种的只有 3B 染色体上抗赤霉病的连锁标记^[21]。与小麦类似, 连锁标记在其它作物育种中的应用实例也很少^[15]。尽管如此, 由于 QTL 定位能提供目标性状的位点数目、在染色体上的位置及其效应大小等重要信息, 它又是基因克隆的前提, 因此重要性状的定位仍是各国的研究重点。近几年国内定位的重要性状基因/QTL 有抗赤霉病^[22-25]、抗或慢白粉病^[26-42]、抗或慢条锈病^[8,43-45], 还有品质性状^[46-48]和农艺性状^[49-54]等, 其中多酚氧化酶活性和黄色素含量的定位为后续的基因克隆和功能标记发掘奠定了基础。

功能标记或称基因标记, 是育种应用的理想标记, 也是目前及未来的研究重点^[20]。从理论上讲, 功能标记经验证优化后可用于所有育种材料的检测。它的发掘是以被克隆的基因序列为前提, 并需建立位点/标记与性状的关系。由于水稻和玉米等的基因序列可用于小麦功能标记的发掘, 因此表型数据短缺是发掘功能标记的主要限制因素。即便是功能标记, 也需要进行验证, 有时也会出现例外。例如用 *Yr18/Lr34/Pm38* 的功能标记检测我国小麦农家品种时, 85% 的品种含有该基因特异性扩增片段^[55], 但 25.8% 品种的田间病害反应与预期的不一致(本实验室资料, 2009), 说明我国农家品种在该基因位点含有新的等位变异。国际公立农业研究机构成功应用于小麦育种的分子标记约 60 个, 多为功能标记, 少数为紧密连锁的标记, 所涉及的性状多为简单遗传的性状如抗锈病、抗线虫、抗吸浆虫及加工品质等, 已先后育成 20 个品种^[3]。从 2005 年开始, 本实验室着手发掘实用型功能标记, 同时对国内外发表的重要标记进行验证优化, 在高分子量麦谷蛋白亚基和低分子量麦谷蛋白亚基、多酚氧化酶活性、黄色素

含量、抗穗发芽的功能标记发掘与应用方面取得较好进展, 还建立了多重PCR反应体系。表1为本实验室验证后的小麦功能标记一览表, 其中8个为紧密连锁的SSR标记。我们与国内有关育种单位合作, 已将这些标记广泛用于亲本鉴定和高世代材料的基因确认, 还用于分离世代抗病性和品质性状的选择, 取得了一定进展; 明确了主要品质性状、矮秆、春化和光周期等40多个基因在中国小麦中的分布规律。

国内分子育种主要存在3个问题, 一是可用的基因标记数量少, 有关产量和抗性的标记更少; 二是分子标记开发与主流育种项目结合不够紧密, 缺少为育种服务的分子技术平台; 三是育种家对分子标记的进展还不完全了解, 因此培训显得尤为重要。为了积累更多经验, 尽早将已有成熟标记用于育种, 建议用标记聚合抗条锈病或白粉病或抗吸浆虫的主效基因, 也可聚合抗条锈或白粉病或赤霉病的微效

表1 中国农业科学院作物科学研究所品质育种实验室现有小麦基因标记一览表

Table 1 Molecular markers available at wheat quality laboratory, Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences

基因 Gene	性状 Trait	标记类型 Marker type	文献 Reference
<i>Glu-A3</i>	低分子量亚基 Low molecular weight glutenin subunits	STS	Wang et al. ^[56]
<i>Glu-B3</i>	低分子量亚基 Low molecular weight glutenin subunits	STS	Wang et al. ^[57]
1, null, 2 [*] , 17+18, 7	高分子量亚基 High molecular weight glutenin subunits	STS	Ma et al. ^[58]
8, 9, 14+15, 13+16	高分子量亚基 High molecular weight glutenin subunits	STS	Lei et al. ^[59]
7 ^{OE}	高分子量亚基 High molecular weight glutenin subunit	STS	Ragupathy et al. ^[60]
20	高分子量亚基 High molecular weight glutenin subunit	STS	Lei et al. ^[59]
5	高分子量亚基 High molecular weight glutenin subunit	STS	D'Ovidio and Anderson ^[61]
2, 10, 12	高分子量亚基 High molecular weight glutenin subunits	STS	Ahmad ^[62]
Wx-A1, B1, D1	淀粉品质 Starch quality	STS	Nakamura et al. ^[63]
<i>Ppo-A1, D1</i>	多酚氧化酶活性 Polyphenol oxidase activity	STS	Sun et al. ^[64] , He et al. ^[65]
<i>Psy-A1, B1, D1</i>	黄色素含量 Yellow pigment	STS	He et al. ^[66-67]
<i>Pinb-D1b</i>	籽粒硬度 Grain hardness	STS	Giroux and Morris ^[68]
<i>Vp-1B</i>	穗发芽 Resistance to pre-harvest sprouting	STS	Yang et al. ^[69] , Chang et al. ^[70]
1B/1R	1B/1R 易位 1B/1R translocation	STS, STS	Chai et al. ^[71] , Francis et al. ^[72]
<i>Rht8</i>	株高 Plant height	SSR	Worland et al. ^[73]
<i>Rht1, Rht2</i>	株高 Plant height	STS	Ellis et al. ^[74]
<i>Ppd-D1</i>	光周期 Photoperiod response	STS	Beales et al. ^[75]
<i>Vrn-A1</i>	春化 Vernalization	STS	Yan et al. ^[76]
<i>Vrn-B1 和 Vrn-D1</i>	春化 Vernalization	STS	Fu et al. ^[77]
<i>Vrn-D4</i>	春化 Vernalization	STS	Yoshida et al. ^[78]
<i>Lr19</i>	7AG/7DL 易位系 7AG/7DL translocation	STS	Prins et al. ^[79]
<i>Yr18/Lr34/Pm38</i>	兼抗性基因 Resistance to multi-diseases	STS	Lagudah et al. ^[80]
<i>Yr5</i>	抗条锈病 Resistance to yellow rust	RGA	Yan et al. ^[81]
<i>Yr26</i>	抗条锈病 Resistance to yellow rust	RGA	Wen et al. ^[14]
<i>YrZH84</i>	抗条锈病 Resistance to yellow rust	SSR	Li et al. ^[8]
<i>Sr31</i>	抗秆锈病 Resistance to stem rust	STS	Mago et al. ^[82]
<i>Sr25/Lr19</i>	抗秆锈病/叶锈 Resistance to stem/leaf rusts	STS	Prins et al. ^[79]
<i>Sr2</i>	抗秆锈病 Resistance to stem rust	SSR	Spielmeyer et al. ^[83]
<i>Pm16</i>	抗白粉病 Resistance to powdery mildew	SSR	Chen et al. ^[27]
<i>Pm12, Pm21</i>	抗白粉病 Resistance to powdery mildew	SSR	Song et al. ^[38]
<i>Pm40</i>	抗白粉病 Resistance to powdery mildew	SSR	Luo et al. ^[36]
<i>Pm41</i>	抗白粉病 Resistance to powdery mildew	SSR, STS	Li et al. ^[34]
<i>Pm42</i>	抗白粉病 Resistance to powdery mildew	SSR, STS	Hua et al. ^[30]
<i>Pm43</i>	抗白粉病 Resistance to powdery mildew	SSR	He et al. ^[29]

基因,以延长品种抗性;还可将标记用于改良品质和抗穗发芽能力等。国外将标记选择与双单倍体技术相结合,已在育种中取得良好效果。随着小麦基因组测序的完成和其它相关技术的进展,将大大加速功能标记的发掘进程,在既有科学分工又能紧密协作的条件下,预计国内今后5~10年内分子标记将大规模用于新品种选育。

3 品质研究进展

在我国小麦品质研究的起步阶段即2000年之前,中国农业大学等做了大量工作。近几年,山东农业大学、西北农业大学和中国科学院遗传与发育研究所等单位也加大了品质研究的力度。我们和首都师范大学经过10多年合作,建立了中国小麦品种品质评价体系与分子改良技术,为我国小麦品质研究走上规范化打下了基础,并在国际学术界占有重要一席之地,详细内容曾做过专门论述^[11]。结合近几年的最新进展,本文只对与育种密切相关的部分予以概括。

