

# 杀配子染色体在构建小麦族植物缺失图谱方面的应用

刘贺亮,张春霖,姜格格,徐国辉,郭长虹

(哈尔滨师范大学生命科学与技术学院/黑龙江省分子细胞遗传与遗传育种重点实验室,哈尔滨 150025)

**摘要:**山羊草属的某些染色体,当其以单体形式附加到不同基因型的普通小麦中时,会发挥完全或不完全的杀配子作用。在不完全的杀配子作用下,可以高频率地诱导产生染色体结构变异,如易位、缺失等,实现外源有益基因向小麦的渗入,也有利于构建缺失图谱和物理图谱。本文综述了利用杀配子染色体构建小麦、黑麦、大麦染色体缺失图谱的研究进展。

**关键词:**小麦族;杀配子染色体;缺失图谱

## Application of Gametocidal Chromosome on Deletion Mapping of Plants Triticeae

LIU He-liang, ZHANG Chun-lin, JIANG Ge-ge, XU Guo-hui, GUO Chang-hong

(Key Laboratory of Molecular Cytogenetics and Genetic Breeding of Heilongjiang Province/College of Life Science and Technology, Harbin Normal University, Harbin 150025)

**Abstract:** Some chromosomes derived from genus *Aegilops* have complete or incomplete gametocidal effects whenever the chromosomes are attached to common wheat in different genetic background with monosomic form, which might cause chromosome structural aberrations, such as translation, deletion or other effects, to facilitate alien genes of interest introgressing into wheat genome. Moreover, it is also informative and helpful to construct deletion maps as well as physical maps. This paper has reviewed the progress of studies on constructing deletion maps of wheat, rye and barley by means of the strategy of gametocidal chromosome.

**Key words:** *Triticeae*; gametocidal chromosome; deletion mapping

在小麦的野生近缘种山羊草属植物中,存在着—类特殊的染色体,在不含有该染色体的配子中诱导产生染色体断裂,导致配子育性下降,甚至不育。因此,这类染色体被称为杀配子染色体(Gc, gametocidal chromosome)。研究表明,用杀配子染色体诱导产生易位的频率可高达10%以上<sup>[1]</sup>,高于组织培养、辐射诱发、染色体错分裂与着丝点再融合、自发易位、*ph*基因等其他方法。此外,杀配子染色体还可以诱导产生染色体缺失,构建以细胞学为基础的缺失图谱,将控制某个表型性状的基因或DNA标记(如AFLP、SSR、STS和EST等)定位到小麦染色体

上。通过与遗传图谱比较分析,可以将遗传图谱上的基因或分子标记定位至其所对应的染色体特定区域,有利于目的基因的克隆。本文重点综述了利用杀配子染色体构建小麦、黑麦和大麦染色体缺失图谱的研究进展。

### 1 普通小麦缺失图谱

T. R. Endo等<sup>[2]</sup>利用柱穗山羊草2C染色体、离果山羊草3C染色体和拟斯卑尔托山羊草染色体片段与普通小麦2B染色体易位系(T2B. 2BL-2SL)诱导普通小麦-中国春染色体缺失。检测475个2C的

收稿日期:2013-01-24 修回日期:2013-04-12 网络出版日期:2013-08-09

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20130809.1445.021.html>

基金项目:国家重点基础研究计划(“973计划”)前期项目(2011CB111505);哈尔滨师范大学“遗传学”大学生实践创新团队;哈尔滨师范大学大学生创新基金项目(SJ060808)

