

1E^e 染色体对小麦农艺和品质性状的影响研究

郭 军¹, 卢明娇^{1,2}, 武智民³, 李豪圣¹, 宫文萍¹, 王灿国¹, 程敦公¹, 刘爱峰¹,
曹新有¹, 刘 成^{1,4}, 翟胜男¹, 杨足君⁵, 刘建军¹, 孔令让⁴, 赵振东¹, 宋健民¹

(¹ 山东省农业科学院作物研究所 / 小麦玉米国家工程实验室 / 农业部黄淮北部小麦生物学与遗传育种重点实验室, 济南 250100;

² 鲁东大学农学院, 山东烟台 264025; ³ 山东省种子管理总站, 济南 250100; ⁴ 山东农业大学农学院 / 作物生物学国家重点实验室,

泰安 271018; ⁵ 电子科技大学生命科学与技术学院, 成都 610054)

摘要: 二倍体长穗偃麦草含有抗条锈病、抗赤霉病和耐盐碱等优异基因, 是小麦遗传改良的重要基因源之一。为明确 1E^e 染色体片段对小麦农艺和品质性状的影响, 利用 1E^e (1A) 代换系和中国春为试验材料, 多年多点鉴定, 农艺性状分析结果表明, 1E^e 取代 1A 染色体, 不仅降低了旗叶长度和旗叶宽度等农艺性状, 而且降低了粒长、粒宽、穗粒数、小穗数和千粒重等产量相关性状, 但显著增加了穗长。品质相关性状分析结果表明, 1E^e 染色体可以显著增加面团最大峰值高度和 8 分钟带宽, 但对蛋白质含量、SDS 沉降值、湿面筋含量、面筋指数和峰值高度时间等 5 个指标上没有显著影响。另外, 本研究开发了 17 个 1E^e 染色体特异分子标记。总之, 1E^e 染色体可提高小麦品质, 但对产量相关性状有不利影响, 本研究开发的分子标记对于进一步打破连锁累赘, 创制小麦-长穗偃麦草 *Glu-E^e1* 短片段易位系具有重要意义。

关键词: 小麦; 二倍体长穗偃麦草; 1E^e 染色体; 农艺和品质性状; 分子标记

Effects of *Thinopyrum elongatum* Chromosome 1E^e on Wheat Agronomical and Quality Related Traits

GUO Jun¹, LU Ming-jiao^{1,2}, WU Zhi-min³, LI Hao-sheng¹, GONG Wen-ping¹, WANG Can-guo¹,
CHENG Dun-gong¹, LIU Ai-feng¹, CAO Xin-you¹, LIU Cheng^{1,4}, ZHAI Sheng-nan¹,
YANG Zu-jun⁵, LIU Jian-jun¹, KONG Ling-rang⁴, ZHAO Zhen-dong¹, SONG Jian-min¹

(¹ Crop Research Institute, Shandong Academy of Agricultural Sciences (SAAS) / National Engineering Laboratory for Wheat and Maize / Key Laboratory of Wheat Biology and Genetic Improvement in North Yellow and Huai River Valley, Ministry of Agriculture, Jinan 250100; ² College of Agronomy, Ludong University, Shandong Yantai 264025; ³ Shandong Seed Administration Station, Jinan 250100; ⁴ College of Agronomy, Shandong Agricultural University / State Key Lab of Crop Biology, Taian 271018; ⁵ School of Life Science and Technology, University of Electronic Science and Technology of China, Chengdu 610054)

Abstract: *Thinopyrum elongatum* (Host) D. R. Dewey as one of relatives of wheat, harboring genes resistance to strip rust and Fusarium head blight and tolerance to salinity for wheat improvement, could be used for wheat genetic improvement. To understand the effects of chromosome 1E^e on wheat agronomical and quality-

收稿日期: 2018-11-19 修回日期: 2018-12-27 网络出版日期: 2019-02-28

URL: <http://www.doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20181119001>

第一作者研究方向为优质高产小麦遗传育种研究, E-mail: guo1103sdau@gmail.com

通信作者: 李豪圣, 研究方向为小麦遗传育种, E-mail: lihaosheng810@163.com

宋健民, 研究方向为小麦遗传育种和高产优质生理基础, E-mail: wheat_breeding2016@163.com

基金项目: 山东省自然科学基金博士基金项目 (ZR2018BC031); 山东省农业科学院创新工程 (CXGC2018E01); 国家产业技术体系 (CARS-03-07); 中国科协青年人才托举工程 (2017-2019); 泰山学者种业计划 (2014-2019); 作物生物学国家重点实验室开放课题 (2017KF03)

