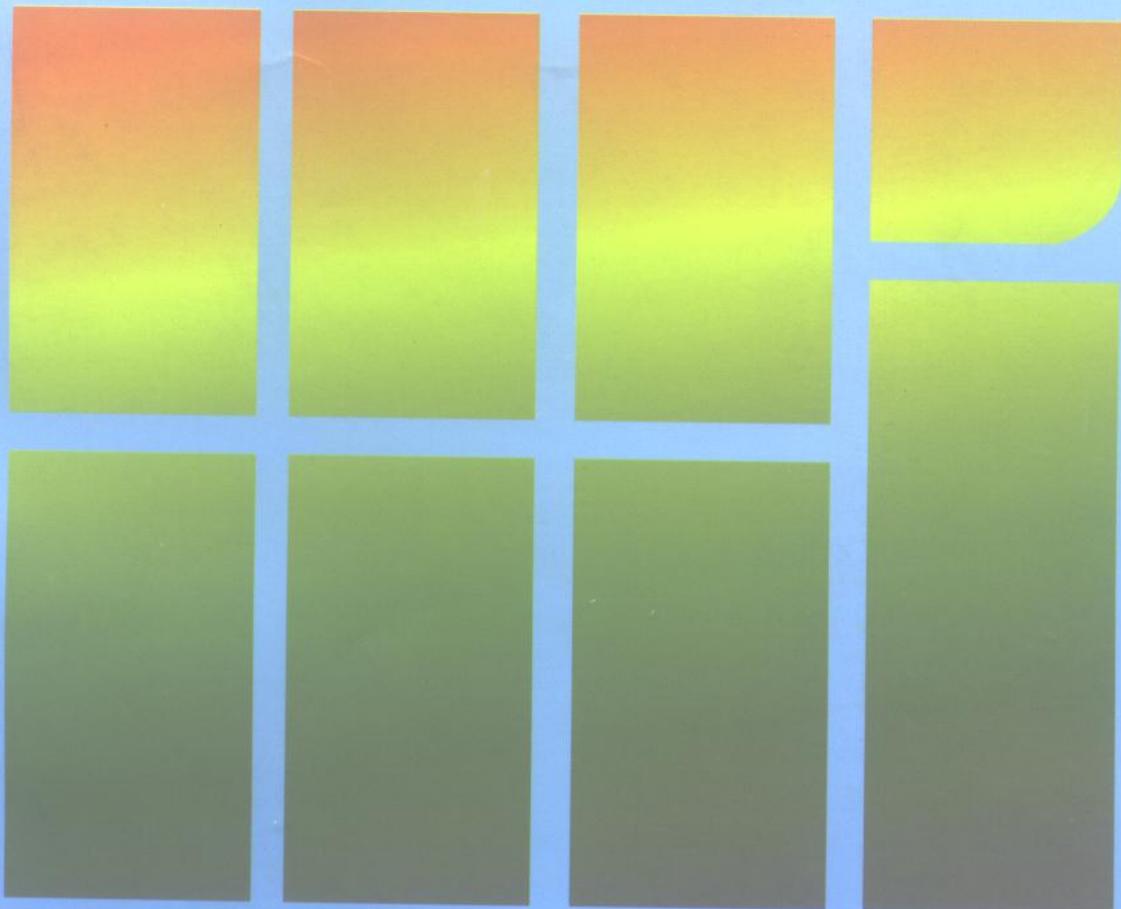


“八五”国家农业科技 攻关论文选萃



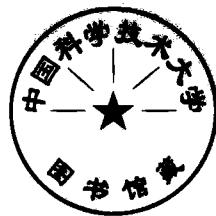
王晓方 主编

中国农业科技出版社



“八五”国家农业科技攻关论文选萃

王晓方 主编



中国农业科技出版社

444308

(京)新登字 061 号

图书在版编目(CIP)数据

“八五”国家农业科技攻关论文选萃/王晓方主编. —北京:中国农业科技出版社, 1997. 4
ISBN 7-80119-378-4

I . 八… II . 王… III . 农业科学-科学研究-文集 IV . S-53

责任编辑	薛 尧
出版发行	中国农业科技出版社 (北京海淀区白石桥路 30 号)
经 销	新华书店北京发行所发行
印 刷	中国农业科学院区划所印刷厂
开 本	787 毫米×1092 毫米 1/16 印张: 36
印 数	1—2000 册 字数: 880 千字
版 次	1997 年 4 月第一版 1997 年 4 月第一次印刷
定 价	50.00 元

《“八五”国家农业科技攻关论文选萃》

编辑委员会

主 编:王晓方

副主编:申茂向 李晓林 郭增艳

编 委(按姓氏笔画为序):

文 学 王晓方 王 震 申茂向

史锁达 吴 伟 李晓林 陈 静

杭三八 郭增艳 蒋茂森 满秀芬

魏勤芳

前　　言

农业是国民经济的基础。党和政府历来十分重视农业，始终把农业和农村经济的发展摆在国民经济发展的首要位置，把发展农业科技列为“科教兴国”的关键议程。根据党中央、国务院确定的国民经济和社会发展第八个五年计划的目标和要求，针对我国农业生产中存在的重大问题，并从我国国情实力出发，在“六五”、“七五”国家科技攻关基础上，“八五”期间共安排农业科技攻关项目 19 项，设立课题 59 个，专题 340 个，内容涉及种植、养殖、区域治理、林业及相关行业等方面。

经过近 2 万名科技工作者 5 年的艰苦努力，圆满完成了攻关任务和考核目标。为我国农业持续、健康发展提供了一批关键技术，取得了一批优异的新成果，提高了我国农业的整体水平和农业科技的综合素质，并为“九五”农业科研奠定了坚实的基础，得到了社会各界的高度评价。

