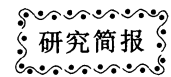


DOI: 10.3724/SP.J.1006.2011.00563



利用 1RS 特异标记和染色体原位杂交技术鉴定小麦 1BL·1RS 易位系

余利 何方 陈桂玲 崔法 亓晓蕾 王洪刚 李兴锋*

山东农业大学作物生物学国家重点实验室 / 国家小麦改良中心泰安分中心 / 山东农业大学农学院, 山东泰安 271018

摘要: 以小麦-黑麦 1BL·1RS 易位系(Kavkaz、山农 030-1)、1AL·1RS 易位系(Amigo)、荆州黑麦、八倍体小黑麦勃松 49、1R-7R 二体异附加系以及普通小麦中国春、辉县红、铭贤 169、Chancellor 等为材料, 对 65 个黑麦 1RS 特异标记进行鉴定, 从中筛选出 8 个稳定的标记, 即 NOR-1、SECA2/SECA3、SCSS30.2、Sec1Gene、Sec1Pro、 ω -Sec-P1/P2、 ω -Sec-P3/P4 和 IB-267, 可用于检测 1AL·1RS 易位系或 1BL·1RS 易位系; 另外 3 个特异标记 O-SEC5'-A/O-SEC3'-R、IAG95-1 和 SCM-9 可用于区别 1RS 来源不同的 1AL·1RS 和 1BL·1RS 易位系。利用这 11 个标记和染色体原位杂交技术对 40 份山东省近年育成小麦品种(系)进行检测, 发现潍麦 8 号、鲁麦 14、济宁 13、山农 664、山农优麦 3 号和烟农 25 为 1BL·1RS 易位系, 而且是 1RS 的整臂易位系, 未检测到 1AL·1RS 易位系和其他易位类型。

关键词: 1BL·1RS 易位系; 特异性分子标记; 基因组原位杂交

Identification of 1BL·1RS Wheat-Rye Chromosome Translocations via 1RS Specific Molecular Markers and Genomic in situ Hybridization

YU Li, HE Fang, CHEN Gui-Ling, CUI Fa, QI Xiao-Lei, WANG Hong-Gang, and LI Xing-Feng*

National Key Laboratory of Crop Biology, Shandong Agricultural University / Tai'an Subcenter of National Wheat Improvement Center / Agronomy College of Shandong Agricultural University, Tai'an 271018, China

Abstract: Sixty-five rye-specific molecular markers were validated with two 1BL·1RS wheat-rye chromosome translocations (Kavkaz and Shannong 030-1), one 1AL·1RS wheat-rye chromosome translocation (Amigo), Jingzhouheimai, octoploid Triticale Jinsong 49, 1R-7R addition lines, Chinese Spring, Huixianhong, Mingxian 169, and Chancellor. Eleven markers were selected due to stable amplification, clear PCR products in electrophoresis gels, and good repeatability, of which eight markers, i.e., NOR-1, SECA2/SECA3, SCSS30.2, Sec1Gene, Sec1Pro, ω -Sec-P1/P2, ω -Sec-P3/P4, and IB-267 amplified specific bands associated with 1AL·1RS and 1BL·1RS translocations. Another three markers, O-SEC5'-A/O-SEC3'-R, IAG95-1, and SCM-9, were able to discriminate wheat-rye translocations involving different sources of 1RS. Both molecular markers and genomic in situ hybridization were used to detect the frequency of 1BL·1RS translocations in forty Shandong varieties (lines) bred in recent years. Among the forty varieties (lines), only 15% (Weimai 8, Lumai 14, Jining 13, Shannong 664, Shannongyoumai 3, and Yannong 25) harbored the 1BL·1RS translocation with the whole short arm of chromosome 1R of rye, and no 1AL·1RS or other translocation types were found.

Keywords: 1BL·1RS translocations; Specific molecular marker; Genomic in situ hybridization

通过远缘杂交将小麦近缘种属中的优良基因导入普通小麦, 是小麦育种的重要手段之一, 其中以黑麦 1R 染色体短臂取代小麦 1B 染色体短臂所育成的小麦-黑麦 1BL·1RS 易位系在国内外小麦品种改良中应用最为广泛^[1-2]。1BL·1RS 易位染色体上除携带抗白粉基因 *Pm8*、抗条锈基因 *Yr9*、抗叶锈基因 *Lr26* 和抗秆锈基因 *Sr31* 以外, 还携带与提高产量、抗逆性、适应性等优良性状有关的基因, 而且 1RS 在遗传上能很好地补偿 1BS 缺失引起的负效应,

被认为是外源基因用于小麦品种改良最成功的范例^[3-5]。20 世纪 70 年代以后, 我国开始引入 1BL·1RS 易位系, 并在小麦育种和生产中得到广泛应用。我国 20 世纪 80 年代后育成的小麦品种中约 38% 含 1BL·1RS 易位系, 其中北方冬麦区和黄淮冬麦区频率较高, 分别为 59% 和 42%^[6]。刘建军等^[7]在我国 138 份小麦品种(系)中发现 1BL·1RS 易位系占参试品种的 42% 左右。陈东升等^[8]也报道, 1BL·1RS 易位系在春麦品种(系)中广泛分布, 在来自宁夏、内蒙古、

本研究由国家自然科学基金项目(30800684)资助。

* 通讯作者(Corresponding author): 李兴锋, E-mail: lixf@sdau.edu.cn, Tel: 0538-8246821

第一作者联系方式: E-mail: yuli425510@163.com

Received(收稿日期): 2010-08-23; Accepted(接受日期): 2010-12-10.

