

小麦-单芒山羊草染色体易位系创制

官文萍,汪晓潞,韩冉,刘爱峰,李豪圣,刘建军,徐文竞,刘成

(山东省农业科学院作物研究所/小麦玉米国家工程研究中心/小麦育种国家重点实验室/
农业部黄淮北部小麦生物学与遗传育种重点实验室/山东省小麦技术创新中心,山东济南 250100)

摘要:单芒山羊草 1N 染色体上含有小麦育种所需的优异基因,为快速准确鉴定小麦背景中的单芒山羊草 1N 染色质,本研究利用合成的 212 对引物对单芒山羊草、一套小麦-单芒山羊草附加系和小麦对照进行分析。结果表明,引物 TNAC1006、TNAC1017、TNAC1029 和 TANC1031 的扩增产物经 *Taq* I 酶切后,在单芒山羊草和小麦-单芒山羊草 1N 附加系中分别获得长度为 900、1 200、1 800 和 400 bp 的多态性片段,而在其他供试材料中未获得这些多态性片段,因此它们可作为特异分子标记用于小麦背景中的 1N 染色质检测。利用建立分子标记筛选小麦-单芒山羊草 1N 附加系和中国春杂交 F_2 群体,同时用以 Oligo-pSc119.2-1 和 Oligo-pTa535-1 为探针的双色 FISH 鉴定相应单株,结果发现,单株 N91 和 N350 含有杂合 1NS·1NS 等臂染色体,N46 含有杂合 1N+1NL·1NL 染色体,N319 含有杂合 1BS·1NS 易位染色体。进一步对上述 4 个单株的 207 个自交后代单株进行分子标记和 FISH 鉴定,结果仅获得 1 份小麦-单芒山羊草 1NS·1NS 纯合易位系。为研究清楚获得纯合易位系比例极低的原因,以 1BS·1NS+1B 杂合系与济麦 38 为材料进行测交,结果证实 1BS·1NS 仅通过雌配子传递。

关键词:单芒山羊草;易位系;分子标记;荧光原位杂交;雌配子传递

中图分类号:S512.1;S330

文献标识码:A

文章编号:1009-1041(2025)08-1103-08

Creation of Chromosome Translocation Lines between Wheat and *Aegilops uniaristata*

GONG Wenping, WANG Xiaolu, HAN Ran, LIU Aifeng,
LI Haosheng, LIU Jianjun, XU Wenjing, LIU Cheng

(Crop Research Institute, Shandong Academy of Agricultural Sciences/National Engineering Research Center of Wheat and Maize, National Key Laboratory of Wheat Breeding/ Key Laboratory of Wheat Biology and Genetic Improvement in North Yellow and Huai River Valley, Ministry of Agriculture/ Shandong Wheat Technology Innovation Center, Jinan, Shandong 250100, China)

Abstract: The 1N chromosome of *Aegilops uniaristata* contains superior genes essential for wheat breeding. To rapidly and accurately identify the 1N chromosome of *Aegilops uniaristata* from a wheat background, this study utilized 212 primer pairs to analyze *Aegilops uniaristata*, a set of wheat-*Aegilops uniaristata* addition lines, with a wheat material as control. The results showed that after digestion with *Taq* I enzyme, the amplification products of primers TNAC1006, TNAC1017, TNAC1029, and TANC1031 yielded polymorphic fragments of 900, 1200, 1800, and 400 bp in *Aegilops uniaristata* and the wheat-*Aegilops uniaristata* 1N addition lines, respectively. These polymorphic fragments were not observed in other tested materials, and thus they can serve as specific molecular markers for detecting 1N chromosome in a wheat background. Using these established mo-

收稿日期:2024-08-14 修回日期:2025-01-06

基金项目:国家重点研发计划项目(2023YFD1201005);山东省重点研发计划项目(2022LZG002-4);山东省小麦产业技术体系项目(SDAIT-01-01);泰山学者工程项目(tspd20221108);济南市“新高校 20 条”项目(202228067)

第一作者 E-mail:gongwenping911@126.com(官文萍)

通讯作者 E-mail:992456577@qq.com(徐文竞);lch6688407@163.com(刘成)

lecular markers, the wheat-*Aegilops uniaristata* 1N addition lines and the F₂ population of Chinese Spring hybrids were screened. Simultaneously, dual-color FISH with Oligo-pSc119. 2-1 and Oligo-pTa535-1 as probes was used to identify the corresponding individual plants. It was found that plants N91 and N350 contain heterozygous 1NS · 1NS isochromosomes; N46 contains a heterozygous 1N + 1NL · 1NL chromosome; and N319 contains a heterozygous 1BS · 1NS translocation chromosome. Further molecular marker and FISH analysis of the 207 self-pollinated progeny from these four plants yielded only one homozygous wheat-*Aegilops uniaristata* 1NS · 1NS translocation line. To investigate the reason for the extremely low proportion of homozygous translocation lines obtained, a test cross was conducted using the 1BS · 1NS + 1B heterozygous line and Jimai 38 as materials. The results confirmed that 1BS · 1NS is transmitted only through female gametes.

