



二系杂交小麦研究进展

赵昌平^{†*}, 汪德州[†], 张风廷, 孙辉, 付锦州, 房兆峰, 左静红, 郝小聪, 唐益苗^{*}

北京市农林科学院杂交小麦研究所, 北京 100097

[†] 同等贡献

* 联系人, E-mail: cp_zhao@vip.sohu.com; tangyimiao@baafs.net.cn

2025-05-14 收稿, 2025-05-25 修回, 2025-06-06 接受, 2025-06-06 网络版发表

国家重点研发计划(2022YFF1003502)资助

摘要 小麦是全球重要的主粮作物之一, 随着全球人口的不断增长, 提高小麦产量以确保粮食安全已成为紧迫任务. 杂种优势利用被认为是提升小麦单产的关键途径. 近年来, 基于光温敏雄性不育系的小麦二系杂交技术取得了显著进展, 并成功推动了杂交小麦的产业化应用. 本文综述了光温敏雄性不育(photo-thermosensitive genic male sterility, PTGMS)种质的发现、光温转化特征、遗传机制, 以及其在不育系选育、恢复系创制、强优势杂交种创新、规模化制种技术和示范推广等方面的科研进展. 此外, 本文还提出了二系杂交小麦未来发展的科技创新与产业化建议, 指出传统育种、生物技术、智能农机等多技术手段的融合将是推动二系杂交小麦创新与产业化发展的重要方向.

关键词 二系杂交小麦, 光温敏雄性不育, 杂种优势, 产业化应用, 科技创新

在水稻和玉米等粮食作物中, 杂种优势利用显著推动了产量提升和抗逆能力的增强^[1,2]. 小麦作为全球第一大粮食作物, 至今尚未实现杂种优势的大规模利用^[3]. 在20世纪50~90年代, 全球杂交小麦的研究主要集中于三系法(three-line method)和化学杀雄法(chemical hybridization method), 这两种方法分别利用了细胞质雄性不育和化学诱导不育技术. 小麦“三系法”杂交育种体系的建立始于20世纪中叶的突破性发现. 1951年, 日本遗传学家Kihara在国际上首次报道了异源细胞质小麦雄性不育系的成功合成, 这一里程碑式成果开启了小麦细胞质雄性不育(cytoplasmic male sterility, CMS)体系的系统性研究. 随后国际研究团队通过种间远缘杂交策略, 相继创制了T型不育系(含*Triticum timopheevii*、Zhuk胞质)等系列CMS材料. 经过多年遗传改良与配套技术研发, 科研人员最终实现了“不育系-保持系-恢复系”三系材料的遗传协同与功能配套, 成功构建了完整的三系杂交小麦育种体系^[4]. 然而, 由于存在不

育系难以繁殖、育性恢复不彻底、恢复源稀缺、种子皱瘪等科学问题, 至今未能实现大规模应用. 目前, 三系法杂交小麦的研究仍在国际玉米小麦改良中心(International Maize and Wheat Improvement Center, CIMMYT)、先正达集团等机构继续进行, 但尚未达到商业化的阶段. “化杀法”杂交小麦研究始于20世纪50年代Chopra和Jain^[5]使用MH(马来酰肼)处理小麦, 成功获得雄性不育株. 这一方法被认为是一种有希望的小麦杂交优势利用新途径, 因为它避开了恢复、保持关系的限制. 随后, 一些发达国家(如美国、英国、法国等)投入了大量研究资源在化学杀雄剂筛选方面, 尤其是20世纪70年代中后期, 当T型不育系研究在美国及其他国家终止后, 小麦化学杀雄剂筛选研究达到了高潮. 在这一过程中, DPX-3778和乙烯利等物质被发现可以导致小麦花粉不育^[6]; 孟山都公司开发的Clofencet是一种小麦雄性不育试剂, 在美国和法国的大田经过了测试和商业化推广; 到了80年代中后期, 各国陆续筛选出

引用格式: 赵昌平, 汪德州, 张风廷, 等. 二系杂交小麦研究进展. 科学通报, 2025, 70: 3115–3125

Zhao C, Wang D, Zhang F, et al. Research progress of two-line hybrid wheat (in Chinese). Chin Sci Bull, 2025, 70: 3115–3125, doi: [10.1360/CSB-2025-0674](https://doi.org/10.1360/CSB-2025-0674)

了SC2053、Genesis等化学杀雄剂^[6],这些技术和专利主要由美国和法国的跨国公司所垄断.目前,法国和德国已在欧洲利用“化杀法”实现了一定面积的杂交小麦应用,例如Saaten-Union公司推广的Hyfi、Hyrise和Hypod等品种.然而,“化杀法”仍存在诸多问题,包括稳定性、种子成本、环境污染以及药物专一性等方面的挑战,这些问题至今未能得到有效解决.因此,生产应用面积长期未见显著增长,未能取得重大突破.尽管这些方法在当时取得了一定进展,但也面临诸多技术瓶颈,如不育系繁殖困难、恢复基因资源狭窄以及制种成本高昂等问题.这些限制因素导致相关研究在国际上陷入了停滞.自20世纪90年代以来,中国科学家在这一领域取得了关键性突破,发现了光温敏雄性不育(photo-thermosensitive genic male sterility, PTGMS)材料,即小麦雄性不育能够受光照和温度条件调控^[4],这一发现为二系杂交小麦的研究与创新资源开发奠定了基础.基于光温敏雄性不育材料,中国逐步构建了具有自主知识产权的二系杂交小麦技术体系,并最终实现了杂交小麦的商业化应用.得益于这一技术体系,中国成为全球首个成功实现小麦杂交商业化的国家,国际学界普遍认可中国在杂交小麦研究和应用中的领先地位.这种二系杂交小麦体系克服了早期三系法和化学杀雄法的技术缺陷,使小麦杂交育种更为高效,且大幅降低了成本,为全球小麦育种带来了新的发展方向.

1 小麦光温敏雄性不育种质的发现及应用

20世纪90年代初,中国在小麦光温敏雄性不育研究领域取得了重要进展.何觉民团队和谭昌华团队分别在湖南、重庆等地发现了ES系列和C49S系列春性温敏型小麦种质^[7,8],赵昌平团队发现了光温敏型冬性小麦种质BS系列^[4],拓展了冬麦区杂交小麦的研究领域.其育性主要受光周期调控,解决了传统温敏型不育系易受气温波动影响的难题,如BS20^[9].进入21世纪,赵凤梧^[10]、何蓓如^[11]、茹振钢^[12,13]以及孙东发^[14]等相继发现LT-1-3A、YS、BNS、337S等新型温敏型或光温敏型雄性不育材料,极大丰富了小麦杂交育种的遗传资源.其中BS366、BS1453等品种通过光温调控实现“不育-可育”智能转换,显著提升了制种效率与稳定性.目前,BS和C49S系列已在中国南北方主要小麦种植区得到广泛应用^[15].同时,BS20、BS366和BS1453等光温敏感不育系的发现,为中国两系杂交小麦的不育系安全稳定种子生产和自繁提供了优异的解决方案^[9,16].