Foundation project: Natural Science Foundation of Shandong Province (ZR2018BC031), Agricultural Scientific and Technological Innovation Project of Agricultural Sciences (CXGC2018E01), National Modern Agricultural Industry System Construction Project (CARS-03-07), Young Elite Scientists Sponsorship Program by CAST (2017-2019), The Scholars of Taishan Seed Industry Project (2014-2019), State Key Lab of Crop Biology (2017KF03)

related traits, wheat-*Th. elongatum* (Host) D. R. Dewey chromosome disomic substitution line 1E^e (1A) from common wheat cultivar Chinese spring was analyzed in multiple environments. In relative to the Chinese Spring, the substitution line showed the reduction of the length and width of wheat flag leaf, the length and width of kernels, no. of spikelets per spike, no. of kernels per spike and thousand kernel weight. However, the length of spikes ($P < 0.05$) was significantly increased. Regarding to the quality-related traits, the substitution line displayed the increases of the dough max peak height and band width of 8 min, but no differences of the grain protein content, SDS sedimentation, wet gluten content, gluten index and peak height time were observed. In addition, 17 COS markers specific to chromosome 1E^e were developed in this study. All in all, chromosome 1E^e can improve wheat grain quality traits, but it has negative effects on yield related traits. And the developed markers specific for chromosome 1E^e might be used for developing wheat-*Thinopyrum* chromosome short segment lines carrying *Glu-E1* by reducing the chromosomal linkage drag.

Key words: common wheat; *Thinopyrum elongatum* (Host) D. R. Dewey; chromosome 1E^e; agronomical and quality-related traits; molecular markers

小麦是我国重要的粮食作物之一。长期以来,育种家通过亲本间杂交等育种方法育成一批产量高、品质优的小麦品种,如济麦 22、济南 17、泰农 18、矮抗 58、周麦 18 等。然而,伴随骨干亲本的广泛应用,造成小麦育成品种遗传基础越来越狭窄,这为我国小麦安全生产(如抵抗病虫害能力)埋下了重大隐患^[1-4]。因此,挖掘和创制具有优异外源基因的小麦种质资源^[5-7],对于拓宽小麦遗传基础、提升新品种产量和品质具有重要战略意义。

长穗偃麦草不仅具有强壮的茎秆、发达的根系,而且免疫小麦白粉病和三锈(条锈、叶锈和秆锈)、高抗赤霉病等多种病害,是小麦遗传改良的重要基因库^[8-10]。它主要包括二倍体长穗偃麦草(*Thinopyrum elongatum* (Host) D. R. Dewey, $2n=14, E^eE^e$)和十倍体长穗偃麦草(*Thinopyrum ponticum*, $2n=70, E^eE^eStSt$)两个物种。中华人民共和国成立以来,十倍体长穗偃麦草在我国小麦新品种改良中发挥了重要作用,先后育成小麦新品种小偃 6 号和山融 3 号等品种。前者年种植面积曾高达 66.67 万 hm^2 ,对于保障我国粮食安全发挥了重要作用^[11-12]。二倍体长穗偃麦草 1E^e 染色体含有优质、抗赤霉病等优异基因^[13-15],对于进一步拓宽小麦遗传基础,培育优质多抗小麦新品种具有潜在的应用价值,但是目前相关应用和理论研究较少。

本研究以中国春及中国春-二倍体长穗偃麦草染色体异代换系 1E^e (1A) 为试验材料,从品质和农艺性状两方面,评价 1E^e 染色体对小麦遗传改良的应用价值。

1 材料与方法

1.1 植物材料

普通小麦品种中国春(CS)、中国春-二倍体长穗偃麦草 1E^e 染色体异附加系 DAL1E^e 和异代换系 1E^e (1A)^[16]以及中国春缺体-四体系(N1BT1A、N1DT1A)^[17]保存于本实验室。

1.2 荧光原位杂交(FISH)分析

试验材料的根尖处理和染色体制片方法参考 Guo 等^[9];以 Oligo-pTa535.1 和 Oligo-pSc119.2 为探针进行的原位杂交所用探针合成、探针浓度及具体操作步骤等参见 Tang 等^[18]的方法。原位杂交染色体制片自然干燥后,滴加 0.25 $\mu g/mL$ 碘化丙啶并盖上盖玻片,在 Olympus BX51 荧光显微镜下进行照相。

1.3 分子标记开发

取小麦幼嫩叶片,CTAB 法提取小麦基因组 DNA,具体方法参考 Guo 等^[10]的方法。选取小麦第 1 同源群上的 70 对 COS 标记^[19],用于开发 1E^e 染色体特异分子标记。PCR 引物由生工生物工程(上海)股份有限公司合成。PCR 反应体系体积为 10.0 μL ,包括 10 $\times$ Buffer 缓冲液 1.0 μL , 2.5 mmol/L dNTP 溶液 1.0 μL , Taq 酶 0.1 μL , 灭菌双蒸水 5.9 μL , 50 ng DNA 模板 1.0 μL , 前引物和后引物各 0.5 μL 。PCR 扩增程序为 94 $^{\circ}C$ 预变性 5 min; 35 个循环(94 $^{\circ}C$ 变性 30 s, 55 $^{\circ}C$ 退火 30 s, 72 $^{\circ}C$ 延伸 1 min); 72 $^{\circ}C$ 延伸 10 min; 4 $^{\circ}C$ 保存。PCR 扩增产物 8.0% 聚丙烯酰胺凝胶电泳分析,硝酸银染色,凝胶成像仪成像,具体方法参考 Guo 等^[10]的方法。