Keywords: *Aegilops uniaristata*; Translocation line; Molecular marker; Fluorescence *in situ* hybridization; Female gamete transmission

山羊草属(*Aegilops*)物种含有小麦育种所需的抗病、抗虫、优质等优异基因,是小麦远缘杂交和染色体工程育种中应用最成功的种属之一^[1]。单芒山羊草(*Ae. uniaristata*, 2n = 2x = 14, 基因组 NN)是山羊草属中的一个二倍体物种,高抗小麦条锈病、秆锈病和叶锈病^[2-3],含有提高小麦籽粒蛋白含量、铝耐受性等优良性状基因^[4-6]。迄今,一套中国春-单芒山羊草染色附加系已经被创制出来^[7],其中单芒山羊草 1N 染色体的导入显著提高其条锈病抗性、籽粒蛋白含量和湿面筋含量,对小麦遗传改良具有重要应用价值。

小麦-近源植物染色体易位系在基因定位和小麦遗传改良方面具有较高的利用价值^[8]。例如小麦-黑麦 1BL · 1RS 易位系具有丰产、抗病等优异特性^[9],被广泛应用于基因定位和新品种培育研究。目前,以含 *Sr31*、*Lr26*、*Yr9* 和 *Pm8* 的 1BL · 1RS 易位系及其衍生系为亲本,育成了如鲁麦 14、周麦 16、矮抗 58、无芒 1 号、高加索和山前麦等一大批品种^[9];以含 *Pm21* 的小麦-簇毛麦 6VS · 6AL 易位系为亲本,选育出了扬麦 18、国麦 301、金禾 9123 和 马兰 1 号等小麦新品种^[10-11]。这些易位系的产生有自发易位、电离辐射或染色体工程诱导^[12-14]等。前人在小麦-山羊草染色体易位系的创制、基因发掘与利用等研究方面已卓有成效^[8-9],但有关单芒山羊草基因组优异基因的研究进展缓慢。本研究以小麦-单芒山羊草 1N 附加系与中国春杂交 F₂ 后代为试验材料,鉴定和创制出了小麦-单芒山羊草染色体易位系,并开发了单芒山羊草 1N 染色体特异分子标记,为单芒山羊草 1N 染色体优异基因定位和利用奠定了基础。

1 材料与方法

1.1 试验材料

本研究所用材料单芒山羊草(TA2688)由美国堪萨斯州立大学小麦遗传与基因研究中心的 John Raupp 博士提供。中国春-单芒山羊草 1N~5N 附加系(CSDA1N~CSDA5N)和 7N 附加系(CSDA7N)由英国约翰英纳斯研究中心的 Stephen M. Reader 研究员提供。中国春(CS)和绵阳 11(MY11)由电子科技大学杨足君教授提供。济麦 20、济麦 22、济麦 38、济麦 4075 为本实验室自育品种。各供试材料具体信息见表 1。

1.2 DNA 提取

供试材料基因组总 DNA 提取参考文献^[15]。

1.3 PCR 扩增

用于实验的 37 对染色体第一同源群 PLUG (PCR-based landmark unique gene)引物根据水稻基因序列设计,序列及 PCR 扩增程序参照文献^[15],PCR 产物用限制内切酶 *Taq* I 酶切。97 对染色体第一同源群 IT (intron targeting)引物根据簇毛麦基因内含子多态性设计,序列及扩增程序参照文献^[16]。78 对染色体第一同源群 EST-SSR (expressed sequence tag-simple sequence repeat)引物根据小麦 EST 序列设计,序列及扩增程序参照文献^[17]。PLUG 引物和 IT 引物由青岛擎科生物技术有限公司合成。EST-SSR 引物由成都瑞信生物公司合成。所有 PCR 产物或酶切后产物经 1.5% 琼脂糖凝胶电泳,紫外凝胶成像仪 GDS-Gel Dol 2000 扫描并照相。

1.4 染色体制片和原位杂交

根尖处理方法参考文献^[18]略作修改。首先

表 1 供试材料

Table 1 Materials used in the research

序号 Serial number	编号 Accession number	植物材料 Plant material	基因组 Genome
1	TA2688	单芒山羊草 <i>Aegilops uniaristata</i>	NN
2	CSDA1N	中国春-单芒山羊草 1N 附加系 CS- <i>Ae. uniaristata</i> 1N addition line	AABBDD+1 对 1N AABBDD+One pair 1N
3	CSDA2N	中国春-单芒山羊草 2N 附加系 CS- <i>Ae. uniaristata</i> 2N addition line	AABBDD+1 对 2N AABBDD+One pair 2N
4	CSDA3N	中国春-单芒山羊草 3N 附加系 CS- <i>Ae. uniaristata</i> 3N addition line	AABBDD+1 对 3N AABBDD+One pair 3N
5	CSDA4N	中国春-单芒山羊草 4N 附加系 CS- <i>Ae. uniaristata</i> 4N addition line	AABBDD+1 对 4N AABBDD+One pair 4N
6	CSDA5N	中国春-单芒山羊草 5N 附加系 CS- <i>Ae. uniaristata</i> 5N addition line	AABBDD+1 对 5N AABBDD+One pair 5N
7	CSDA7N	中国春-单芒山羊草 7N 附加系 CS- <i>Ae. uniaristata</i> 7N addition line	AABBDD+1 对 7N AABBDD+One pair 7N
8	CS	中国春 Chinese Spring	AABBDD
9	JM20	济麦 20 Jimai 20	AABBDD
10	JM22	济麦 22 Jimai 22	AABBDD
11	JM38	济麦 38 Jimai 38	AABBDD
12	JM4075	济麦 4075 Jimai 4075	AABBDD
13	MY11	绵阳 11 Mianyang 11	AABBDD
14	N1~N392	CS/CS-单芒山羊草 1N 附加系 F ₂ 植株 F ₂ plants of CS/CS- <i>Ae. uniaristata</i> 1N addition line	待鉴定 Identified in this study
15	E1~E42	N350 自交 F ₂ 植株 Self-pollinated F ₂ plants of N350	待鉴定 Identified in this study
16	E43~E144	N319 自交 F ₂ 植株 Self-pollinated F ₂ plants of N319	待鉴定 Identified in this study
17	E145~E186	N91 自交 F ₂ 植株 Self-pollinated F ₂ plants of N91	待鉴定 Identified in this study
18	E187~E207	N46 自交 F ₂ 植株 Self-pollinated F ₂ plants of N46	待鉴定 Identified in this study

