

## 宁夏春小麦育种现状分析和建议

王玉婷, 曹树槟, 张捷, 姚磊, 刘凤楼, 张晓岗, 王掌军, 李清峰 (宁夏大学农学院, 宁夏银川 750021)


**摘要** 春小麦是宁夏特色作物之一, 在宁夏农业生产和经济中占有重要地位。宁夏小麦育种经历了5次品种更新换代。随着育种进程的加快, 宁夏春小麦品种更新换代速度明显减缓, 且影响范围逐渐缩小。虽然‘宁春50号’是第5次宁夏小麦品种更新换代的代表, 但其影响力远不如‘宁春4号’。通过查阅大量资料, 对宁夏小麦春育种现状进行了分析, 提出相应的建议, 并对其前景进行了展望。

**关键词** 春小麦; 宁夏; 育种

中图分类号 S512.1\*2 文献标识码 A

文章编号 0517-6611(2019)19-0014-04

doi:10.3969/j.issn.0517-6611.2019.19.005

开放科学(资源服务)标识码(OSID): 

### Present Situation Analysis and Suggestions for Spring Wheat Breeding in Ningxia

WANG Yu-ting, CAO Shu-bin, ZHANG Jie et al (College of Agronomy, Ningxia University, Yinchuan, Ningxia 750021)

**Abstract** Spring wheat is one of the characteristic crops in Ningxia, which plays an important role in agricultural production and economy in Ningxia. With the acceleration of the breeding process, the speed of the replacement of spring wheat varieties in Ningxia has apparently slowed down, and the cultivated area has gradually narrowed. Although ‘Ningchun No. 50’ is the representative of the fifth cultivar renovation of Ningxia wheat varieties, its influence is far less than ‘Ningchun No. 4’. By consulting to a large number of data, we analyzed the current situation of spring wheat breeding in Ningxia, and corresponding suggestions were put forward, and its prospect was put forward.

**Key words** Spring wheat; Ningxia; Breeding

小麦作为我国第二大口粮作物, 在保障国家粮食安全和国民经济中具有举足轻重的作用<sup>[1]</sup>。近年来, 我国小麦单产不断提高, 总产量持续增加, 小麦生产取得了举世瞩目的成就。小麦品种改良、栽培技术的提高以及生产条件的改善等为小麦增产做出了重要的贡献<sup>[2]</sup>。宁夏作为我国春麦主产区, 育成品种不仅满足宁夏自身品种需求, 还为我国新疆、内蒙古、甘肃等地以及哈萨克斯坦、吉尔吉斯斯坦等国在内的区域提供春麦品种资源并成为当地主栽品种之一<sup>[3]</sup>。

#### 1 宁夏春小麦品种更新换代

到目前为止, 宁夏春小麦育种经历了5次品种更新换代(图1)。

20世纪50年代, 澳大利亚小麦品种‘碧玉麦’的广泛种植实现了宁夏春小麦的第1次品种更新。到20世纪60年代, 意大利小麦品种‘阿勃’替代‘碧玉麦’, 实现宁夏春小麦第2次品种更新。20世纪70年代, 从‘碧玉麦’和‘阿勃’杂交组合中选育出‘斗地1号’, ‘斗地1号’实现宁夏小麦的第3次品种更新。20世纪70年代末, 宁夏永宁县良种场育种组袁志新等人利用‘索诺拉46’和‘宏图’杂交, 培育出‘宁春4号’, 自1981年开始推广, 至今已有30多年, ‘宁春4号’是我国推广面积最大的春麦品种之一<sup>[4]</sup>。自从推出‘宁春4号’之后, 宁夏小麦育种团队陆陆续续培育出多个优良品种, 到21世纪初, 宁夏农林科学院农作物研究所与中国农业科学院作物科学研究所合作培育出‘宁春50号’, 实现了宁夏小麦品种的第5次更新换代。‘宁春50号’虽然在产量上和‘宁春4号’, 对比有增产的优势, 但是其影响力以及种植面