甘肃、青海、黑龙江和辽宁等省区的 221 份春小麦主栽品种及高代品系中, 1BL·1RS 易位系占 94 份(42.5%)。由此可见, 1BL·1RS 易位系在我国小麦高产育种和生产中仍占有举足轻重的作用。

目前, 检测 1BL·1RS 易位系主要有籽粒贮藏蛋白的 SDS-PAGE 和 Acid-PAGE、细胞学鉴定、染色体分带、GISH、FISH、PCR、高效液相色谱、单克隆抗体、1RS 特异 DNA 探针、Southern 杂交、近红外反射光谱分析以及利用揉面特性进行鉴定等方法^[3,9-10]。而利用分子标记和基因组原位杂交方法检测 1BL·1RS 易位系的相关研究鲜见报道。

本研究旨在筛选鉴定 1BL·1RS 易位系稳定可靠、简便实用的分子标记, 再结合基因组原位杂交鉴定, 分析 40 个山东小麦品种(系)中 1BL·1RS 易位系品种的分布情况, 为今后合理有效利用 1BL·1RS 品种资源和小麦品质改良提供一定的理论依据和技术方法。

1 材料与方 法

1.1 植物材料及其 DNA 提取

1BL·1RS 易位系(Kavkaz、山农 030-1)、1AL·1RS 易位系(Amigo)、荆州黑麦、八倍体小黑麦劲松 49、普通小麦-黑麦 1R 至 7R 二体异附加系(CSDA1R- CSDA7R)、普通小麦中国春、辉县红、铭贤 169、Chancellor 以及 40 份山东省小麦品种(系)(表 1)均来自国家小麦改良中心山东泰安分中心。参照 SDS-酚法从植株幼嫩叶片中分别提取各材料的基因组 DNA^[11]。

1.2 1RS 特异性分子标记的筛选及其 PCR 检测

选用 1RS 特异性 STS、SCAR 和 SSR 标记 65 个, 以 Kavkaz、Amigo、山农 030-1、劲松 49、荆州黑麦、1R-7R 二体异附加系、中国春、辉县红、铭贤 169 和 Chancellor 共 16 份材料进行标记筛选。其中能在 Amigo、Kavkaz、山农 030-1、劲松 49、荆州黑麦和 1R 二体异附加系扩增出稳定、清晰的特异带, 而在 2R-7R 二体异附加系、中国春、辉县红、铭贤 169 和 Chancellor 中不能扩增出特异带的标记作为候选标记。所有引物由上海生工生物工程技术服务公司合成。

利用 9600 Thermal Cycler 型 PCR 仪(Bio-Rad 公司, 美国)进行扩增。反应体系 20 μL , 包括 10 \times PCR buffer 2 μL , 25 mmol L⁻¹ MgCl₂ 1.6 μL , 5 $\mu\text{mol L}^{-1}$ 引物各 1.5 μL , 2.5 mmol L⁻¹ dNTPs 1.2 μL , ddH₂O 10.04 μL , 5 U μL^{-1} Taq 酶(大连宝生物工程公司) 0.16 μL 和模板 DNA 2 μL 。扩增程序见表 2。扩增产物经 6% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离, 银染显色后观察并拍照。

1.3 基因组原位杂交(GISH)

将种子置培养皿中 25 $^{\circ}\text{C}$ 条件下暗培养 48 h 左右, 取 1~2 cm 长根尖用冰水混合物预处理约 24 h, 卡诺固定液(100%酒精 冰醋酸= 3 1)固定 2~3 d。将固定好的根尖

用 45%醋酸处理后压片, 液氮冷冻揭片后保存备用。

用 CTAB 法从黑麦和中国春幼嫩叶片中分别提取基因组 DNA。用 Dig-Nick-Translation Mix 试剂盒(Roche)标记用作 GISH 探针的黑麦 DNA, 用超声波打碎用作封阻的中国春 DNA。参照 Bao 等^[12]的方法进行基因组原位杂交及信号检测。

2 结果与分析

2.1 1RS 特异分子标记的筛选

从 65 个标记中共筛选出 11 个(表 2)条带清晰、重复性好、扩增稳定的 1RS 特异标记。其中 NOR-1、SECA2/SECA3 (图 1)、SCSS30.2、Sec1Gene、Sec1Pro、 ω -Sec-P1/P2、 ω -Sec-P3/P4 和 IB-267 8 个标记在 Amigo、Kavkaz、山农 030-1、劲松 49、荆州黑麦和 1R 二体异附加系中均能扩增出特异带。标记 NOR-1 在这 6 份材料中的特异扩增产物为 400、600 和 750 bp, 标记 SECA2/SECA3、SCSS30.2、Sec1Gene、Sec1Pro、 ω -Sec-P1/P2、 ω -Sec-P3/P4 和 IB-267 的扩增产物分别为 412、576、1 216、1 036、1 100、400 和 240 bp。这些标记在 2R-7R 二体异附加系、中国春、辉县红、铭贤 169 和 Chancellor 中没有扩增产物。