2 小麦光温敏不育的育性转换特性及应用

小麦的光温敏雄性不育特性主要体现在短日照和低温环境下的雄性不育现象,而在长日照和高温条件下可恢复育性.小麦雄配子发育及育性特征受穗分化阶段光温条件的协同调控^[15,17].不同的光温敏不育系在低温诱导敏感期和临界温度方面存在差异.BS型光敏不育系育性转换的光周期敏感期为药隔形成期至单核期,其临界光温参数为日长12.5~13.5 h及日均温10.0~14.0°C^[9].BNS型温敏不育系育性转换敏感期为雌雄蕊分化期至四分体形成期,日均温为8~12°C^[12,13].C49S型温敏不育系育性转换敏感期在孕穗期,其临界光照时长为12 h,日均温为12~14°C^[18].LT-1-3A温敏不育系育性转换期从雌雄蕊分化期开始至花粉粒成熟期结束,日均温为18°C^[10].YS型温敏不育系花药低温敏感期从减数分裂期至单核期,日均温为18~20°C^[11].ES-10的育性转换期为雌雄蕊分化期至四分体时期,其临界日长为11.5 h,日均温为9~11°C^[19,20].337S在穗分化阶段表现出光温钝化型雄性不育特性,但在适当播种条件下可恢复育性^[14].这些研究为小麦二系杂交体系的应用提供了理论支持.基于光温调控技术,短日低温可定向诱导雄性不育实现杂交种规模化制种;长日高温可逆恢复育性完成不育系自体繁殖.利用双向调控机制实现了杂交小麦“不育-可育”智能转换的技术闭环.这一育性转换特性在杂交种生产和不育系繁殖方面具有重要应用价值.例如,温敏不育系BS366、BS1453等在北京(北纬39°,长日高温)可以恢复育性,成功实现不育系的自我繁殖;而在河南邓州(北纬32°,短日低温)则可以诱导雄性不育,生产杂交种.

3 小麦光温敏雄性不育基因的定位与遗传机理

光温敏雄性核不育系是一类基于光温响应型分子调控机制的环境智能型作物遗传资源,其育性不仅受到遗传因素的控制,还受外界光温因子的影响,因此其育性表现十分复杂.利用小麦温敏不育系开展的育性遗传定位研究揭示了多个光温敏雄性不育基因的定位.研究发现,小麦温敏不育系C49S的育性受两对隐性基因调控^[8,21],在农大3338中检测到两个光温敏雄性不育基因位点 $ptms1$ 和 $ptms2$,其中 $ptms2$ 位于3A染色体上^[22],温敏不育系SCT-1的育性基因初步定位于2B与5D染色体^[23],温敏不育系BNY-S的育性则受到位于2B染色体

的隐性基因控制^[24]。此外,温光敏不育系337S由两个主效隐性不育基因控制,分别定位于5B和2B染色体^[25]。进一步分析发现,337S不育系的另一个不育基因 *wptms3* 位于1BS染色体的 *Xgwm413* 和 *Xgwm182* 之间^[26]。北京市农林科学院对BS系列光温敏不育系的定位分析显示,温敏不育系BS210的主效基因位于2A、2B和3A染色体,分别位于 *Xgwm1053~Xwmc177*、*Xwmc592~Xwmc474* 和 *Xwmc264~Cfa2262* 区间^[27]。小麦温敏不育系BS20的主效QTL定位于2A、2B和7D染色体上,分布于 *Xgwm830~Xgwm1053*、*Xgwm148~Xgwm37* (*Xgwm44~Cfd1*) 区间^[28]。在温敏不育系BS20-T中,不育基因位于2BL染色体,而在光温敏不育系BS366中,主效基因定位于2DS、4BS和7AL染色体^[29]。通过温敏不育系BS462×CP279双单倍体系构建的F₂群体,鉴定出主要QTL *QMS-5B*,位于包含丝氨酸/苏氨酸蛋白激酶基因 *TraesCS5B03G0887500* 的2.15 Mb区域,为最可能的候选基因^[30]。

在进行光温敏雄性不育基因定位的同时,研究发现,在光温敏雄性不育系农大3338中, *G-box* 家族基因能够通过光信号响应途径调控花粉发育进程^[31]。在BS366不育系中,进一步鉴定出多种细胞骨架相关基因(如微管结合蛋白编码基因)及非编码RNA(包括 *tae-miR156*、*miR167*、*tae-miR164*、*tae-miR171*、*tasiRNA-ARF* 和 *tae-miR17*^[32]),这些因子通过调控减数分裂期花粉母细胞极性建立及激素信号转导,共同参与育性转换的分子网络调控^[33~35]。*miR160* 和 *miR393* 可通过特异性切割生长素信号通路中的关键基因 *ARF17* 和 *TIR1*,从而抑制高尔基体囊泡运输与成膜体形成,导致小孢子细胞板缺陷及花粉外壁发育异常^[36]。此外,脂质代谢相关基因 *TaAnn10* (膜联蛋白家族成员) 及生长素响应因子 *TaARF9* 的异常表达,可能通过干扰花粉壁脂质层的沉积及花药内源激素平衡,进而诱发雄性不育表型^[37,38]。*TaLACS2*、*TaLACS3* 和 *TaLACS5* 的表达受到低温处理的抑制,可能与花药蜡质合成及雄性不育性密切相关^[39]。*TaLACS5* 与 *TaGAMYB-B* 的负相关性以及启动子区域的MYB结构域提示其可能通过MYB调控网络在小麦育性调控中发挥作用^[40]。研究表明,通过全基因组可变剪接分析,发现与结实率相关的多个差异剪接基因,揭示了可变剪接在温敏雄性不育形成中的潜在调控作用。

在温敏基因雄性不育小麦系BNS中,低温胁迫在减数分裂期间引起花药育性转变、空泡分解失败及不

育花粉中淀粉积累的缺失^[41]。研究表明,晚期小孢子(LM)阶段是花药从生长到成熟的过渡阶段,伴随着花药结构和碳水化合物代谢的变化,尤其是果聚糖的合成与再动员。低温干扰了BNS花药的正常代谢,特别是影响了果聚糖合成和蔗糖运输,导致雄性配子体命运异常和花粉败育。果聚糖合成与再动员的失调是花药败育的关键,而细胞壁反转糖酶TaIVR1和蔗糖转运蛋白TaSUT1的调控作用至关重要^[41]。然而,以上差异表达基因与光温敏雄性不育之间的关系仍需进一步实验验证。

近年来,关于小麦温敏雄性不育基因的研究取得了重要突破。北京市农林科学院赵昌平团队首次在BS系列材料中,图位克隆的小麦温敏不育基因 *WTMS1* 的研究表明,其启动子区域存在两个关键的InDel结构变异。在不育条件下,该基因在绒毡层细胞中的表达显著下降。功能验证显示,转基因表达 *WTMS1* 可完全恢复不育系的育性,而下调其表达则会诱导绒毡层细胞提前进入程序化死亡过程,导致雄性不育。这项研究不仅揭示了BS系列花粉母细胞发育异常的细胞学特征,还初步阐明了低温诱导下由小RNA介导的信号传导路径(相关数据待发表)。进一步的研究表明,在不育系BS366中,鉴定出 *SCULP1* 基因,该基因编码一种可直接结合孢粉素单体与香豆酸并催化其交联的酶,参与维持花粉外壁基粒棒的机械强度。低温胁迫下, *SCULP1* 的表达显著下降,导致基粒棒数量减少约50%并丧失结构连续性,最终引发花粉塌陷^[42]。通过CRISPR/Cas9(clustered regularly interspaced short palindromic repeats)靶向编辑其启动子区域,可精准调控 *SCULP1* 对温度的响应,从而实现不育系在特定温度阈值下的可育与不育转换。

