

# 一粒系小麦遗传多样性分析及抗病性鉴定

董宏图, 刘婉辉, 彭福祥, 李映辉, 赵传志, 唐华山, 张 晶, 耿妙苗, 解超杰, 孙其信

(中国农业大学农业生物技术国家重点实验室/农业部作物基因组学与遗传改良重点开放实验室/北京市作物遗传改良重点实验室/教育部作物杂种优势研究与利用重点实验室/中国农业大学农学与生物技术学院, 北京 100193)

**摘要:**一粒小麦是普通小麦种质改良的重要资源。为了从一粒小麦中发掘有用基因, 选取了 100 对位于普通小麦 (*Triticum aestivum*,  $2n=6x=42$ , AABBDD) A 染色体组上的 SSR 标记, 对 34 份一粒小麦材料进行了遗传多样性分析, 并对其进行了白粉病及叶锈病的抗病性鉴定。结果表明, 有 69 对标记在 34 份一粒小麦上检测出多态性, 这些多态性位点包括 670 个等位变异, 每个位点上有 3~19 个变异, 平均每个位点上的变异为 10 个, 位点多态性信息量 (*PIC*) 变幅为 0.167~0.936, 平均为 0.694。通过聚类分析, 将这些材料分为 3 个类群。通过对这些材料进行抗病性分析, 共鉴定出 15 份抗小麦白粉病材料, 21 份抗小麦叶锈病材料, 12 份兼具白粉病及叶锈病抗性材料。这些研究结果表明: 一粒小麦材料中蕴含了丰富的遗传变异, 抗病材料丰富, 可以作为普通小麦遗传改良的重要基因资源。

**关键词:** 一粒系小麦; 遗传多样性; SSR 分子标记; 聚类分析; 抗病鉴定

## Evaluation of the Genetic Diversity and Disease Resistance of Einkorn Wheats

DONG Hong-tu, LIU Wan-hui, PENG Fu-xiang, LI Ying-hui, ZHAO Chuan-zhi, TANG Hua-shan,

ZHANG Jing, GENG Miao-miao, XIE Chao-jie, SUN Qi-xin

(State Key Laboratory of Agro-Biotechnology/Key Laboratory of Crop Genomics and Genetic Improvement, Ministry of Agriculture/Beijing Key Laboratory of Crop Genetic Improvement/Key Laboratory of Crop Heterosis Research & Utilization, Ministry of Education/College of Agronomy and Biotechnology, China Agricultural University, Beijing 100193)

**Abstract:** Einkorn wheat is an important resource of common wheat cultivar improvement. In order to exploit the beneficial genetic resources in einkorn wheat, one hundred SSR (single sequence repeat) markers located on the A genome of bread wheat (*Triticum aestivum*,  $2n=6x=42$ , AABBDD) were used to characterize genetic diversity of 34 einkorn accessions. The results revealed that 69 pairs of primers yielded polymorphism among the 34 accessions, and 670 alleles were identified, with a range of 3-19 alleles per locus. In addition, there was an average of 10 alleles per locus. Loci polymorphism information content (*PIC*) ranged from 0.167 to 0.936 with an average of 0.694. By using cluster analysis method, the 34 einkorn accessions could be classified into 3 groups. In addition, the disease resistances of these 34 einkorn wheat accessions were evaluated at seedling stage in greenhouse. 15 accessions were resistant to powdery mildew, 21 accessions resistant to leaf rust, and 12 accessions resistant to both the two diseases. The results indicated that einkorn wheat contained abundant genetic variation and might be useful as an important genetic resource for common wheat improvement.

**Key words:** einkorn wheat; genetic diversity; SSR markers; cluster analysis; disease test

收稿日期: 2013-07-12 修回日期: 2013-08-29 网络出版日期: 2014-01-24

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/10.13430/j.cnki.jpgr.2014.02.022.html>

基金项目: 重大仪器专项 (2011YQ08005306); 自然科学基金 (31271708); "973" 项目 (2009CB118300)

第一作者主要从事小麦抗病育种研究。E-mail: zhongzi07104@126.com

通信作者: 解超杰, 主要从事小麦抗病遗传育种研究。E-mail: xiej127@126.com

遗传多样性研究是小麦资源发掘、保护和利用的重要环节,是有针对性地选择杂交亲本、在后代中获得优良变异、培育优良品种的关键。然而传统的育种模式常导致小麦品种间遗传多样性的降低,使得其改良的遗传基础变得愈来愈狭窄<sup>[1-2]</sup>。因此,要进一步提高育种潜力,必须丰富育种材料的遗传多样性。