标记 O-SEC5'-A/O-SEC3'-R、IAG95-1 和 SCM-9 在 Amigo、Kavkaz、山农 030-1、劲松 49、荆州黑麦和 1R 二体异附加系中扩增出多条特异带(图 1), 而在 2R-7R 二体异附加系、中国春、辉县红、铭贤 169 和 Chancellor 中没有扩增产物。在 O-SEC5'-A/O-SEC3'-R 位点, 除 1AL·1RS 易位系 Amigo 中扩增出 1 530 bp 和 1 095 bp 的特异带外, 另 5 份材料 Kavkaz、山农 030-1、劲松 49、荆州黑麦和 1R 二体异附加系均扩增出 1 530 bp 和 700 bp 的特异带。在 IAG95-1 位点, Amigo、劲松 49 和 1R 二体异附加系均扩增出 1 150 bp 的特异带, 而 Kavkaz、山农 030-1 和荆州黑麦扩增出 1 050 bp 的特异带。在 SCM-9 位点, Amigo、荆州黑麦和 1R 二体异附加系均扩增出 226 bp 的特异带, 而 Kavkaz、山农 030-1 和劲松 49 均扩增出 206 bp 的特异带。推测这可能是 1RS 来源不同所致。

2.2 40 份小麦品种(系)的分子标记检测

利用 8 个 1RS 特异标记分别对 40 份山东省材料进行检测, 只有 6 份(潍麦 8 号、鲁麦 14、济宁 13、山农 664、山农优麦 3 号和烟农 25)扩增出相应的特异带(表 1 和图 2)。

为了确定这 6 份易位系材料中的 1RS 易位类型, 利用 O-SEC5'-A/O-SEC3'-R、IAG95-1 和 SCM-9 做进一步检测(图 2), 其中 O-SEC5'-A/O-SEC3'-R 扩增出 2 条特异带, 大小为 1 530 bp 和 700 bp; IAG95-1 和 SCM-9 均扩增出单一的特异带, 大小分别为 1 050 bp 和 206 bp。3 个标记的扩增带型与其在 1BL·1RS 易位系 Kavkaz 和山农 030-1 中的带型一致, 说明这 6 份易位系材料为 1BL·1RS 易位系。

表 1 40 份小麦品种(系)1BL·1RS 鉴定结果
Table 1 Identification of 1BL·1RS in forty wheat varieties (lines)

品种(系) Variety (line)	1BL·1RS	审定年份 Year of authorization	系谱 Pedigree
潍麦 8 号 Weimai 8	+	2003	88-3149/Aus 621108
济麦 19 Jimai 19	-	2001	鲁麦 13/临汾 5064
济麦 20 Jimai 20	-	2003	鲁麦 14/鲁 884187
济麦 21 Jimai 21	-	2004	865186/川农大 84-1109//冀 84-5418
济麦 22 Jimai 22	-	2006	935024/935106
济南 13 Jinan 13	-	1980	欧柔白//辉县红/阿勃
济南 17 Jinan 17	-	1999	临汾 5064/鲁麦 13
鲁麦 14 Lumai 14	+	1990	洛夫林 13/76(17)6-1//76-26
鲁麦 21 Lumai 21	-	1996	鲁麦 13/宝丰 7228
鲁麦 23 Lumai 23	-	1996	鲁麦 8 号/高赖小麦(大粒矮)
济宁 13 Jining 13	+	2000	[烟 1934/ 82 (4) 046] F ₁ / [聊 83-1/ 2114]F ₁
山农 664 Shannong 664	+	2002	520627/南农 871
山农优麦 3 号 Shannongyoumai 3	+	2001	79401/鲁麦 1 号
山农优麦 2 号 Shannongyoumai 2	-	2000	PH85-115-2//79401/鲁麦 11
山农 11 Shannong 11	-	2003	93-95-5/复合多倍体
山农 12 Shannong 12	-	2005	鲁麦 16/PH85-4
山农 14 Shannong 14	-	2006	G916056/济南 17
山农 15 Shannong 15	-	2006	济南 17/济核 916
山农 16 Shannong 16	-	2007	济南 13/旱 635
山农 2618 Shannong 2618	-		
山农 8355 Shannong 8355	-	2005	鲁麦 22/286
山农 98 Shannong 98	-		
N05056	-		小偃 6 号/烟农 19
田 62008 Tian 62008	-		
泰农 18 Tainong 18	-	2008	莱州 137/烟 369-7
泰山 223 Taishan 223	-		
泰山 21 Taishan 21	-	2002	[(26744/泰山 10 号)F ₁ /鲁麦 7 号]F ₄ /鲁麦 18
泰山 22 Taishan 22	-	2004	鲁麦 18/鲁麦 14
泰山 23 Taishan 23	-	2004	881414/876161
泰山 24 Taishan 24	-	2005	904017/郑州 8329
烟农 15 Yannong 15	-	1982	蚰包麦/(St2422/464)
烟农 19 Yannong 19	-	2001	烟 1933/陕 82-29
烟农 21 Yannong 21	-	2002	烟 1933/陕 82-29
烟农 23 Yannong 23	-	2003	烟 1061/鲁麦 14
烟农 24 Yannong 24	-	2004	陕 229/安麦 1 号
烟农 25 Yannong 25	+		
临麦 2 号 Linmai 2	-	2004	鲁麦 23/临 90-15
临麦 4 号 Linmai 4	-	2006	鲁麦 23/临 90-15
良星 99 Liangxing 99	-	2004	济 911102/鲁麦 14//PH85-16
淄麦 12 号 Zimai 12	-	2001	917065/910292

+ 和 - 分别表示含有 1BL·1RS 和不含有 1BL·1RS。

+ and - indicate the presence and absence of 1BL·1RS, respectively.