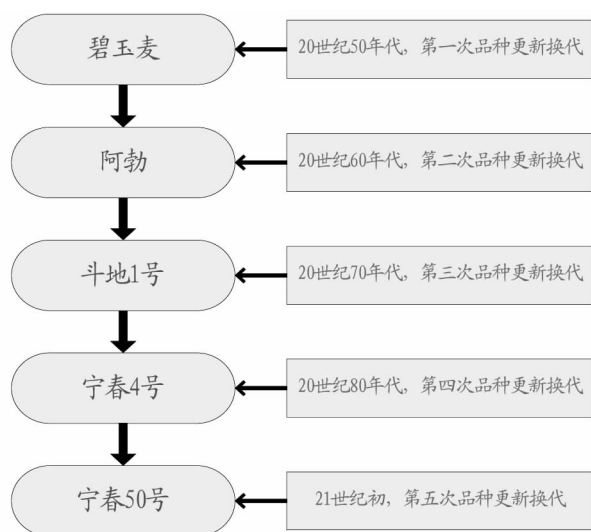


图1 宁夏春小麦品种更新换代图谱

Fig. 1 The pedigree of spring wheat cultivars renovation in Ningxia

积远低于‘宁春4号’。至今仍无品种可以取代‘宁春4号’, 其原因如下:①培育‘宁春4号’的亲本具有优良的血统, 如‘宁春4号’母本‘索诺拉64’来自墨西哥国际玉米小麦改良中心, 是广泛种植的耐盐碱品种, ‘宁春4号’的父本‘宏图’来自‘阿勃’/‘碧玉麦’的杂交组合, ‘阿勃’和‘碧玉麦’是中国小麦的骨干亲本, 在中国小麦育种史上具有十分重要的地位;②自‘宁春4号’以来, 培育的绝大多数品种是以‘宁春4号’为亲本材料或者具有和‘宁春4号’相同的血统, ‘宁春4号’已经是最优组合, 很难再选育出超越‘宁春4号’的新品种;③‘宁春4号’在培育的过程中长期坚持品种提纯复壮的工作, 使其品种性能得到长期优化。

#### 2 宁夏春小现状状

2.1 宁夏小麦种质资源现状 作物种质资源是支持农业科

**基金项目** 宁夏大学2018年国家级大学生创新创业训练计划项目(2018107490014); 宁夏自然科学基金(2018AAC03036); 自治区农业育种专业小麦新品种选育项目(2018NYYZ02)。

**作者简介** 王玉婷(1999—), 女, 宁夏石嘴山人, 硕士研究生, 研究方向: 小麦分子育种。\*通信作者, 讲师, 博士, 从事小麦遗传育种方面的科研与教学。

**收稿日期** 2019-04-12

技原始创新和作物育种的物质基础,是保障粮食安全、生态安全、种业安全的战略性资源<sup>[5]</sup>。宁夏地理面积狭小,因此物种资源匮乏。宁夏小麦自身品种资源仅由 14 个地方品种构成,并且这 14 个资源建国以来没有育成一个品种。从其他地区引进种质资源是解决资源匮乏的有效途径,1967—1995 年,宁夏农业科学院作物所引进墨麦 10 464 份,应用到生产上的有 4 000 多份<sup>[6]</sup>。到 2012 年,宁夏农林科学院农作物研究所品种资源研究室保存小麦种质资源 8 000 余份<sup>[7]</sup>。近年来,随着和国际小麦育种单位交流力度的加大,越来越多的品种资源被引进,小麦种质资源的引进为提高宁夏小麦产量和育种成效奠定了丰富的物质基础。另外,小麦野生近缘属物种也是小麦遗传育种改良的重要资源之一。宁夏小麦野生近缘属植物物种丰富,含有小麦族中的 6 个属 35 个种,包括大麦属(*Hordeum* L.) 3 种、披碱草属(*Elymus* L.) 7 种、赖草属(*Leymus* Hoch.) 3 种、黑麦属(*Secal* L.) 1 种、鹅观草属(*Roegneria* C. Koch.) 18 种、冰草属(*Agropyron* Gaert.) 3 种<sup>[8]</sup>。随着小麦与其野生近缘属物种杂交的成功,越来越多的小麦野生近缘属物种中优良基因被导入小麦中,如李振声院士利用小麦与偃麦草远缘杂交,培育成‘小偃 4 号’‘小偃 5 号’‘小偃 6 号’和‘小偃 22’等一系列小麦新品种,其中‘小偃 6 号’不仅成为中国麦区的骨干亲本,还为小麦染色体工程育种奠定了基础<sup>[9-10]</sup>;研究人员将小麦野生近缘种簇毛麦中的抗白粉病基因 Pm21 通过创制易位系的方式导入小麦,利用改易位系培育出一大批对多种白粉病菌生理小种均表现高抗或免疫的新品种,为小麦白粉病抗性育种提供了种质资源<sup>[11-12]</sup>;中国农业科学院作物科学研究所的科研人员在国际上率先获得了小麦与冰草属间的杂种及其衍生物,并首次育成携带冰草属 *P* 基因组优异基因的小麦新品种 7 个,以及涉及中国 10 大麦区中 9 大麦区的一大批后备新品种(系),解决了利用冰草属 *P* 基因组改良小麦的国际难题,实现了从技术创新、材料创新到产品创新的全程覆盖,为引领小麦育种发展新方向奠定了坚实的物质和技术基础<sup>[5]</sup>。通过对宁夏特有小麦野生近缘属进行研究,把野生近缘属中优异基因导入宁夏小麦中,创制新种质资源,以及引进已经创制的含有小麦野生近缘属优异基因的遗传材料,为宁夏小麦育种提供遗传资源。