1.4 高分子量谷蛋白亚基 SDS-PAGE 电泳

取单粒种子,敲碎,50%异丙醇缓冲液提取种子谷蛋白,具体参考 Niu 等^[20]的方法。凝胶制备和蛋白质染色参考刘丽等^[21]的方法,分离胶浓度为12%,浓缩胶浓度为3.7%。电流大小为20 mA/板,电泳时间为18 h。0.1%考马斯亮蓝染色,凝胶成像仪成像。

1.5 农艺性状调查

分别于2016年10月(2017JN)和2017年10月(2018JN),将中国春、中国春-二倍体长穗偃麦草 1E° 染色体异代换系 1E°(1A)种植于山东省农科院作物所小麦试验基地(济南),每个材料3行,行长3 m,行距33 cm,每行播种60粒。于小麦开花期和灌浆期,参照《农作物品种区域试验技术规程-小麦》对旗叶长度、旗叶宽度、穗粒数、穗长和小穗数等5个性状进行调查,每个材料调查30穗。收获后,利用万深 SC-G 自动种子考种及千粒重分析仪分析,获取千粒重、粒长、粒宽等参数,每个材料至少分析2000粒。

1.6 品质性状分析

分别于2015年10月(2016JN)、2016年10月(2017JN)和2017年10月(2018JN),将中国春、中国春-二倍体长穗偃麦草 1E° 染色体异代换系 1E°(1A)种植于山东省农科院作物所小麦试验基地(济南),每个材料3行,行长3 m,行距33 cm,每行播种60粒。同时,于2017年10月(2018LX)将上述材料种植于陵县试验基地,每个材料1次重复,小区面积为9 m²(6 m×1.5 m)。于成熟期,收获籽粒。参照田纪春^[22]的方法,对籽粒蛋白质含量、全粉 SDS 沉降值、湿面筋含量、面筋指数、峰值高度时间、最大峰值高度和8分钟带宽进行测量和分析。其中,湿面筋含量(14%水分)和面筋指数计算公式分别为:湿面筋含量(%)=湿面筋质量×86/[试样质量×(1-面粉含水量)],面筋指数(%)=(留存在筛板上的湿面筋质量/全部湿面筋质量)×100。凯氏定氮法测定面粉蛋白质含量,蛋白质含量计算公式为:蛋白质含量(%)=待测样品全氮含量×5.7。

1.7 Blast 分析

以 COS 分子标记对应的基因序列为 query 序列,blastn 搜索中国春基因组序列 IWGSC RefSeq v1.0 (<https://urgi.versailles.inra.fr>),E 值≤1E⁻¹⁰,一致性(Identity)≥80%,选择匹配度最好的位点作

为确立 COS 分子标记在中国春基因组上的物理位置。

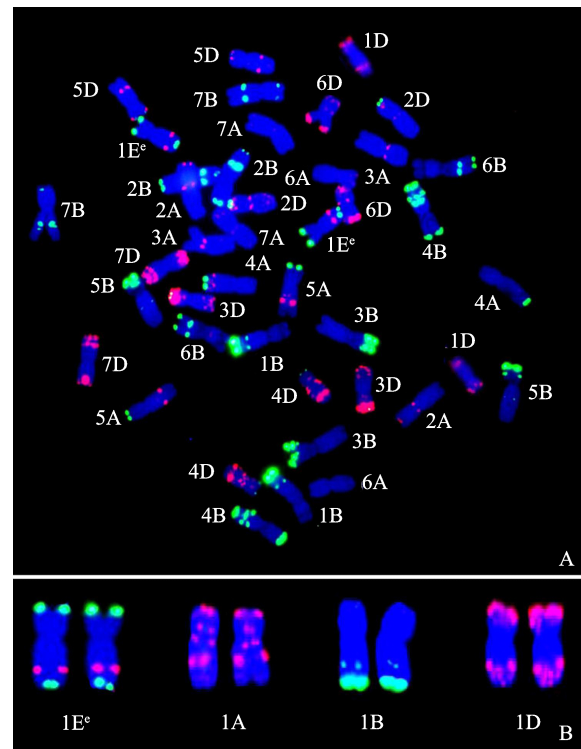
1.8 数据分析

利用 Microsoft Excel 2003 对中国春异代换系 1E°(1A)间穗长、千粒重、粒长等8个农艺性状和蛋白质含量、湿面筋含量、8分钟带宽等7个品质指标进行 T 检验分析;利用 Photoshop CS 4.0 对图片进行处理。

2 结果与分析

2.1 1E° 染色体 FISH 带型分析

从图1可以看出,二倍体长穗偃麦草 1E° 染色体与小麦 1A、1B 和 1D 染色体均有一定的同源性,且 1E° 染色体长臂末端与 1B 染色体长臂末端同源性较高。



A: 小麦-二倍体长穗偃麦草 1E°(1A)的 FISH 鉴定分析,红色信号为 Oligo-pTa535.1 探针,绿色信号为 Oligo-pSc119.2 探针; B: 1A、1B、1D 染色体 FISH 带型为小麦标准图^[18]