在温敏不育系YanZhan 4110S中,高温胁迫通过抑制 *TaMut11* 和 *TaSF3* 的表达,干扰了减数分裂过程中DNA修复的保真性以及剪接体介导的转录后调控,导致花粉发育相关关键途径(如孢粉素合成与激素信号转导)的紊乱,最终诱发雄性不育^[43]。此外,在温敏型细胞质雄性不育小麦(K-TCMS)材料中,研究者鉴定出R2R3-MYB转录因子 *TaMYB305*,该基因在花药中高表达。功能缺失实验表明, *TaMYB305* 沉默会导致花药不开裂和花粉败育,且与茉莉酸合成通路基因的表达异常密切相关,提示该基因通过调控JA合成参与雄性生殖发育,为解析小麦热敏雄性不育的分子机制提供了新的视角^[44]。

此外,在BS系列材料的育性转换过程中,减数分裂期活性氧(reactive oxygen species, ROS)稳态的失衡被认为是核心调控环节. 转录组分析筛选出一类新型脂肪酰辅酶A还原酶基因*TaFAR9*, 该基因在花药中高表达,并定位于内质网. 功能研究表明,*TaFAR9*表达下调会导致ROS过量积累,进而引发花粉壁基粒棒结构断裂以及孢粉素单体交联缺陷,最终诱导雄性不育. 分子对接模拟、酵母双杂交及双分子荧光互补实验进一步证实*TaFAR9*可与其同源蛋白*TaFAR10*形成异源二聚体,共同维持ROS代谢的稳态. 双基因共沉默实验显示,*TaFAR9/10*的功能缺失所产生的表型与单基因沉默一致,揭示了ROS代谢与脂质合成协同调控花粉发育的关键机制^[45].

4 小麦光温敏不育系与恢复系的选育与改良

自“十二五”规划实施以来,我国在小麦主产区着力推进强优势杂交小麦品种的创新与应用,驱动杂交小麦种质创新与品种选育进入快速发展阶段^[3]. 通过全国范围的协作攻关,成功培育了一批具有不同遗传背景的光温敏不育系如BS366、BS1453、MTS-1、K78S、BS237、BS131、BS248、BS252、BS259、C620S、C670S、MTS2、MY2011S43、K43S、K64S、K66S、BNS2-27、BNS368、CM44S-1、YK456S、华S-3等^[15]. 这些不育系为我国杂交小麦的产业化奠定了坚实的基础,主要包括北京市农林科学院创制的BS型(京麦系列)、绵阳市农业科学院和云南省农业科学院培育的C49S型(绵杂系列、云杂系列)等种质^[15,46].

早期学界普遍认为小麦光温敏雄性不育的恢复源广泛,易于实现不育系的恢复. 然而,经过30多年的实践探索,发现光温敏雄性不育的恢复性是二系杂交小麦应用的主要限制因素之一. 光温敏不育性状的恢复主要受1-2对主效基因和微效基因控制,需通过多基因聚合策略优化恢复系. 不同类型的不育系需要特定的恢复基因,广谱型恢复资源较少,这增加了研究的复杂性. 研究指出,通过聚合恢复基因、改良农艺性状和制种性状,创制兼具高恢复力、高配合力、良好开花习性和优良农艺性状的光温敏恢复系,是实现二系杂交小麦应用突破的关键^[15].

近年来,北京市农林科学院杂交小麦研究所利用国内外种质资源,以高恢复力、易制种、抗病为主要育种目标,结合多种生物技术,开展杂交小麦亲本的创制. 新育成了针对BS系列的包括CP968、CP730、

CP731、05Y花68-2、07Y花91-5等恢复系,恢复力达到96%以上.

5 小麦异交性状调控与高效制种技术研究

由于遗传背景存在差异,不同品系生殖生物学特性(颖颖角度、柱头外露率、柱头活力和花期长短等方面)呈现显著遗传分化. 改良亲本的生殖生物学特性成为提高杂交制种生产效益的关键因素. 研究显示恢复系普遍表现出明显的闭颖授粉特征,其育种改良需聚焦散粉效能核心性状(花药外露率、花药开裂性、花粉量及花期长短等特性);而不育系则需构建高开颖角度和高柱头外露率,以便更有效地接受花粉.

不育系花药的开裂调控是实现授粉的关键前提. 以光温敏核不育系BS366为代表的研究表明,花药开裂过程受到激素信号传导和糖代谢的协同调控^[47]. 转录组分析显示,其差异表达基因(DEGs)主要富集于“植物激素信号转导”与“淀粉和蔗糖代谢”等通路,进一步鉴定出多个与生长素(auxin, IAA)、茉莉酸(jasmonic acid, JA)^[48,49]、油菜素内酯(brassinosteroid, BR)、脱落酸(abscisic acid, ABA)和赤霉素(gibberellin, GA₃)等激素信号传导相关的关键调控基因,以及多个参与蔗糖合成与转运的功能基因^[50]. 在不育条件下,BS366的上述激素及蔗糖含量均发生显著变化,提示激素和糖代谢通过调控相关基因表达协同影响花药开裂过程. 据此,研究者提出了一个“激素-糖代谢协同调控花药开裂”的分子调控模型,为进一步解析光温敏型小麦不育系的授粉障碍提供了理论依据^[50,51].

此外,在杂交制种区常见的灌浆期高温(high temperature, HT)胁迫会严重抑制光温敏不育系(如BS253)母本的籽粒灌浆,显著降低制种产量. 转录组研究揭示,HT胁迫通过时空特异性调控“蔗糖输入-淀粉合成”途径,限制籽粒充实. 热激蛋白(heat shock proteins, HSPs)在高温早期通过表观调控途径维持蔗糖供应,体现出其作为代谢酶与分子伴侣双重调控靶点的潜力,为培育耐热型亲本提供了分子依据^[52].

除了考虑亲本的生殖生物学特性,父母本的制种配比模式、株高和花期的协调性也是影响不育系异交结实率的重要因素. 研究证实,父母本在形态、时空及生理上的协调对于提高杂交小麦的制种效率至关重要^[53],例如不育系与恢复系之间的距离若能控制在0.5 m以内,异交结实率可以显著提高至80%~90%^[54,55]. 此外,通过精心选择父本比例和采用化学调控措施,例

如喷施外源茉莉酸,也能有效地提升制种产量^[56]。这些发现为杂交小麦的制种技术提供了重要的指导,有助于优化制种策略,从而提高杂交小麦制种产量和效益。

在杂交种生产过程中,制种产量和质量的波动是导致杂交小麦的生产成本升高的主要原因。相较于玉米和水稻,小麦制种所需的高播种量,直接推高了小麦杂交种应用成本,严重影响市场接受度。北京市农林科学院杂交小麦研究所经过多年的规模化制种试验和实践,开发出“1:19父母混播”高效制种技术,可显著提高制种产量和降低生产应用成本,为二系杂交小麦的推广应用和产业化提供了理论与技术支持^[3]。例如,南阳地区采用该技术后,制种产量达5273.4 kg/hm²,较传统行比制种增产28.2%。