第一作者主要从事小麦遗传学研究。E-mail:liuheliang00@126.com;张春霖为共同第一作者

通信作者:郭长虹,主要从事植物遗传学研究。E-mail:kaku2008@hotmail.com

后代,其中约半数的个体有一个或多个染色体结构变异。检测 52 个 3C 的回交后代,在 44 个不含有 3C 染色体的个体中,有 32 个后代带有染色体畸变。检测 31 个 T2B. 2BL-2SL 的回交后代,其中 12 个植株有染色体畸变。通过进一步的鉴定,获得 436 个中国春缺失系,其中 2C 的后代最多,达 407 个;3C 的后代 21 个;T2B. 2BL-2SL 的后代 8 个。这些缺失染色体可以稳定地遗传给后代,有 80% 左右的缺失系可以得到纯合体。L. L. Qi 等<sup>[3]</sup>对一系列小麦缺失系和非整倍体进行了分子鉴定,将其应用于创制小麦 ESTs 的物理图谱。用 526 个 EST 克隆来筛选小麦非整倍体材料,如 21 个缺体-四体、24 个双端体以及 101 个缺失系。缺失系 *def 1AS-4*、*del 6AL-2*、*del 6BS-6* 和 *del 7DS-6* 有正常的染色体组成,*del 3AS-3* 的短臂缺失可能是由一个未知的染色体易位形成的。在 26 个缺失系中检测到了 35 个新的缺失。

### 1.1 小麦第一部分同源群

K. S. Gill 等<sup>[4]</sup>通过对比高密度的物理图谱和遗传图谱,研究了小麦第一部分同源群染色体的基因分布和重排的情况。在 56 个缺失系中,利用 50 个 DNA 标记构建了染色体 1A、1B 和 1D 的物理图谱。此物理图谱与 1D 遗传图谱、小麦族第一部分同源群染色体图谱之间进行对比,形成了一个细胞遗传阶梯图。第一部分同源群染色体的大部分标记有 5 簇,仅占第一部分同源群染色体的 10%。在这些基因簇里存在第一部分同源群染色体上的 14 个重要的农艺性状基因,大部分重组发生在基因簇区域。

1B 染色体短臂有一些重要的农艺性状基因:如抗真菌病基因、种子储藏蛋白基因和育性恢复基因等。H. Zhang 等<sup>[5]</sup>开发了荧光 AFLP 技术,对普通小麦中国春的缺失系进行了分析。在正常的中国春中,用 80 个引物扩增到了 6017 个片段,其中 24 个位于 1B 短臂。12 个成簇存在于一个小的富含 RFLP 分子标记的卫星区域。AFLP 标记的多态性在卫星区域为 58.3%,在 1B 短臂为 45.8%,远高于整个基因组的平均值(10.7%)。其中在卫星区域的 7 个 AFLP 标记对中国春具有特异性,对于构建中国春 × 斯卑尔脱分离群体的遗传图谱非常有价值。

H. Tsujimoto 等<sup>[6]</sup>利用杀配子染色体 2C 研究了 1B 染色体的末端缺失。检测了 1327 株后代材料,其中 128 株带有 1B 染色体畸变,47 个在短臂,76 个在长臂,5 个在短臂和长臂都存在畸变。进一步将 39 个 RFLP 位点和核仁组织区(NOR, nucleolar ory-

nizer regions)定位在了 1B 染色体的特定区域。发现 NOR 是由带有 NOR-Bld 和 NOR-Blp 2 个不同重复单位的亚区域构成的。

L. L. Qi 等<sup>[7]</sup>通过绘制 1BS-4 的物理图谱阐明了这个高度重排染色体的起源、结构和性质。细胞遗传学和分子标记分析结果表明,1BS-4 是 1BS 的远端片段(除了小段缺失外)易位到 1BL 长臂上形成的。1BS-4 在细胞学上高度稳定,但其减数分裂染色体配对行为非常独特。1BS-4 短臂因缺少远末端同源性不能与正常 1BS 臂配对,同时,由于存在从 1BS 易位过来的片段,1BS-4 的长臂也不能与正常的 1BL 臂配对。

### 1.2 小麦第五部分同源群

通过物理图谱和遗传图谱的对比,K. S. Gill 等<sup>[8]</sup>研究了小麦基因组中的基因和染色体重排的分布情况。通过绘制 80 个 DNA 标记图和 2 个表型标记图创制了物理图谱。根据小麦染色体 5B 以及节节麦上的 50 个标记构建了遗传图谱。在染色体着丝粒周围近侧区域 20% 没有 DNA 标记。在 3 个主要的簇上长臂标记超过 60%,占整个臂的 18%。由于 48% 的标记是 cDNA 克隆,cDNA 的分布和基因组克隆又相似,所以标记的分布情况可能代表基因的分布情况。因为在基因簇的周围区域中存在着大量的缺失,所以能够鉴定基因并将其定位到染色体非常小的区域。