3.1 小麦品种品质评价体系

采用表型分析、生化标记和基因标记鉴定相结合的方法,建立了中国小麦品种品质评价体系,包括磨粉品质评价、加工品质间接评价和4种主要食品(面条、馒头、面包和饼干)实验室评价与选择指标3大部分。建立了中国面条的标准化实验室制作与评价方法和选种指标与分子标记体系,在基因层次阐释面条品质的内涵,使传统食品的品质育种有规可循;明确了面包与饼干的选择指标,对北方馒头也做一些初步研究。

3.1.1 面包烘烤品质选择指标 面筋强度参数如沉降值和稳定时间等与面包评分呈显著正相关($r=0.77\sim0.85$),是影响面包品质的最重要因素,其次为蛋白质数量和籽粒硬度^[84]。低分子量谷蛋白亚基含量可解释面筋强度变异的83.3%,面团延展性由醇溶蛋白含量($r=0.73$)和高低分子量谷蛋白亚基含量的比例($r=-0.60$)共同决定^[85],不溶性谷蛋白聚合体含量(%UPP)可有效预测面筋质量和烘烤品质^[86]。提高谷蛋白含量,降低醇溶蛋白与谷蛋白含量比例,可有效改良面筋强度,提高面包烘烤品质。筛选优良的高低分子量谷蛋白亚基(1, 7+8或14+15或13+16, 5+10, Glu-A3d和Glu-B3d)是提高面筋强度和面包品质的关键,选择硬度基因Pinb-D1b和非1B/1R易位类型是培育优质面包小麦品种的重要前

提^[87]。

3.1.2 中国面条评价方法与选择指标 提出实验室制作面条的最适配方(60%出粉率,35%加水量,1%盐)^[88],建立了实验室标准化面条制作与评价方法^[89],将质构仪(与面条适口性相关系数 $r=0.70$)和色度仪(与面条颜色相关系数 $r=0.73$)用于面条品质评价^[90]。面条品质由面筋质量、淀粉品质、面粉色泽和蛋白质数量等因素共同决定,对中国面条而言,品质性状的重要性排序为面筋强度>淀粉糊化特性>面粉颜色>籽粒硬度>蛋白质数量^[84,91-94]。优质面条品种应含低分子量亚基Glu-A3d和Glu-B3d^[88],使面条咬劲适中;高淀粉糊化特性要求含Wx-B1缺失基因,使面条软硬适中^[95];籽粒硬度基因型应为野生型或Pinb-D1b^[96],Pinb/Pinb的STS标记可用于辅助选择,使面条表面光滑;STS标记PPO18、PPO16、PPO29和YP7A、YP7A-2、YP7B-1、YP7B-2、YP7B-3、YP7B-4可分别作为低多酚氧化酶活性和低黄色素含量的标记^[64-67],使颜色亮白。

3.1.3 馒头品质评价方法和选择指标 不同面筋强度的品种在制作北方馒头时,其面粉的适宜加水量差异很大,强、中、弱筋面粉的最适加水量分别为粉质仪吸水率的85%、80%和75%;质构仪压缩张弛性参数与馒头评分呈显著正相关($r=0.72\sim0.94$),可作为馒头品质评价的有效指标^[97],在此基础上提出了新的简化评价指标^[98]。馒头对小麦品种的品质要求与制作工艺有关,机械加工要求中等蛋白质含量、中-强筋且延展性好的品种,中弱筋品种适于制作手工馒头,但面粉白度对两种工艺制作的馒头颜色都有正向效应^[99]。醇溶蛋白和谷蛋白含量的比例与馒头评分呈显著相关($r=0.79$),提高谷蛋白含量、降低醇溶蛋白含量能显著改进馒头品质^[100],而高低分子量亚基的组成则对馒头品质影响较小。与面包、饼干和面条相比,馒头品质研究还处于起步阶段,亟需加强。

3.1.4 饼干烘烤品质选择指标 吹泡仪弹性和水溶剂保持力与饼干品质密切相关,相关系数分别为-0.79和-0.84,可作为饼干品质的筛选指标^[101]。对优质弱筋小麦国家标准提出了具体修改意见,即饼干小麦品种的籽粒硬度SKCS值为20~40,籽粒蛋白质含量10.0%~11.5%,吹泡仪P值40.0 mm、弹性/延伸性(P/L)0.50、能量W75,水、碳酸钠和蔗糖溶剂保持力分别小于53%、66%和87%,饼干直径大于80 mm。在饼干小麦品种改良中,首先考虑籽粒

硬度(软质)、蛋白质含量(<11%、湿基 14%水分)和吸水率较低(<55%), 溶剂保持力简单易测试, 适于进行早代选择, 高世代材料可用吹泡仪评价, 建议不再应用粉质仪的稳定时间等参数, 最终品质优劣要看成品品质。上述结果已得到姚金保等^[102]和江苏省里下河地区农科所的证实(高德荣, 2010 年第六届全国小麦遗传育种学术研讨会报告)。

3.2 分子改良技术

为快速有效改良面筋强度, 我们和首都师范大学合作, 共同创立和改进了贮藏蛋白鉴定技术。低分子量麦谷蛋白亚基的快速准确鉴定是品质改良的难点, 为此建立了可同时鉴定高、低分子量谷蛋白亚基的 SDS-PAGE 改良方法^[103]; 创立高、低分子量谷蛋白亚基生物质谱(MALDI-TOF-MS)快速鉴定技术, 可在 5 min 内精确确定其分子量大小^[104], 但因设备昂贵, 还不能大规模在育种单位应用; 明确了低分子量谷蛋白亚基与基因的对应关系, 发掘并验证了 Glu-A3 和 Glu-B3 的功能标记^[56-57], 为低分子量亚基用于育种提供了简单可靠的技术。尽管对 Glu-D3 的研究取得了较大进展^[105], 但因基因间差异较小, 标记发掘难度大, 不过其对品质的影响相对较小。通过国际合作, 在对 SDS-PAGE 改良方法、双向电泳(2-DE 方法)、生物质谱和 PCR 方法比较的基础上, 建立了低分子量麦谷蛋白亚基的国际命名标准品种(30 个)和分子标记鉴定技术^[106], 有力推动了低分子量麦谷蛋白亚基的应用研究。另外, 中国科学院遗传与发育生物学研究所创制了一套高低分子量亚基和醇溶蛋白缺失体, 将在相关基础研究中发挥重要作用(王道文, 个人交流)。

利用电子克隆技术克隆了高低分子量麦谷蛋白亚基、多酚氧化酶活性和抗穗发芽有关的基因 30 个, 在国际上正式命名 8 个品质基因位点的 35 个等位基因, 发掘并验证了 25 个基因标记(表 1), 并已在国内外应用, 为实现品质性状的分子辅助选择育种迈开了第一步。

3.3 优质品种选育

从 2000 年至今, 我国共育成和推广了两批优质小麦品种。第一批包括中优 9507、济南 17、豫麦 47、豫麦 34、小偃 54、藁城 8901、高优 503 和龙麦 26 等, 均是面包型或面包面条兼用型品种, 其中济南 17、豫麦 34 和龙麦 26 品质优良, 推广面积大, 成为当地的主栽品种。第一批推广的软质小麦品种有皖麦 18、宁麦 9 号和豫麦 50。第二批优质麦包括

济麦 19、济麦 20、郑麦 366、冀师 02-1 和西农 979, 其中济麦 19、济麦 20 和西农 979 年推广面积均超过 67 万公顷。另外, 郑麦 9023 和烟农 19 的加工品质也较好, 推广面积连续几年超过 67 万公顷。优质软麦品种扬麦 13 也大面积种植。由于近几年小麦价格上涨较快, 高产品种更易推广, 导致优质麦面积有所下降。总体来说, 我国优质麦的优质源较单一, 产量和综合农艺性状与普通小麦还有一定差距, 同时加工品质及其稳定性还有待进一步提高。