A: represents identification and chracterization of wheat-*Th. elongatum* chromosome substitution line 1E°(1A) revealed by FISH. The probes of Oligo-pTa535.1 and Oligo-pSc119.2 are labeled with red and green signals, respectively, B: wheat chromosomes 1A, 1B and 1D represents the standard FISH type established by Tang et al.^[18]

图1 二倍体长穗偃麦草 1E° 染色体 FISH 带型分析
Fig. 1 *Thinopyrum elongatum* (Host) D. R. Dewey chromosome 1E° revealed by FISH

2.2 1E° 染色体特异分子标记开发

以 CS、异附加系 DAL1E° 和异代换系 1E° (1A) 为试验材料,根据禾本科作物间广泛存在的共线性关系,利用已发表的 70 对小麦 COS 标记^[19],进行 1E° 染色体特异分子标记的开发,共获得 1E° 染色体特异分子标记 17 个(表 1、图 2),其中,有 9 个分子标记位于小麦第一同源群短臂上,有 8 个 COS 标记位于小麦第一同源群长臂上(图 1)。

表 1 二倍体长穗偃麦草 1E° 染色体的特异 COS 标记及其在小麦第一同源群染色体上的物理位置
Table 1 The fragments of COS markers specific for chromosome 1E° derived from *Thinopyrum elongatum* (Host) D. R. Dewey and its physical positions on wheat chromosomes 1A, 1B and 1D

COS 标记 COS marker	1E° 染色体特异标记大小 (bp) Band size of chromosome 1E°	在小麦染色体上的物理位置 (Mb) Physical position on wheat chromosome		
		1A	1B	1D
COS 3	300 和 400	495.70	534.66	398.97
COS 6	1500	96.48	123.96	78.97
COS 8	700	77.07	119.77	76.45
COS 9	600	581.44	674.50	484.25
COS 11	300	—	—	460.31
COS 12	450	529.25	582.10	430.98
COS 15	220	64.71	106.79	66.19
COS 16	220	66.89	109.73	68.45
COS 20	150	8.24	9.08	6.77
COS 23	600	542.14	610.35	446.42
COS 27	350	26.96	41.09	25.73
COS 29	1000	560.41	645.51	467.56
COS 37	400	20.09	26.19	18.07
COS 40	300 和 500	58.93	96.52	60.28
COS 63	500	337.70	349.60	262.04
COS 66	800	469.37	493.87	370.35
COS 70	400	558.51	643.10	466.37

小麦物理图谱参考 IWGSC RefSeq v1.0。“—”表示未检索到相应的位点
IWGSC RefSeq v1.0 is referred as the standard wheat physical map. “—” presents that markers were not anchored on this chromosome with blastn analysis

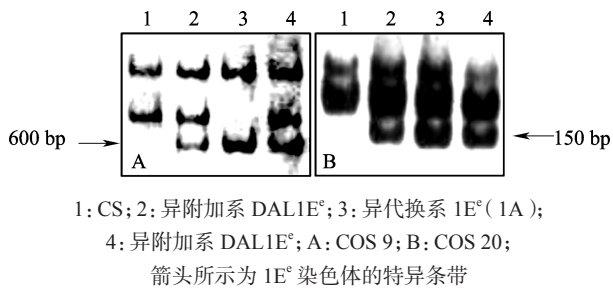


图 2 二倍体长穗偃麦草 1E° 染色体特异分子标记的开发
Fig. 2 Development of molecular markers targeting to chromosome 1E° derived from *Thinopyrum elongatum* (Host) D. R. Dewey

2.3 1E° 染色体对小麦农艺性状的影响

从表 2 可以看出,二倍体长穗偃麦草 1E° 染色

体取代 1A 染色体后,小麦农艺性状发生较大变化。具体表现为,1E° 染色体取代 1A 染色体后,旗叶长度、旗叶宽度、粒长和粒宽显著变小,穗粒数和小穗数显著变少(图 3a、c),千粒重显著降低,而穗长显著变长 ($P<0.05$)。

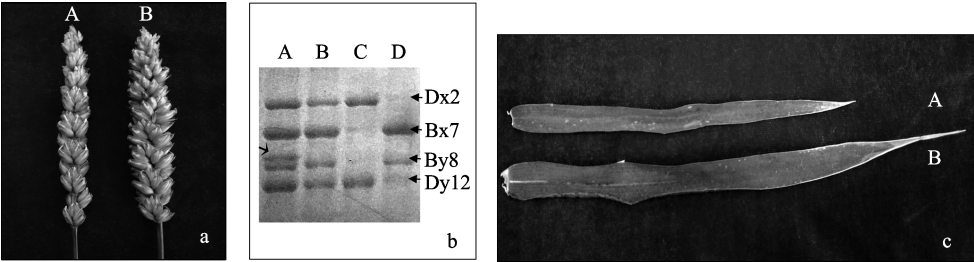
2.4 1E° 对小麦品质性状的影响

根据籽粒蛋白质 SDS-PAGE 电泳结果,可以看出二倍体长穗偃麦草高分子量谷蛋白亚基 1E°x 与小麦 By8 亚基大小相似,但略大(图 3b 箭头所示)。进而,分析代换系 1E° (1A) 和 CS 在蛋白质含量、SDS 沉降值、湿面筋含量和面团揉混特性方面的差异(表 3),1E° (1A) 和 CS 在蛋白质含量、SDS 沉降值、湿面筋含量、面筋指数和峰值高度时间等 5 个指标上没有显著差异,而二者最大峰值高度和 8 分钟带宽存在显著差异 ($P<0.05$)。