为了进一步总结“八五”农业科技攻关取得的成就，展示“八五”农业科技攻关的研究进展，促进农业科技信息的广泛交流，为“九五”农业科技攻关服务，国家科委农村科技司编辑出版了《“八五”国家农业科技攻关论文选萃》。本书共收录论文 87 篇，是从所征集到的近 200 篇论文中挑选出来的。在论文挑选过程中，适当考虑到攻关项目内容的完整性、代表性。使我们感到遗憾的是，因篇幅所限或有些论文的格式、图片不合要求，许多高质量的论文未被选中，还望作者谅解！

在本书的编辑过程中，得到了有关部委及“八五”农业科技攻关各项目执行单位的大力支持，在此一并表示衷心感谢。由于时间仓促，加之水平有限，书中定有错漏之处，敬请读者批评指正。

编　者
一九九六年十月

目 录

1. 中国农作物种质资源信息系统的进展 张贤珍等(1)
2. 普通小麦与沙生冰草、根茎冰草属间杂种的产生及其细胞遗传学研究 李立会(9)
3. 中国野生大豆资源的地理分布及生态分化研究 李福山(21)
4. 作物抗寒性鉴定原理与鉴定技术体系的研究 赵玉田(29)
5. 大白菜和紫菜薹自交系染色体组 DNA 的 RAPD 分析 漆小泉等(37)
6. 花生品种资源的收集保存鉴定 段乃雄等(42)
7. 杂交水稻谷粒性状的遗传分析 符福鸿等(48)
8. 早熟、高产、抗病小麦新品种鲁麦 15 的选育 孙兰珍等(53)
9. 太谷核不育小麦育种工作 10 年 邓景扬(58)
10. 对两个亚热带优质蛋白玉米群体的适应性混合选择研究
 - I. 开花期性状的直接选择响应 张世煌等(62)
11. 导入热带玉米种质小群体选系的配合力研究 吴景锋等(72)
12. “Ch 型”谷子 (*Setaria italica*) 显性核不育的遗传及其应用研究 胡洪凯等(77)
13. 标准偏丰产型单粒种甜单 1 号的选育 刘升廷等(86)
14. 对应分析在花生育种中的应用 汤丰收等(89)
15. 利用果针离体培养克服花生属种间杂交不亲和的研究 申馥玉等(94)
16. 利用 TPS 夏播生产优质实生种薯的研究——夏播实生种薯
和常规实生种薯的比较 隋启君等(99)
17. 一个甘蓝显性雄性不育基因及其利用 方智远等(102)
18. 茸毛基因和 Tm-2nv 及其重组基因型对番茄病毒病
抗性的研究初报 西安蔬菜研究所(108)
19. 水稻主要病虫害综合防治技术体系的新发展 何明等(112)
20. 野燕麦、遏兰菜复合群体对小麦产量损失研究 郭青云等(118)
21. 利用累积虫日、病日建立多病虫复合为害损失估计模型及
经济阈值——小麦白粉病、蚜虫、粘虫复合为害 丁红建等(124)
22. 亚洲玉米螟一、二代成虫扩散规律研究 王振营等(133)
23. 控制棉铃虫猖獗危害的区域性综合防治关键技术体系的研究 戴小枫(137)
24. 鼠类不育控制的生态学基础 张知彬(142)
25. 引进花角蚜小蜂防治松突圆蚧的研究 潘务耀等(148)
26. 利用多时相遥感数据监测森林病虫害的研究 武红敢等(156)
27. 松嫩平原岗平地黑土培肥农作制研究 王占哲等(160)
28. 农牧结合生态系统关联稳定性分析 孟军等(166)
29. 小流域水土保持优化模式的研究 张忠学等(170)
30. 松嫩平原风沙干旱瘠薄地综合治理与优化生态设计 李取生等(178)

31. 论黄淮海地区的农牧结合工程 程 序(185)
32. 黄淮海棉区棉麦两熟光能流与物质流研究
 1. 共生期棉行光分布与日总量 毛树春等(194)
33. 渤海水域生物理化环境现状研究 崔 肖等(201)
34. 黄淮海平原缺水盐渍区农业持续与生态系统研究 田魁祥等(212)
35. 节水农业持续发展研究 贾大林等(217)
36. 晚播冬小麦春季单期灌水效应的研究 王树安等(223)
37. 洼涝盐渍土“淡化肥沃层”的培育与功能的研究 严慧峻等(239)
38. 旱地土壤中的肥水激励机制 汪德水等(247)
39. 旱地施肥对春小麦根系生长、代谢的影响及
 促进水分有效利用的机理 陈利军等(253)
40. 渭北东部旱塬氮磷水三因素交互作用与耦合模型研究 吕殿青等(259)
41. 我国北方旱农区发展粮食生产的潜力和前景 陶毓汾(265)
42. 论宁南旱区农业技术 王立祥(269)
43. 旱地农业中有限水高效利用的研究 山 仑(275)
44. 黄土高原水土流失区的林草资源和植被建设 吴钦孝等(281)
45. 黄土塬区沟谷侵蚀与发展 刘秉正等(288)
46. 渭北旱塬夏闲地聚水保墒耕作技术的研究 韩思明等(296)
47. 晋西黄土地区侵蚀地貌特征及其分区的研究 王治国等(301)
48. 我国红黄壤地区土地资源特点及开发利用对策 陈印军等(312)
49. 红壤坡地柑桔园栽植香根草的生态效应 陈 凯等(317)
50. 红壤施用石灰钾硼镁稀土对大豆产量的影响 解美珍等(322)
51. 滇中高原高产玉米的产量形成 路季梅等(328)
52. 中国主要针叶树人工林与天然林及幼龄材与
 成熟材流体渗透性比较研究 鲍甫成等(335)
53. 湘南水稻套种高产技术研究 陈福兴等(344)
54. 杨树湿心材的化学特性及形成机理研究 诸葛强等(350)
55. 杉、松、桉幼林两年施肥效应研究 李贻铨等(358)
56. 杉木人工林收获模型系统的研究 惠刚盈等(364)
57. 沿海防护林体系热效应的遥感分析 王述礼等(370)
58. 林带中阻力分布的理论分析 关德新等(375)
59. 沿海防护林体系生态效益研究 康立新等(382)
60. 九龙山林地土壤水分动态研究 张理宏等(388)
61. 林冠对降雨截留过程的研究 杨立文等(393)
62. 太行山石质山区水土保持林营造技术研究 李昌哲等(400)
63. 红池坝人工草地放牧方式和放牧强度的研究 王淑强(415)
64. 科尔沁草甸草原杂种肉牛粗饲料为主的优化饲养模式的研究 李玉荣等(422)
65. 鄂尔多斯高原沙地草场改良 王育青等(427)