在普通小麦染色体 5BL 上的 *phl* 基因控制部分同源染色体配对。通过细胞遗传和分子技术相结合,K. S. Gill 等<sup>[9]</sup>把 *phl* 基因物理作图到亚显微染色体区域。J. D. Faris 等<sup>[10]</sup>在 5B 染色体的高度重复区域构建了一个精确而详细的物理图谱。这个图谱说明了远端定位区(高度重复区域)占长臂物理距离的 4%,占整条染色体重组部分的 30%。大部分交叉发生在这个区域,而且重组的数量也远高于基因组的平均值。这个区域的基因序列和重组频率与其他基因区域相比是保守的,更易通过杀配子基因的效应发生染色体断裂,这种不稳定性已通过同源区域中缺少 6 个基因座得到证明。

### 1.3 小麦第六部分同源群

H. S. Randhawa 等<sup>[11]</sup>将特异 ESTs 标记在小麦第六部分同源群染色体进行了物理作图。882 个 ESTs 定位到了 25 个区域,位于 23 个缺失断裂点之间。基因座的数量在染色体 6B 上最多,在 6D 上最少。在 3 个部分同源群上使用一种限制酶、通过 264 个 ESTs 来检测直向同源性基因座,然后用来绘

制物理图谱。ESTs 在染色体臂的远侧区呈现一个高密度趋势的物理分布。在与基因组序列进行比对之后,证明小麦第六部分同源群染色体的 ESTs 大约有 43% 与水稻染色体存在同源性。这些 ESTs 中有 58% 存在于水稻第二部分同源群染色体上,余下的存在于水稻其他染色体上。

#### 1.4 小麦第七部分同源群

J. E. Werner 等<sup>[12]</sup>利用杀配子染色体 2C 和 3C 诱导小麦染色体缺失系,绘制了 7A、7B 和 7D 染色体缺失图谱,而且把该图谱与遗传图谱进行了对比,认为在解决近侧基因座顺序问题方面,缺失图谱比遗传图谱更有效。这项研究及随后有关小麦的 RFLP 物理图谱、遗传图谱的研究都揭示了在正常情况下染色体断裂的热点与基因富集区相吻合。

U. Hohmann 等<sup>[13]</sup>利用 6 个 RAPD 标记和 91 个 cDNA 或小麦、大麦、燕麦的基因组 DNA 克隆,对 54 个缺失系进行分析,得到了普通小麦第七部分同源群染色体的高密度物理图谱。通过分子标记鉴定了 51 个染色体片段,在 7A、7B 和 7D 染色体上定位了 54 个与之对应的同源基因座。另外,普通小麦的 7A、7B 和 7D 染色体的物理图谱和遗传图谱之间存在着共线性,这也暗示了小麦族的染色体之间存在着基因共线性。

## 2 黑麦染色体缺失图谱

黑麦是中美、北欧、东欧和亚洲等地区的主要作物之一。与其他的冬季作物相比,黑麦耐低温,相对高产,同时也是一种重要的遗传资源。特别是黑麦 1R 短臂上带有许多重要的抗性基因,如抗锈病、白粉病等。

### 2.1 1R 染色体

T. R. Endo 等<sup>[14]</sup>在 1994 年利用杀配子染色体 3C 诱导小麦-黑麦代换系 1R 染色体畸变,在  $F_1$  自交后代中有 12% 发生了缺失和易位等结构变异,在  $F_2$  自交和回交后代中分别有 13% 和 10% 发生了易位或缺失等结构变异。A. Masoudi-Nejad 等<sup>[15]</sup>利用杀配子染色体 3C 创建了携带重排的黑麦 1R 染色体的小麦品系。在 811 个小麦品系后代中,发现有 5 个小麦染色体 2A、2D、3D、5D 和 7D 携带黑麦 1R 染色体片段,在这些片段上存在着一个储藏蛋白位点 Sec-1 和一簇小麦抗锈病基因,如 Sr31、Lr26 和 Yr9 位点。E. D. Nagy 等<sup>[16]</sup>利用 B. Friebe 等<sup>[17]</sup>创建的 1R 短臂染色体缺失系,将 SSAPs 分子标记定位在黑麦 1R 染色体短臂上,并发现这些 SSAPs 分子标记几乎遍布 1R 染色体短臂。M. Tsuchida 等<sup>[18]</sup>利用