为了进一步深化我国小麦品质改良工作, 建议加强以下 5 个方面的工作^[107]。第一, 拓宽研究领域, 在继续加强蛋白质、淀粉、硬度、颜色等加工品质性状研究的同时, 重视铁、锌等微量元素及维生素、膳食纤维、抗性淀粉研究, 改善营养品质和保健功能, 加强抗穗发芽和降低黑胚率的研究, 提高商品粮的竞争力。第二, 进一步加强传统食品(如馒头、饺子等)的评价方法和选种指标研究。第三, 重视新技术的应用, 进一步深化 NIR 和 NIT 等快速检测技术的研究; 应用蛋白质组学方法如毛细管电泳、双向电泳、HPLC 及 MALDI-TOF-MS 等技术鉴定和分离新的谷蛋白基因; 应用基因组学技术研究贮藏蛋白、淀粉、硬度等基因的表达及其对面包、馒头和面条的影响与遗传效应; 应用转基因技术改良抗穗发芽能力及加工和营养品质; 通过分子标记技术及转基因与常规育种密切结合, 推动生物技术育种实用化, 提高品质遗传改良效率。第四, 加强品质亲本创新, 聚合不同优质源, 改良各类主要品质性状的水平及其在不同环境条件下的稳定性, 同时结合改良其综合农艺性状, 在短期内尽快提高优质品种的产量潜力, 增强国内外市场的竞争力。第五, 建立国内小麦品质研究协作网, 通过主要育种单位与谷物质量检测机构、质量标准部门及大型面粉企业密切合作, 推广普及现有成熟实用技术, 研究新型品质快速检测技术, 提高制订部门或国家标准的科学性。

4 展望

4.1 提高产量潜力

未来全球对小麦的需求仍将呈大幅度增长趋势, 进一步提高单产是多数国家的研发重点。据预测, 从目前到 2030 年全球的需求量每年增长 1.6%, 而 1982—2008 年的年产量实际增长仅为 1.3%^[108]。到 2050 年发展中国家对小麦的需求将比现在增长 60%, 而气候变化将使发展中国家小麦减产 29%^[109]。为此,

2009年11月CIMMYT成立了国际小麦产量潜力协作网,其研究重点内容包括改进光合作用(主要是提高冠层的光能利用率和二磷酸核酮糖羧化酶(Rubisco)活性),改良适应性、产量和收获指数及抗倒伏性的研究方法,通过育种重组各类主要性状^[110]。总体来说,通过常规选择和新技术来改良生理性状是未来的研究重点,提高产量潜力和缩小实际产量与产量潜力的差距同等重要,而改良各种抗性、提高品种的适应性及改进栽培技术也都是缩小实际产量与产量潜力差距的重点措施^[111-112],还详细分析了利用分子技术突破产量潜力的途径^[113]。

我国缺乏有关小麦需求的官方预测资料。随着人口的增加和消费水平的提高,预计小麦消费量将会继续增加,同时未来作为第二大口粮作物的地位(在北方则为第一大口粮作物)也不会改变。据测算,我国要保障2020年14.5亿人口的粮食安全,小麦产量需在现有基础上增加28%。另外,我国的小麦产量和消费量皆居世界首位,因此国内小麦收成的丰欠对国际市场影响很大。故从国内需求和国际责任来看,我国必须采取各种有效措施保障小麦持续增产。近几年国内粮价明显上涨,除受国际粮价的影响外,也更清楚的表明尽管小麦连年丰收,但现实的粮食安全要比现有统计数字严峻得多,国家近几年连续提高粮食最低收购价和出台各种惠粮政策就是佐证。由于进一步扩大小麦面积的可能性很小,甚至在北部冬麦区和春麦区小麦面积可能还会继续减少,所以首先要稳定面积,但更重要的是进一步提高单产,因此高产更高产仍是我国小麦育种最基本、最重要的目标。就全国而言,重点要抓冬麦,北方以黄淮冬麦区为主,北部冬麦区虽然面积不大,但冬小麦是唯一的越冬作物,具有重要的环保价值。长江中下游和四川盆地则是南方冬麦区的重点。

如前所述,近10年来河南省和山东省小麦品种的产量潜力仍在继续增长,两地的穗粒数都有了显著提高,而河南省的千粒重和穗粒重也明显增加;两地的株高变化都不大,但收获指数却显著提高,骨干亲本的育成对产量潜力提高起到重要作用(本实验室待发表)。由此看来,产量构成因素的改进潜力在不同地区可能有所差异,但通过增加穗粒数和改良株型、增强抗倒伏性和提高收获指数仍能继续提高产量潜力,说明常规育种还有不少潜力可挖,必须大力加强这一工作,品种选育才能有所前进。从长远来看,转基因和杂交小麦也是提高产量的可

能选择。

国内有关小麦产量潜力的生理基础和分子遗传机理研究十分薄弱,远不能满足高产育种的要求。建议加强与国际小麦产量潜力协作网的合作与交流,并在黄淮冬麦区的代表性地点如烟台、石家庄、济南、新乡和周口,组织工作基础较好的育种单位成立协作网,开展以下研究:(1)在上述5个地区各遴选1个综合性状好、群体光能利用率高、产量潜力大的现有推广品种作为原始高产品种进行改良,并将这5个原始高产品种在5个地点进行联合试验,考察其产量表现、抗倒性、抗病性、品质和适应性等,为各点制定改良方案提供参考;(2)对大量国内改良品种和少数适应性好的国外引进高产品种进行研究,筛选高光效基因型;(3)通过与多小穗的近缘种质或其后代杂交回交,选育穗子略长、小穗略多(如增加1~3个)、穗粒数和粒重协调发展的类型,即兼顾穗数的大穗大粒高产类型;(4)研究抗倒伏机制和种质筛选方法,培育强秆抗倒伏种质;(5)开展提高小穗数或增加穗粒数等产量性状的基因定位、基因克隆与功能标记发掘,探讨7DL·7Ag等易位系及人工合成小麦在冬小麦产量改良中的作用,为培育高产品种提供理论方法和材料;(6)将上述各类优异材料与当地高产品种进行杂交回交,培育名实相符的超高产小麦。

4.2 持久抗性研究与应用

锈病和赤霉仍是多数国家的重点病害,但有3个方面值得关注。一是1999年在乌干达发现了一种致病性极强的秆锈菌新小种TTKS,俗称为Ug99。它不仅使来自1B/1R易位系的Sr31基因丧失抗性,还使来自普通小麦的大多数抗秆锈基因及来自外源的Sr38丧失抗性,因而可以侵染世界各地的主要小麦品种,有可能对全球小麦生产带来毁灭性影响^[114],国际上投入大量资金重新重视抗秆锈育种工作。二是就全球而言,条锈病的流行规律发生了较大变化,美国、澳洲、欧洲和中东出现的新小种或新类型毒性更强,据布劳格锈病研究协作网2010年4月报道,Yr27已在中西亚和北非丧失抗性。三是慢锈性利用和基因克隆取得重大进展,CIMMYT已建立了一套行之有效的慢锈性育种方法并已育成一大批品种在生产中应用,澳大利亚和美国的抗条锈育种也已转向慢锈性基因利用;更为可喜的是,已明确Yr18、Lr34和Pm38是同一基因^[115-116],Yr29、Lr46和Pm39是同一基因^[116],Yr46和Lr67也是同一基因^[117],三

者皆能抗多种病害,这为慢病性的利用和培育多抗品种提供了优良的易用基因。已克隆的成株抗性基因有 *Lr34/Yr18/Pm38* 和 *Yr36, Sr2* 和 *Lr46/Yr29/Pm39* 的克隆已取得实质性进展,为利用分子标记聚合慢病性基因提供了可用的标记。

国内近几年出现了条锈病和白粉病的新小种,不少品种可能开始丧失抗性。持久抗性是多数育种家的追求目标,可通过主效抗性基因的累加或慢病性(成株抗性)基因的利用来实现。通过分子辅助选择可有目的地进行基因累加,但其前提是明确亲本中抗病基因的分布及其等位关系,抗病基因精细定位是基础。没有与目的基因紧密连锁的分子标记,很难进行基因累加,因此必须加强抗病基因精细定位这一基础性工作,如能与基因推导相结合,则可大幅度提高工作效率。我们更主张利用慢病性基因来实现持久抗性,对条锈病和白粉病的抗性育种尤其如此。近几年对国内几个条锈病和白粉病的慢病性品种的 QTL 定位和育种利用表明,3~5 个 QTL 有效结合即可育成慢病性品种,这与国外的结论是一致的。建议在国内外的品种中继续发掘新的慢病性基因,同时用已有标记聚合现有慢病性基因,培育多抗品种。其实有了慢病性亲本,只要稍微调整一下选择标准,不再追求高抗免疫,用常规手段也能培育具慢病性的多抗品种。我们正在整理国内外在慢病性方面的文献,拟撰写相关综述,另文报道。