66. 超低温(LN_2 , -196°C)贮存牧草种子初探 孙丽萍等(435)
67. 中国荷斯坦牛 MOET 核心群育种规划的研究 张 沔(439)
68. 中国西门塔尔牛饲料转化率及预期选择效果研究 李俊雅等(449)
69. 中国西门塔尔牛产肉性能、牛肉质量测定及胴体分割性状
的主成分分析 许尚忠等(454)
70. 中国美利奴羊育种优化方案研究 王爱国(458)
71. 矮小型黄羽肉鸡专门化品系选育 李 东等(467)
72. 猪流行性腹泻病毒适应 Vero 细胞培养及以传代细胞毒制备
氢氧化铝灭活疫苗免疫效力试验 马思奇等(473)
73. 猪传染性胃肠炎与猪流行性腹泻二联细胞灭活疫苗的研究 马思奇等(477)
74. 应用双抗体夹心 ELISA 法检测鸡病毒性关节炎病毒的研究 曲立新等(482)
75. 抗日本血吸虫单克隆抗体的建立及特性测定 林矫矫等(487)
76. 放流虾群在港内的移动和分布 徐君卓(493)
77. 长江白鲢酯酶同工酶的类型与生长的相关性
及其在原种保存中的应用 余来宁等(501)
78. 真鲷(*Pagrosomus major*)苗种生产技术的开发研究 柳学周等(506)
79. 鳀鱼胚胎和卵黄期仔鱼的发育与营养特性研究 区又君等(515)
80. 养殖鱼类细菌性败血症的菌苗制备技术 陈月英等(526)
81. 维生素免疫促生长剂对蛋鸡抗应激能力及其生产性能的影响 蔡辉益等(532)
82. 日粮磷和锰水平对肉仔鸡某些组织的影响 齐广海等(535)
83. 氨化炉氨化秸秆工艺 夏建平等(539)
84. 鲤肠道正常菌群的研究 王红宁等(546)
85. 去盲肠鸡和未去盲肠鸡测定花生粕、胡麻粕、芝麻粕氨基酸
消化率的研究 侯水生等(551)
86. 遏罗鱼腥藻(*Anabaena siamensis*)和中华植生藻(*Richelia sinica*)
生长特性的比较研究 宋立荣等(559)
87. 油脂脱色废白土饲用技术研究 高素芬等(563)

中国农作物种质资源信息系统的进展

张贤珍 曹永生

(中国农业科学院作物品种资源所 北京 100081)

摘要 本文介绍了“八五”中国农作物种质资源信息系统的进展。通过5年的工作扩大了国家种质库管理数据库、种质特性评价鉴定数据库、国内外种质交换数据库的规模。新建了国家青海复份种质库、多年生野生圃管理数据库、优异资源数据库及中期库管理数据库。信息管理系统在系谱分析、统计分析、图形分析、图象识别方面设计了新的应用软件,增加了新的功能。

关键词 种质资源 数据库 图像识别 染色体 同工酶 电子地图

通过“八五”攻关,中国农作物种质资源信息系统(CGRIS)无论是数据库的规模,还是管理系统的功能都有了新的扩展,系统更加丰富完善,运行更加快捷方便。新增加的图形分析和图象识别功能,为种质资源深化研究提供了高技术手段。

1 扩建了CGRIS基础数据库

在“七五”攻关基础上,扩大了国家种质库管理数据库、种质特性评价鉴定数据库、国内外种质交换数据库的规模。国家种质库管理数据库从120种作物、20万份扩大到141种作物、30.65万份,其中大田作物59种、28.25万份,蔬菜作物82种、2.4万份。该库包含种子入库登录、清选、发芽、干燥、包装、入库过程中的信息。这些信息有助于国家种质库的管理和种子生命力的监测,以便有计划地繁殖更新。种质特性评价鉴定数据库从141种作物、27万份种质扩大到160种作物、33万份种质。它包括种质的基本情况、植物学形态、农艺性状、品质、抗病、抗逆、细胞学、分子学及其他特征特性评价鉴定的数据。这些信息保证了保存在国家种质库(圃)的每一份种质有一份有价值的数据,它可为拓宽遗传基因的利用范围和生物多样性的保护提供可靠信息。国内外种质交换数据库增加了1.28万份、14万个数据项值,它包含每份引进种质的作物类别、名称、引入国家、引入时间、试种地点及初步试种情况。每份对外提供种质的作物种类、名称、提供的国家、提供的时间及主要特性等。该库可随时为国内外种质交换提供信息。同时,又新建了四个基础数据库:1. 多年生野生圃管理数据库,拥有1.114万份种质、13.4万个数据项值的信息。它包括入国家野生圃保存的水生蔬菜、野生稻、苎麻、甘蔗、野生花生、茶、桑等作物的种质特性评价鉴定的数据。这些数据可为多年生作物的保存和繁殖更新提供依据;2. 国家青海复份种质库拥有141种作物,30.54万份、244万个数据项值的信息。该库包含由北京国家种质库转移至青海复份种质库的种质活力测定、转移时间、种重、存放青海库箱号及库位等数据,为青海复份种质库的管理和监测提供信息;3. 主要粮食作物和部分经济作物优异种质特性评价