将种子置于铺有湿润滤纸的培养皿中,放入 22 °C 恒温光照培养箱中。待种子萌动,转到 4 °C 冰箱中放置 24 h 后,转入 22 °C 恒温光照培养箱,待根尖长至 2~3 cm 时,剪根尖放入离心管中,N₂O 处理 2 h 后加入 90% 醋酸 500 μL,8~10 min 后倒掉醋酸,ddH₂O 洗两遍。切下根尖分生组织,用含 1% 果胶酶 Y23(Yakult Pharmaceutical Tokyo)和 2% 纤维素酶 R-10 的酶解液 37 °C 酶解 1 h。然后,用 70% 乙醇冲洗根尖两遍,用解剖针捣碎根尖,4 000 r·min⁻¹ 离心 2 min,倒掉乙醇,加入 30 μL 冰醋酸混匀,用移液枪吸 8 μL 细胞悬浮液滴在载玻片上,晾干备用。

原位杂交 (fluorescence *in situ* hybridization, FISH) 方法参考文献 [19] 略作修改。每张染色体制片加 0.3 μL 寡聚核苷酸探针 Oligo-pSc119.2-1 和 Oligo-pTa535-1 (擎科生物技术有限公司合成) 以及 7.4 μL 缓冲液 (1×TE+2×

SSC, pH=7), 盖上盖玻片,放进底部有湿润滤纸的杂交盒中,在 37 °C 杂交箱中杂交 2 h 以上。取出盛有 2×SSC 的杂交缸,轻轻晃动使盖玻片脱落,取出载玻片用吸耳球快速吹干,加 8 μL DA-PI,盖上盖玻片。利用荧光显微镜镜检、拍照。以上步骤在避光条件下进行。依照文献 [19] 报道的小麦双色 FISH 标准对本实验结果进行分析。

2 结果与分析

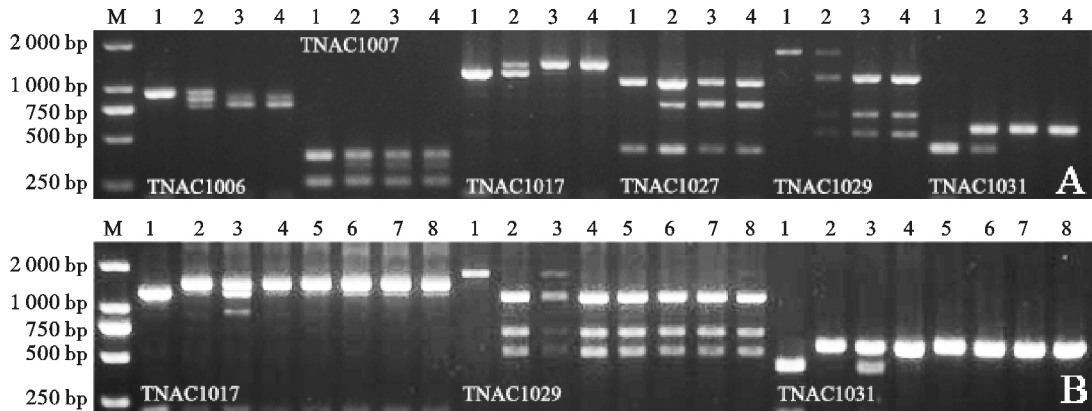
2.1 单芒山羊草 1N 染色体特异分子标记开发

利用 37 对 PLUG 引物、97 对 IT 引物和 78 对 EST-SSR 引物,对单芒山羊草、中国春-单芒山羊草 1N 附加系、中国春和济麦 22 进行分析。结果发现,仅 PLUG 引物 TNAC1006、TNAC1017、TNAC1029 和 TNAC1031 的 PCR 产物经限制内切酶 *Taq* I 酶切后,可在单芒山羊草和中国春-单芒山羊草 1N 附加系中分别扩增出长度约为 900、1 200、