我们已将国内 500 多份主栽品种和品系送到肯尼亚进行抗秆锈病鉴定,筛选出济麦 20 等 15 份中抗到高抗的品种。鉴于 *Ug99* 的巨大潜在危害,在采取严格检疫措施的同时,建议与布劳格国际锈病协作网密切合作,做好技术储备,为防止 *Ug99* 在我国扩散提供科技支撑。经与农业部和植保部门协商,初步考虑以下内容:积极参加国际锈病协作网的相关活动,了解国际最新进展;建立国内秆锈病疫情检测圃,加强小种动态监测,并与国际锈病协作网及时交换信息;将我国主要品种、苗头品系及主要抗源送到肯尼亚进行鉴定,明确现有品种的抗性水平;引入国外已筛选出的 500 多份抗源,在国内对其抗病性和农艺性状进行全面评价;分子标记与常规育种相结合,聚合抗病基因,培育持久抗性品种^[90]。

4.3 应对气候变化

CIMMYT 出版了《2009 年小麦现状与未来》专刊^[108],其中“气候变化对小麦未来的影响”一文对国内有重要参考价值。气候变化对小麦生产的影响

是多方面的,主要表现为温度升高、大气中 CO₂ 浓度增加及降雨量分布的变化,适度的增温(1~3 °C)对中高纬度地区的小麦有一定的增产作用,但进一步提高温度则会导致减产;对热带和亚热带地区,1~2

的微弱增加也会造成减产,但对高纬度的春小麦产区如我国的黑龙江、加拿大和美国的部分地区则会有利,表现为播种期提前,避开后期晚霜霜冻,甚至可能改种冬小麦。大多数半冬性小麦产区的冬性会有所减弱。增加大气 CO₂ 浓度对增产有利,主要是提高了光合作用。从育种的角度来看,气候变化对品种的适应性和病虫害的抗性提出了更高的要求,因此培育耐高温和水分高效品种,尤其是后期耐高温、灌浆快的品种至关重要,人工合成小麦和地方品种可能会对解决这些问题发挥重要作用。CIMMYT 在人工合成小麦的研究与应用方面已取得显著进展^[118],国内的工作也表明,人工合成小麦对提高产量和改善抗逆性确能发挥重要作用^[9](孙连发, 2010 年第六届全国小麦遗传育种学术研讨会报告)。

为了减小气候变化对小麦生产的影响,CIMMYT、美国和澳大利亚等在 20 世纪 90 年代就开展了抗热性研究,而国内的相关研究则较少。中国农业大学在抗热性的基础研究方面取得一定进展,但尚不能用于育种工作。最近,我们与有关单位合作,正在联合开展灌浆期抗热性筛选工作。石家庄农业科学院和河北省农林科学院旱作农业研究所在节水品种选育方面取得较好进展,但对与育种相关的问题研究还很缺乏。为了应对气候变化,初步认为,应注意选育在不同播期、冬春偶发的阶段性高温或倒春寒等条件下皆表现稳定的广适性品种,除了选择广适性亲本进行杂交外,还要加强高代品系的多点鉴定,辅之以抗热或抗旱/寒筛选,国内这方面的研究十分薄弱,亟待加强。

应对气候变化的另一措施是在春麦区改种冬麦,不仅能大幅度提高产量,而且熟期显著提前,有利于安排农业生产。近几年在宁夏和甘肃都已取得较大进展,就是明显的实例。这一工作起始于“九五”期间,受当时气候和品种的制约,未能大面积推广。经过近 20 年的努力,2010 年宁夏引黄灌区冬麦品种宁冬 10 号和宁冬 11 的收获面积已达 34 133 公顷,产量比春小麦高 20%~50%,熟期比春小麦提前 15~20 d,预计 2010 年秋播冬麦达 46 667 公顷,约占当地小麦面积的 40% (袁汉民,个人交流)。甘肃河西地区

的冬麦面积已达 1 万公顷, 主要品种为北京 0045、中麦 175 和宁冬 11, 较春麦增产 10%左右, 熟期提前 15 d, 更重要的是避开了春小麦用水高峰, 便于统筹安排作物生产(杨文雄, 个人交流)。总体来说, 春麦改种冬麦仍处在起步阶段, 首先要明确冬麦的可能适应区域, 其次是选育越冬性强的高产品种。过去 20 多年由于天气变暖, 我国冬麦区的北缘如北京地区选育的部分品种抗寒性有所下降, 建议有关单位加大品种筛选和多点试验力度, 为改种冬麦提供高产稳产的广适性品种。

4.4 种业商业化

小麦是自花授粉作物, 生产应用常规种子, 长期以公立机构育种为主, 只有欧洲例外。近年来由于加强品种保护等因素, 小麦种业私有化步伐显著加快, 澳大利亚的育种已全部商业化, 美国的私立公司育种规模正在迅速扩大, 印度也不例外。近十几年来, 美国的小麦产业竞争力明显滞后于玉米和大豆, 其根本原因是私立公司培育的转基因玉米和大豆品种大面积推广。除了转基因带来的技术进步外, 更重要的是大规模投资带来的其他效应促进了产业发展。因此国际上一直呼吁加大私立公司对小麦研发的投入力度, 其切入点是发展转基因和杂交小麦, 目前正在协商将转基因技术用于杂交小麦的合作方式, 以推动小麦产业发展。

国际知名期刊 *Nature Biotechnology* 于 2009 年 11 月份发表题为转基因小麦曾经发生过的事情一文, 反映了国际转基因小麦的最新发展动态^[119]。为了应对小麦生产所面临的诸多难题, 跨国公司如孟山都公司、贝尔作物科学公司、先正达公司等掀起了转基因小麦研发热潮, 另外澳大利亚联邦科工组织正在进行抗性淀粉转基因小麦的田间试验。由于所需投资很大, 没有私立公司的介入, 转基因小麦研发的难度会很大。由于我国启动了包括小麦在内的转基因重大专项, 加上转基因水稻和玉米的环境释放, 国际学术和产业界对中国转基因小麦研发寄予很大希望。我国在抗旱、抗病和抗穗发芽转基因小麦研究方面已取得较好进展, 但目前转化效率仍然较低, 缺乏大规模转基因平台, 同时目标基因短缺, 这些都将影响我国转基因小麦的研究进程^[120]。

近 10 年来, 国内小麦种业发展迅速, 公司已成为小麦新品种推广的主体, 私立公司投资小麦育种和种子经营的力度正在加大, 这在黄淮冬麦区南片更为突出。以 2009—2010 年度黄淮南片区域试验为

例, 以公司名义参加区试和预试品系的比例分别为 37.5% 和 36.7%, 估计今后还会继续增加。虽然目前公司多、规模小, 带来这样那样的问题, 但明显增加了育种经费的投入, 在品种繁育营销中的主体作用及带来的就业机会等在很大程度上促进了小麦产业的发展。商业育种更看重品种的卖相, 如田间长相好、整齐好看、穗大粒大、抗倒伏等, 但大面积品种数目会减少, 小面积品种数目将会增多。预计今后公司的作用会进一步加强, 公立育种机构与私立公司的合作将进一步密切和扩大, 国外种子公司也很可能介入, 特别是转基因小麦产业化, 我们应有所准备。

致谢: 李振声院士审阅全文, 特致谢意。

References

- [1] Zhuang Q-S(庄巧生). Wheat Improvement and Pedigree Analysis in Chinese Wheat Cultivars (中国小麦品种改良及系谱分析). Beijing: China Agriculture Press, 2003 (in Chinese)
- [2] Zhou Y, He Z H, Sui X X, Xia X C, Zhang X K, Zhang G S. Genetic improvement of grain yield and associated traits in the northern China winter wheat region from 1960 to 2000. *Crop Sci.*, 2007, 47: 245–253
- [3] Gupta P K, Langridge P, Mir R R. Marker-assisted wheat breeding: present status and future possibilities. *Mol Breed.*, 2010, 26: 145–161
- [4] Li Z-S(李振声). Review and perspective of wheat breeding in China. *J Agric Sci Technol* (中国农业科技导报), 2010, 20(2): 1–4 (in Chinese with English abstract)
- [5] Li Z F, Zheng T C, He Z H, Li G Q, Xu S C, Li X P, Yang G Y, Singh R P, Xia X C. Molecular tagging of stripe rust resistance gene *YrZH84* in Chinese wheat line Zhou 8425B. *Theor Appl Genet*, 2006, 112: 1098–1103
- [6] Zhao X L, Zheng T C, Xia X C, He Z H, Liu D Q, Yang W X, Yin G H, and Li Z F. Molecular mapping of leaf rust resistance gene *LrZH84* in Chinese wheat line Zhou 8425B. *Theor Appl Genet*, 2008, 117: 1069–1075
- [7] Chen P D, Qi L L, Zhou B, Zhang S Z, Liu D J. Development and molecular cytogenetic analysis of wheat-Haynaldia 6VS·6AL translocation lines specifying resistance to powdery mildew. *Theor Appl Genet*, 1995, 91: 1125–1128
- [8] Li G P, Chen P D, Zhang S Z, Wang X, He Z H, Zhang Y, Zhao H, Huang H Y, Zhou X C. Effects of the 6VS·6AL translocation on agronomic traits and dough properties of wheat. *Euphytica*, 2007, 155: 305–313
- [9] Yang W Y, Liu D C, Li J, Zhang L Q, Wei H T, Hu X R, Zheng Y L, He Z H, Zou Y C. Synthetic hexaploid wheat and its utilization for wheat genetic improvement in China. *J Genet Genomics*, 2009, 36: 539–546