表 2 1E^e 染色体对小麦农艺性状的影响
Table 2 Effect of chromosome 1E^e on wheat agronomical traits

项目 Item	年份 Year	农艺性状测定指标 Agronomical traits investigated							
		旗叶长度	旗叶宽度	穗长	穗粒数	小穗数	千粒重	粒长	粒宽
		(cm)	(cm)	(cm)	NKS	NSS	(g)	(mm)	(mm)
		FL	FW	SL			TKW	GL	GW
中国春	2017JN	24.32	1.62	8.83	78.33	20.63	27.24	5.56	2.80
CS	2018JN	23.75	1.74	8.55	81.86	21.37	26.16	5.74	2.88
平均值 Average		24.03a	1.68a	8.69b	80.10a	21.00a	26.70a	5.65a	2.84a
标准差 SD		3.67	0.14	0.72	9.41	1.71	0.66	0.10	0.05
1E ^e (1A)	2017JN	22.37	1.47	9.24	56.17	19.40	24.12	5.35	2.71
	2018JN	21.13	1.55	9.02	58.70	19.66	22.94	5.45	2.69
平均值 Average		21.75b	1.51b	9.13a	57.43b	19.53b	23.53b	5.40b	2.70b
标准差 SD		4.05	0.17	0.75	6.02	1.45	1.86	0.07	0.03

不同字母代表同一品种在不同地区间品质指标存在显著差异 ($P<0.05$),下同
Differennt letters indicate significant levels at $P<0.05$, FL: Flag length, FW: Flag width, SL: Spike length, NKS: Number of kernels per spike, NSS: Number of spikelets per spike, TKW: Thousand kernel weight, GL: Grain length, GW: Grain wideth, the same as below



A: 1E^e (1A); B: 中国春; C: N1BT1A; D: N1DT1A。a: 中国春和 1E^e (1A)穗子图片; b: 籽粒蛋白质 SDS-PAGE 电泳; c: 中国春和 1E^e (1A)旗叶图片
A: 1E^e (1A), B: Chinese spring (CS), C: N1BT1A, D: N1DT1A, a: Spike of CS (Right) and 1E^e (1A) (Left),
b: Wheat grain storage protein analyzed by SDS-PAGE, c: Flag leaf of CS (Down) and 1E^e (1A) (Up)

图 3 中国春和 1E^e (1A)间穗子、籽粒储藏蛋白和旗叶性状比较
Fig. 3 Comparison of spike, grain storage protein and flag leaf between CS and 1E^e (1A)

表 3 1E^e 染色体对小麦品质指标的影响
Table 3 Effect of chromosome 1E^e on wheat quality

项目 Item	年份 Year	品质测定指标 Quality related traits investigated						
		蛋白质含量	SDS 沉降值	湿面筋含量	面筋指数	峰值高度时间	最大峰值高度	8 分钟带宽
		(%)	(mL)	(%)	(%)	(min)	(%)	(%)
		PC	SDS	WGC	GI	MPT	MPH	BW
中国春	2016JN	13.58	3.00	47.07	44.32	1.42	41.18	3.46
CS	2017JN	14.89	32.00	49.26	46.54	1.40	42.25	4.44
	2018JN	14.76	27.00	43.76	42.16	1.56	41.29	3.93
	2018LX	14.68	24.50	38.26	24.35	1.51	37.12	3.93
平均值 Average		14.48a	28.38a	44.59a	39.34a	1.47a	40.46b	3.94b
标准差 SD		0.60	3.30	4.79	10.16	0.08	2.28	0.40
1E ^e (1A)	2016JN	12.94	30.50	44.09	44.09	1.47	44.57	4.09
	2017JN	14.70	32.00	46.62	44.42	1.57	45.25	5.06
	2018JN	15.34	41.50	46.10	42.75	1.35	47.28	4.94
	2018LX	15.17	30.00	42.26	33.91	1.54	39.27	4.76
平均值 Average		14.54a	33.50a	44.77a	41.29a	1.48a	44.09a	4.71a
标准差 SD		1.10	5.40	2.00	4.97	0.10	3.41	0.43

PC: Grain protein content, SDS: SDS sedimentation, WGC: Wet gluten content, GI: Gluten index, MPT: Maximum peak time, MPH: Maximum perk height, BW: Band width at 8 min