1 800 和 400 bp 的多态性条带,而对照小麦材料中国春和济麦 22 中扩增不出这些条带(图 1A)。

为了确证上述多态性条带是单芒山羊草 1N 染色体特异条带,利用这 4 对引物对单芒山羊草、中国春-单芒山羊草 1N~5N 附加系、7N 附加系以及中国春进行扩增。结果显示,仅单芒山羊草和中国春-单芒山羊草 1N 附加系能扩增出上述 4 条带,而其他材料扩增不出这些多态性条带。因此,这 4 条多态性条带可作为检测小麦背景中单

芒山羊草 1N 染色体的特异分子标记。引物 TNAC1017、TNAC1029 和 TNAC1031 的扩增结果如图 1B 所示。TNAC1006 和 TNAC1017 扩增出的多态性片段、TNAC1029 和 TNAC1031 扩增出的多态性片段分别是单芒山羊草 1NS 和 1NL 特异标记,后续对相应杂交后代单株的分子鉴定结果(图 2)和 FISH 鉴定结果(图 3)也都印证了该结论。该 4 对引物及其所在物种染色体信息如表 2 所示。



M:DL2000;A:1~4 分别是单芒山羊草、中国春-单芒山羊草 1N 附加系、中国春和济麦 22;B:1~8 分别是单芒山羊草、中国春、中国春-单芒山羊草 1N~5N 附加系和 7N 附加系。

M: DL2000; A: 1: *Ae. uniaristata*; 2: CSDA1N; 3: Chinese Spring (CS); 4: Jimai 22; B: 1: *Ae. uniaristata*; 2: Chinese Spring; 3: CSDA1N; 4: CSDA2N; 5: CSDA3N; 6: CSDA4N; 7: CSDA5N; 8: CSDA7N.

图 1 不同引物对小麦-单芒山羊草附加系及小麦对照的扩增结果

Fig. 1 Amplification of different primers in wheat-*Ae. uniaristata* addition lines and wheat controls

表 2 单芒山羊草 1N 染色体特异分子标记信息

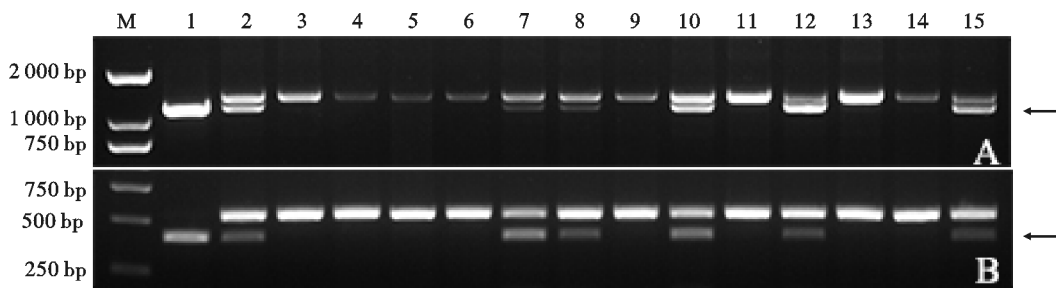
Table 2 Development of molecular markers specific for *Ae. uniaristata* 1N chromosome

引物 Primer	引物序列 Primer sequence (5'-3')	所在小麦染色体位置 Chromosomal location	所在 1N 染色体位置 Assumed chromosomal location on 1N	在 1N 染色体上多态性片段大小 Polymorphic fragment size on chromosome 1N/bp
TNAC1006	F: TTCGCTCATGCTTGGTTATCT R: ACGAACCATAAAGTCCACAGC	1AS, 1BS, 1DS	1NS	900
TNAC1017	F: ACAGCCAAGGGTATCACTTCC R: TCAAGAAAGCGCTTGTCAAAT	1AS, 1BS, 1DS	1NS	1 200
TNAC1029	F: CTGATAACACCCAGAAAGTCGTC R: AGTTCCAATCTGGTGATGTGC	1AL, 1BL, 1DL	1NL	1 800
TNAC1031	F: GAGATGGAAGCGACATCTCTG R: CACAGCCCGTTGTCTGTACTT	1AL, 1BL, 1DL	1NL	400

2.2 小麦-单芒山羊草杂交种质筛选与鉴定

以中国春为对照,用引物 TANC1017 和 TNAC1031 对 392 个中国春/小麦-单芒山羊草 1N 附加系的杂交 F₂ 植株进行鉴定。结果发现, N46 等 153 个单株能同时扩增出 1NS 和 1NL 标记,推测这些单株可能含完整 1N 染色体,或含 1N+1NS 染色体,或含 1N+1NL 染色体,或含 1NS+1NL 染色体等多种情况;3 个单株 N91、

N350 和 N319 只扩增出 1NS 标记,推测这些单株可能含 1NS 端体,或含 1NS·1NS 等臂染色体,或 1NS·W(W 为小麦染色体)易位染色体等;236 个单株扩增不出 1N 染色体标记,推测这些单株中可能不含 1N 染色质。其中,引物 TNAC1017 和 TNAC1031 对中国春/小麦-单芒山羊草 1N 附加系的部分杂交 F₂ 植株的分子鉴定结果如图 2 所示。



M:DL2000;1:单芒山羊草;2:小麦-单芒山羊草 1N 附加系;3:中国春;4~15:中国春/小麦-单芒山羊草 1N 附加系 F₂ 后代 N1~N12。

M: DL2000; 1: *Ae. uniaristata*; 2: CSDA1N; 3: Chinese Spring(CS); 4-15: CS/CS-*Aegilops uniaristata* 1N addition line F₂ plants N1-N12.