**2.2 宁夏春小麦育种状况** 宁夏春小麦育种工作大致经历了 3 个阶段。第 1 阶段时间点为 1953—1973 年的 20 年间,直接利用国内外优异小麦种质资源作为品种进行推广和种植,典型代表是‘碧玉麦’和‘阿勃’的引进和种植,完成了宁夏春小麦的第 1、2 次品种更新换代;第 2 阶段是 1974—1980 年,通过利用‘碧玉麦’和‘阿勃’杂交组合育种的‘斗地 1 号’,完成了宁夏春小麦育种的第 3 次品种更新;‘宁春 4 号’作为宁夏春小麦育种的经典之作,代表了宁夏春小麦育种的最高水平,成功完成了宁夏春麦育种的第 4 次品种更新换代;自‘宁春 4 号’之后,又培育出高达 50 多个品种(表 1),为宁夏春小麦育种奠定了基础。其中,以‘宁春 50 号’为代表,完成了宁夏春小麦的第 5 次品种更新。新品种的不断出

现为宁夏小麦粮食安全提供了有力保障。

表 1 宁夏春小麦主要栽培品种

Table 1 The main spring wheat cultivars in Ningxia

编号 Code	品种名称 Cultivar name	地理来源 Origin
1	白秃子 Baituzi	地方品种
2	红秃子 Hongtuzi	地方品种
3	小和尚头 Xiaoheshangtou	地方品种
4	火麦 Huomai	地方品种
5	毛火麦 Maohuomai	地方品种
6	山麦 Shanmai	地方品种
7	大青芒 Daqingmang	地方品种
8	五爪龙 Wuzhaolong	地方品种
9	红齐麦 Hongqimai	地方品种
10	劲麦 1 号 Jinmai No. 1	地方品种
11	阿玉 1 号 Ayu No. 1	地方品种
12	争天 1 号 Zhengtian No. 1	地方品种
13	宏图 Hongtu	地方品种
14	斗地 1 号 Doudi No. 1	地方品种
15	碧玉麦 Biyumai	引进种质
16	阿勃 Abbondanza	引进种质
17~67	宁春 4 号~宁春 56 号 Ningchun No. 4~Ningchun No. 56	审定品种