杀配子系统产生重排的 1R 染色体(英国黑麦 1R<sup>i</sup> 染色体附加到普通小麦),并进行了鉴定,创制了 55 个携带单个重排 1R<sup>i</sup> 染色体的普通小麦分割系。在这些重排的 1R<sup>i</sup> 染色体中,有 52 个存在单独的断裂点,其他 3 个有 2 个断裂点。

### 2.2 黑麦 B 染色体

B 染色体又被称为超数染色体 (supernumerary chromosome)、附加染色体 (accessory chromosome) 或额外染色体 (extra chromosome),是生物界中广泛存在的、独立于物种染色体组中常规染色体之外的一种特殊染色体<sup>[19]</sup>。T. R. Endo 等<sup>[20]</sup>进行了有关黑麦 B 染色体的研究,利用杀配子染色体创建了 13 个分割的 B 染色体,并检测了其连接属性。重排的 B 染色体在长臂远端与 B 特异的重复序列分离,既没有连接,也没有与携带长臂远端片段(包含 B 特异重复序列)的小麦染色体发生易位。这些试验结果证实了之前的说法,即黑麦 B 染色体的直接连接通过 2 个元件来控制;近中着丝粒黏性位点和 B 染色体长臂远端区域的反式作用元件<sup>[21]</sup>。另外,这也暗示了 B 染色体的长臂远端区域携带 B 染色体特异重复序列。

## 3 大麦染色体缺失图谱

大麦在全世界范围内是继小麦、水稻和玉米之后的第四大主要谷类作物,也是小麦族的遗传学和基因组学研究的重要材料。大麦作为试验材料优于其他小麦族物种主要是由于其二倍体特性,而且基因组较小,约为小麦的 1/3。与多倍体小麦相比,这个较小的基因组更容易开展分子生物学的研究工作。

F. Shi 等<sup>[22]</sup>利用杀配子染色体 2C 诱导大麦染色体产生结构重排,在后代中发现了染色体结构畸变。1997 年把 2C 导入 6 个普通小麦-大麦附加系 (1H-7H) 中 (6H 除外),通过 C-分带和减数分裂进行分析,在所有附加系后代中都观察到了染色体断裂的现象。1999 年, F. Shi 等<sup>[23]</sup>进一步对这 6 个小麦-大麦二体附加系的后代进行了研究,发现其中 4H 发生畸变的频率最高,而且大部分的断裂点发生在着丝粒周围或着丝粒上。S. Nasuda 等<sup>[24]</sup>利用 701 个 EST 对大麦 1H-7H 进行 DNA 分子标记,成功地确定了至少 90% 的 EST 标记在大麦染色体的长臂 (L) 或短臂 (S) 上,并发现在大麦染色体臂的远侧区比近侧区存在更多的 EST 标记。

### 3.1 大麦 2H 染色体

G. P. Joshi 等<sup>[25]</sup>用杀配子染色体 2C 和 3C<sup>SAT</sup> 构建大麦 2H 染色体的缺失图谱。用 115 个 EST 标记

对大麦 2H 进行了 PCR 分析。其中,47 个标记分布在 2H 短臂,68 个分布在 2H 长臂。用 115 个相同标记绘制的 2H 染色体的遗传图谱与物理图谱相比较,发现在 2 个图谱的末端区域标记顺序是一致的,但在中间区域不一致。在遗传图谱上标记是平均分布的,在物理图谱上集中在两臂末端。

### 3.2 大麦 3H 染色体

K. Sakai 等<sup>[26]</sup>用杀配子染色体 2C 和 3C<sup>SAT</sup>构建了大麦 3H 染色体缺失系,用原位杂交对 3H 染色体进行细胞学筛选,共获得 50 株携带单一重排的 3H 染色体缺失系。用 36 个在整倍体普通小麦和 3H 附加系之间有多态性的 EST 标记建立 3H 遗传图谱。比较用相同 EST 标记绘制的 3H 物理图谱和遗传图,发现在 2 个图谱中所有 EST 标记的顺序是一致的,但物理图谱的优势更加明显。