图 2 引物 TNAC1017(A)和 TNAC1031(B)对中国春/小麦-单芒山羊草 1N 附加系部分杂交 F₂ 植株的分子鉴定结果

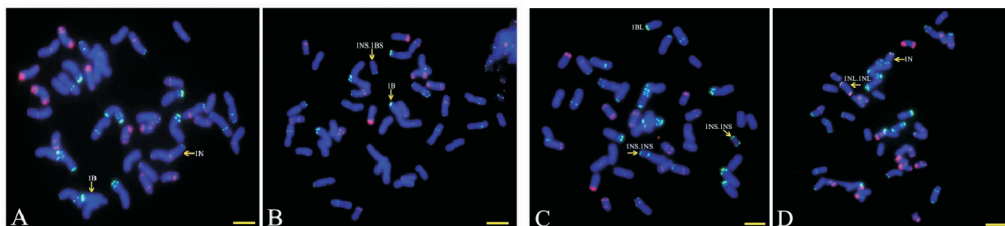
Fig. 2 Molecular identification results of primers TNAC1017 (A) and TNAC1031 (B) in partial F₂ plants of Chinese spring/wheat-t-*Ae. uniaristata* 1N addition lines

2.3 中国春-单芒山羊草 1NS·1NS、1NL·1NL 和 1BS·1NS 易位系的创制

利用 Oligo-pSc119. 2-1 和 Oligo-pTa535-1 对随机选取的能扩增出 1N 染色体特异标记的中国春/中国春-单芒山羊草 1N 附加系 156 个 F₂ 单株的根尖细胞进行双色 FISH 分析。结果发现,单株 N91 和 N350 含有 41 条小麦染色体和一条 1NS·1NS 易位染色体,缺一条 1B 染色体;单株 N46 根尖细胞含有 40 条小麦染色体、一条 1N 染色体和一条 1NL·1NL 易位染色体,缺一对小麦 1B 染色体(图 3D);单株 N319 含有 41 条小麦染色体和一条 1BS·1NS,缺一条 1B 染色体(图 3B);其他 F₂ 单株均含有完整的 1N 染色体。FISH 鉴定结果与分子标记鉴定的单株结果完全一致,说明 TNAC1006 和 TNAC1017 扩增出的多态性片段、TNAC1029 和 TNAC1031 扩增出的多态性片段分别是单芒山羊草 1NS 和 1NL 特异标记。

为获得涉及 1N 染色体臂的纯合易位系,以

中国春为对照,分别对随机从 N350、N319、N91 和 N46 自交后代分别选取 42、102、42 和 21 个单株(分别用 E1~E42、E43~E144、E145~E186 和 E187~E207 表示),用引物 TNAC1017 和 TNAC1031 进行扩增分析。结果发现,N350、N319、N91 和 N46 后代中分别有 12 个、25 个、10 个和 8 个单株可以扩增出 1N 染色体特异标记。利用 Oligo-pSc119. 2-1 和 Oligo-pTa535-1 对上述 55 个单株进行双色 FISH 鉴定,结果发现,25 个单株含 41 条小麦染色体和一条 1BS·1NS 染色体,缺一条 1B 染色体;8 个单株含一条 1N 染色体,缺一条 1B 染色体,是小麦-单芒山羊草 1N 单体代换系(图 3A);1 个单株(E42)含一对 1NS·1NS 易位染色体和一条 1BL 染色体(图 3C)。1N 染色体及相应目标易位染色体标准 FISH 结果如图 4 所示,其中,1NL·1NL 易位染色体中的 1 条 1NL 在亚端部失去了 Oligo-pTa535-1。



A:CS-单芒山羊草 1N(1B)单体代换系(N13);B:CS-单芒山羊草 1B+1NS·1BS 杂合易位系(N319);C:CS-单芒山羊草 1NS·1NS 易位系(E42);D:CS-单芒山羊草 1N+1NL·1NL 杂合易位系(N46)。探针分别是 Oligo-pSc119. 2-1(绿色)和 Oligo-pTa535-1(红色)。

A: CS-*Ae. uniaristata* 1N(1B) mono-substitution line(N13); B: CS-*Ae. uniaristata* 1B+1NS·1BS heterozygous translocation lines(N319); C: CS-*Ae. uniaristata* 1NS·1NS translocation lines(E42); D: CS-*Ae. uniaristata* 1N+1NL·1NL heterozygous translocation lines (N46). The probes are Oligo-pSc119. 2-1(green) and Oligo-pTa535-1(red), respectively.