- [10] Cheng S-H(程顺和), Zhang B-Q(张伯桥), Gao D-R(高德荣). A discussion on strategies in wheat breeding. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2005, 31(7): 932–939 (in Chinese with English abstract)
- [11] He Z-H(何中虎), Yan Y-M(晏月明), Zhuang Q-S(庄巧生), Zhang Y(张艳), Xia X-C(夏先春), Zhang Y(张勇), Wang D-S(王德森), Xia L-Q(夏兰琴), Hu Y-K(胡英考), Cai M-H(蔡民华), Chen X-M(陈新民), Yan J(阎俊), Zhou Y(周阳). Establishment of quality evaluation system and utilization of molecular methods for the improvement of Chinese wheat quality. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2006, 39(6): 1091–1101 (in Chinese with English abstract)
- [12] Liu B-H(刘秉华), Zhai H-Q(翟虎渠), Yang L(杨丽), Wang S-H(王山莊), Liu H-W(刘宏伟), Zhou Y(周阳), Meng F-H(孟凡华), Yang J-P(杨建平), Zhu G(朱光), Cui S-L(崔淑兰), Zhang Q-H(张清海), Wei Y-L(位运粮). Dwarf male-sterile wheat and wheat breeding technology. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2007, 40(suppl): 73–77 (in Chinese with English abstract)
- [13] Zhang J-K(张建奎), Dong J(董静), Zong X-F(宗学凤), Yu G-D(余国东), Dai X-M(戴秀梅), Ruan R-W(阮仁武). Fertility alternation of thermo-photo-sensitive genic male sterile wheat line C412S and expression of fertility related APRT gene. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2009, 35(4): 662–671 (in Chinese with English abstract)
- [14] Wen W E, Li G Q, He Z H, Yang W Y, Xu M L, Xia X C. Development of an STS marker tightly linked to *Yr26* against wheat stripe rust using the resistance gene-analog polymorphism (RGAP) technique. *Mol Breed*, 2008, 22: 507–515
- [15] Xu Y B, Crouch J H. Marker-assisted selection in plant breeding: from publications to practice. *Crop Sci*, 2008, 48: 391–407
- [16] Dubcovsky J. Marker assisted selection in public breeding programs: the wheat experience. *Crop Sci*, 2004, 44: 1895–1898
- [17] Bonnett D G, Rebetzke G J, Spielmeyer W. Strategies for efficient implementation of molecular markers in wheat breeding. *Mol Breed*, 2005, 15: 75–85
- [18] Kuchel H, Ye G Y, Fox R, Jefferies S. Genetic and economic analysis of targeted marker-assisted wheat breeding strategy. *Mol Breed*, 2005, 16: 67–78
- [19] Sorrells M E. Application of new knowledge, technology, and strategies to wheat improvement. *Euphytica*, 2007, 157: 299–306
- [20] Bagge M, Xia X C, Lübbertstedt T. Functional markers in wheat. *Curr Opin Plant Biol*, 2007, 10: 211–216
- [21] Pumphrey M O, Bernardo R, Anderson J A. Validating the *Fhb1* QTL for Fusarium head blight resistance in near-isogenic wheat lines developed from breeding populations. *Crop Sci*, 2007, 47: 200–206
- [22] Jia G F, Chen P D, Qin G J, Bai G H, Wang X E, Wang S L, Zhou B, Zhang S Z, Liu D J. QTLs for Fusarium head blight response in a wheat DH population of Wangshuibai/Alondra's'. *Euphytica*, 2005, 146: 183–191
- [23] Li C J, Zhu H L, Zhang C Q, Lin F, Xue S L, Cao Y, Zhang Z Z, Zhang L X, Ma Z Q. Mapping QTLs associated with Fusarium-damaged kernels in the Nanda 2419 × Wangshuibai popula-
- tion. *Euphytica*, 2008, 163: 185–191
- [24] Lin F, Xue S L, Zhang Z Z, Zhang C Q, Kong Z X, Yao G Q, Tian D G, Zhu H L, Li C J, Cao Y, Wei J B, Luo Q Y, Ma Z Q. Mapping QTL associated with resistance to Fusarium head blight in the Nanda 2419 × Wangshuibai population: II. Type I resistance. *Theor Appl Genet*, 2006, 112: 528–535
- [25] Zhang X, Zhou M P, Ren L J, Bai G H, Ma H X, Scholten O E, Guo P G, Lu W Z. Molecular characterization of Fusarium head blight resistance from wheat variety Wangshuibai. *Euphytica*, 2004, 139: 59–64
- [26] Cao A Z, Wang X E, Chen Y P, Zou X W, Chen P D. A sequence-specified PCR marker linked with *Pm21* distinguishes chromosomes 6AS, 6BS, 6DS of *Triticum aestivum* and 6VS of *Haynaldia villosa*. *Plant Breed*, 2006, 125: 201–205
- [27] Chen X M, Luo Y H, Xia X C, Xia L Q, Chen X, Ren Z L, He Z H, Jia J Z. Chromosomal location of powdery mildew resistance gene *Pm16* in wheat using SSR marker analysis. *Plant Breed*, 2005, 124: 225–228
- [28] Hao Y F, Liu A F, Wang Y H, Feng D S, Gao J R, Li X F, Liu S B, Wang H G. *Pm23*: a new allele of *Pm4* located on chromosome 2AL in wheat. *Theor Appl Genet*, 2008, 117: 1205–1212
- [29] He R L, Chang Z J, Yang Z J, Yuan Z Y, Zhan H X, Zhang X J, Liu J X. Inheritance and mapping of powdery mildew resistance gene *Pm43* introgressed from *Thinopyrum intermedium* into wheat. *Theor Appl Genet*, 2009, 118: 1173–1180
- [30] Hua W, Liu Z J, Zhu J, Xie C J, Yang T M, Zhou Y L, Duan X Y, Sun Q X, Liu Z Y. Identification and genetic mapping of *Pm42*, a new recessive wheat powdery mildew resistance gene derived from wild emmer (*Triticum turgidum* var. *dicoccoides*). *Theor Appl Genet*, 2009, 119: 223–230
- [31] Ji J H, Qin B, Wang H Y, Cao A Z, Wang S L, Chen P D, Zhuang L F, Du Y, Liu D J, Wang X E. STS markers for powdery mildew resistance gene *Pm6* in wheat. *Euphytica*, 2008, 163: 159–165
- [32] Ji X L, Xie C J, Ni Z F, Yang T, Nevo E, Fahima T, Liu Z Y, Sun Q X. Identification and genetic mapping of a powdery mildew resistance gene in wild emmer (*Triticum dicoccoides*) accession IW72 from Israel. *Euphytica*, 2008, 159: 385–390
- [33] Lan C X, Liang S S, Wang Z L, Yan J, Zhang Y, Xia X C, He Z H. Quantitative trait loci mapping for adult-plant resistance to powdery mildew in Chinese wheat cultivar Bainong 64. *Phytopathology*, 2009, 99: 1121–1126
- [34] Li G Q, Fang T L, Zhang H T, Xie C J, Li H J, Yang T M, Nevo E, Fahima T, Sun Q X, Liu Z Y. Molecular identification of a new powdery mildew resistance gene *Pm41* on chromosome 3BL derived from wild emmer (*Triticum turgidum* var. *dicoccoides*). *Theor Appl Genet*, 2009, 119: 531–539
- [35] Liu Q, Ni Z F, Peng H R, Song W, Liu Z Y, Sun Q X. Molecular mapping of a dominant non-glaucousness gene from synthetic hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.). *Euphytica*, 2007, 155: 71–78
- [36] Luo P G, Luo H Y, Chang Z J, Zhang H Y, Zhang M, Ren Z L. Characterization and chromosomal location of *Pm40* in common