根据不同的制种模式,相关研发团队配套开发了株行播种机、辅助赶粉机和父本去除机等关键设备,这些设备的应用使制种的机械化水平和规模化产量迈上了一个新台阶。制种技术的不断创新突破以及机械化的广泛应用,助力我国在黄淮冬麦区(河南南阳)、西南丘陵区(四川绵阳)及高原过渡带(云南保山)等地建立了高标准的杂交小麦规模化制种技术体系和标准化制种基地^[3]。上述技术体系的建立与推广,不仅显著提高了杂交小麦的制种产量和效率,也为其大范围推广应用提供了坚实保障。

6 二系杂交小麦品种选育与应用

北京市农林科学院杂交小麦研究所小麦新品种的SSR指纹库容量达到1.7万份,采用自主研发的90K SNP芯片,创建了8.4万个SNP位点指纹图谱包括60份核心不育系和150份核心恢复系,进行了样品间的基因多样性分析,绘制了聚类图谱。分析结果显示,158份种质资源形成两大类群,不育系和恢复系分别聚集于8个遗传关系群(群组1-8)。在不同地区进行的产量杂种优势分析发现,不育系的6和8群以及恢复系的2、3和4群的组合具有优良的产量杂种优势。田间调查进一步验证了在不同地区的最佳杂交模式,即不育系6群与恢复系2、3、4群的杂交组合,提出了遗传远缘(不育系6群与恢复系2)、生态远缘(不育系6群与恢复系3)和冬春杂交(不育系6群与恢复系4)等模式(数据未公开发表);例如,京麦系列(如京麦8、京麦188)杂交种通过冬春杂交策略充分挖掘远缘杂种优势,表现出显著杂种优势,增产15%~30%。

进一步对京麦8及其双亲材料开展的转录组分析表明,幼苗期差异表达基因显著富集于光合作用和碳

固定通路,穗部组织则主要涉及转录调控,多个关键转录因子(如*NAC*、*ERF*、*TIF-IA*)在杂交种中显著上调,提示杂种优势可能源于光合效率的提升与转录调控增强的协同作用^[57]。结合田间表现,穗粒数被确立为高产杂交组合选育的主要攻关性状。

自“十三五”规划实施以来,中国的二系杂交小麦育种取得了显著进展,审定品种数量、类型和适种区域快速扩展。通过广泛的组合配置,利用遗传和生态远缘杂交的双维度杂种优势,挖掘遗传差异和基因互作的潜力,项目组筛选出多个优良组合。共审定33个杂交小麦品种(表1),其中北京市农林科学院杂交小麦研究所共培育24个,包括京麦179、京麦186、京麦188、京麦189、京麦211、京麦218和JM6-3等品种。其中JM6-3在乌兹别克斯坦获得审定,成为我国首个在国外通过审定的杂交小麦品种^[3],此外JM-1683、H-1、18A1等杂交小麦品种在巴基斯坦多年随机区组试验增产25%~50%^[58],展现出巨大的生产应用潜力。目前,在全国范围内的多个新组合正在参加区域试验,部分组合已完成区试程序并待审,如BH2913、BH5357、BH5318等。这些工作不仅展示了中国在杂交小麦育种领域的进步,也为进一步推动杂交小麦的产业化应用奠定了坚实的基础。

相较于常规小麦,杂交小麦在产量增益、产量稳定性和抗逆性等方面具有显著优势,大规模应用对构建粮食安全屏障具有重要意义。北京市农林科学院培育的“京麦”系列自“十三五”以来迅速发展,京麦186,表现出广泛的适应性,是高产稳产的代表品种。尤其“十四五”期间,京麦12、京麦188、京麦189等耐盐碱型杂交小麦品种通过了国家审定,成为我国首批耐盐碱小麦新品种。

京麦12等系列杂交小麦品种在区域试验中表现出较强的耐盐性、广适性和丰产稳产特性,广泛适用于我国北方海浸盐渍麦区和南疆内陆盐渍麦区的种植。京麦188被列入《国家农作物优良品种推广目录(2023年)》的特专型品种,耐盐碱性达到1级;京麦189作为我国首批耐盐碱杂交小麦品种,在全国七个省区进行大面积推广应用,在南疆盐碱地区的亩产最高达到690.8 kg;京麦12在北京郊区的复垦地应用中表现出突出的丰产稳产性能,最高亩产超过700 kg。“十三五”以来,二系杂交小麦品种的示范推广已覆盖全国300多万亩,为中低产田的稳产增产提供了有力支撑。研究表明,“京麦”系列在丰产、节水和抗盐碱等方面表现优异,

表 1 中国二系杂交小麦品种

Table 1 The certified varieties of two-line hybrid wheat in China

时间	审定品种名称	♀母本×父本♂	品种编号	审定单位
“十五” (2001~2005)	云杂3号	C49S-87×98YR5	DS009-2002	云南省农业科学院粮食作物研究所
	绵阳32号	C49S×杰17	国审麦2003002	四川绵阳市农业科学研究院
	云杂5号	K78S×01Y1-1069	滇审小麦200401号	云南省农业科学院粮食作物研究所
	云杂6号	K78S×01Y1-608	滇审小麦200503号	云南省农业科学院粮食作物研究所
	京麦6号	BS210×F832	京审麦2005003	北京市农林科学院杂交小麦研究所
“十一五” (2006~2010)	绵杂麦168	MTS-1×MR-168	国审麦2007003	绵阳市农业科学研究院
	绵杂麦168	MTS-1×MR168	川审麦2007012	绵阳市农业科学研究院
	京麦7号	BS366×CP43	京审麦2009003	北京市农林科学院杂交小麦研究所
“十二五” (2011~2015)	绵杂麦512	4377s13×MR168	川审麦2014012	绵阳市农业科学研究院
	京麦8号	BS366-1×CP811	京审麦2014003	北京市农林科学院杂交小麦研究所
	京麦9号	BS1086×CP730	京审麦2015002	北京市农林科学院杂交小麦研究所
“十三五” (2016~2020)	绵杂麦638	MTS-1×09638	川审麦2016011	绵阳市农业科学研究院
	京麦21	BS1745-1×CP731	晋审麦20170007	北京市农林科学院杂交小麦研究所
	京麦179	BS1745-1×04Y花27-1	国审麦20180072	北京市农林科学院杂交小麦研究所
	京麦11	BS1086×05Y花68-2	京审麦20180001	北京市农林科学院杂交小麦研究所
	京麦12	BS1453×CP279	京审麦20190001	北京市农林科学院杂交小麦研究所
	JM6-3	BS210×F832	乌兹别克斯坦2019	北京市农林科学院杂交小麦研究所
	京麦183	BS237×05Y花68-1	国审麦20200034	北京市农林科学院杂交小麦研究所
	京麦22	BS237×CP8457	晋审麦20200005	北京市农林科学院杂交小麦研究所
“十四 五”(2021~2025)	京麦186	BS608×CP968	国审麦20210068	北京市农林科学院杂交小麦研究所
	京麦188	BS212-2×CP730	国审麦20220067	北京市农林科学院杂交小麦研究所
	京麦189	BS237×CP8457	国审麦20220059	北京市农林科学院杂交小麦研究所
	京麦12	BS1453×CP279	国审麦20220068	北京市农林科学院杂交小麦研究所
	京麦17	BS267×07Y花91-5	京审麦20220002	北京市农林科学院杂交小麦研究所
	京麦17	BS267×07Y花91-5	国审麦20230196	北京市农林科学院杂交小麦研究所
	京麦18	BS237×07Y花91-13	京审麦20220003	北京市农林科学院杂交小麦研究所
	京麦18	BS237×07Y花91-13	国审麦20244003	北京市农林科学院杂交小麦研究所
	京麦19	BS107×CP806	京审麦20220004	北京市农林科学院杂交小麦研究所
	京麦202	BS278-2×05Y花68-1	国审麦20230185	北京市农林科学院杂交小麦研究所
	京麦211	BS131×CP731	国审麦20230197	北京市农林科学院杂交小麦研究所
	京麦218	BS131×CP730	国审麦20244004	北京市农林科学院杂交小麦研究所
	京麦15	BS277×07Y花9105	京审麦20240002	北京市农林科学院杂交小麦研究所
	绵杂麦1101	4377s×MR1101	国审麦20230008	绵阳市农业科学研究院