图 3 中国春-单芒山羊草种质 FISH 鉴定结果

Fig. 3 FISH identification results of CS-*Ae. uniaristata* germplasms

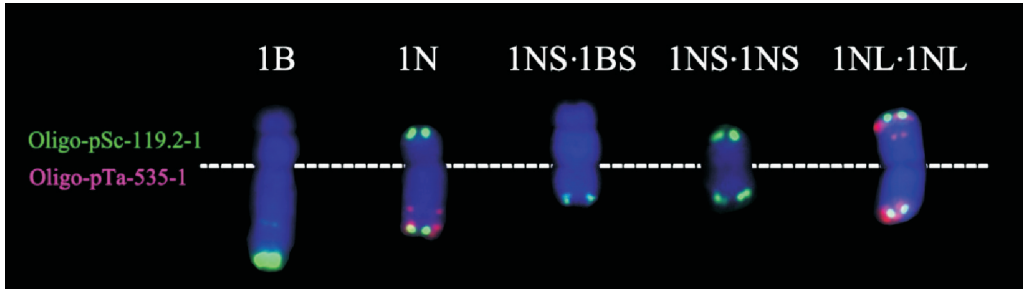


图 4 小麦 1B 染色体、单芒山羊草 1N 染色体及相应目标易位染色体标准 FISH 图

Fig. 4 Standard FISH patterns of wheat chromosome 1B, *Ae. uniaristata* chromosome 1N and targeted translocation chromosomes

2.4 中国春-单芒山羊草易位系 1BS·1NS 易位染色体的配子传递规律研究

为了分析中国春-单芒山羊草 1BS·1NS 易位染色体配子传递规律,以济麦 38 为父本,分别与含杂合 1BS·1NS 的 N319-8、N319-9 和 N319-68 进行杂交,收获 42 粒杂交种子,种植后共获得 38 个单株。利用 TNAC1017 对 38 个单株基因组 DNA 进行扩增,结果发现,20 个单株可以扩增出 1NS 特异标记。利用 Oligo-pSc119.2-1 和 Oligo-pTa535-1 对 38 个单株根尖细胞进行双色 FISH 分析,结果显示,扩增出 1NS 特异条带的 20 个单株均含有一条 1BS·1NS 染色体,其余 18 个单株均不含有 1BS·1NS 染色体,符合 1:1 配子传递($\chi^2=0.11$)。以济麦 38 做母本,分别与上述含杂合 1BS·1NS 单株进行杂交,共获得 38 粒种子,种植后共获得 38 个单株。利用 TNAC1017 对这 38 个单株基因组 DNA 进行扩增分析,结果发现,所有单株均扩增不出 1NS 特异标记。利用 Oligo-pSc119.2-1 和 Oligo-pTa535-1 对其根尖细胞进行双色 FISH 分析,结果显示,该 38 个单株均不含有 1BS·1NS 染色体。由此可见,1BS·1NS 染色体仅通过雌配子传递。

3 讨论

在单芒山羊草染色体特异标记建立方面,Friebe 等^[20]建立了单芒山羊草染色体标准 C 分带;Iqbal 等^[21]利用探针 pSc119.2、pAs1 和 pTa71 建立了单芒山羊草染色体 FISH 标准核型;宫文萍等^[22]利用探针 Oligo-pSc119.2-1、Oligo-pTa-535-1 和(GAA)_n建立了可以同时鉴定小麦和单芒山羊草全部染色体的 FISH 标准核型。上述细胞遗传学标记均可有效鉴定单芒山羊草染色体,但是操作步骤复杂。鉴于此,宫文萍等^[7]利

用 528 对 EST-SSR、PLUG 和 EST-STs 引物对小麦及小麦-单芒山羊草附加系进行分析,建立了单芒山羊草染色体特异分子标记 42 个,其中 1NL 分子标记 6 个,无 1NS 分子标记。本研究利用 PLUG 引物开发了单芒山羊草 1NS 和 1NL 分子标记各 2 个,为小麦背景中单芒山羊草染色质的追踪和鉴定提供了检测手段。

在小麦-单芒山羊草种质创制和鉴定方面,Iqbal 等^[21]创制并利用 FISH 技术鉴定了一套小麦-单芒山羊草染色体附加系。Friebe 等^[20]通过染色体 C 分带鉴定获得了小麦-单芒山羊草 1NS·5NS 和 1NL·5NL 易位系。Badaeva 等^[23]通过染色体 C 分带和 FISH 鉴定获得了小麦-单芒山羊草 5NS·3NL 和 5NS·1NS 易位系。Miller 等^[6]鉴定获得了耐铝小麦-单芒山羊草 3BL·3NL 易位系。本研究创制了小麦-单芒山羊草 1NS·1BS、1NS·1NS 和 1NL·1NL 易位系,丰富了小麦-单芒山羊草种质资源,为 1N 染色体上优异基因定位提供了物质基础。

在小麦-近源植物渐渗系配子传递方面,郭静微^[24]发现小麦-黑麦 1RS·1BL 易位染色体雌、雄配子传递率在 62.3%~68.4% 之间;李桂萍等^[25]发现小麦-簇毛麦 6VS·6AL 易位染色体雌、雄配子传递率均接近 50%。黄碧光等^[26]发现携带长穗偃麦草蓝粒基因染色体的雌配子传递率约为 100%,雄配子传递率约为 20%。郭军^[27]发现携带 *Lr19* 的小麦-长穗偃麦草易位染色体雌配子传递率约为 100%,雄配子传递率几近于 0。Whelan 等^[28]发现小麦-长穗偃麦草 6AgS·W 易位系(W 为小麦染色体)雌配子传递率为 40%~50%,雄配子传递率为 3%。因此,不同小麦-近源植物渐渗系因外缘物种的不同,其配子传递率各不相同。本研究利用测交试验研究了小麦-单