- wheat: a new gene for resistance to powdery mildew derived from *Elytrigia intermedium*. *Theor Appl Genet*, 2009, 118: 1059–1064
- [37] Qiu Y C, Zhou R H, Kong X Y, Zhang S S, Jia J Z. Micosatellite mapping of a *Triticum urartu* Tum. derived powdery mildew resistance gene transferred to common wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor Appl Genet*, 2005, 111: 1524–1531
- [38] Song W, Xie C J, Du J K, Xie H, Liu Q, Ni Z F, Yang T M, Sun Q X, Liu Z Y. A “one-marker-for-two-genes” approach for efficient molecular discrimination of *Pm12* and *Pm21* conferring resistance to powdery mildew in wheat. *Mol Breed*, 2009, 23: 357–363
- [39] Xu H X, Yao G Q, Xiong L, Yang L L, Jiang Y M, Fu B S, Zhao W F, Zhang Z Z, Zhang C Q, Ma Z Q. Identification and mapping of *pm2026*: a recessive powdery mildew resistance gene in einkorn (*Triticum monococcum* L.). *Theor Appl Genet*, 2008, 117: 471–477
- [40] Xu W G, Li C X, Hu L, Zhang L, Zhang J Z, Dong H B, Wang G S. Molecular mapping of powdery mildew resistance gene *PmHNK* in winter wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivar Zhoumai 22. *Mol Breed*, 2010, 26: 31–38
- [41] Yao G Q, Zhang J L, Yang L L, Xu H X, Jiang Y M, Xiong L, Zhang C Q, Zhang Z Z, Ma Z Q, Sorrells M E. Genetic mapping of two powdery mildew resistance genes in einkorn (*Triticum monococcum* L.) accessions. *Theor Appl Genet*, 2007, 114: 351–358
- [42] Yi Y J, Liu H Y, Huang X Q, An L Z, Wang F, Wang X L. Development of molecular markers linked to the wheat powdery mildew resistance gene *Pm4b* and marker validation for molecular breeding. *Plant Breed*, 2008, 127: 116–120
- [43] Lu Y M, Lan C X, Liang S S, Zhou X C, Liu D, Xia X C, He Z H. QTL mapping for adult-plant resistance to stripe rust in Italian common wheat cultivars Libellula and Strampelli. *Theor Appl Genet*, 2009, 119: 1349–1359
- [44] Wang C M, Zhang Y P, Han D J, Kang Z S, Li G P, Cao A Z, Chen P D. SSR and STS markers for wheat stripe rust resistance gene *Yr26*. *Euphytica*, 2008, 159: 359–366
- [45] Luo P G, Ren Z L, Zhang H Q, Zhang H Y. Identification, chromosome location, and diagnostic markers for a new gene (*YrCN19*) for resistance to wheat stripe rust. *Phytopathology*, 2005, 95: 1266–1270
- [46] Zhang Y L, Wu Y P, Xiao Y G, He Z H, Zhang Y, Yan J, Zhang Y, Xia X C, Ma C X. QTL mapping for flour and noodle colour components and yellow pigment content in common wheat. *Euphytica*, 2009, 165: 435–444
- [47] Zhang Y L, Wu Y P, Xiao Y G, Yan J, Zhang Y, Zhang Y, Ma C X, Xia X C, Ma C X, He Z H. QTL mapping for milling, gluten quality, and flour pasting properties in a recombinant inbred line population derived from a Chinese soft × hard wheat cross. *Crop & Pasture Sci*, 2009, 60: 587–597
- [48] Zhang K P, Cheng G F, Zhao L, Liu B, Xu X B, Tian J C. Molecular genetic analysis of flour color using a doubled haploid population in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Euphytica*, 2009, 165: 471–478.
- [49] Liu D-C(刘冬成), Gao M-Q(高睦抢), Guan R-X(关荣霞), Li R-Z(李润枝), Cao S-H(曹双河), Guo X-L(郭小丽), Zhang A-M(张爱民). Mapping quantitative trait loci for plant height in wheat (*Triticum aestivum* L.) using an $F_{2:3}$ population. *Acta Genet Sin* (遗传学报), 2002, 29(8): 706–711 (in Chinese with English abstract)
- [50] Zhang K-P(张坤普), Xu X-B(徐宪宾), Tian J-C(田纪春). QTL mapping for grain yield and spike related traits in common wheat. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2009, 35(2): 270–278 (in Chinese with English abstract)
- [51] Li S S, Jia J Z, Wei X Y, Zhang X C, Li L Z, Chen H M, Fan Y D, Sun H Y, Zhao X H, Lei T D, Xu Y F, Jiang F S, Wang H G, Li L H. An intervarietal genetic map and QTL analysis for yield traits in wheat. *Mol Breed*, 2007, 20: 167–178
- [52] Lin F, Xue S L, Tian D G, Li C J, Cao Y, Zhang Z Z, Zhang C Q, Ma Z Q. Mapping chromosomal regions affecting flowering time in a spring wheat RIL population. *Euphytica*, 2008, 164: 769–777
- [53] Hai L, Guo H J, Xiao S H, Jiang G L, Zhang X Y, Yan C S, Xin Z Y, Jia J Z. Quantitative trait loci (QTL) of stem strength and related traits in a double-haploid population of wheat (*Triticum aestivum* L.). *Euphytica*, 2005, 141: 1–9
- [54] Wang R X, Hai L, Zhang X Y, You G X, Yan C S, Xiao S H. QTL mapping for grain filling rate and yield-related traits in RILs of the Chinese winter wheat population Heshangmai × Yu 8679. *Theor Appl Genet*, 2009, 118: 313–325
- [55] Yang W-X(杨文雄), Yang F-P(杨芳萍), Liang D(梁丹), He Z-H(何中虎), Shang X-W(尚勋武), Xia X-C(夏先春). Molecular characterization of slow-rusting genes *Lr34/Yr18* in Chinese wheat cultivars. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2008, 34(7): 1109–1113 (in Chinese with English abstract)
- [56] Wang L H, Li G Y, Peña R J, Xia X C, He Z H. Identification of novel allelic variants at *Glu-A3* locus and development of STS markers in common wheat (*Triticum aestivum* L.). *J Cereal Sci*, 2010, 51: 305–312
- [57] Wang L H, Zhao X L, He Z H, Ma W, Appels R, Peña R J, Xia X C. Characterization of low-molecular-weight glutenin subunit *Glu-B3* genes and development of STS markers in common wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor Appl Genet*, 2009, 118: 525–539
- [58] Ma W, Zhang W, Gale K R. Multiplex-PCR typing of high molecular weight glutenin alleles in wheat. *Euphytica*, 2003, 134: 51–60
- [59] Lei Z S, Gale K R, He Z H, Gianibelli C, Larroque O, Xia X C, Butow B J, Ma W. Y-type gene specific markers for enhanced discrimination of high molecular weight glutenin alleles at the *Glu-B1* locus in hexaploid wheat. *J Cereal Sci*, 2006, 43: 94–101
- [60] Ragupathy R, Naeem H A, Reimer E, Lukow O M, Sapirstein H D, Cloutier S. Evolutionary origin of the segmental duplication encompassing the wheat *Glu-B1* locus encoding the overexpressed *Bx7* (*Bx7OE*) high molecular glutenin subunit. *Theor*