2.3 40 份小麦品种(系)的 GISH 鉴定

GISH 检测用黑麦总基因组 DNA 作探针、中国春

DNA 作封阻,有杂交信号的黑麦染色体呈现黄绿色,没有杂交信号的小麦染色体被 PI 衬染成红色或桔红色。40

表 2 11 对 1RS 特异标记序列及扩增程序
Table 2 Eleven pairs of 1RS-specific markers used in this study

标记 Marker name	引物序列 Sequence of primer pair (5'-3')	扩增程序 PCR condition
O-SEC5'-A/O-SEC3'-R ^[13]	F: CTATTAGTTCGAAAAGCTTATGA R: GCATATGACTCAAATTATTTTT	95℃ 预变性 5 min; 94℃ 变性 1 min, 50℃ 复性 2 min, 72℃ 延伸 3 min, 30 次循环; 最后 72℃ 延伸 10 min
IAG95-1 ^[14]	F: AGCAACCAAACACACCCATC R: ATACTACGAACACACACCCC	94℃ 预变性 2 min; 94℃ 变性 30 s, 63℃ 复性 1 min, 72℃ 延伸 2 min, 35 次循环; 最后 72℃ 延伸 5 min
SCM-9 ^[15]	F: TGACAACCCCTTTCCTCTCGT R: TCATCGACGCTAAGGAGGACCC	94℃ 预变性 2 min; 95℃ 变性 1 min, 60℃ 复性 1 min, 72℃ 延伸 1 min, 40 次循环; 最后 72℃ 延伸 10 min
NOR-1 ^[16]	F: GCATGTAGCGACTAACTCATCG R: CCCAGTTTTCATGTCGC	94℃ 预变性 4 min; 94℃ 变性 15 s, 65℃ 复性 45 s, 72℃ 延伸 45 s, 35 次循环; 最后 72℃ 延伸 5 min
SECA2/SECA3 ^[17]	F: GTTTGCTGGGAATTATTTG R: TCCTCATCTTTGTCTCGCC	94℃ 预变性 5 min; 94℃ 变性 40 s, 65℃ 复性 40 s (每一循环递减 1℃), 72℃ 延伸 1 min, 15 次循环; 95℃ 变性 40 s, 55℃ 复性 40 s, 72℃ 延伸 1 min, 20 次循环; 最后 72℃ 延伸 10 min
SCSS30.2 ^[18]	F: GTCGACAATACGAACGATT R: CCGACAATACGAACGCCTTG	94℃ 预变性 5 min; 94℃ 变性 45 s, 60℃ 复性 1 min, 72℃ 延伸 1.5 min, 35 次循环; 最后 72℃ 延伸 10 min
Sec1Gene ^[19]	F: AACATGAAGACCTTCCTCATC R: CGTTACATTGAACACTCCATT	94℃ 预变性 4 min; 94℃ 变性 15 s, 65℃ 复性 45 s, 72℃ 延伸 45 s, 30 次循环; 最后 72℃ 延伸 10 min
Sec1Pro ^[19]	F: GGATCCAAATTTGCATGCGTA R: CAACTCTTGTTCGCTAGGGTT	94℃ 预变性 4 min; 94℃ 变性 15 s, 65℃ 复性 45 s, 72℃ 延伸 45 s, 30 次循环; 最后 72℃ 延伸 10 min
ω -Sec-P1/P2 ^[20]	F: ACCTTCCTCATCTTTGTCCT R: CCGATGCCTATACCACTACT	94℃ 预变性 4 min; 94℃ 变性 15 s, 65℃ 复性 45 s, 72℃ 延伸 45 s, 35 次循环; 最后 72℃ 延伸 5 min
ω -Sec-P3/P4 ^[20]	F: CCTTCCTCATCTTTGTCCTC R: GCTCTGGTCTCTGGGGTTGT	94℃ 预变性 3 min; 94℃ 变性 45 s, 65℃ 复性 45 s, 72℃ 延伸 1.5 min, 30 次循环; 最后 72℃ 延伸 7 min
IB-267 ^[21]	F: GCAAGTAAGCAGCTTGATTAGC R: AATGGATGTCCCGTGAGTGG	94℃ 预变性 5 min; 94℃ 变性 40 s, 65℃ 复性 40 s (每一循环递减 1℃), 72℃ 延伸 1 min, 15 次循环; 95℃ 变性 40 s, 55℃ 复性 40 s, 72℃ 延伸 1 min, 20 次循环; 最后 72℃ 延伸 10 min