3 讨论

COS 分子标记^[19]是基于水稻和小麦间基因保守序列设计,已广泛用于小麦近缘植物染色体特异分子标记开发^[9, 10, 23]。Guo 等^[9]的研究表明, COS 标记在不同来源 7E 染色体间的转移利用效率为 10.3%~23.7%。本研究首次利用小麦 - 长穗偃麦草 1E° 染色体异代换系开发 1E° 染色体特异分子标记,结果表明, 24.28% (17/70) 的 COS 标记可以扩展出 1E° 特异带型,进一步说明了 COS 标记在不同物种间具有很好的转移利用效率。

二倍体长穗偃麦草含有耐盐、抗赤霉病、抗条锈病等众多优异基因,是小麦遗传改良的重要基因源。前人的研究表明, 1E° 染色体含有抗赤霉病基因, 3E° 染色体含有耐盐和苗期抗条锈病相关基因, 7E° 染色体含有抗赤霉病基因和成株抗条锈病基因^[24-28]。目前,已经创制了小麦 - 长穗偃麦草 7E° 染色体抗赤霉病易位系^[29-30]。本研究发现,二倍体长穗偃麦 1E° 染色体不仅含有控制面团品质的相关基因,而且含有调控小麦农艺性状的相关基因。其中, 1E° 染色体编码 1 条高分子量谷蛋白亚基 1E°x,可显著提高面团最大峰值高度和 8 分钟带宽,说明可以用其来改良小麦品质。小麦品质不仅受基因型控制,而且易受环境的影响^[31-32]。本研究发现,同一材料不同地点或年份间,除最大峰值高度和 8 分钟带宽外,其余测定的品质指标变异均较大,说明 *Glu-E°1x* 对于提高面团稳定性具有重要意义。另外, 1E° 代换小麦 1A 染色体后,旗叶长宽显著变小,穗长显著变长,说明 1E° 含有调控小麦叶片大小和穗长相关的基因。

大量研究表明,外源染色体导入普通小麦后,引入优异基因的同时也将不利基因带入小麦,如黑麦 1RS 染色体导入普通小麦后,显著提高了小麦的抗旱性和丰产性,但是其上携带的黑麦碱显著降低小麦加工品质^[33]。那么, 1E° 染色体提高小麦品质的同时,是否也对小麦的产量性状造成不利影响,目前尚无相关报道。本研究发现, 1E° 取代 1A 染色体,引起小麦千粒重、粒长、粒宽显著变小,这是缺少小麦 1A 染色体和增加 1E° 染色体共同作用的结果。本研究开发的覆盖 1E° 染色体的分子标记,可以用于小麦 1A 染色体与二倍体长穗偃麦草 1E° 染色体重组易位系筛选,创制小麦 - 长穗偃麦草 1E° 染色体优异基因片段易位系,从而降低 1E° 对小麦产量性状的不利影响。

综上所述, 1E° 染色体可提高小麦品质;同时, 1E° 取代 1A 染色体,降低了旗叶大小和增加了穗

长,这对小麦遗传改良是有利的。且 1E° 取代 1A 染色体后,造成产量相关性状明显降低,这对小麦产量性状改良是不利的。本研究开发的 1E° 染色体分子标记对于今后打破 1E° 取代 1A 对小麦产量性状造成的不利影响,创制小麦 - 长穗偃麦草 *Glu-E°1* 短片段易位系具有重要意义。