鉴定数据库,该库拥有1万份种质、30万个数据项值。它包含具有一项或多项优异特性的种质在不同年度和不同生态区评价鉴定的数据,这些数据将有助于亲本的选择和种质资源深入研究和利用;4. 拥有52种作物、12.4万份种质的中期库管理数据库,该库250g以上的种质有9617份,500g以上的种质有4276份,该库的建立为国内外种质交换提供了方便。

2 应用软件研制的新进展

目前中国农作物种质资源信息管理系统已扩展到8个功能模块(如图1所示),每个模块都增加了新的应用软件。系统已不只是进行信息检索、查询、统计、维护,还结合种质资源研究的需要对数据进行加工分析,将数据处理扩展到对数据库中数据的整体特征进行认识,从而获得一些与数据库数据相吻合的宏观知识,以提高种质资源信息的利用率。利用图形和图象技术,研制了作物种质资源电子地图系统、染色体图象分析系统、同工酶谱电脑分析系统等,这些系统的建立为进一步开展作物基因图谱构建、基因定位以及DNA序列测定中绘制各种精确的图形和识别各种图谱奠定了良好的基础。

2.1 数据库管理系统

数据库管理系统从原来的DBASE、FBASE与C语言混合编程改为FOXPro2.5与C语言混合编程,系统可在DOS或Windows操作系统上运行。目前管理系统可以对上述7个数据库进行集中管理和查询。该系统的改造为异构数据库的互连和移植到UNIX、XENIX操作系统奠定了良好的基础。

2.2 系谱分析系统

“八五”设计了水稻系谱分析系统,该系统可以查找水稻品种的特征特性,追踪各个世代的亲本,计算选配率,分析系谱结构,绘制系谱图,从而有助于防止盲目选配和重复选配,提高育种效率。

2.3 数理统计软件包

在原有BASIC语言和C语言农业数据统计基础上,为解决大量的、复杂的、综合性强的特性评价数据的分类问题,设计了亚种以下分类程序。该程序通过建立种质分类专家知识库,确定亚种以下的分类字段、分级标准和分类字段的优先级,再利用种质特性评价数据库,可以迅速地划分亚种以下的变种和类型,大大减轻了科研人员的繁重劳动。同时还研制了划分遗传多样性地理类型的分析程序。该程序也是建立在专家知识库的基础上,在专家确定表示生物多样性特征字段的基础上,对某些性状的表型进行分级,统计每个地区、每个字段各个级别出现的频率,然后计算出生物多样性指数,并进行差异显著性检验,以此判断生物多样性表型的地理类型,为探求作物种质富集中心提供依据。