芒山羊草 1BS·1NS 易位染色体的传递规律,发现其雌配子传递率约为 50%,雄配子传递率为 0,该结果将有助于更好地理解小麦-单芒山羊草 1BS·1NS 易位系的有性生殖过程。今后可借助单倍体诱导技术^[29]获得 1BS·1NS 纯合易位系。本研究创制的小麦-单芒山羊草染色体易位系以及建立的 1N 染色体特异分子标记,为后续开展单芒山羊草优异基因研究和利用奠定了基础。

参考文献:

- [1] 宫文萍, 楚秀生, 韩冉, 等. 单芒山羊草染色体组优异基因发掘[J]. 山东农业科学, 2015, 47(7): 11.
GONG W P, CHU X S, HAN R, *et al.* Excellent gene exploration from *Aegilops uniaristata* genome [J]. *Shandong Agricultural Sciences*, 2015, 47(7): 11.
- [2] VALKOUN J, HAMMER K, KUCEROVÁ D, *et al.* Disease resistance in the genus *Aegilops* L. —Stem rust, leaf rust, stripe rust, and powdery mildew[J] *Genetic Resources & Crop Evolution*, 1985, 33: 133.
- [3] MIKHOVA S. Resistance of *Aegilops* species to *Puccinia striiformis* West f. sp. *tritici* in relation to ploidy and genome composition[J]. *Genet Selekt*, 1988, 21(1): 16.
- [4] 宿振起, 张改生, 牛娜. 山羊草属不同细胞质对小麦籽粒蛋白含量及组分的影响研究[J]. 西北植物学报, 2005, 25(6): 1132.
SU Z Q, ZHANG G S, NIU N. Effects of different types of *Aegilops* cytoplasm on protein contents and components in wheat kernels [J]. *Acta Botanica Boreali-occidentalia Sinica*, 2005, 25(6): 1132.
- [5] IQBAL N, READER S M, CALIGARI P D, *et al.* The production and characterization of recombination between chromosome 3N of *Aegilops uniaristata* and chromosome 3A of wheat [J]. *Heredity*, 2000, 84 (Pt 4): 487.
- [6] MILLER T E, IQBAL N, READER S M, *et al.* A cytogenetic approach to the improvement of aluminium tolerance in wheat [J]. *New Phytologist*, 1997, 137(1): 93.
- [7] GONG W, LI G, ZHOU J, *et al.* Cytogenetic and molecular markers for detecting *Aegilops uniaristata* chromosomes in a wheat background [J]. *Genome*, 2014, 57(9): 489.
- [8] 刘成. 小麦远缘杂交种质资源评价[M]. 北京: 中国农业科学技术出版社, 2019: 37.
LIU C. Evaluation of wheat distant hybrid germplasm resources[M]. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2019: 37.
- [9] 刘成, 韩冉, 汪晓璐, 等. 小麦远缘杂交现状、抗病基因转移及利用研究进展[J]. 中国农业科学, 2020, 53(7): 1287.
LIU C, HAN R, WANG X L, *et al.* Research progress of wheat wild hybridization, disease resistance genes transfer and utilization [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2020, 53(7): 1287.
- [10] CAO A, XING L, WANG X, *et al.* Serine/threonine kinase gene Stpk-V, a key member of powdery mildew resistance gene *Pm21*, confers powdery mildew resistance in wheat [J]. *PNAS*, 2011, 108(19): 7727.
- [11] 李桂萍, 陈佩度, 张守忠, 等. 小麦-簇毛麦 6VS/6AL 易位染色体对小麦农艺性状的影响[J]. 植物遗传资源学报, 2011, 12(5): 744.
LI G P, CHEN P D, ZHANG S Z, *et al.* Effects of the 6VS/6AL translocation chromosome on agronomic characteristics of wheat [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2011, 12(5): 744.
- [12] 宫文萍. 小麦背景中单芒山羊草染色体的分子细胞学鉴定[D]. 成都: 电子科技大学, 2015: 16.
GONG W P. Molecular cytological identification of chromatin in *Aegilops monodon* in wheat background [D]. Chengdu: University of Electronic Science and Technology of China, 2015: 16.
- [13] 任正隆. 黑麦种质导入小麦及其在小麦育种中的利用方式[J]. 西藏农业科技, 1991, 13(3): 53.
REN Z L. Introduction of rye germplasm into wheat and its utilization in wheat breeding [J]. *Tibet Journal of Agricultural Sciences*, 1991, 13(3): 53.
- [14] LIU C, QI L, LIU W, *et al.* Development of a set of compensating *Triticum aestivum*-*Dasyphyrum villosum* Robertsonian translocation lines [J]. *Genome*, 2011, 54(10): 836.
- [15] 宫文萍, 李凯, 程敦公, 等. PLUG 引物和 IT 引物在顶芒山羊草分子标记建立中的通用性分析[J]. 山东农业科学, 2019, 51(7): 10.
GONG W P, LI K, CHENG D G, *et al.* Universality analysis of PLUG and IT primers in establishing molecular markers of *Aegilops comosa* [J]. *Shandong Agricultural Sciences*, 2019, 51(7): 10.
- [16] ZHANG X, WEI X, XIAO J, *et al.* Whole genome development of intron targeting (IT) markers specific for *Dasyphyrum villosum* chromosomes based on next-generation sequencing technology [J]. *Molecular Breeding*, 2017, 37(9): 115.
- [17] XUE S L, ZHANG Z Z, LIN F, *et al.* A high-density intervarietal map of the wheat genome enriched with markers derived from expressed sequence tags [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2008, 117(2): 181.
- [18] 宫文萍, 韩冉, 宋健民, 等. 顶芒和无芒山羊草育种价值及细胞学标记[J]. 核农学报, 2017, 31(10): 1889.
GONG W P, HAN R, SONG J M, *et al.* Breeding value and cytogenetic markers of *Aegilops comosa* and *Aegilops mutica* [J]. *Journal of Nuclear Agricultural Sciences*, 2017, 31(10): 1889.
- [19] TANG Z, YANG Z, FU S. Oligonucleotides replacing the roles of repetitive sequences pAs1, pSc119. 2, pTa-535, pTa71, CCS1, and pAWRC. 1 for FISH analysis [J]. *Journal of Applied Genetics*, 2014, 55(3): 313.
- [20] FRIEBE B, BADAIEVA E D, KAMMER K, *et al.* Standard karyotypes of *Aegilops uniaristata*, *Ae. mutica*, *Ae. comosa*