**2.3 分子辅助育种现状** 宁夏小麦虽然经历了 5 次品种更新换代,但是从 1981 年以来,没有一个品种性状优于‘宁春 4 号’,尽管近年来育出了产量和适应性较好的品种,如‘宁春 50 号’‘宁春 51 号’‘宁春 55 号’等<sup>[13]</sup>,但这些品种在产量和品质上较‘宁春 4 号’没有较大的突破,且在生产示范规模和效应上不及‘宁春 4 号’。虽然‘宁春 50 号’是宁夏春小麦第 5 次品种更新的代表,但是其种植面积及其影响力没有超过‘宁春 4 号’,据农业部 2016 年品种种植情况统计发现,‘宁春 4 号’仍然是我国春麦种植面积最大的品种。随着人们生活水平的提高以及小麦育种进程的加快,宁夏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;同时要增强抗病性、极端气候适应性等的研究。如何育成超越‘宁春 4 号’的新品种、实现宁夏春小麦第 6 次品种更新换代成为宁夏小麦育种团队努力的目标,开展分子标记设计育种是实现育种技术革新关键。国内小麦开展分子辅助育种起步晚且进展缓慢,可用的分子标记数量少,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<sup>[14]</sup>。宁夏小麦分子育种方面开展工作较少、技术落后,目前只有宁夏农林科学院生物中心生物中心小麦分子育种课题组在抗旱、高水分利用效率、低碳同位素分辨率等方面开展了初步研究<sup>[15]</sup>,随着分子设计育种发展,利用分子标记设计育种成为现代农业育种的趋势,2018 年宁夏大学成立了宁夏特色优势作物分子实验室,为深入开展分子标记设计育种奠定了基础。

### 3 建议

**3.1 加快小麦种质资源的表型平台建设,实现种质资源精准鉴定,拓宽宁夏春麦遗传基础** 生物表型是由基因型和环

境共同决定的生物体外在性状的一种表现形式。育种材料中优异基因资源的发现及利用是开展育种的基础。随着测序技术的发展,如何把测序获得的数据和实际育种工作结合起来,成为育种家关注的焦点。表型组学就是在基因组水平上系统研究生物在不同环境条件下所有表型的学科<sup>[16]</sup>。育种家和种质资源科学家越来越认识到植物表型平台建设的重要性,表型平台的建设为种质资源表型精准鉴定及利用提供了保障。宁夏地理位置优越独特,既有春麦区,又有冬麦区还有冬、春麦混作区。小麦野生近缘植物物种丰富,对宁夏主栽春小麦品种的遗传系谱分析发现,绝大多数品种均与宁春4号具有相同的遗传血统,说明宁夏春小麦遗传基础严重单一。因此,拓展宁夏小麦遗传基础是迫切需要解决的问题。通过建立宁夏小麦种质资源的表型平台,为宁夏春小麦育种品种更新换代提供有力保障。

**3.2 筹建西北春麦区国家重点实验室** 宁夏独特的地理位置,即适宜冬小麦的栽培和种植,又是春小麦的主栽地区,几乎各种类型的小麦均能在宁夏进行种植和正常成熟收获。宁夏培育出的小麦品种具有很强的适应性,不仅可以满足宁夏本地的需求,还可作为品种直接在我国主要春麦区以及中东国家春麦区进行种植。例如,‘宁春4号’不仅在我国春麦区广泛种植,还在哈萨克斯坦等中东国家作为品种或者资源进行种植。‘宁春4号’作为我国春麦区的主栽品种,把宁夏甚至全国春小麦育种提升到一个很高的水平。同时,宁夏春小麦育种团队具有很强的实力,每年都能育成并审定一个春小麦品种。因此,十三五期间,自治区应投入更多的经费,引进聚集高层次人才,在重大项目的开发、高层次人才培养、科技合作和交流等方面搭建科研平台,提升宁夏小麦基础研究及应用研究的实力,为宁夏小麦育种研究领域取得突破性进展及申报国家重点实验室奠定坚实的基础。到2025年能够