2.4 图形分析系统

为了将大量、复杂的数字信息转换成直观、易于理解的、可重复分析的、以图形形式表示的画面,呈现在屏幕上,或输出到打印机或激光机上,设计了多变量种质特性图形分析

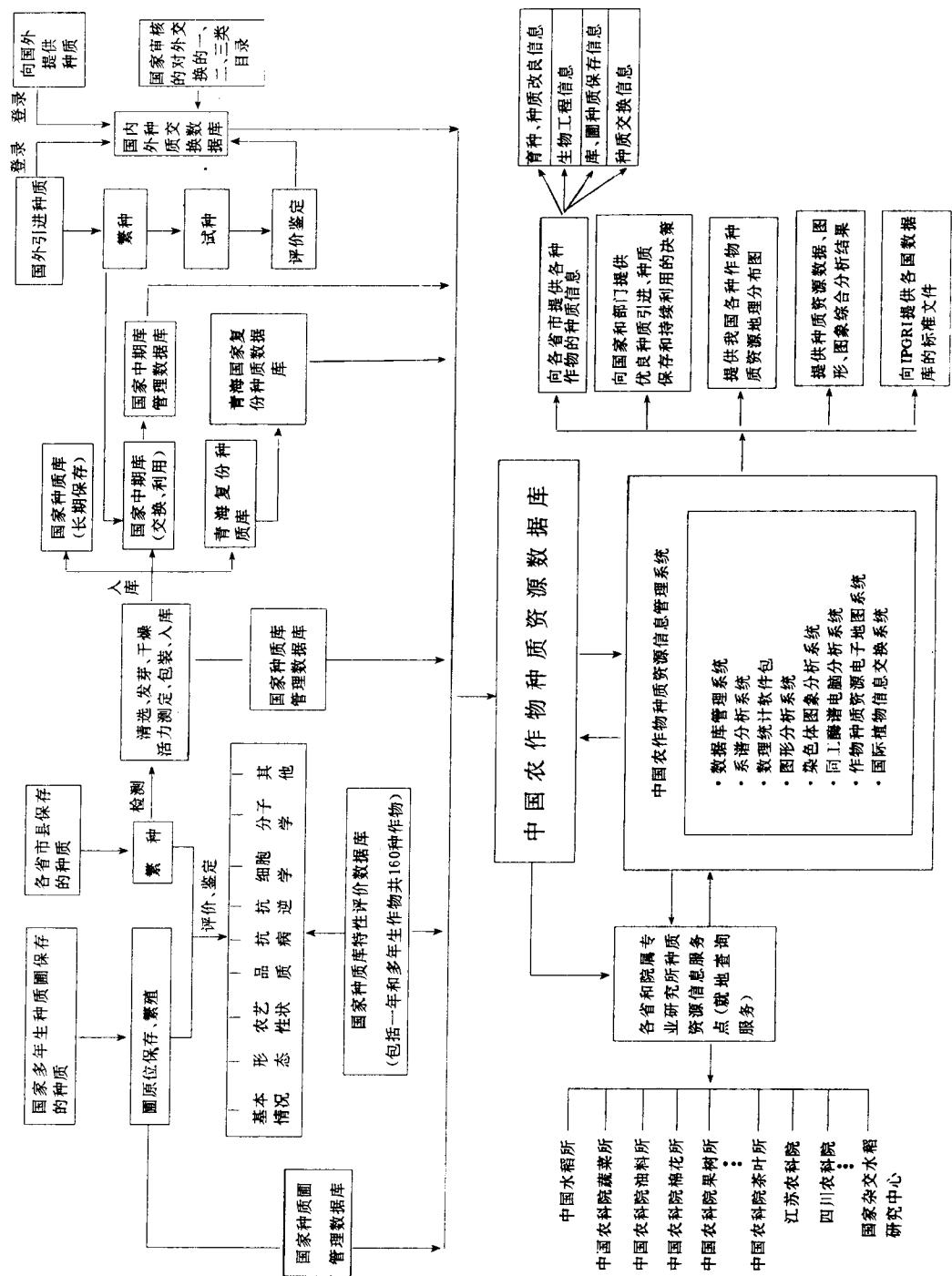


图 1 中国农作物种质资源信息系统体系结构

系统,该系统可以对各种作物来源于或原产于不同地区或不同级别相对应的质量性状或数量性状的统计结果,用图形方式绘制在各种坐标图上,使种质资源工作者可以从一张浓缩的图形上一目了然地看到成千上万份种质所表现的特征特性,这些工作为继续进行优异种质资源和遗传多样性的研究提供了数据分析平台。

2.5 染色体和同工酶图象分析系统

种质资源的研究已经进入了细胞和分子水平,其中重要的研究对象就是细胞的染色体和各种活性酶谱。染色体作为遗传物质的载体,对其研究已成为生物学、细胞学、遗传学等学科的重要课题。染色体的核型分析、分带、互换等技术的进展,促进了生物学的发展,为人为控制种质资源遗传特性开辟了广阔的前景。利用生物化学方法分析同工酶谱,作为遗传信息表达的指标来研究高等植物不育的遗传本质,鉴定作物品种是否存在抗病、抗逆特性的基因,以及划分属种之间的类别,为人们探求作物的生理机制提供了研究途径。但是从事染色体和同工酶分析的研究人员都深知其工作的艰苦性和繁杂性,在显微镜下制成一个细胞染色体要放大 600 倍之后,再用手工将单个染色体剪好进行配对,用头发丝来测量臂长、臂比费时费工,如果染色体发生重叠就更费时间。同样,用等电聚焦法分析的酶谱酶带,研究人员要分析比较各个谱带之间差异,计算迁移率,手工绘制模式图,整个分析过程非常繁杂、费工,严重影响了研究工作的进度。因此利用计算机图象识别技术改进种质资源的细胞、分子水平的研究手段已势在必行。我们从 1992 年开始研制染色体和同工酶图象分析系统。经过 3 年多的工作,已研制成功了植物染色体图象分析系统和同工酶谱图象分析系统。

已建立的染色体图象分析系统是用 C 语言编制的,有 20 000 条源程序,7 个功能模块(如图 2 所示),其中有图象输入模块、图象预处理模块(包括染色体几何形状的校正、噪声消除、染色体图象编辑)、图象分割模块、染色体细化模块、参数获取模块(自动寻找着丝点、自动测量臂长、臂比等参数)、图象自动识别模块(染色体自动配对)以及图象输出模块(打印染色模式图和参数等)。

同工酶谱图象分析系统,亦是用 C 语言编制,有 8 000 条源程序,有 6 个功能模块,其中有图象输入模块、图象预处理模块(畸变校正、平滑、灰度线性变换)、同工酶特征提取、专家知识模块、图象识别模块以及图象输出模块(打印模式图、每个谱带的波形图、迁移率等)(如图 3 所示)。

染色体和同工酶分析系统建成后,已对 1 000 多份大麦、小麦、谷子、荞麦、籽粒苋等作物的染色体或同工酶谱进行了分析,用户反映可以提高工效 30 倍以上,为种质资源深化研究提供了方便。

染色体和同工酶图象分析系统的建立,一方面可以改变手工剪接图象、配对、绘制模式图、计算各种参数等落后的工作方式,提高种质资源深化研究的工作效率;另一方面染色体和同工酶图象分析系统的建立为进一步开展作物基因图谱构建、基因定位以及 DNA 序列测定中绘制各种精确的图形和识别各类图谱奠定了良好的基础。