一粒系小麦(einkorn wheat)作为小麦的近缘种,根据其形态特征可以分为乌拉尔图小麦(*Triticum urartu*)、野生一粒小麦(*T. boeoticum*)和栽培一粒小麦(*T. monococcum*)3个种,前两者为野生种,后者为栽培种<sup>[3-4]</sup>。作为多倍体小麦A染色体组的供体物种,一粒系小麦遗传多样性丰富,蕴藏着抗白粉病、抗秆锈病、抗叶锈病及抗非生物逆境胁迫的大量有利基因<sup>[5-7]</sup>,是小麦属重要的基础物种,进行普通小麦改良的重要基因资源。

SSR(simple sequence repeat)即简单重复序列,也称为微卫星DNA(microsatellite),是一种由2~6个核苷酸为单位,多次串联重复的长达几十甚至几

百个核苷酸的序列<sup>[8]</sup>。具有操作简单、重复性好,染色体位置已知等特点,常被应用于种质和遗传多样性分析,现已成为一粒系小麦遗传多样性研究<sup>[9-11]</sup>中最常用的一种方法。

为了更好地将一粒系小麦材料应用于农业生产,本研究采用SSR标记对34份一粒系小麦材料进行了遗传多样性分析,并对其进行了小麦白粉病和小麦叶锈病的苗期抗性鉴定,以期为这些一粒系小麦材料进行育种转化提供依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试材料

34份一粒系小麦材料包括6份野生一粒小麦(*T. boeoticum*),24份栽培一粒小麦(*T. monococcum*),4份乌拉尔图小麦(*T. urartu*)(表1)。在进行一粒系小麦遗传多样性分析时选用普通小麦材料中国春(CS,chinese spring)作为对照。本研究所用一粒系小麦材料引自日本东京大学植物种质资源研究所(Plant Germplasm Institute,Kyoto University,Japan)。

表1 供试材料

Table 1 List of materials used in this study

序号 No.	编号 Code	分类 Class	序号 No.	编号 Code	分类 Class	序号 No.	编号 Code	分类 Class	序号 No.	编号 Code	分类 Class
1	3AA1	A <sup>b</sup>	10	3AA11	A <sup>m</sup>	19	3AA25	A <sup>m</sup>	28	3AA34	A <sup>m</sup>
2	3AA2	A <sup>b</sup>	11	3AA12	A <sup>m</sup>	20	3AA26	A <sup>m</sup>	29	3AA35	A <sup>m</sup>
3	3AA3	A <sup>b</sup>	12	3AA14	A <sup>u</sup>	21	3AA27	A <sup>m</sup>	30	3AA36	A <sup>m</sup>
4	3AA4	A <sup>m</sup>	13	3AA15	A <sup>u</sup>	22	3AA28	A <sup>m</sup>	31	3AA37	A <sup>m</sup>
5	3AA5	A <sup>b</sup>	14	3AA16	A <sup>u</sup>	23	3AA29	A <sup>m</sup>	32	3AA38	A <sup>m</sup>
6	3AA6	A <sup>m</sup>	15	3AA19	A <sup>u</sup>	24	3AA30	A <sup>m</sup>	33	3AA39	A <sup>m</sup>
7	3AA7	A <sup>m</sup>	16	3AA22	A <sup>m</sup>	25	3AA31	A <sup>b</sup>	34	3AA40	A <sup>m</sup>
8	3AA9	A <sup>m</sup>	17	3AA23	A <sup>m</sup>	26	3AA32	A <sup>b</sup>	35	中国春(CS)	ABD
9	3AA10	A <sup>m</sup>	18	3AA24	A <sup>m</sup>	27	3AA33	A <sup>m</sup>			

A<sup>b</sup>:野生一粒小麦;A<sup>m</sup>:栽培一粒小麦;A<sup>u</sup>:乌拉尔图小麦

A<sup>b</sup>:*T. boeoticum*,A<sup>m</sup>:*T. monococcum*,A<sup>u</sup>:*T. urartu*

### 1.2 小麦苗期白粉病抗性鉴定

鉴定所用小麦白粉菌为E09号生理小种,由中国农业科学院植物保护研究所段霞瑜研究员提供。将待鉴定材料播种于塑料培养盘中,每份材料播种30粒,并于同一培养盘中同时播种感病对照材料。待其生长至1叶1心期时,将充分发病感病对照材料薛早繁菌盆置于待接种幼苗周围,通过自然传播和人工拂掸等方法进行接种。接种15d后,待同一