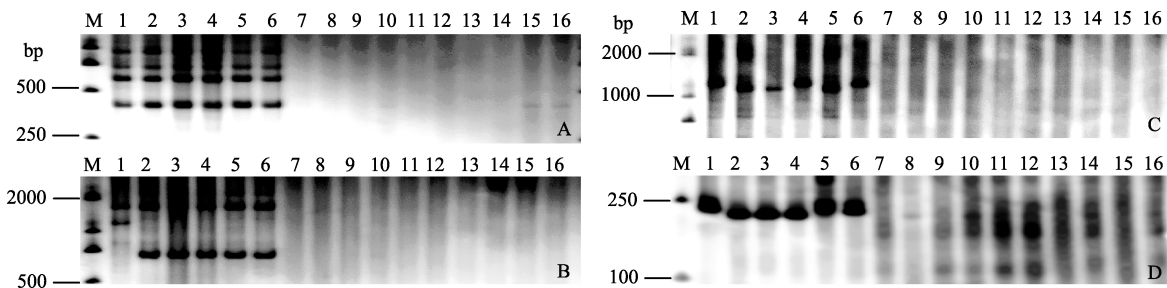


图 1 特异引物 SECA2/SECA3(A)、O-SEC5'-A/O-SEC3'-R(B)、IAG95-1(C)和 SCM-9(D)的扩增结果

Fig. 1 PCR profiles amplified with SECA2/SECA3 (A), O-SEC5'-A/O-SEC3'-R (B), IAG95-1 (C), and SCM-9 (D)

M: DL2000; 1: Amigo; 2: Kavkaz; 3: 山农 030-1; 4: 劲松 49; 5: 荆州黑麦; 6-12: 1R-7R 二体异附加系; 13: 中国春; 14: 辉县红; 15: 铭贤 169; 16: Chancellor.

M: DL2000; 1: Amigo; 2: Kavkaz; 3: Shannong 030-1; 4: Jinsong 49; 5: Jingzhouheimai; 6-12: 1R-7R addition lines; 13: Chinese Spring; 14: Huixianhong; 15: Mingxian 169; 16: Chancellor.

份材料中 34 份材料无任何杂交信号, 仅潍麦 8 号、鲁麦 14、济宁 13、山农 664、山农优麦 3 号和烟农 25 有 1 对易位染色体的短臂有杂交信号(图 3), 其他染色体无杂交信号。而且 6 份材料中的那 1 对染色体的短臂均有随体, 因此确定其为 1RS 的整臂易位系。这 6 份材料与分子标记检测出的 6 份 1BL·1RS 易位系材料完全一致。

3 讨论

小麦-黑麦 1BL·1RS 易位系携带许多抗病基因和抗

虫基因, 同时具有较好的丰产性和适应性, 因此在全世界的小麦遗传改良中被广泛利用。快速而准确地鉴定小麦背景中的 1BL·1RS 易位系, 明确这些易位系的遗传背景和分布情况, 对于小麦遗传改良具有重要的意义。前人已利用分子标记进行小麦 1BL·1RS 易位系检测和鉴定, 但是所用的标记数目比较少^[6,22-26]。本研究筛选了 11 个可用标记, 其中 8 个(NOR-1、SECA2/SECA3、SCSS30.2、Sec1Gene、Sec1Pro、 ω -Sec-P1/P2、 ω -Sec-P3/P4 和 IB-267) 在 1AL·1RS 易位系 Amigo 和 1BL·1RS 易位系 Kavkaz、

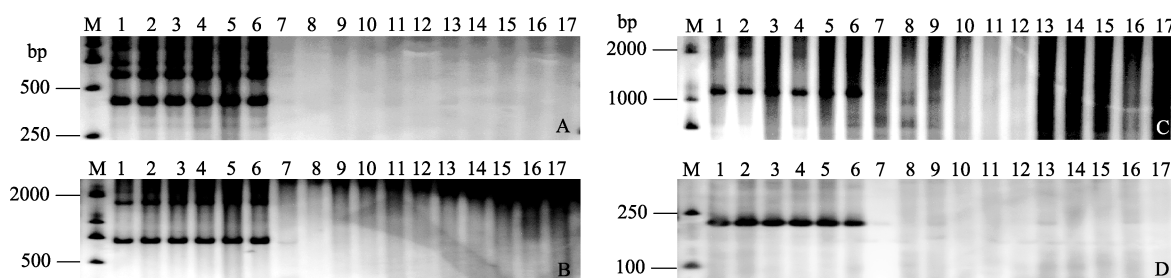


图 2 SECA2/SECA3(A)、O-SEC5'-A/O-SEC3'-R(B)、IAG95-1(C)和 SCM-9(D)在部分材料中的扩增结果

Fig. 2 PCR profiles amplified with SECA2/SECA3 (A), O-SEC5'-A/O-SEC3'-R (B), IAG95-1 (C), and SCM-9 (D) in partial varieties/lines
 M: DL2000; 1: 潍麦 8 号; 2: 鲁麦 14; 3: 济宁 13; 4: 山农 664; 5: 山农优麦 3 号; 6: 烟农 25; 7: 鲁麦 21; 8: 鲁麦 23; 9: 济麦 19; 10: 济麦 20; 11: 济麦 22; 12: 济南 17; 13: 山农优麦 2 号; 14: 良星 99; 15: 泰山 22; 16: 烟农 15; 17: 烟农 23。
 M: DL2000; 1: Weimai 8; 2: Lumai 14; 3: Jining 13; 4: Shannong 664; 5: Shannongyoumai 3; 6: Yannong 25; 7: Lumai 21; 8: Lumai 23; 9: Jimai 19; 10: Jimai 20; 11: Jimai 22; 12: Jinan 17; 13: Shannongyoumai 2; 14: Liangxing 99; 15: Taishan 22; 16: Yannong15; 17: Yannong 23.