应用后可节水30%~50%，增产15%~30%。

此外，在环渤海盐碱区(滨州-东营-沧州示范带)建立了核心示范展示区，开展了“京麦188”“京麦189”“京麦183”“京麦21”等品种的示范种植，部分品种实现了多年多点规模化种植突破500 kg/亩水平，增产潜力达30%以上，创造了耐盐碱旱作增产47.1%的纪录，贮藏旱作实打实收近500 kg/亩；在南疆内陆盐渍麦区(新疆莎车县、英吉沙县、疏勒县)大面积种植的“京麦189”，在经受2022年11月底的突发低温及2023年6月中旬的

持续高温考验后，仍能保持活秆成熟，平均亩产达到676.68 kg。2024年，全国耐盐碱小麦种业创新现场观摩会在山东东营举行，农业农村部推介了9个耐盐小麦新品种(www.moa.gov.cn/xw/qg/202203/t20220317_6392576.htm)，其中，包括杂交小麦京麦188、京麦12。

近年来，杂交小麦技术及品种逐步进入国际市场，推动了中国农业科技的全球化进程。北京市农林科学院建立的国际联合测试示范网络，使“京麦”系列在巴基斯坦、乌兹别克斯坦等“一带一路”国家实现了试种

成功, JM6-3在乌兹别克斯坦通过审定, 标志着我国杂交小麦品种首次在海外获得认可。随着杂交小麦在“一带一路”国家的推广, 这一技术有望为全球应对气候变化与粮食安全提供有效解决方案, 同时提升中国现代种业的国际影响力。

7 二系杂交小麦发展关键问题与策略

我国杂交小麦产业已迈入大面积生产应用的初级阶段, 这标志着一个重要的发展里程碑。然而, 在实现杂交小麦全面推广的过程中, 我们仍面临一系列关键的科学与产业化挑战。这些挑战包括但不限于小麦雄性不育体系完善、高效杂交制种技术配套、杂种优势遗传机理解析、强优势杂交种创制及商业化模式等。为了解决这些难题, 需要传统育种、生物技术、生理调控、智能农机等跨学科技术集成, 加速小麦杂种优势的大面积利用。通过这些努力, 我们有望进一步提升杂交小麦的产量和质量, 确保国家粮食安全, 并在全球种业竞争中占据有利地位。

7.1 杂交组合的选育水平有待提升

目前审定的杂交小麦组合, 能够实现10%~20%的增产效果, 但其应用范围主要集中于特定的地理区域。具体而言, 杂交小麦组合主要适用于北部冬麦区、西南冬麦区以及环渤海地区的中低产区等。要实现杂交小麦在更大范围的应用, 亟需加速培育适应不同麦区、具有高产、稳产及抗逆性的强优势杂交组合, 实现具有突破性产量表现的品种。其核心在于优良不育系和恢复系的创新, 以及揭示不育-恢复基因组合的基础机制与优势杂交的遗传机理, 从而提升选育的科学水平。

7.2 规模化、标准化的杂交小麦制种基地建设

在二系杂交小麦的推广应用中, 制种产量和质量的不稳定性成为制约其发展的瓶颈。鉴于此, 迫切需要建立符合高标准的现代化制种基地, 以满足杂交小麦对制种生态条件的特定需求。通过构建规模化、机械化和标准化的制种体系, 可以显著提升杂交小麦制种的生产效率和质量, 为杂交小麦的广泛推广和应用提供坚实的保障。

8 二系杂交小麦发展与展望

未来十年, 我国将迎来杂交小麦产业化发展的黄金时期。全面推进杂交小麦的研究与应用, 对于保持我国在该领域的国际领先地位, 抢占全球种业科技制高点, 和保障国家粮食安全, 具有重大而深远的意义。

当前, 杂交小麦育种正迈入以生物技术与信息技术深度融合的加速发展阶段。小麦作为异源六倍体作物, 其杂种优势利用更为复杂。近年来, 随着分子生物学、功能基因组学、基因编辑和精准育种技术的快速发展, 通过全基因组关联分析(genome-wide association studies, GWAS)、QTL(quantitative trait locus)精细定位、基因组学等手段获得光温敏雄性不育基因和恢复基因, 基于CRISPR/Cas9的基因编辑手段广泛应用于不育系和恢复系创制, 有效提高了材料创制效率。同时, 配合分子标记辅助选择(marker-assisted selection, MAS)和基因组选择(genome selection, GS), 可实现不育系和恢复系遗传背景的精准改良, 加速强优势杂交品种选育进程。

另一方面, 农业智能化的持续推进也为杂交小麦的规模化制种与管理提供了有力支撑。自动驾驶农机与播种设备在制种过程中可实现精准行距控制, 确保不育系与恢复系合理搭配与隔离。智能赶粉无人机、智能喷药无人机、变量施肥系统以及集成图像识别和机器学习的表型组平台, 已广泛应用于智能田间管理和选种筛选环节^[59-61]。农业智能化无疑将对二系杂交小麦育种、制种和商业化发挥重要作用。

在此背景下, 需采取多目标协同与聚合设计策略, 系统融合传统育种、生物技术与智能农机等跨学科手段, 实现育种精准化、效率化与规模化的统一。这种多学科集成方法不仅能加快育种进程、降低成本, 还能提升杂交小麦的产量和质量, 为其产业化发展提供坚实技术支撑。

在推进杂交小麦科技创新和产业发展过程中, 建议构建紧密协同的“产学研政用”合作体系, 借鉴杂交水稻的发展经验, 建立以企业为创新主体的二系杂交小麦联合攻关体系。加大政策支持和资源整合力度, 营造有利的产业发展环境, 推动企业创新、科研院所技术突破与成果转化同步推进。

参考文献

- 1 Yuan L P. Conceiving of breeding further super-high-yield hybrid rice (in Chinese). Hybrid Rice, 2012, 27: 1-2 [袁隆平. 选育超高产杂交水稻的