申请建立西北春麦区国家重点实验室,从而争取更多的资金和人才,把宁夏春小麦育种打造成国家级平台。

**3.3 利用国际小麦基因组测序联盟以及国内小麦育种平台,开启宁夏小麦分子设计育种** 很多新的生物技术已经广泛应用到作物育种中。自20世纪80年代以PCR为代表的分子生物技术诞生以来,在植物遗传多样性分析、基因的定位与克隆等领域取得了很大的发展,高通量基因组、转录组、蛋白质组、代谢组和表型组等数据的获得为进一步利用分子标记设计育种奠定了基础。随着小麦基因组测序工作的完成,尤其是精细图谱的获得,为小麦开发大量分子标记,加速重要农艺性状基因的遗传定位和基因克隆提供理论依据,也为解析小麦高产、优质、多抗、广适等重要性状的分子机理和分子设计育种提供理论基础<sup>[17-23]</sup>。小麦遗传育种已经进入第3代育种时代,即小麦分子设计育种时代。小麦最初开发的分子标记应用广泛,包括遗传多样性的分析及种质资源鉴定、遗传图谱构建和基因定位研究、基于图谱克隆基因、分子标记辅助选择育种<sup>[24-31]</sup>。其中,分子标记辅助选择育种作为重要应用领域之一,在育种中发挥了重要作用,如利用分子标记辅助选择育种技术国外育成的新品种有‘Patwin’‘Lillian’‘Goodeve’和‘BIOINTA 2004’<sup>[32]</sup>,国内‘济麦22’‘矮抗58’‘周麦18’和‘山农20’等均采用了分子标记的鉴定和跟踪<sup>[33]</sup>。

随着育种进程的加快,分子设计育种替代分子标记辅助选择育种已成大势所趋。Peleman等<sup>[34]</sup>首次明确提出设计育种的概念,我国科学家万建民<sup>[35]</sup>和王健康等<sup>[36]</sup>对分子设计育种分别做了详尽的描述(图2)。随后,分子设计育种在水稻<sup>[37]</sup>、大豆<sup>[38]</sup>等作物中得到成功应用,特别是水稻品种‘中科804’在生产上的应用。

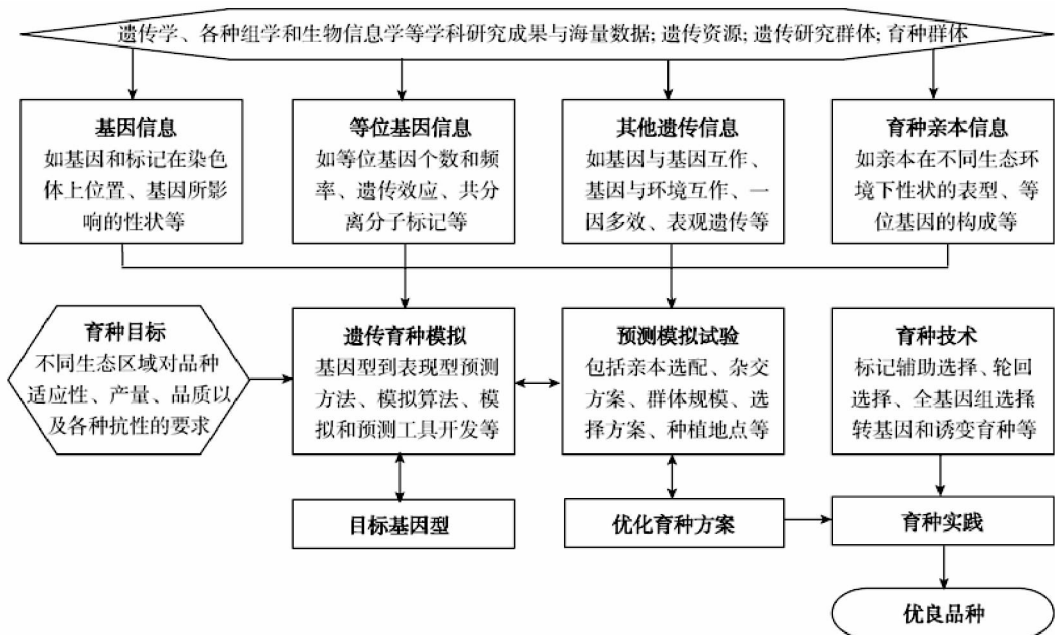


图2 作物分子设计育种流程<sup>[36]</sup>

Fig. 2 Flowchart of the molecular design breeding in crops

小麦基因组庞大且测序进展缓慢,因此小麦分子设计育种落后于其他作物。近年来,小麦基因组测序的完成以及测序数据的释放,再加上各种分子设计平台和数据育种平台的开放使小麦分子设计育种成为研究的热点。宁夏小麦育种团队应抓住机遇,利用已有的数据和平台,开展宁夏小麦分子设计育种,为宁夏小麦育种提供全方位的服务。