- subspecies *comosa* and *heldreichii* (Poaceae) [J]. *Plant Systematics and Evolution*, 1996, 202(3):199.
- [21] IQBAL N, READER S M, CALIGARI P D S, *et al.* Characterization of *Aegilops uniaristata* chromosomes by comparative DNA marker analysis and repetitive DNA sequence *in situ* hybridization [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2000, 101(8):1173.
- [22] 宫文萍, 李建波, 李豪圣, 等. 寡聚核苷酸 FISH 在鉴定小麦-单芒山羊草种质中的应用[J]. *山东农业科学*, 2017, 49(8):12.
- GONG W P, LI J B, LI H S, *et al.* Application of oligo-nucleotide fluorescence *in situ* hybridization (FISH) in identifying wheat-*Aegilops uniaristata* germplasm [J]. *Shandong Agricultural Sciences*, 2017, 49(8):12.
- [23] BADAIEVA E D, DEDKOVA O S, ZOSHCHUK S A, *et al.* Comparative analysis of the N-genome in diploid and polyploid *Aegilops* species [J]. *Chromosome Research*, 2011, 19(4):541.
- [24] 郭静微. 小麦-黑麦 1BL·1RS 易位系叶片衰老相关 EST 序列染色体定位及该易位染色体在不同遗传背景中的传递频率研究[D]. 雅安:四川农业大学, 2015:5.
- GUO J W. Chromosome location of EST sequence related to leaf senescence in wheat-rye 1BL·1RS translocation line and the transmission frequency of the translocation chromosome in different genetic background [D]. Ya'an: Sichuan Agricultural University, 2015:5.
- [25] 李桂萍, 陈佩度, 张瑞奇, 等. 小麦-簇毛麦 6VS/6AL 易位染色体在不同小麦背景中的遗传稳定性及其在配子中的传递[J]. *麦类作物学报*, 2007, 27(2):183.
- LI G P, CHEN P D, ZHANG R Q, *et al.* Transmission of 6VS/6AL chromosome through gametes and its genetic stability in different genetic background [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2007, 27(2):183.
- [26] 黄碧光, 庄丽君. 小麦蓝粒基因通过雌雄配子传递差异的初步研究[J]. *福建农林大学学报(自然科学版)*, 2009, 38(5):456.
- HUANG B G, ZHUANG L J. Difference between male and female gametes in transmitting gene controlling the blue aleurone trait in wheat [J]. *Journal of Fujian Agriculture and Forestry University (Natural Science Edition)*, 2009, 38(5):456.
- [27] 郭军. 长穗偃麦草抗赤霉病基因 *Fhb7* 遗传图谱的加密及其标记辅助转移[D]. 泰安:山东农业大学, 2015:56.
- GUO J. Encryption and marker-assisted transfer of genetic map of scab resistance gene *Fhb7* in *Thinopyrum elongatum* [D]. Tai'an: Shandong Agricultural University, 2015:56.
- [28] WHELAN E D P, CONNER R L, THOMAS J B, *et al.* Transmission of a wheat alien chromosome translocation with resistance to the wheat curl mite in common wheat, *Triticum aestivum* L. [J]. *Canadian Journal of Genetics and Cytology*, 1986, 28(2):294.
- [29] 杨忠慧, 杨木军, 李绍祥, 等. 小麦 DH 高效生产技术体系在云南的研究与应用[J]. *麦类作物学报*, 2023, 43(10):1311.
- YANG Z H, YANG M J, LI S X, *et al.* Study and application of technological system for efficient production of wheat double haploid in Yunnan [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2023, 43(10):1311.