为了推广利用染色体和同工酶图象分析系统,我们编著了《植物染色体和同工酶图象

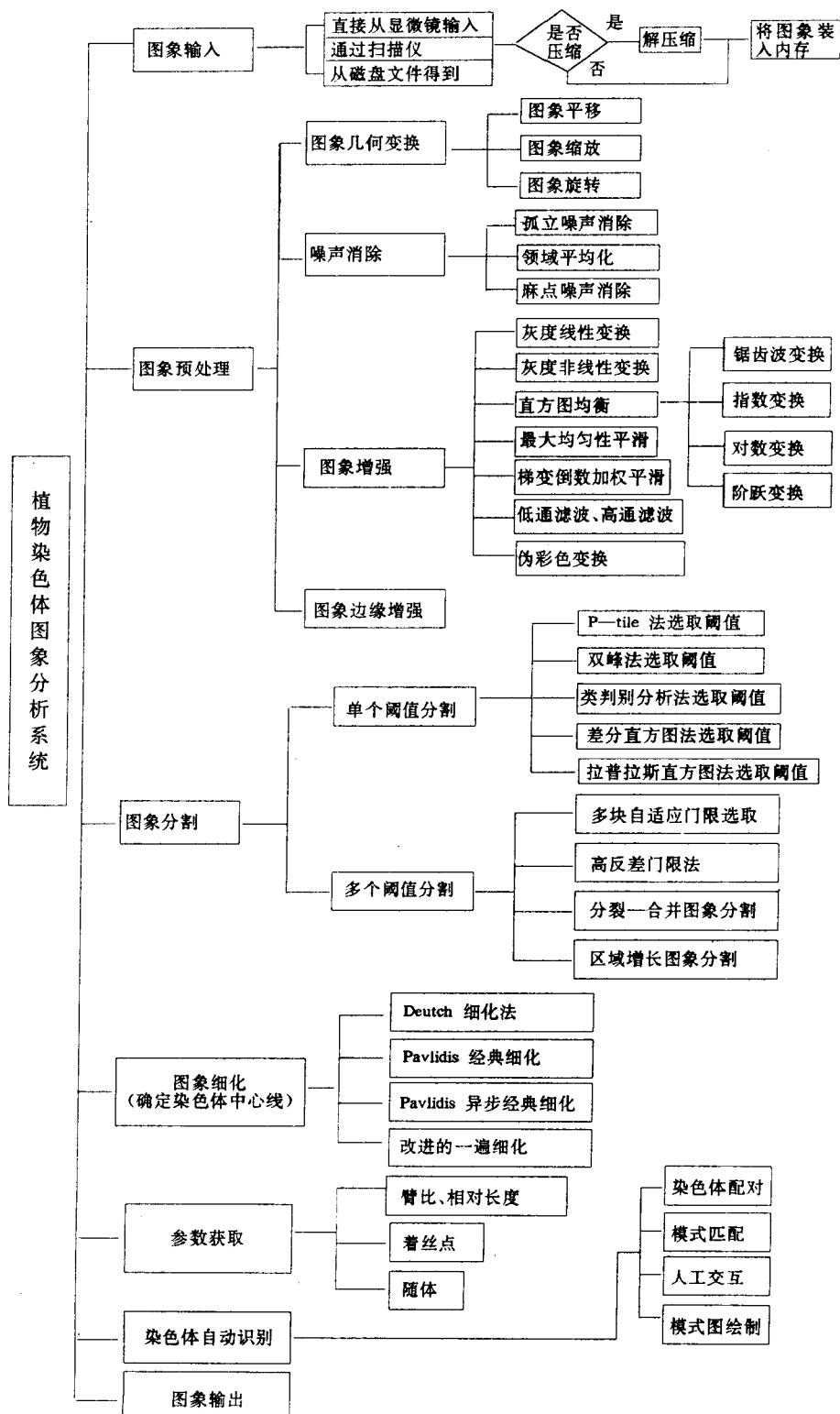


图 2 染色体图象分析系统程序设计框图

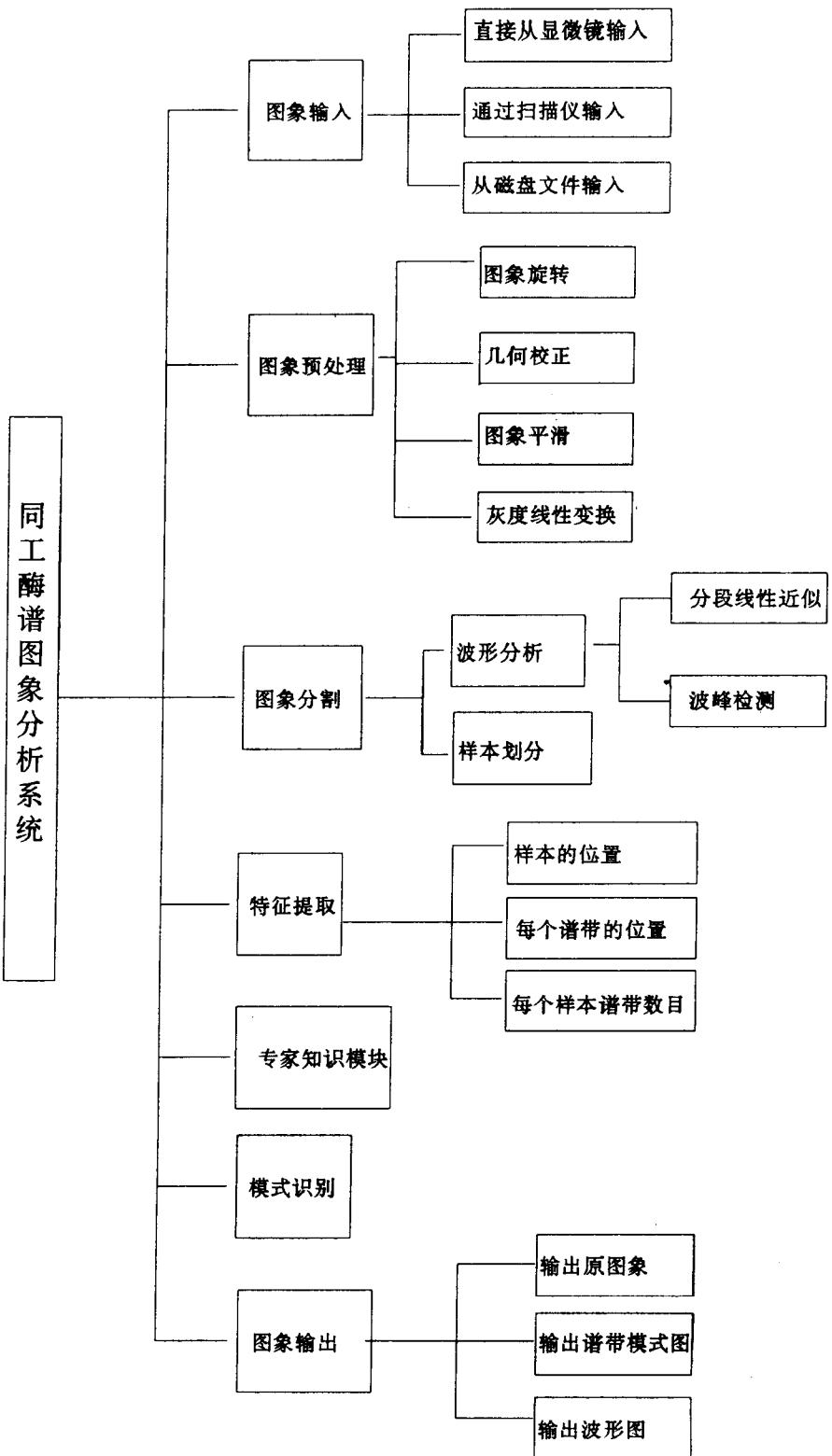


图 3 同工酶图象分析系统程序设计框图

分析》一书,即将由中国农业出版社出版。

2.6 作物种质资源电子地图系统

种质资源的数据是具有空间内涵的数据,为建立种质资源地理信息系统提供了基础条件。我们在分析中国作物种质资源信息系统数据的基础上,选择了反映种质资源数量分布特征的属性——原产地进行了分析·利用计算机图形分析技术,建立了中国作物种质资源电子地图系统(如图 4 所示),这个系统是建立在中国行政单位省、地、县基础数据库、中华人民共和国 1 : 400 万底图信息库、原产地资源份数统计结果数据库以及原产地经纬度统计数据库基础上的,然后再按双标准纬线等面积圆锥投影,将经纬度值转换成地图坐标值,绘制成种质资源地理分布图,现在利用该系统已成功编制了《中国主要农作物种质资源地理分布图集》,该图集包括粮食、纤维、油料、蔬菜、果树、糖、烟、茶、桑、牧草、绿肥、薯类等 84 种作物,以县为单位编制了 135 幅不同数量级别的种质资源点值分布图,以 $1^{\circ} \times 1^{\circ}$ 经纬网格绘制了 135 