- 进一步设想. 杂交水稻, 2012, 27: 1–2]
- 2 Dai J R, E L Z. Scientific and technological innovation of maize breeding in China (in Chinese). *J Maize Sci*, 2010, 18: 1–5 [戴景瑞, 鄂立柱. 我国玉米育种科技创新问题的几点思考. 玉米科学, 2010, 18: 1–5]
 - 3 Gao J G, Yang W B, Zhang F T. Progress of research on industrialized technology of two-line hybrid wheat (in Chinese). *J Shanxi Agric Sci*, 2022, 50: 1229–1232 [高建刚, 杨卫兵, 张风廷. 二系杂交小麦产业化技术研究进展. 山西农业科学, 2022, 50: 1229–1232]
 - 4 Zhao C P, Wang X, Zhang F T, et al. Advances of hybrid wheat and two-line system of photo-thermo sensitivity (in Chinese). *Beijing Agric Sci*, 1999, 2: 4–6 [赵昌平, 王新, 张风廷, 等. 杂种小麦的研究现状与光温敏二系法. 北京农业科学, 1999, 2: 4–6]
 - 5 Chopra V, Jain S K, Swaminathan M S. Studies on the chemical induction of pollen sterility in some crop plants. *Indian J Genet Pl Br*, 1960, 20: 188–199
 - 6 Wang S P. Establishment and extension of the molecular mechanism of physiological male sterility in wheat (*Triticum aestivum*) (in Chinese). Doctoral Dissertation, 2016 [王书平. 小麦生理型雄性不育分子机理研究及其败育分子模型的建拓. 博士学位论文, 2016]
 - 7 He J M, Dai J T, Zou Y B, et al. Two-line hybrid wheat research - I. Discovery, breeding and utilization of ecologically male sterile wheat (in Chinese). *Hunan Agric Sci*, 1992, 22: 1–3 [何觉民, 戴君惕, 邹应斌, 等. 两系杂交小麦研究—I. 生态雄性不育小麦的发现, 培育及其利用价值. 湖南农业科学, 1992, 22: 1–3]
 - 8 Tan C H, Yu G D, Yang P F, et al. Preliminary study on sterility of thermo-photo-sensitive genic male sterile wheat in chongqing (in Chinese). *Southwest China J Agric Sci*, 1992, 5: 1–6 [谭昌华, 余国东, 杨沛丰, 等. 重庆温光型核不育小麦的不育性研究初报. 西南农业学报, 1992, 5: 1–6]
 - 9 Li Y F, Zhao C P, Zhang F T, et al. Fertility alteration in the photo-thermo-sensitive male sterile line BS20 of wheat (*Triticum aestivum* L.). *Euphytica*, 2006, 151: 207–213
 - 10 Zhao F W, Li H M, Li A G. Development, fertility transition and fertility inheritance of a thermos-sensitive male sterile line of winter wheat-LT-1-3A (in Chinese). *Acta Agric Nucl Sin*, 2001, 15: 65–69 [赵凤梧, 李慧敏, 李爱国. 冬小麦温敏型雄性不育性lt-1-3a选育及育性转换与遗传研究. 核农学报, 2001, 15: 65–69]
 - 11 He B R, Dong P H, Song X Y, et al. Study on the thermo-sensitivity of thermo-sensitive male-sterile wheat line A3314 (in Chinese). *J Triticeae Crops*, 2003, 23: 1–6 [何蓓如, 董普辉, 宋喜悦, 等. 小麦温度敏感不育系A3314温敏特性研究. 麦类作物学报, 2003, 23: 1–6]
 - 12 Zhang Z Y, Hu T Z, Feng S W, et al. A preliminary study on fertility alteration of thermo-sensitive genic male sterile wheat line BNS (in Chinese). *Henan Agric Sci*, 2010, 7: 5–9 [张自阳, 胡铁柱, 冯素伟, 等. 温敏核雄性不育小麦BNS的育性转换规律初探. 河南农业科学, 2010, 7: 5–9]
 - 13 Wang M T, Gao Q R, Sun Z J, et al. Spike differentiation process and the male sterility of BNS in wheat (in Chinese). *Mol Plant Breed*, 2011, 9: 294–301 [王茂婷, 高庆荣, 孙正娟, 等. BNS小麦穗分化进程与其雄性不育性的表现. 分子植物育种, 2011, 9: 294–301]
 - 14 Guo R X, Sun D F, Cheng X D, et al. Inheritance of thermo-photoperiod sensitive male sterility in wheat. *Aust J Agric Res*, 2006, 57: 187
 - 15 Zhao C. Research progress and prospects of two-line hybrid wheat in China (in Chinese). *Chin Sci Bull*, 2022, 67: 3119–3128 [赵昌平. 中国二系杂交小麦研究进展与展望. 科学通报, 2022, 67: 3119–3128]
 - 16 Li X Y, Zhao C P, Ye Z J, et al. Studies on the combining ability of yield traits of two-line hybrid wheat (in Chinese). *J Anhui Agric Sci*, 2008, 36: 2687–2690, 2698 [李晓燕, 赵昌平, 叶志杰, 等. 二系杂交小麦产量相关性状的配合力研究. 安徽农业科学, 2008, 36: 2687–2690, 2698]
 - 17 Zhang J K, Yu G D, Zhang Y Q. The role of temperature in the fertility conversion of thermo-light-type male sterile wheat (in Chinese). *Crops*, 1999, 15: 13–15 [张建奎, 余国东, 张亚勤. 温度在温光型雄不育小麦育性转换中的作用. 作物杂志, 1999, 15: 13–15]
 - 18 Zhang J K, He L R, Feng L, et al. Effects of photoperiod on fertility transformation in thermo-photo-sensitive male sterile wheat (*Triticum aestivum* L.) (in Chinese). *J Southwest Agric Univ*, 1999, 21: 518–521 [张建奎, 何立人, 冯丽, 等. 日长和温度对雄性核不育小麦C49S育性转换的影响. 西南农业大学学报, 1999, 21: 518–521]
 - 19 Zhou M L, He J M, Zou Y B, et al. A study on fertility transformation conditions of photoperiod-temperature sensitive genic male-sterile wheat (in Chinese). *J Hunan Agric Univ*, 1996, 22: 231–235 [周美兰, 何觉民, 邹应斌, 等. 光温敏核不育小麦育性转换条件的研究. 湖南农业大学学报, 1996, 22: 231–235]
 - 20 Zhou M L, Tang Q Y, Cheng Y C, et al. On the mechanism of male abortion of photoperiod-temperature sensitive genic male-sterile wheat line of ES-10 (in Chinese). *J Hunan Agric Univ*, 1997, 23: 117–121 [周美兰, 唐启源, 程尧楚, 等. 光温敏核不育小麦ES-10雄性败育机制研究. 湖南农业大学学报, 1997, 23: 117–121]
 - 21 Yang M J, Gu J, Tian Y X, et al. Progress in hybrid wheat technology by the temperature and light-sensitive two-line (in Chinese). *Yunnan Agric Sci Tech*, 2003, 32: 63–68 [杨木军, 顾坚, 田玉仙, 等. 温光敏两系法杂交小麦技术研究进展. 云南农业科技, 2003, 32: 63–68]
 - 22 Cao S H, Guo X L, Liu D C, et al. Preliminary gene-mapping of photoperiod-temperature sensitive genic male sterility in wheat (*Triticum aestivum* L.) (in Chinese). *Acta Genet Sin*, 2004, 31: 293–298 [曹双河, 郭小丽, 刘冬成, 等. 小麦光温敏核雄性不育基因的初步定位. 遗传学报, 2004, 31: 293–298]
 - 23 Zheng J M, Pu Z J, Li S Z, et al. Preliminary molecular mapping of male sterility genes in thermo-sensitive male sterility wheat line SCT-1 (in Chinese). *Mol Plant Breed*, 2015, 13: 775–780 [郑建敏, 蒲宗君, 李式昭, 等. 小麦温敏不育系SCT-1育性基因初步定位分析. 分子植物育种, 2015, 13: 775–780]