### 3.3 大麦 4H 染色体

M. Sakata 等<sup>[27]</sup>利用杀配子染色体 2C 和 3C<sup>SAT</sup>创制大麦 4H 染色体缺失图谱。用 93 个特异 EST 标记对染色体 4H 进行分析。37 个标记在短臂上,56 个在长臂上,大约 70% 的标记仅仅存在于末端区域,25.6% 在短臂末端,43.1% 在长臂末端。用 93 个标记中的 38 个重新绘制了一份遗传图谱和细胞学图谱,标记在遗传图谱和物理图谱上的顺序几乎相同。在遗传图谱上,近着丝粒区域没有标记,但在物理图谱上,其中间区域有 14 个标记,有 1 个标记在短臂的近着丝粒区域。

### 3.4 大麦 5H 染色体

T. Ashida 等<sup>[28]</sup>用杀配子染色体 3C<sup>SAT</sup>创制大麦 5H 缺失系,获得了 8 个 5H 断臂缺失系、12 个 5H 长臂缺失系、2 个 5H 长短臂双缺失系、6 个 5H 短臂端体、2 个 5H 长臂端体材料,其后代可稳定遗传。用 97 个 EST 标记对大麦 5H 染色体进行了分析,发现 23 个定位在 5HS 上,74 个定位在 5HL 上。染色体的远侧区比近侧区存在更多的 EST 标记,这个结论与 S. Nasuda 等<sup>[24]</sup>的报道一致。

### 3.5 大麦 7H 染色体

F. Shi 等<sup>[29]</sup>用普通小麦-7H 二体附加系(21 II + 7H II)与普通小麦-7H 二体-2C 单体附加系(21 II + 7H II + 2C I)进行正反交,发现后代 7H 染色体畸变率为 15%。用 N-分带、FISH、GISH 等方法鉴定 82 株携带 7H 染色体畸变的植株。结果表明,在所有这些植株中,大约有 40% 的畸变是 7H 和小麦染色体之间的易位,其中 20% 包含小麦着丝粒,12% 包含 7H 着丝粒,4% 是罗伯逊易位,3% 是 7HS

易位,还有 1% 是 7HL 易位。另外,有 1 个易位的大麦片段在小麦染色体的中间位置,还有 2 个是双着丝粒。所有这些畸变的断裂点是沿着 7H 染色体的整个臂来分配的。

A. Masoudi-Nejad 等<sup>[30]</sup>利用杀配子染色体 2C 构建了大麦 7H 染色体缺失图谱。筛选了 90 个杀配子染色体的杂交后代材料,获得了 43 个缺失系,其中 18 个 7H 长臂缺失系,13 个 7H 断臂缺失系,还有 12 个长臂端体。筛选出 15 个 7HS 和 13 个 7HL 特异的 SSRs 标记,以及 10 个 7HS 和 13 个 7HL 特异的 AFLPs 标记,并将其定位到 7H 染色体上。

## 4 展望

缺失图谱与遗传图谱相比有很多优点,不需要等位基因的多态性,不必像遗传图谱那样去分析一个图谱家族的许多成员。利用不同长度的缺失系,可以找到与某种性状有关的基因的染色体区域,而且还可以将 DNA 分子标记定位到染色体特定区域。利用杀配子染色体诱导产生的杀配子图谱通过染色体重新排列来进行标记,即使不使用多态标记也一样可用。此外,杀配子染色体图谱还具有累加功能,可直接把新的标记加上去,对于构建物理图谱具有非常重要的意义和价值<sup>[31]</sup>。

随着分子生物学和细胞遗传学的进步,相关科学技术的创新发展,DNA 分子标记的大量开发使用,以及众多学者的不懈努力,今后对杀配子染色体的认知将会越来越深入,相信杀配子染色体必将在小麦遗传和育种方面具有更广阔的应用前景。