**3.4 加强国内外合作与交流,提高宁夏小麦育种影响力** 进入“十三五”以来,为提升宁夏自治区科技实力,宁夏自治区科技厅联合财政厅设置东西部合作重点研发项目,旨在借助东西部合作项目加强与我国东部高校及科研单位的合作,同时进行人才和技术的引进,从而提升宁夏科研实力。另外,通过举办国际学术会议等各种方式,加强与国内外高校及科研单位间的项目合作和学术交流,加强新技术、遗传资源的交换,提高宁夏小麦育种团队的知名度。

#### 4 展望

春小麦作为宁夏特色优势作物,在宁夏乃至西北小麦生产中占有重要地位。随着人们生活水平的不断提高以及人们对绿色、优质、安全食品需求的不断增加,培育优质、多抗、广适、稳产的小麦新品种显得尤为重要。小麦基因组测序数据的释放以及各种数据平台的开放共享为研究宁夏春小麦遗传变异规律和功能基因的挖掘与利用提供了契机,再加上宁夏回族自治区在“十三五”期间加大了对人才引进的力度,宁夏小麦育种团队应抓住机遇,利用好人才,打造一支充满创新精神、富有强大科研实力的队伍,开创宁夏春小麦特色种质资源表型数据平台的建设。同时,应利用好小麦基因组测序以及各种平台提供的数据,为宁夏甚至西北春小麦育种提供人才、技术、新种质以及新品种等保障,打造我国春小麦育种、科研和技术创新的高地。