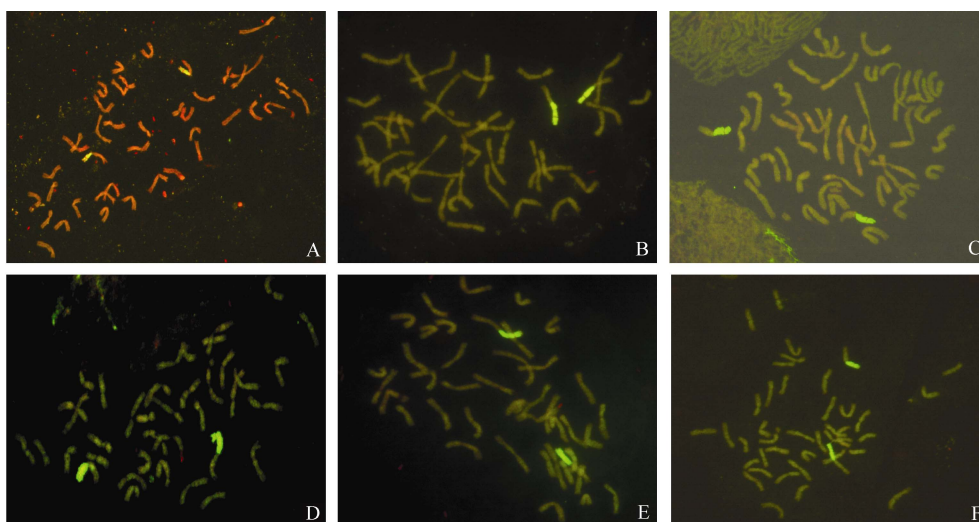


图 3 6 份 1BL·1RS 易位系材料的原位杂交结果

Fig. 3 GISH analysis of six 1BL·1RS wheat-rye chromosome translocations lines

A: 潍麦 8 号; B: 鲁麦 14; C: 济宁 13; D: 山农 664; E: 山农优麦 3 号; F: 烟农 25。
 A: Weimai 8; B: Lumai 14; C: Jining 13; D: Shannong 664; E: Shannongyoumai 3; F: Yannong 25.

山农 030-1 之间扩增出相同带型, 不能区别 1AL·1RS 和 1BL·1RS 易位系; 而 O-SEC5'-A/O-SEC3'-R、IAG95-1 和 SCM-9 可在两种易位系之间扩增出不同带型, 可用于区别 1AL·1RS 易位系和 1BL·1RS 易位系。这与前人的研究结果一致^[14,27-28]。

本研究所获得的 11 个特异标记几乎覆盖了整个 1RS 短臂(图 4), 其中 IAG95-1 位于 1RS 顶端的 *iag95* 位点^[29]; SCSS30.2、IB-267 与锈病抗性基因紧密连锁, 位于 *SrR* 位点^[18,21]; SECA2/SECA3、Sec1Gene、Sec1Pro、 ω -Sec-P1/P2、 ω -Sec-P3/P4 和 O-SEC5'-A/O-SEC3'-R 这 6 个标记位于 *Sec-1* 位点^[13,17,19-20]; NOR-1 位于 1R 染色体的核仁组织区^[16]; SCM-9 位于 1RS 的底端^[15]。虽然本研究未检测到任何小片段易位系, 但是根据各标记在 1RS 染色体上的不同位置可以用于小片段易位系的鉴定。

在小麦遗传改良中, 通过利用染色体工程方法诱导易位的途径, 已将多种小麦近缘种属的有利基因导入小

麦^[30-31], 国内外已培育了不少小麦异源易位系材料。但是, 通常诱导的易位主要是臂间易位或含外来染色体的较大片段, 这种大片段易位在引入有利性状的同时往往伴随着不良效应, 限制了它们在小麦育种中的应用^[32]。育种家们希望通过获得小片段易位来解决该问题。这种小片段易

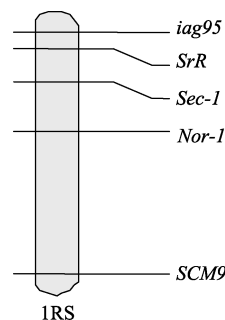


图 4 1RS 的整合图谱

Fig. 4 Integrated map of 1RS chromosome

位由于易位片段很小,在引入有利基因的同时可在较大程度上排除不利基因的干扰,在小麦育种中可能具有较大的应用价值。目前虽然已有不少文献报道了成功诱导小片段易位的研究结果^[33-36],但是真正在小麦生产中的应用还很少,且与有利性状相关的小片段易位的报道不多。本研究检测出的6份1BL·1RS易位系品种(系)均为1RS整臂易位,这说明已选育出的大量的商业性小麦品种主要还是利用了大片段异源易位系,即黑麦1R染色体短臂取代小麦1B染色体短臂形成的1BL·1RS整臂易位系。因此,在今后的小麦遗传改良中,慎重选择亲本,合理利用1BL·1RS易位系,培育优质高产的1BL·1RS易位系品种(系),继续为小麦生产作出重要贡献是完全有可能的。