- Appl Genet*, 2007, 116: 283–296
- [61] D'Ovidio R, Anderson O D. PCR analysis to distinguish between alleles of a member of a multigene family correlated with wheat bread-making quality. *Theor Appl Genet*, 1994, 88: 759–763
- [62] Ahmad M. Molecular marker-assisted selection of HMW glutenin alleles related to wheat bread quality by PCR-generated DNA markers. *Theor Appl Genet*, 2000, 101: 892–896
- [63] Nakamura T, Vrinten P, Saito M, Konda M. Rapid classification of partial waxy wheat using PCR-based markers. *Genome*, 2002, 45: 1150–1156
- [64] Sun D J, He Z H, Xia X C, Zhang L P, Morris C F, Appels R, Ma W J, Wang H. A novel STS marker for polyphenol oxidase activity in bread wheat. *Mol Breed*, 2005, 16: 209–218
- [65] He X Y, He Z H, Zhang L P, Sun D J, Morris C F, Furerst E P, Xia X C. Allelic variation of polyphenol oxidase (PPO) genes located on chromosomes 2A and 2D and development of functional markers for the PPO genes in common wheat. *Theor Appl Genet*, 2007, 115: 47–58
- [66] He X Y, Zhang Y L, He Z H, Wu Y P, Xiao Y G, Ma C X, Xia X C. Characterization of a phytoene synthase 1 gene (*Psy1*) located on common wheat chromosome 7A and development of a functional marker. *Theor Appl Genet*, 2008, 116: 213–221
- [67] He X Y, He Z H, Ma W, Appels R, Xia X C. Allelic variants of phytoene synthase 1 (*Psy1*) genes in Chinese and CIMMYT wheat cultivars and development of functional markers for flour colour. *Mol Breed*, 2009, 23: 553–563
- [68] Giroux M J, Morris C F. A glycine to serine change in puroindoline b is associated with wheat grain hardness and low levels of starch-surface friabilin. *Theor Appl Genet*, 1997, 95: 857–864
- [69] Yang Y, Zhao X L, Xia L Q, Chen X M, Xia X C, Yu Z, He Z H, Röder M. Development and validation of a *Viviparous-1* STS marker for pre-harvest sprouting tolerance in Chinese wheats. *Theor Appl Genet*, 2007, 115: 971–980
- [70] Chang C, Feng J M, Si H Q, Yin B, Zhang H P, Ma C X. Validating a novel allele of *viviparous-1* (*Vp-1Bf*) associated with high seed dormancy of Chinese wheat landrace, Wangxianbaimaizi. *Mol Breed*, 2010, 25: 517–523
- [71] Chai J F, Zhou R H, Jia J Z, Liu X. Development and application of a new codominant PCR marker for detecting 1BL-1RS wheat-rye chromosome translocations. *Plant Breed*, 2006, 125: 302–304
- [72] Francis H A, Leitch A R, Koebner R M D. Conversion of a RAPD-generated PCR product, containing a novel dispersed repetitive element, into a fast and robust assay for the presence of rye chromatin in wheat. *Theor Appl Genet*, 1995, 90: 636–642
- [73] Worland A J, Borner A, Korzun V, Li W M, Petrovic S, Sayers E J. The influence of photoperiod genes on the adaptability of European winter wheats. *Euphytica*, 1998, 100: 385–394
- [74] Ellis M H, Spielmeyer W, Rebetzke G J, Richards R A. "Perfect" markers for the *Rht-B1b* and *Rht-D1b* dwarfing genes in wheat. *Theor Appl Genet*, 2002, 105: 1038–1042
- [75] Beales J, Turner A, Griffiths S, Snape J W, Laurie D A. A pseudo-response regulator is misexpressed in the photoperiod insensitive *Ppd-D1a* mutant of wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor Appl Genet*, 2007, 115: 721–733
- [76] Yan L, Helguera M, Kato K, Fukuyama S, Sherman J, Dubcovsky J. Allelic variation at the *VRN-1* promoter region in polyploid wheat. *Theor Appl Genet*, 2004, 109: 1677–1686
- [77] Fu D, Szücs P, Yan L, Helguera M, Skinner J S, Von Z J, Hayes P M, Dubcovsky J. Large deletions within the first intron in *VRN-1* are associated with spring growth habit in barley and wheat. *Mol Genet Genomics*, 2005, 273: 54–65
- [78] Yoshida T, Nishida H, Zhu J, Nitcher R, Distelfeld A, Akashi Y, Kato K, Dubcovsky J. *Vrn-D4* is a vernalization gene located on the centromeric region of chromosome 5D in hexaploid wheat. *Theor Appl Genet*, 2010, 120: 543–552
- [79] Prins R, Groenewald J Z, Marais G F, Snape J W, Koebner R M D. AFLP and STS tagging of *Lr19*, a gene conferring resistance to leaf rust in wheat. *Theor Appl Genet*, 2001, 103: 618–624
- [80] Lagudah E S, Krattinger S G, Herrera-Foessel S, Singh R P, Huerta-Espino J, Spielmeyer W, Brown-Guedira G, Selter L L, Keller B. Gene-specific markers for the wheat gene *Lr34/Yr18/Pm38* which confers resistance to multiple fungal pathogens. *Theor Appl Genet*, 2009, 119: 889–898
- [81] Yan G P, Chen X M, Line R F, Wellings C R. Resistance gene-analog polymorphism markers co-segregating with the *Yr5* gene for resistance to wheat stripe rust. *Theor Appl Genet*, 2003, 106: 636–643
- [82] Mago R, Spielmeyer W, Lawrence G J, Lagudah E S, Ellis J G, Pryor A J. Identification and mapping of molecular markers linked to rust resistance genes located on chromosome 1RS of rye using wheat rye translocation lines. *Theor Appl Genet*, 2002, 104: 1317–1324
- [83] Spielmeyer W, Sharp P J, Lagudah E S. Identification and validation of markers linked to broad spectrum stem rust resistance gene *Sr2* in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Crop Sci*, 2003, 43: 333–336
- [84] He Z H, Yang J, Zhang Y, Quail K, Peña R J. Pan bread and dry white Chinese noodle quality in Chinese winter wheats. *Euphytica*, 2004, 139: 257–267
- [85] Zhang P P, He Z H, Zhang Y, Xia X C, Liu J J, Yan J, Zhang Y. Pan bread and Chinese white salted noodle qualities of Chinese winter wheat cultivars and their relationship with gluten protein fractions. *Cereal Chem*, 2007, 84: 370–378
- [86] Zhang P P, He Z H, Zhang Y, Xia X C, Chen D S, Zhang Y. Association between percent SDS-Unextractable polymeric protein (%UPP) and end-use quality in Chinese bread wheat cultivars. *Cereal Chem*, 2008, 85: 696–700
- [87] He Z H, Liu L, Xia X C, Liu J J, Peña R J. Composition of HMW and LMW glutenin subunits and their effects on dough properties, pan bread, and noodle quality of Chinese bread wheats. *Cereal Chem*, 2005, 82: 345–350
- [88] Ye Y L, Zhang Y, Yan J, Zhang Y, He Z H, Huang S D, Quail K J. Effects of flour extraction rate, added water and salt on color and