幅种质资源密度分布图,并在每种作物地理分布图前面编写了作物分布状况的中英文说明,它形象、生动、系统、全面地介绍了我国主要农作物种质资源地理分布的规律及特点,直观地展现了中国作物种质资源的多样性,有助于研究中国作物种质资源的起源、演化和分类,为进一步科学和合理地组织各种作物种质资源考察,进而从作物起源和多样性中心及其附近可能自然扩散地区发掘有用的原始类型或新的作物种质提供了可靠依据。同时这本图集对于完善作物种质资源的保护措施,建立核心种质,研究作物品种的生态类型,制定各种作物的生产区划,加强与国外作物种质资源的交流也有重要的参考价值。

这本图集编制成功并正式出版是全国作物资源工作者共同的血汗结晶,是对作物种质资源研究的重要贡献,也是向全国作物种质资源工作者奉献的有价值的研究工具。同时中国作物种质资源电子地图系统的建立也为进一步研究各种作物种质特性评价数据的空间分布和生物多样性富集中心奠定了基础。

2.7 国际植物遗传资源信息交换系统

由于各国使用的语言、信息记载标准、存贮格式和计算机软硬件系统的差异,导致了植物遗传资源信息交换非常困难,从而影响了植物遗传资源信息国际间交换,因此我们制定了国际植物信息遗传资源交换协议,并研制了信息交换软件。该软件正在东南亚各国推广应用,使世界各国植物遗传资源信息的共享成为可能。

目前中国作物种质资源信息系统已提供给全国省、地、县有关农业研究单位使用,并在全国设立了 42 个种质信息服务点,可供各省市县农科院(所)、农业院校及生产单位就地查询使用。