References

- [1] Ren Y(任燕), Graybosch R A, Wang T(王涛). 1BL/1RS chromosomal translocation in wheat. *J Triticeae Crops (麦类作物学报)*, 2006, 26(3): 152–158 (in Chinese with English abstract)
- [2] Li H J, Wang X M. *Thinopyrum ponticum* and *Th. intermedium*: the promising source of resistance to fungal and viral diseases of wheat. *J Genet Genomics*, 2009, 36: 557–565
- [3] Graybosch R A. Uneasy unions: quality effects of rye chromatin transfer to wheat. *J Cereal Sci*, 2001, 33: 3–16
- [4] Masojć P, Lebiecka K, Milczarski P, Wiśniewska M, Łań A, Owsianicki R. Three classes of loci controlling preharvest sprouting in rye (*Secale cereale* L.) discerned by means of bidirectional selective genotyping (BSG). *Euphytica*, 2009, 170: 123–129
- [5] Sharma S, Bhat P R, Ehdiaie B, Close T J, Lukaszewski A J, Waines J G. Integrated genetic map and genetic analysis of a region associated with root traits on the short arm of rye chromosome 1 in bread wheat. *Theor Appl Genet*, 2009, 119: 783–793
- [6] Zhou Y(周阳), He Z-H(何中虎), Zhang G-S(张改生), Xia L-Q(夏兰琴), Chen X-M(陈新民), Gao Y-C(高永超), Jing Z-B(井赵斌), Yu G-J(于广军). Utilization of 1BL/1RS translocation in wheat breeding in China. *Acta Agron Sin (作物学报)*, 2004, 30(6): 531–535 (in Chinese with English abstract)
- [7] Liu J-J(刘建军), He Z-H(何中虎), Pena R J, Zhao Z-D(赵振东). Effect of 1BL/1RS translocation on grain quality and noodle quality in bread wheat. *Acta Agron Sin (作物学报)*, 2004, 20(2): 149–153 (in Chinese with English abstract)
- [8] Chen D-S(陈东升), Liu L(刘丽), Dong J-L(董建力), He Z-H(何中虎), Zhang Y(张艳), Liu J-J(刘建军), Wang D-S(王德森). Effect of HMW and LMW glutenin subunits and presence of 1BL/1RS translocation on quality traits in spring wheat. *Acta Agron Sin (作物学报)*, 2005, 31(4): 414–419 (in Chinese with English abstract)
- [9] William A B, Michael G F. Biochemical, Molecular, and cytogenetic technologies for characterizing 1RS in wheat. *Euphytica*, 1999, 108: 1–19
- [10] Liu J-J(刘建军), Xiao Y-G(肖永贵), Cheng D-G(程敦公), Li H-S(李豪圣), Liu L(刘丽), Song J-M(宋健民), Liu A-F(刘爱峰), Zhao Z-D(赵振东), He Z-H(何中虎). Identification of 1BL/1RS translocation based on mixograph parameters in common wheat. *Acta Agron Sin (作物学报)*, 2009, 35(1): 79–86 (in Chinese with English abstract)
- [11] Hao Y-F(郝元峰). Location of Wheat Powdery Mildew Resistance Genes with Molecular Marker and Marker-Assisted Selection. PhD Dissertation of Shandong Agricultural University, 2008 (in Chinese with English abstract)
- [12] Bao Y, Li X, Liu S, Cui F, Wang H. Molecular cytogenetic characterization of a new wheat-*Thinopyrum intermedium* partial amphiploid resistant to powdery mildew and stripe rust. *Cytogenet Genome Res*, 2009, 126: 390–395
- [13] Shimizu Y, Nasuda S, Endo T R. Detection of *Sec-1* locus of rye by a PCR-based method. *Genes Genet Syst*, 1997, 72: 197–203
- [14] Mohler V, Hsam S L K, Zeller F J, Wenzel G. An STS marker distinguishing the rye-derived powdery mildew resistance alleles at the *Pm8/Pm17* locus of common wheat. *Plant Breed*, 2001, 120: 448–450
- [15] Saal B, Wricke G. Development of simple sequence repeats markers in rye (*Secale cereale* L.). *Genome*, 1999, 42: 964–972
- [16] Koebner R M D. Generation of PCR-based markers for the detection of rye chromatin in a wheat background. *Theor Appl Genet*, 1995, 90: 740–745
- [17] Froidmont D D. A co-dominant marker for the 1BL·1RS wheat-rye translocation via multiplex PCR. *J Cereal Sci*, 1998, 27: 229–232
- [18] Das B K, Saini A, Bhagwat S G, Jawali N. Development of SCAR markers for identification of stem rust resistance gene *Sr31* in the homozygous or heterozygous condition in bread wheat. *Plant Breed*, 2006, 125: 544–549
- [19] Yamamoto M, Mukai Y. High-resolution physical mapping of the *secalin-1* locus of rye on extended DNA fibers. *Cytogenet Genome Res*, 2005, 109: 79–82
- [20] Chai J F, Zhou R H, Jia J Z, Liu X. Development and application of a new codominant PCR marker for detecting 1BL/1RS wheat-rye chromosome translocations. *Plant Breed*, 2006, 125: 302–304
- [21] Mago R, Spielmeier W, Lawrence G J, Lagudah E S, Ellis J G, Pryor A. Identification and mapping of molecular markers linked to rust resistance genes located on chromosome 1RS of rye using wheat-rye translocation lines. *Theor Appl Genet*, 2002, 104: 1317–1324
- [22] Tang H-J(唐怀君), Yin G-H(殷贵鸿), Xia X-C(夏先春), Feng J-J(冯建军), Qu Y-Y(曲延英), He Z-H(何中虎). Evaluation of molecular markers specific for 1BL·1RS translocation and characterization of 1RS chromosome in wheat varieties from different origins. *Acta Agron Sin (作物学报)*, 2009, 35(11): 2107–2115 (in Chinese with English abstract)
- [23] Wang X-J(王晓军), Feng G-H(冯国华), Liu D-T(刘东涛), Wang J(王静), Zhang H-Y(张会云), Zhao J-H(赵军海), Chen R-Z(陈荣振). Molecular detection of stripe rust resistant genes and 1BL