- texture of Chinese white noodles. *Cereal Chem.*, 2009, 86: 477–485
- [89] Zhang Y(张艳), Yan J(阎俊), Yoshida H, Wang D-S(王德森), Chen D-S(陈东升), Nagamine T, Liu J-J(刘建军), He Z-H(何中虎). Salted noodle and its sensory evaluation system. *J Triticeae Crops* (麦类作物学报), 2007, 27(1): 158–165 (in Chinese with English abstract)
- [90] Lei J(雷激), Zhang Y(张艳), Wang D-S(王德森), Yan J(阎俊), He Z-H(何中虎). Methods for evaluation of quality characteristics of dry white Chinese noodles. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2004, 37(12): 2000–2005 (in Chinese with English abstract)
- [91] Liu J J, He Z H, Zhao Z D, Peña R J, Rajaram S. Wheat quality traits and quality parameters of cooked dry white Chinese noodle quality. *Euphytica*, 2003, 131: 147–154
- [92] Liu J-J(刘建军), He Z-H(何中虎), Yang J(杨金), Xu Z-H(徐兆华), Liu A-F(刘爱峰), Zhao Z-D(赵振东). Variation of starch properties in wheat cultivars and their relationship with dry white Chinese noodle quality. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2003, 36(1): 7–12 (in Chinese with English abstract)
- [93] Zhang Y, Quail K, Mugford D, Huang S, He Z H. Variation of milling quality and its association with color of white salt noodle in Chinese winter wheat cultivars. *Cereal Chem.*, 2005, 82: 633–638
- [94] Zhang Y, Nagamine, He Z H, Ge X X, Yoshida H, Peña R J. Variation in quality traits in common wheat as related to Chinese fresh white noodle quality. *Euphytica*, 2005, 141: 113–120
- [95] Chen D-S(陈东升), Kiribuchi-Otobe C, Xu Z-H(徐兆华), Chen X-M(陈新民), Zhou Y(周阳), He Z-H(何中虎), Yoshida H, Zhang Y(张艳), Wang D-S(王德森). Effect of Wx-A1, Wx-B1 and Wx-D1 protein on starch properties and Chinese fresh noodle quality. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2005, 38(5): 865–873 (in Chinese with English abstract)
- [96] Chen F, He Z H, Chen D S, Zhang C L, Zhang Y, Xia X C. Influence of puroindoline alleles on milling performance and qualities of Chinese noodles, steamed bread and pan bread in spring wheats. *J Cereal Sci.*, 2007, 45: 59–66
- [97] Chen D-S(陈东升), Zhang Y(张艳), He Z-H(何中虎), Wang D-S(王德森), Peña R J. Effect of water addition on northern style Chinese steamed bread processing quality. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2005, 31(6): 730–735 (in Chinese with English abstract)
- [98] Chen D-S(陈东升), Zhang Y(张艳), He Z-H(何中虎), Peña R J. Comparative study on evaluation methods for quality characteristics of northern style Chinese steamed bread. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2010, 43(11): 2325–2333 (in Chinese with English abstract)
- [99] He Z H, Liu A H, Peña R J, Rajaram S. Suitability of Chinese wheat varieties for production of northern style Chinese steamed bread. *Euphytica*, 2003, 131: 155–163
- [100] Zhang P P, He Z H, Chen D S, Zhang Y, Larroque O R, Xia X C. Contribution of common wheat protein fractions to dough properties and quality of northern style Chinese steamed bread. *J Cereal Sci.*, 2007, 46: 1–10
- [101] Zhang Q-J(张岐军), Zhang Y(张艳), He Z-H(何中虎), Peña R J. Relationship between soft wheat quality traits and cookie quality parameters. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2005, 31(9): 1125–1131 (in Chinese with English abstract)
- [102] Yao J-B(姚金保), Edward S, Ma H-X(马鸿翔), Zhang P-P(张和平), Yao G-C(姚国才), Yang X-M(杨学明), Ren L-J(任丽娟), Zhang P(张鹏). Relationship between quality traits of soft red winter wheat and cookie diameter. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2010, 36(4): 695–700 (in Chinese with English abstract)
- [103] Liu L, He Z H, Yan J, Zhang Y, Peña R J. Allelic variation at the *Glu-1* and *Glu-3* loci, presence of 1B/1R translocation, and their effect on mixgraphic properties in Chinese bread wheats. *Euphytica*, 2005, 142: 197–204
- [104] Liu L, Wang A L, Rudi A, Xia X C, He Z H, Bekes F, Yan Y M, Ma W J. A MALDI-TOF based analysis of high molecular weight glutenin subunits for wheat breeding. *J Cereal Sci.*, 2009, 50: 295–301
- [105] Zhao X L, Ma W, Gale K R, Lei Z S, He Z H, Sun Q X, Xia X C. Identification of SNPs and development of functional markers for LMW-GS genes at *Glu-D3* and *Glu-B3* loci in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Mol Breed.*, 2007, 20: 223–231
- [106] Liu L, Ikeda M T, Branlard G, Peña R J, Rogers W J, Lerner S E, Kolman M A, Xia X C, Wang L H, Ma W J, Appels R, Yoshida H, Wang A L, Yan Y M, He Z H. Comparison of low molecular weight glutenin subunits identified by SDS-PAGE, 2-DE, MALDI-TOF-MS and PCR in common wheat. *BMC Biol.*, 2010, 10: 124
- [107] He Z-H(何中虎), Xia X-C(夏先春), Chen X-M(陈新民), Zhang Y(张艳), Zhang Y(张勇), Wang D-S(王德森), Xia L-Q(夏兰琴), Zhuang Q-S(庄巧生). Wheat quality improvement: history, progress, and prospects. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2007, 40(suppl): 91–98 (in Chinese with English abstract)
- [108] Dixon J, Braun H J, Kosina P, Crouch J. Wheat Facts and Future 2009. Mexico, D F: CIMMYT, 2009
- [109] Rosegrant M W, Agcaoili M. Global food demand, supply, and price prospects to 2010. International Food Policy Research Institute, Washington, D.C., USA, 2010
- [110] CIMMYT, 2009. A consortium to raise the yield potential of wheat. Discussion Paper, I. Workshop held at CIMMYT, El Batan, Mexico. 10–13 November 2009. Mexico, D F: CIMMYT
- [111] Reynolds M, Foulkes M J, Slafer G A, Berry P, Parry M A J, Snape J W, Angus W J. Raising yield potential in wheat. *J Exp Bot.*, 2009, 60: 1899–1918
- [112] Fischer R A, Edmeades G. Breeding and cereal yield progress. *Crop Sci.*, 2010, 50: S-85–S-98
- [113] Phillips R L. Mobilizing science to break yield barriers. *Crop Sci.*, 2010, 50: S-99–S-108
- [114] Singh R P, Hodson D P, Jin Y, Huerta-Espino J, Kinyua M G, Wanyera R, Njau P, Ward R W. Current status, likely migration and strategies to mitigate the threat to wheat production from Ug99 (TTKS) of stem rust pathogen. CAB Reviews: Perspectives in Agriculture, Veterinary Science, Nutrition and Natural Re-

- sources, 2006, N0054, 1–13
- [115] Krattinger S G, Lagudah E S, Spielmeyer W, Singh R P, Huerta-Espino J, McFadden H, Bossolini E, Selter L L, Keller B. A putative ABC transporter confers durable resistance to multiple fungal pathogens in wheat. *Science*, 2009, 323: 1360–1363
- [116] Lillemo M, Asalf B, Singh R P, Huerta-Espino J, Chen X M, He Z H, Bjørnstad Å. The adult plant rust resistance loci *Lr34/Yr18* and *Lr46/Yr29* are important determinants of partial resistance to powdery mildew in bread wheat line Saar. *Theor Appl Genet*, 2008, 116: 1155–1166
- [117] Herrera-Foessel S A, Lagudah E S, Huerta-Espino J, Hayden M, Bariana H S, Singh R P. *Yr46*: a new adult plant stripe rust resistance gene associated with *Lr67* in RL6077. Abstract in the 8th International Wheat Conference, St. Petersburg, Russia, June 1–4, 2010. p 261
- [118] Trethowan R M, Mujeeb-Kazi A. Novel germplasm resources for improving environmental stress tolerance of hexaploid wheat. *Crop Sci*, 2008, 48: 1255–1265
- [119] Jeffrey L F. Whatever happened to GMO wheat? *Nat Biotechnol*, 2009, 27: 974–976
- [120] Yu X-D(喻修道), Xu Z-S(徐兆师), Chen M(陈明), Li L-C(李连城), Ma Y-Z(马有志). The progress and application of wheat transformation technology. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2010, 43(8): 1539–1553 (in Chinese with English abstract)

科学出版社生物分社新书推介

《小麦营养失调症状图谱及调控技术》

沈阿林 王朝辉 主编

ISBN 978-7-03-029705-1/S·639

出版时间: 2010年12月

营销分类: 生物、农业

定价: ￥18.00

本书简要介绍了小麦生长发育所必需的营养元素及其主要功能, 分析了我国主要麦区土壤养分的状况。利用水培、砂培和土培试验, 结合田间调研, 研究并收集了小麦十三种营养元素缺乏和过量症状的图片, 详细描述了不同营养元素失调时小麦各生育阶段的外观表现及主要特征, 并针对性地提出了各种营养元素失调症的发生条件、诊断方法及主要调控措施。对小麦在干旱、盐碱、低温冻害、渍害、药害等多种环境胁迫下出现的器官损害导致的营养失调问题及其调控方法, 作了比较详细的论述。可供从事土壤肥料与小麦施肥研究与技术推广的人员, 以及大中专院校从事土壤养分研究与教学的师生参考阅读。



欢迎各界人士邮购科学出版社各类图书

联系人: 科学出版社科学销售中心 周文字 电话: 010-64031535 E-mail: zhouwenyu@mail.sciencep.com

网上订购: <http://www.dangdang.com> <http://www.amazon.cn>

联系科学出版中心生物分社: 010-64012501 <http://www.lifescience.com.cn> E-mail: lifescience@mail.sciencep.com

更多精彩图书请登陆网站, 欢迎致电索要书目