### 参考文献

- [1] 徐国辉,王永斌,陈静,等. 杀配子染色体及其在创制小麦族染色体易位系中的应用[J]. 中国农学通报,2008,24(10):88-93
- [2] Endo T R, Gill B S. The deletion stocks of common wheat[J]. J Hered, 1996, 87:295-307
- [3] Qi L L, Echaliier B, Friebe B, et al. Molecular characterization of a set of wheat deletion stocks for use in chromosome bin mapping of ESTs[J]. Funct Integr Genomic, 2003, 3(1-2):39-55
- [4] Gill K S, Gill B S, Endo T R, et al. Identification and high-density mapping of gene-rich regions in chromosome group 1 of wheat[J]. Genetics, 1996, 144(4):1883-1891
- [5] Zhang H, Nasuda S, Endo T R, et al. Identification of AFLP markers on the satellite region of chromosome 1BS in wheat[J]. Genome, 2000, 43(5):729-735
- [6] Tsujimoto H, Yamada T, Hasegawa K, et al. Large-scale selection of lines with deletions in chromosome 1B in wheat and application for fine deletion mapping[J]. Genome, 2001, 44(4):501-508
- [7] Qi L L, Friebe B, Gill B S, et al. Origin, structure, and behavior of a highly rearranged deletion chromosome 1BS-4 in wheat[J]. Genome, 2005, 48(4):591-597
- [8] Gill K S, Gill B S, Endo T R, et al. Identification and high-density mapping of gene-rich regions in chromosome group 5 of wheat[J].

- Genetics, 1996, 143(2):1001-1012
- [9] Gill K S, Gill B S, Endo T R, et al. Fine physical mapping of *phl*, a chromosome pairing regulator gene in polyploid wheat [J]. Genetics, 1993, 134(4):1231-1236
- [10] Faris J D, Hean K M, Gill B S, et al. Saturation mapping of a gene-rich recombination hot spot region in wheat [J]. Genetics, 2000, 154:823-835
- [11] Randhawa H S, Dilbirligi M, Sidhu D, et al. Deletion mapping of homoeologous group 6-specific wheat expressed sequence tags [J]. Genetics, 2004, 168(2):677-686
- [12] Werner J E, Endo T R, Gill B S, et al. Toward a cytogenetically based physical map of the wheat genome [J]. Proc Natl Acad Sci USA, 1992, 89:11307-11311
- [13] Hohmann U, Endo T R, Gill K S, et al. Comparison of genetic and physical maps of group 7 chromosomes from *Triticum aestivum* L. [J]. Mol Gen Genet, 1994, 245(5):644-653
- [14] Endo T R, Yamamoto M, Mukai Y, et al. Structural changes of rye chromosome 1R induced by a Gc chromosome [J]. Jpn J Genet, 1994, 69:13-19
- [15] Masoudi-Nejad A, Nasuda S, McIntosh R A, et al. Transfer of rye chromosome segments to wheat by a gametocidal system [J]. Chromosome Res, 2002, 10(5):349-357
- [16] Nagy E D, Lelley T. Genetic and physical mapping of sequence-specific amplified polymorphic (SSAP) markers on the 1RS chromosome arm of rye in a wheat background [J]. Theor Appl Genet, 2003, 107(7):1271-1277
- [17] Friebe B, Kynast R G, Gill B S, et al. Gametocidal factor-induced structural rearrangements in rye chromosomes added to common wheat [J]. Chromosome Res, 2000, 8:501-511
- [18] Tsuchida M, Fukushima T, Nasuda S, et al. Dissection of rye chromosome 1R in common wheat [J]. Genes Genet Syst, 2008, 83(1):43-53
- [19] 孙晓明, 魏丽华, 李象松, 等. 含 B 染色体的黑麦基因组 DNA 甲基化变异研究 [J]. 安徽农业科学, 2007, 35(22):6733-6736
- [20] Endo T R, Nasuda S, Jones N, et al. Dissection of rye B chromosomes, and nondisjunction properties of the dissected segments in a common wheat background [J]. Genes Genet Syst, 2008, 83(1):23-30
- [21] Mariana C, Margarida D, Andreas H, et al. Transcriptionally active heterochromatin in rye B chromosomes [J]. Plant Cell, 2007, 19:1738-1749
- [22] Shi F, Endo T R. Production of wheat-barley disomic addition lines possessing an *Aegilops cylindrica* gametocidal chromosome [J]. Genes Genet Syst, 1997, 72(4):243-248
- [23] Shi F, Endo T R. Genetic induction of structural changes in barley chromosomes added to common wheat by a gametocidal chromosome derived from *Aegilops cylindrica* [J]. Genes Genet Syst, 1999, 74(2):49-54
- [24] Nasuda S, Kikkawa Y, Ashida T, et al. Chromosomal assignment and deletion mapping of barley EST markers [J]. Genes Genet Syst, 2005, 80(5):357-366
- [25] Joshi G P, Nasuda S, Endo T R. Dissection and cytological mapping of barley chromosome 2H in the genetic background of common wheat [J]. Genes Genet Syst, 2011, 86(4):231-248
- [26] Sakai K, Nasuda S, Sato K, et al. Dissection of barley chromosome 3H in common wheat and a comparison of 3H physical and genetic maps [J]. Genes Genet Syst, 2009, 84(1):25-34
- [27] Sakata M, Nasuda S, Endo T R, et al. Dissection of barley chromosome 4H in common wheat by the gametocidal system and cytological mapping of chromosome 4H with EST markers [J]. Genes Genet Syst, 2010, 85(1):19-29
- [28] Ashida T, Nasuda S, Sato K, et al. Dissection of barley chromosome 5H in common wheat [J]. Genes Genet Syst, 2007, 82(2):123-133
- [29] Shi F, Endo T R. Genetic induction of chromosomal rearrangements in barley chromosome 7H added to common wheat [J]. Chromosoma, 2000, 109(5):358-363
- [30] Masoudi-Nejad A, Nasuda S, Bihoreau M T, et al. An alternative to radiation hybrid mapping for large-scale genome analysis in barley [J]. Mol Gen Genome, 2005, 274:589-594
- [31] 曲敏, 张延明, 闫玉清, 等. 杀配子染色体的研究进展 [J]. 安徽农业科学, 2007, 35(12):3461-3462, 3467