- 2015, 13: 775–780]
- 24 Xing Q H, Ru Z G, Zhou C J, et al. Genetic analysis, molecular tagging and mapping of the thermo-sensitive genic male-sterile gene (*wtms1*) in wheat. *Theor Appl Genet*, 2003, 107: 1500–1504
 - 25 Guo R X, Sun D F, Tan Z B, et al. Two recessive genes controlling thermophotoperiod-sensitive male sterility in wheat. *Theor Appl Genet*, 2006, 112: 1271–1276
 - 26 Chen X, Sun D, Rong D, et al. A recessive gene controlling male sterility sensitive to short daylength/low temperature in wheat (*Triticum aestivum* L.). *J Zhejiang Univ Sci B*, 2011, 12: 943–950
 - 27 Chi H F. QTL Mapping for photoperiod-thermo sensitive genic male sterility and red-auricle in wheat (in Chinese). Master Dissertation. Hohhot: Inner Mongolia Agricultural University, 2008 [池慧芳. 小麦光温敏雄性不育性及红叶耳的QTL分析. 硕士学位论文. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2008]
 - 28 Zhang L P, Tian Z M, Zhao C P, et al. QTL mapping for photoperiod-temperature sensitive genic male sterility of BS20 in Common Wheat (in Chinese). *Chin J Agric Biotechnol*, 2010, 18: 437–444 [张立平, 田再民, 赵昌平, 等. 小麦光温敏核雄性不育系BS20育性的QTL分析. 农业生物技术学报, 2010, 18: 437–444]
 - 29 Ru Z G, Zhang L P, Hu T Z, et al. Genetic analysis and chromosome mapping of a thermo-sensitive genic male sterile gene in wheat. *Euphytica*, 2015, 201: 321–327
 - 30 Niu F, Liu Z, Zhang F, et al. Identification and validation of major-effect quantitative trait locus QMS-5B associated with male sterility in photo-thermo-sensitive genic male sterile wheat. *Theor Appl Genet*, 2023, 136: 257
 - 31 Cao S H, Liu D C, Liu L K, et al. Differential expression of genes related to photoperiod-temperature sensitive genic male sterility in wheat, revealed by mRNA differential display using G-box family primer (in Chinese). *Acta Genet Sin*, 2003, 30: 56–61 [曹双河, 刘冬成, 刘立科, 等. 小麦光温敏核雄性不育相关基因的G-box家族引物差式分析. 遗传学报, 2003, 30: 56–61]
 - 32 Tang Z H. Studies on the mechanism of thermosensitive genic male sterility of wheat line BS366 (in Chinese). Doctor Dissertation. Wuhan: Huazhong Agriculture University, 2011 [唐忠辉. 小麦温敏雄性不育系BS366不育机理探讨. 博士学位论文. 武汉: 华中农业大学, 2011]
 - 33 Tang Z, Zhang L, Yang D I, et al. Cold stress contributes to aberrant cytokinesis during male meiosis I in a wheat thermosensitive genic male sterile line. *Plant Cell Environ*, 2011, 34: 389–405
 - 34 Bai J F, Wang Y K, Wang P, et al. Uncovering male fertility transition responsive miRNA in a wheat photo-thermosensitive genic male sterile line by deep sequencing and degradome analysis. *Front Plant Sci*, 2017, 8: 1370
 - 35 Tang Z, Zhang L, Xu C, et al. Uncovering small RNA-mediated responses to cold stress in a wheat thermosensitive genic male-sterile line by deep sequencing. *Plant Physiol*, 2012, 159: 721–738
 - 36 Zhang Y P, Liu Z K, Zhu X D, et al. Identification of miR160a and its target gene arfs in peach fruit and the response analysis of IAA (in Chinese). *Hortic Plant J*, 2019, 46: 613–622 [张彦苹, 刘照坤, 朱旭东, 等. 桃果实中miR160a与其靶基因ARF的鉴定及对IAA的响应分析. 园艺学报, 2019, 46: 613–622]
 - 37 Xu L, Tang Y, Gao S, et al. Comprehensive analyses of the annexin gene family in wheat. *BMC Genomics*, 2016, 17: 415
 - 38 Xu L, Wang D, Liu S, et al. Comprehensive atlas of wheat (*Triticum aestivum* L.) AUXIN RESPONSE FACTOR expression during male reproductive development and abiotic stress. *Front Plant Sci*, 2020, 11: 586144
 - 39 Wu X X, Yang C L, Qi C Y, et al. Genome-wide identification and expression analysis of LACS gene family in wheat (in Chinese). *J Triticeae Crops*, 2021, 41: 401–409 [武雄雄, 杨成兰, 祁存英, 等. 小麦LACS基因家族的全基因组鉴定与表达分析. 麦类作物学报, 2021, 41: 401–409]
 - 40 Liu Y, Liu Z, Zhang H, et al. Genome-wide identification and expression profiling analysis of the long-chain Acyl-CoA synthetases reveal their potential roles in wheat male fertility. *Int J Mol Sci*, 2022, 23: 11942
 - 41 Gao H, Li D, Hu H, et al. Regulation of carbohydrate metabolism during anther development in a thermo-sensitive genic male-sterile wheat line. *Plant Cell Environ*, 2024, 47: 2408–2423
 - 42 Xu L, Tang Y, Yang Y, et al. Microspore-expressed SCULP1 is required for *p*-coumaroylation of sporopollenin, exine integrity, and pollen development in wheat. *New Phytol*, 2023, 239: 102–115
 - 43 Yang X, Ye J, Zhang L, et al. Blocked synthesis of sporopollenin and jasmonic acid leads to pollen wall defects and anther indehiscence in genic male sterile wheat line 4110S at high temperatures. *Funct Integr Genomics*, 2020, 20: 383–396
 - 44 Wang X, Wang J, Liu Z, et al. The R2R3 MYB gene *TaMYB305* positively regulates anther and pollen development in thermo-sensitive male-sterility wheat with *Aegilops kotschy* cytoplasm. *Planta*, 2024, 259: 64
 - 45 Niu F, Liu Z, Bai J, et al. TaFAR9 and TaFAR10 synergistically regulate fertility conversion of photo-thermo-sensitive genic male sterility lines in wheat by modulating ROS homeostasis. *Int J Biol Macromol*, 2025, 285: 138269
 - 46 Yuan G Q, Tao J, He Y J, et al. Research progress and prospect on hybrid wheat (in Chinese). *J Sichuan Agric Univ*, 2023, 41: 973–980 [袁国强, 陶军, 何员江, 等. 杂交小麦研究进展与展望. 四川农业大学学报, 2023, 41: 973–980]
 - 47 Liu S, Li Z, Wu S, et al. The essential roles of sugar metabolism for pollen development and male fertility in plants. *Crop J*, 2021, 9: 1223–1236