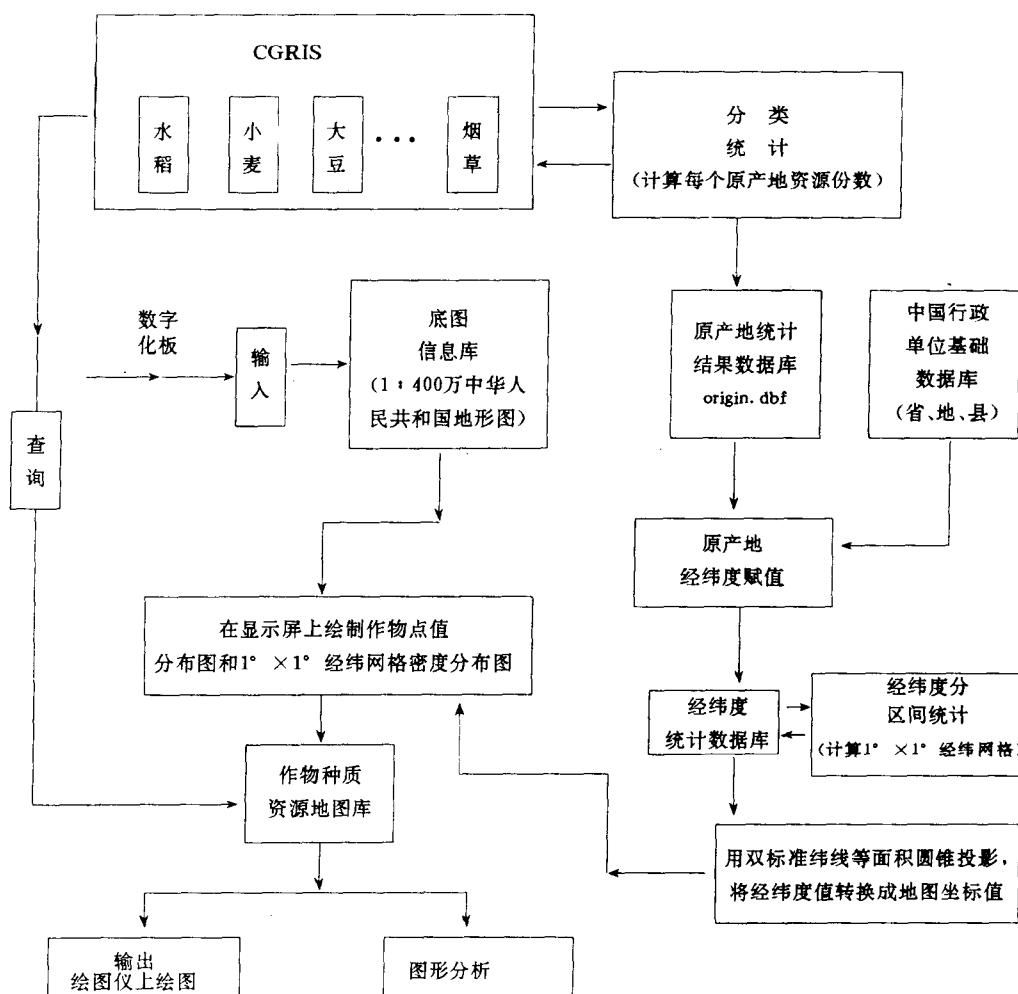


图 4 中国作物种质资源电子地图系统的体系结构

普通小麦与沙生冰草、根茎冰草属间 杂种的产生及其细胞遗传学研究^{*}

李立会

(中国农业科学院作物品种资源研究所 北京 100081)

摘要 通过幼胚拯救,首次获得了普通小麦与沙生冰草、根茎冰草两组合的属间杂种。在幼胚拯救时发现,无盾片的幼胚是不能产生杂种植苗的。对获得的两组合杂种植株进行了壮苗和破囊培养繁苗,使来自同一胚的杂种植株数目增加。在获得的F₁杂种中,幼苗形态和穗型似普通小麦栽培种。在花粉母细胞减数分裂中期I,中国春×沙生冰草、根茎冰草两组合杂种F₁的染色体配对频率远远超出了期望值。对杂种F₁用四倍体和六倍体小麦回交,都能很容易获得种子,平均结实率都在15%以上。特别值得注意的是两组合的属间杂种均具有自交可育性,自交结实率分别为0.46%和0.15%。文章讨论了:1. 杂交成功的经验;2. P与A、B、D染色体组间特殊遗传关系的理论分析;3. F₁自交结实的原因;4. 壮苗培养和破囊培养繁苗在小麦远缘杂交中的重要作用。小麦属与冰草属间自交和回交后代的首次获得,在理论上对前人所认为的P染色体组在小麦族中的高度独立遗传性,提供了直接的相反证据;在实践上,使产生异源附加系、代换系甚至易位系,进而为利用P染色体组中的期望基因变得相对容易。

关键词 普通小麦 冰草属 属间杂种 胚培养 无性繁苗 染色体配对 自交可育性

冰草属(*Agropyron* Gaertn.)在文献中的概念往往模糊不清。过去常把小麦族(*Triticeae* Dumort.)中每穗轴节上一个小穗的种统归为冰草属,或鹅观草属(*Roegneria* C. Koch.)^[4,10,17]。现在多数植物分类学家的观点是只把含有P染色体组的冠状冰草复合群(crested wheatgrass complex)称为冰草属^[2,3,6,13,15,23]。它包括冰草[*A. cristatum* (L.) Gaertn.]、沙生冰草[*A. desertorum* (Fisch.) Schult.]、根茎冰草(*A. michnoi* Roshev.)、西伯利亚冰草[*A. fragile* (Roth.) Cand.]、沙芦草(*A. mongolicum* Keng)等约10个种。

冰草属植物均有很高的饲用价值。同时,它们也有很强的抗旱、抗寒性能和适度的耐盐性^[6,11]。经初步鉴定,有些材料对小麦病害的抗性表现突出^[1]。

至于小麦属与冰草属间的杂交,在本世纪30年代后期,White^[28]和Smith^[21]尝试过,均未取得成功;即使采用近来先进的杂交技术,也未奏效^[6];直到1989年,Chen等^[5]才报道了普通小麦与四倍体冰草间杂种F₁的产生,但尚未见其有获得F₁代以上材料的报道。

纵观冰草属研究的历史,由于其经济上的重要性,除进行了大量植株外部形态、栽培生理特点和牧草育种研究外,在小麦族的多年生属中,对冰草属细胞遗传学研究的资料或许是最完整的。但是,除个别例子外,冰草属与小麦族其它属之间的杂交研究很少。因而,冰草属被认为在小麦族中与其它属在遗传上基本无联系^[6]。这样,根据冰草属研究的现状,选用原产于中国的冰草属材料与小麦杂交,对于在理论上探讨其间的遗传关系和实践

* 这项研究得到了董玉琛研究员的悉心指导,周荣华、杨欣明、李秀全、李培等同志给予大力协助,在此表示衷心的感谢。