参考文献

- [1] 蒲艳艳,宫永超,李娜娜,田茜,丁汉凤. 中国小麦作物遗传多样性研究进展. 中国农学通报, 2016, 32 (30): 7-13
Pu Y Y, Gong Y C, Li N N, Tian X, Ding H F. A review of genetic diversity of wheat crops in China. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2016, 32 (30): 7-13
- [2] 程斌,张淑英,张明霞,郭营,吕建华,李斯深. 山东省近年育成小麦品种 (系) 的遗传多样性分析. 山东农业科学, 2016, 48 (9): 17-22
Cheng B, Zhang S Y, Zhang M X, Guo Y, Lv J H, Li S S. Genetic diversity analysis of recent bread wheat varieties (lines) in Shandong Province. Shandong Agricultural Sciences, 2016, 48 (9): 17-22
- [3] 方正,刘维正,杨今胜,翟冬峰,刘为更. 从鲁麦 14 号的育成论小麦种质资源改良策略. 麦类作物学报, 2005, 25 (6): 121-124
Fang Z, Liu W Z, Yang J S, Zhai D F, Liu W G. Strategy to improve wheat germplasm resource in view of the breeding of Lumai 14. Journal of Triticeae Crops, 2005, 25 (6): 121-124
- [4] 曹克强,曾士迈. 小麦品种混合种植的抗病增产作用. 国外农学: 麦类作物, 1992 (3): 47-48
Cao K Q, Zeng S M. Effects of mixed wheat cultivars planted on disease resistance and yield gains. Foreign agronomy: Triticeae Crops, 1992 (3): 47-48
- [5] 孙洋洋,陈红新,刘伟华,韩海明,周升辉,杨欣明,李秀全,张锦鹏,李立会. 小麦 - 冰草 T7PL·7AL 罗伯逊易位系的分子细胞学鉴定. 植物遗传资源学报, 2018, 19 (6): 1038-1044
Sun Y Y, Chen H X, Liu W H, Han H M, Zhou S H, Yang X M, Li X Q, Zhang J P, Li L H. Cytological identification of wheat-*Agropyron cristatum* T7PL·7AL robertsonian translocation line. Journal of Plant Genetic Resources, 2018, 19 (6): 1038-1044
- [6] 黄琛,张锦鹏,刘伟华,杨欣明,李秀全,鲁玉清,李立会,高爱农. 普通小麦 - 冰草 6P 染色体中间插入易位系的鉴定. 植物遗传资源学报, 2013, 14 (4): 606-611
Huang C, Zhang J P, Liu W H, Yang X M, Li X Q, Lu Y Q, Li L H, Gao A N. Identification of wheat-*Agropyron cristatum* 6P chromosome intercalary translocation lines. Journal of Plant Genetic Resources, 2013, 14 (4): 606-611
- [7] 李桂萍,陈佩度,张守忠,赵和. 小麦 - 簇毛麦 6VS/6AL 易位染色体对小麦农艺性状的影响. 植物遗传资源学报, 2011, 12 (5): 744-749
Li G P, Chen P D, Zhang S Z, Zhao H. Effects of 6VS/6AL translocation chromosome on agronomic characteristic of wheat. Journal of Plant Genetic Resources, 2011, 12 (5): 744-749
- [8] 李振声,陈漱阳,张楷. 普通小麦与长穗偃麦草的杂交育种及其遗传分析. 遗传学报, 1977, 4 (4): 283-293
Li Z S, Chen S Y, Zhang K. Genetic analysis and hybridization between common wheat and *Thinopyrum*. Genetica, 1977, 4 (4): 283-293