- 48 Liu Y, Li D, Gong J, et al. Comparative transcriptome and DNA methylation analysis in temperature-sensitive genic male sterile wheat BS366. *BMC Genomics*, 2021, 22: 911
- 49 Miao C Q, Qin Z L, Zhao C P, et al. Effect of methyl jasmonate on the induction of glume opening in photothermo-sensitive male sterile wheat line BS366 under different stages (in Chinese). *J Triticeae Crops*, 2008, 28: 564–567 [缪晨琦, 秦志列, 赵昌平, 等. 不同时期茉莉酸甲酯处理对光温敏雄性不育小麦BS366颖花开放的诱导效应. *麦类作物学报*, 2008, 28: 564–567]
- 50 Zhang T, Yuan S, Liu Z, et al. Comparative transcriptome analysis reveals hormone signal transduction and sucrose metabolism related genes involved in the regulation of anther dehiscence in photo-thermo-sensitive genic male sterile wheat. *Biomolecules*, 2022, 12: 1149
- 51 Tan Z G, Li Y M, Bai J F, et al. Cloning of TaBG and analysis of its function in anther dehiscence in wheat (in Chinese). *J Integr Agr*, 2021, 54: 2710–2723 [谭照国, 李艳梅, 白建芳, 等. 小麦TaBG的克隆及其在花药开裂中的潜在功能. *中国农业科学*, 2021, 54: 2710–2723]
- 52 Hou Q, Gao J, Wang H, et al. Physiological and transcriptome analyses provide insights into the response of grain filling to high temperature in male-sterile wheat (*Triticum aestivum* L.) lines. *Int J Mol Sci*, 2024, 25: 12230
- 53 Zhao C. Research and application of hybrid wheat in China. *Strat Study of CAE*, 2013, 11: 19–21
- 54 Song X Y, Ma L J, Hu Y G, et al. Study on new system of producing hybrid wheat seed by mixing male sterile line and restorer line (in Chinese). *J Triticeae Crops*, 2002, 22, 31–34 [宋喜悦, 马翎健, 胡银岗, 等. 杂交小麦混合制种新体系的初步研究. *麦类作物学报*, 2002, 22: 31–34]
- 55 Qin Z L, Zhang F T, Ye Z J, et al. Study on outcrossing rate in photo-thermo-sensitive male sterile wheat line BS366 under different pollen density (in Chinese). *Acta Agricult Bor Sin*, 2007, 22: 130–133 [秦志列, 张风廷, 叶志杰, 等. 不同花粉密度条件下光温敏雄性不育小麦BS366异交结实分析. *华北农学报*, 2007, 22: 130–133]
- 56 Bai J, Wang Y, Wang P, et al. Genome-wide identification and analysis of the *COI* gene family in wheat (*Triticum aestivum* L.). *BMC Genomics*, 2018, 19: 754
- 57 Liu Y, Gao S, Tang Y, et al. Transcriptome analysis of wheat seedling and spike tissues in the hybrid Jingmai 8 uncovered genes involved in heterosis. *Planta*, 2018, 247: 1307–1321
- 58 Ullah B, Lou H, Arif M, et al. Optimizing NPK fertilization for enhanced performance of Chinese wheat hybrids under agro-climatic condition of peshawar valley. *Agronomy*, 2024, 14: 1904
- 59 Yu H, Bai S, Li J. Towards Breeding 5.0: Smart variety by intelligent breeding (in Chinese). *Chin Sci Bull*, 2024, 69: 4687–4690 [余泓, 白世伟, 李家洋. 迈向育种5.0:智能品种的智能培育. *科学通报*, 2024, 69: 4687–4690]
- 60 Farooq M A, Gao S, Hassan M A, et al. Artificial intelligence in plant breeding. *Trends Genet*, 2024, 40: 891–908
- 61 Knapen R, de Wit A, Buyukkaya E, et al. Efficient and scalable crop growth simulations using standard big data and distributed computing technologies. *Comput Electron Agr*, 2025, 236: 110392

Summary for “二系杂交小麦研究进展”

Research progress of two-line hybrid wheat

Changping Zhao^{†*}, Dezhou Wang[†], Fengting Zhang, Hui Sun, Jinzhou Fu, Zhaofeng Fang, Jinghong Zuo, Xiaocong Hao & Yimiao Tang^{*}

Institute of Hybrid Wheat, Beijing Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Beijing 100097, China

[†] Equally contributed to this work

^{*} Corresponding authors, E-mail: cp_zhao@vip.sohu.com; tangyimiao@baafs.net.cn

As the most cultivated cereal crop globally, wheat has lagged behind maize and rice in commercial heterosis utilization due to technical challenges. This review highlights the evolution of hybrid wheat breeding systems, emphasizing China's breakthroughs in establishing a two-line platform using photo-thermo-sensitive genic male sterility (PTGMS). Historically, international efforts centered on cytoplasmic male sterility (CMS) and chemical hybridizing agents (CHA), but faced issues like incomplete fertility restoration, environmental sensitivity, and high costs.

In the 1990s, Chinese researchers pioneered PTGMS lines (e.g., BS, C49S, BNS), enabling environment-dependent fertility regulation. For instance, PTGMS lines BS366 and BS1453 exhibit sterility under short-day, low-temperature conditions (e.g., Dengzhou, 32°N) for hybrid seed production, while restoring fertility under long-day, high-temperature environments (e.g., Beijing, 39°N) for self-propagation. Genetic studies mapped fertility-related loci to chromosomes 2A, 2B, 3A, and 5B, involving pathways in light signaling, cytoskeletal dynamics, and lipid biosynthesis. Functional characterization of genes like WTMS1, SCULP1, and TaFAR9 revealed roles in thermo-sensitive sterility, ROS homeostasis, and cell wall formation, enabling CRISPR/Cas9-based precision breeding.

Since 2000, China has commercialized 33 PTGMS-based hybrids (e.g., Jingmai 188, Jingmai 189), achieving 15%–30% yield gains and enhanced stress tolerance. Salt-tolerant hybrids like Jingmai 12 series yield 10,500 kg/ha in saline-alkali soils. Heterosis stems from optimized photosynthetic efficiency and transcriptional regulation, supported by systematic heterotic group development. Advances in seed production technologies, including the “hormone–sugar metabolism co-regulation model” and “1:19 paternal mixture” strategy, boosted hybrid seed yields to 5,273 kg/ha (+28.2%). Mechanized tools (row sowers, assisted pollinators) further improved efficiency.

China's PTGMS platform integrates germplasm innovation, molecular breeding, and hybrid seed production, with global impact: JM6–3 is registered in Uzbekistan, and trials in Pakistan show 25%–50% yield increases. The remaining challenges include optimizing heterotic combinations and seed production stability. Future directions involve multi-omics integration, pan-genome construction, and AI-driven breeding to enhance climate resilience. China's leadership in hybrid wheat innovation not only advances global heterosis research but also offers sustainable solutions for food security amid climate change.

two-line hybrid wheat, photo-thermosensitive genic male sterility, heterosis, industrial application, technological innovation

doi: [10.1360/CSB-2025-0674](https://doi.org/10.1360/CSB-2025-0674)