- /1RS translocation in 55 wheat cultivars (lines). *Jiangsu J Agric Sci* (江苏农业学报), 2008, 24(3): 241–244 (in Chinese with English abstract)
- [24] Zhang L-P(张立平), He Z-H(何中虎), Lu M-Q(陆美琴), Pang B-S(庞斌双), Zhang X-Y(张学勇), Xia L-Q(夏兰琴), Frank E. Identification of 1BL/1RS translocation via multiplex PCR markers of *Glu-B3*, *Gli-B1* and *SEC-1b* in common wheats. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2003, 19(12): 1566–1570 (in Chinese with English abstract)
- [25] Su Y-R(苏亚蕊), Zhang D-L(张大乐), Gao A-L(高安礼), Li Y-G(李玉阁), Li S-P(李锁平). Analysis on the stability of IRS in the wheat-rye 1BL/1RS translocation lines. *J Triticeae Crops* (麦类作物学报), 2006, 26(6): 6–10 (in Chinese with English abstract)
- [26] Weng Y, Azhaguel P, Devkota R N, Rudd J C. PCR-based markers for detection of different sources of 1AL·1RS and 1BL·1RS wheat-rye translocations in wheat background. *Plant Breed*, 2007, 126: 482–486
- [27] Fulya E Y, Faheem S B, Benjamin K, Hakan Ö. Testing of rye-specific markers located on IRS chromosome and distribution of 1AL·RS and 1BL·1RS translocations in Turkish wheat (*Triticum aestivum* L., *T. durum* Desf.) varieties and landraces. *Genet Resour Crop Evol*, 2010, 57: 119–129
- [28] Nagy E D, Eder C, Márta M L, Tamás L. Genetic mapping of sequence-specific PCR-based markers on the short arm of the 1BL·1RS wheat-rye translocation. *Euphytica*, 2003, 132: 243–250
- [29] Oliver R E, Cai X, Xu S S, Chen X, Stack R. Wheat-alien species derivatives: a novel source of resistance to *fusarium* head blight in wheat. *Crop Sci*, 2005, 45: 1353–1360
- [30] Dhaliwal H S, Singh H, Willian M. Transfer of rust resistance from *Aegilops ovata* into bread wheat (*Triticum aestivum* L.) and molecular characterization of resistant derivatives. *Euphytica*, 2002, 126: 153–159
- [31] Ren Z-L(任正隆), Zhang H-Q(张怀琼). Induction of small-segment-translocation between wheat and rye chromosomes. *Sci China* (Ser C)(中国科学·C 辑), 1997, 27(3): 258–263 (in Chinese with English abstract)
- [32] Wang E-M(王二明), Wen Y-X(文玉香), Wei R-X(魏荣璋), Hu H(胡含). Creation and characterization of a wheat/rye small fragment chromosome translocation line. *Acta Genet Sin* (遗传学报), 1997, 24(5): 453–457 (in Chinese with English abstract)
- [33] Fu S-L(符书兰), Tang Z-X(唐宗祥), Zhang H-Q(张怀琼), Yang Z-J(杨足君), Ren Z-L(任正隆). Transfer of a rye small chromosomal segment with powdery mildew-resistant gene(s) into common wheat (L.). *Hereditas* (遗传), 2006, 28(11): 1396–1400 (in Chinese with English abstract)
- [34] Li H-J(李洪杰), Guo B-H(郭北海), Zhang Y-M(张艳敏), Li Y-W(李义文), Du L-Q(杜立群), Li Y-X(李银心), Jia X(贾旭), Zhu Z-Q(朱至清). High efficient intergeneric chromosomal translocations between wheat (*Triticum aestivum* L.) and *Dasyphyrum villosum* arising from tissue culture and irradiation. *Acta Genet Sin* (遗传学报), 2000, 27(6): 511–519 (in Chinese with English abstract)
- [35] Wang X-P(王献平), Chu J-H(初敬华), Zhang X-Q(张相岐). Efficient production of wheat alien translocation lines and characterization by molecular cytoenetics. *Acta Genet Sin* (遗传学报), 2003, 30(7): 619–624 (in Chinese with English abstract)