- [9] Guo J, He F, Cai J J, Wang H W, Li A F, Wang H G, Kong L R. Molecular and cytological comparisons of chromosomes 7el₁, 7el₂, 7E^e, and 7Eⁱ derived from *Thinopyrum*. Cytogenetic and Genome Research, 2015, 145: 68-74
- [10] Guo J, Zhang X, Hou Y, Cai J, Shen X, Zhou T, Xu H, Ohm H W, Wang H, Li A, Wang H, Kong L. High-density mapping of the major FHB resistance gene *Fhb7* derived from *Thinopyrum ponticum* and its pyramiding with *Fhb1* by marker-assisted selection. Theoretical and Applied Genetics, 2015, 128: 2301-2316
- [11] 陈桂玲, 余利, 王黎明, 李滨, 童依平, 王洪刚, 李兴峰. 小偃 6 号及其衍生后代品质相关性状基因的分子检测. 植物遗传资源学报, 2012, 13 (3): 456-466
- Chen G L, Yu L, Wang L M, Li B, Tong Y P, Wang H G, Li X F. Molecular detection of quality-related genes in wheat cultivar Xiaoyan No. 6 and its derivatives. Journal of Plant Genetic Resources, 2012, 13 (3): 456-466
- [12] 夏光敏. 山融 3 号. 中国农业信息, 2009 (8): 38
- Xia G M. Shanrong No. 3. Chinese Agricultural Information, 2009 (8): 38
- [13] Garg M, Tanaka H, Ishikawa N, Takata K, Yanaka M, Tsujimoto H. *Agropyron elongatum* HMW-glutenins have a potential to improve wheat end-product quality through targeted chromosome introgression. Journal of Cereal Science, 2009, 50 (3): 358-363
- [14] 唐朝晖, 刘守斌, 尤明山, 李保云, 毛善锋, 宋建民, 刘广田. 普通小麦背景中中穗偃麦草高分子量麦谷蛋白基因的表达、染色体定位与分子标记. 农业生物技术学报, 2003, 11 (1): 34-39
- Tang C H, Liu S B, You M S, Li B Y, Mao S F, Song J M, Liu G T. Expression, chromosomal location and molecular marker of high-molecular-weight glutenin subunit gene of *Thinopyrum elongatum* in wheat background. Journal of Agricultural Biotechnology, 2003, 11 (1): 34-39
- [15] Lawrence G J, Shepherd K W. Chromosomal location of genes controlling seed proteins in species related to wheat. Theoretical and Applied Genetics, 1981, 59 (1): 25-31
- [16] Dvořák J. Homoeology between *Agropyron elongatum* chromosomes and *Triticum aestivum* chromosomes. Canadian Journal of Genetics and Cytology, 1980, 22 (2): 237-259
- [17] Endo T R, Gill B S. The deletion stocks of common wheat. Journal of Heredity, 1996, 87 (4): 295-307
- [18] Tang Z X, Yang Z J, Fu S L. Oligonucleotides replacing the roles of repetitive sequences pAs1, pSc119.2, pTa-535, pTa71, CCS1, and pAWRC.1 for FISH analysis. Journal of Applied Genetics, 2014, 55 (3): 313-318
- [19] Quraishi U M, Abrouk M, Bolot S, Pont C, Throude M, Guihot N, Confolent C, Bortolini F, Praud S, Murigneux A, Charmet G, Salse J. Genomics in cereals: from genome-wide conserved orthologous set (COS) sequences to candidate genes for trait dissection. Functional and Integrative Genomics, 2009, 9 (4): 473
- [20] Niu Z X, Klindworth D L, Wang R C, Jauhar P P, Larkin P J, Xu S S. Characterization of HMW glutenin subunits in *Thinopyrum intermedium*, *Th. bessarabicum*, *Lophopyrum elongatum*, *Aegilops markgrafii*, and their addition lines in wheat. Crop Science, 2011, 51 (2), 667-677
- [21] 刘丽, 周阳, 何中虎, 闫俊, 张艳, Pena R J. *Glu-1* 和 *Glu-3* 等位变异对小麦加工品质的影响. 作物学报, 2004, 30 (10): 959-968
- Liu L, Zhou Y, He Z H, Yan J, Zhang Y, Pena R J. Effect of allelic variation at *Glu-1* and *Glu-3* Loci on processing quality in common wheat. Acta Agronomica Sinica, 2004, 30 (10): 959-968
- [22] 田纪春. 谷物品质测试理论与方法. 1 版. 北京: 科学出版社, 2006: 85-360
- Tian J C. Grain quality testing theory and method. 1 version. Beijing: Science Press, 2006: 85-360
- [23] Qin B, Cao A, Wang H, Chen T T, You F M, Liu Y, Ji J, Liu D, Chen P, Wang X. Collinearity-based marker mining for the fine mapping of *Pm6*, a powdery mildew resistance gene in wheat. Theoretical and Applied Genetics, 2011, 123 (2): 207-218
- [24] 马渐新, 周荣华, 董玉琛, 贾继增. 来自长穗偃麦草的抗小麦条锈病基因的定位. 科学通报, 1999, 44 (1): 65-69
- Ma J X, Zhou R H, Dong Y C, Jia J Z. Molecular mapping of wheat strip rust resistance gene derived from *Thinopyrum*. Scientia Bulletin, 1999, 44 (1): 65-69
- [25] Yang Z J, Reng Z L. Chromosomal distribution and genetic expression of *Lophopyrum elongatum* (Host) A. Löve genes for adult plant resistance to stripe rust in wheat background. Genetic Resources and Crop Evolution, 2001, 48 (2): 183-187
- [26] Shen X, Kong L, Ohm H. Fusarium head blight resistance derived from *Lophopyrum elongatum* chromosome 7E and its augmentation with *Fhb1* in wheat. Plant Breeding, 2006, 125 (5): 424-429
- [27] Colmer T D, Flowers T J, Munns R. Use of wild relatives to improve salt tolerance in wheat. Journal of Experimental Botany, 2006, 57 (5): 1059-1078
- [28] Jauhar P P, Peterson T S. Registration of DGE-1, durum wheat alien disomic addition line with resistance to Fusarium head blight. Journal of Plant Registrations, 2008, 2 (2): 167-168
- [29] Fu S L, Lv Z, Qi B, Guo X, Li J, Liu B, Han F. Molecular cytogenetic characterization of wheat-*Thinopyrum elongatum* addition, substitution and translocation lines with a novel source of resistance to wheat Fusarium head blight. Journal of Genetics and Genomics, 2012, 39: 103-110
- [30] 张璐璐, 陈士强, 李海凤, 刘慧萍, 戴毅, 高勇, 陈建民. 小麦 - 长穗偃麦草 7E 抗赤霉病易位系培育. 中国农业科学, 2016, 49 (18): 3477-3488
- Zhang L L, Chen S Q, Li H F, Liu H P, Dai Y, Gao Y, Chen J M. Development of wheat-*Thinopyrum elongatum* translocation lines resistant to Fusarium head blight. Scientia Agricultura Sinica, 2016, 49 (18): 3477-3488
- [31] 郭天财, 张学林, 樊树平, 朱云集, 王晨阳, 马冬云. 不同环境条件对三种筋型小麦品质性状的影响. 应用生态学报, 2003, 14 (6): 917-920
- Guo T C, Zhang X L, Fan S P, Zhu Y J, Wang C Y, Ma D Y. Effects of different environments on qualitative characters of three gluten wheat cultivars. Chinese Journal of Applied Ecology, 2003, 14 (6): 917-920
- [32] 何中虎, 林作楫, 王龙俊, 肖志敏, 万富世, 庄巧生. 中国小麦品质区划的研究. 中国农业科学, 2002, 35 (4): 359-364
- He Z H, Lin Z Y, Wang L J, Xiao Z M, Wan F S, Zhuang Q S. Classification on Chinese wheat regions based on quality. Scientia Agricultura Sinica, 2002, 35 (4): 359-364
- [33] Villareal R L, Bañuelos O, Mujeeb-Kazi A. Agronomic performance of chromosomes 1B and T1BL.1RS near-iso lines in the spring bread wheat Seri M82. Euphytica, 1998, 103 (2): 195-202