#### 参考文献

- [1] 刘志勇,王道文,张爱民,等. 小麦育种行业创新现状与发展趋势[J]. 植物遗传资源学报,2018,19(3):430-434.
- [2] 何中虎,庄巧生,程顺和,等. 中国小麦产业发展与科技进步[J]. 农学学报,2018,8(1):99-106.
- [3] 袁汉民,裘志新,陈东升,等. 小麦种质资源宁春4号的研究和利用[J]. 麦类作物学报,2009,29(1):160-165.
- [4] 庄巧生. 中国小麦品种改良及系谱分析[M]. 北京:中国农业出版社,2003:1-10.
- [5] 刘旭,李立会,黎裕,等. 作物种质资源研究回顾与发展趋势[J]. 农学学报,2018,8(1):1-6.
- [6] 袁汉民,李新,范金萍,等. 宁夏小麦遗传育种的回顾与展望[J]. 宁夏农林科技,2001(6):31-34.
- [7] 袁汉民,张富国,陈东升,等. 宁夏国外小麦种质资源考察、引进和利用[J]. 植物遗传资源学报,2012,13(2):308-312.
- [8] 杨瑞全,吴素琴,杨星伟,等. 宁夏小麦野生近缘植物的种类、分布、生态类型及经济用途[J]. 宁夏农林科技,2010,51(1):49-50.
- [9] 张军,吴秀宁,陈新宏. 小麦骨干品种小偃22研究进展[J]. 陕西农业科学,2017,63(2):65-69.
- [10] 李振声. 小麦远缘杂交新品种——小偃6号[J]. 山西农业科学,1986(5):30.
- [11] 刘大钧. 外源基因在小麦育种中的利用[J]. 作物杂志,1994(6):1-7.
- [12] 齐莉莉,陈佩度,刘大钧,等. 小麦白粉病新抗源——基因 Pm21[J]. 作物学报,1995,21(3):257-262.
- [13] 宁夏回族自治区农业育种专项“小麦新品种选育”取得重大进展——培育出早熟高产春小麦新品种宁春55号[J]. 宁夏农林科技,2018,59(3):44.
- [14] 何中虎,夏长春,陈新民,等. 中国小麦育种进展与展望[J]. 作物学报,2011,37(2):202-215.
- [15] 宁夏农林科学院生物中心利用分子标记构建小麦分子遗传连锁图谱[J]. 宁夏农林科技,2014,55(10):65.
- [16] 张爱民,阳文龙,方红曼,等. 作物种质资源研究态势分析[J]. 植物遗传资源学报,2018,19(3):377-382.
- [17] RASHEED A, XIA X C. From markers to genome-based breeding in wheat [J]. Theor Appl Genet,2019,132(3):767-784.
- [18] XU J L, DAI X T, RAMASAMY R K, et al. *Aegilops tauschii* genome sequence: A framework for meta-analysis of wheat QTLs [J]. G3 (Bethesda),2019,9(3):841-853.
- [19] HUANG S, WU J H, WANG X T, et al. Utilization of the genome-wide wheat55K SNP array for genetic analysis of stripe rust resistance in common wheat line P9936 [J]. Phytopathology,2019-04-05[2019-04-20]. DOI:10.1094/PHYTO-10-18-0388-R.
- [20] PENNISI E. Detailed genome maps paths to better wheat [J]. Science,2018,361:635.
- [21] International Wheat Genome Sequencing Consortium (IWGSC). Shifting the limits in wheat research and breeding using a fully annotated reference genome [J]. Science,2018,361:1-13.
- [22] RAMÍREZ-GONZÁLEZ R H, BORRILL P, LANG D, et al. The transcriptional landscape of polyploid wheat [J]. Science,2018,361:1-12.
- [23] ALAUX M, ROGERS J, LETELLIER T, et al. Linking the International Wheat Genome Sequencing Consortium bread wheat reference genome sequence to wheat genetic and phenomic data [J]. Genome Biol,2018,19:1-10.
- [24] 张羽,张先平,李小鹏,等. 分子标记在小麦抗条锈病遗传育种中的应用研究进展[J]. 分子植物育种,2018,16(18):6032-6045.
- [25] 吴澎,刘娟,田纪春. 单核苷酸多态性(SNP)分子标记在小麦遗传育种中的研究进展[J]. 农学学报,2019,9(1):54-58.
- [26] YAO F J, ZHANG X M, YE X L, et al. Characterization of molecular diversity and genome-wide association study of stripe rust resistance at the adult plant stage in Northern Chinese wheat landraces [J]. BMC Genet,2019,20:1-16.
- [27] SCHEBEN A, VERPAALLEN B, LAWLEY C T, et al. Crop SNPdb: A database of SNP array data for Brassica crops and hexaploid bread wheat [J]. Plant J,2019,98:142-152.
- [28] MARZARIO S, LOGOZZO G, DAVID J L, et al. Molecular genotyping (SSR) and agronomic phenotyping for utilization of durum wheat (*Triticum durum* Desf.) Ex Situ collection from southern Italy: A combined approach including pedigreed varieties [J]. Genes (Basel),2018,9:1-20.
- [29] QURESHI N, BARIANA H S, ZHANG P, et al. Genetic relationship of stripe rust resistance genes Yr34 and Yr48 in wheat and identification of linked KASP markers [J]. Plant Dis,2018,102:413-420.
- [30] SINGH A K, CHAURASIA S, KUMAR S, et al. Identification, analysis and development of salt responsive candidate gene based SSR markers in wheat [J]. BMC Plant Biol,2018,18:1-15.
- [31] LIU J J, LUO W, QIN N N, et al. A 55 K SNP array-based genetic map and its utilization in QTL mapping for productive tiller number in common wheat [J]. Theor Appl Genet,2018,131:2439-2450.
- [32] 李玮,宋国琦,陈明丽,等. 小麦分子标记数据库的建立[J]. 山东农业科学,2017,49(11):1-12.
- [33] 田纪春. 小麦主要性状的遗传解析及分子标记辅助选择育种[M]. 北京:科学出版社,2015.
- [34] PELEMAN J D, VAN DER VOORT J R. Breeding by design [J]. Trends Plant Sci,2003,8(7):330-334.
- [35] 万建民. 作物分子设计育种[J]. 作物学报,2006(3):455-462.
- [36] 王建康,李慧慧,张学才,等. 中国作物分子设计育种[J]. 作物学报,2011,37(2):191-201.
- [37] 余泓,王冰,陈明江,等. 水稻分子设计育种发展与展望[J]. 生命科学,2018,30(10):1032-1037.
- [38] 邱丽娟,王昌陵,周国安,等. 大豆分子育种研究进展[J]. 中国农业科学,2007,40(11):2418-2436.