## 欢迎订阅 2014 年《作物学报》

《作物学报》是中国科学技术协会主管、中国作物学会和中国农业科学院作物科学研究所共同主办、科学出版社出版的有关作物科学的学术期刊。前身可追溯到 1919 年创办的《中华农学会丛刊》。主要刊载农作物遗传育种、耕作栽培、生理生化、种质资源以及与作物生产有关的生物技术、生物数学等学科基础理论或实践应用性的原始研究论文、专题评述和研究简报等。办刊宗旨是报道本领域最新研究动态和成果,为繁荣我国作物科学研究、促进国内外学术交流、加速中国农业现代化建设服务。读者对象是从事作物科学研究的科技工作者、大专院校师生和具有同等水平的专业人士。

《作物学报》从 1999 年起连续 12 年获“国家自然科学基金重点学术期刊专项基金”的资助。2006-2013 年连续 8 年获“中国科协精品科技期刊工程项目(B类)”资助。从 2002 年起连续 11 年被中国科技信息研究所授予“百种中国杰出学术期刊”称号。2013 年被新闻出版广电总局评为“百强科技期刊”,2011 年获“第二届中国出版政府奖期刊奖提名奖”,2005 年获“第三届国家期刊奖提名奖”。2008 和 2011 年被中国科学技术信息研究所授予“中国精品科技期刊”称号。2009 年被中国期刊协会和中国出版科学研究所授予“新中国 60 年有影响力的期刊”称号。据北京大学图书馆编著的《中文核心期刊要目总览》(2004、2008 和 2011 年版)登载,《作物学报》被列入“农学、农作物类核心期刊表”的首位。

《作物学报》为月刊,定价 50 元/册,全年 600 元。可通过全国各地邮局订阅,刊号:ISSN 0496-3490, CN 11-1809/S, 邮发代号:82-336。也可向编辑部直接订购。

地址:(100081)北京市海淀区中关村南大街 12 号,中国农业科学院作物科学研究所《作物学报》编辑部

电话:010-82108548;传真:010-82105793;网址:<http://zxwb.chinacrops.org/>

E-mail:zxwb301@caas.cn; xzbw@chinajournal.net.cn