培养盘中感病对照材料充分发病时进行抗病鉴定和记载,3d后复查一次。按照6级标准<sup>[12]</sup>:免疫(0),过敏性坏死(0;),高抗(1),中抗(2),中感(3)和高感(4)进行抗性鉴定。

### 1.3 小麦苗期叶锈病抗性鉴定

鉴定所用小麦叶锈菌为致病性广泛的PHT生理小种,由中国农业科学院植物保护研究所陈万权

和刘太国研究员提供。将待鉴定材料播种于塑料培养盘中,每份材料播种 30 粒,并于同一培养盘中同时播种感病对照材料薛早。当待鉴定材料生长至 1 叶 1 心期时,通过喷粉法接种进行叶锈病接种<sup>[13]</sup>,接种 2 周后,待感病对照材料充分发病时进行抗病鉴定和记载。按照 6 级标准<sup>[14]</sup>鉴定抗病性:免疫(0),过敏性坏死(0;),高抗(1),中抗(2),中感(3)和高感(4)。

1.4 多态性分析

1.4.1 DNA 提取和扩增 参照 P. G. Sharp 等<sup>[15]</sup>的 CTAB 法提取小麦叶片基因组 DNA。随机选取位于 A 基因组上的 100 对 SSR 标记<sup>[16-17]</sup>,对供试材料进行 PCR 扩增。PCR 反应体系为 10 μL,含 1.5 mmol/L MgCl<sub>2</sub>, 1 μL 10 × PCR buffer, 50 mmol/L KCl, 45 ng 引物, 0.2 mmol/L dNTPs, 1 U *Taq* DNA 聚合酶和 50 ~ 100 ng 模板 DNA。反应程序为:94 °C 预变性 5 min; 94 °C 变性 35 s, 52 °C、55 °C 或 58 °C 退火 35 s, 72 °C 延伸 45 s, 35 个循环,最后 72 °C 延伸 10 min。

1.4.2 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳 PCR 扩增产物采用非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳的方法进行检测。10 μL 扩增产物与 2.5 μL 上样缓冲液(10 mmol/L EDTA pH 8.0, 98% 去离子甲酰胺, 0.05% 溴酚蓝和 0.05% 二甲苯氰)混合经 8% 非变性聚丙烯酰胺(丙烯酰胺:甲叉双丙烯酰胺 = 39:1)凝胶电泳,电泳缓冲液为 1 × TBE(90 mmol/L Tris-borate pH 8.5, 2 mmol/L EDTA), 110 V 电泳 5 h 左右。采用快速银染法进行检测。

1.4.3 数据分析 每对 SSR 标记检测一个位点,所得的每 1 条多态性带为 1 个等位变异,根据每个 SSR 标记检测出的等位变异的有无,分别将标记以

0、1 记载<sup>[18]</sup>。采用 J. A. Anderson 等<sup>[19]</sup>的方法计算等位位点多态性信息量(*PIC*, polymorphism information content)  $PIC = 1 - \sum_{i=1}^n (P_i)^2$  ( $P_i$  为第  $i$  种等位位点占总等位位点的比率)。采用 M. Nei 等<sup>[20]</sup>的方法计算相似系数(*GS*):  $GS = 2N_{ij} / (N_i + N_j)$ , 其中  $N_i$  和  $N_j$  分别为  $i$  和  $j$  两材料总等位基因数,  $N_{ij}$  为  $i$  和  $j$  两材料的共有等位基因数。遗传差异(*GD*) = 1 - *GS*, 利用 *GD* 值按非加权算术平均数法(UPGMA, unweighted pair group method with arithmetic mean)进行聚类分析。统计分析所用软件是由中国农业大学小麦育种组开发的 AGROSYS 软件包。

2 结果与分析

2.1 SSR 标记多态性

在所选取的 100 对 SSR 标记中,有 69 对在供试的一粒系小麦材料中扩增出重复性好(图 1)、多态性高的条带,占总引物的 69%,其他引物在一粒系小麦中无扩增产物。利用这 69 对标记,对供试一粒系小麦材料进行多态性研究,共检测到 670 个等位变异,每个位点上有 3 ~ 19 个变异,平均每个位点上的变异为 10 个。多态性最高的位点为 Xgwm265,有 19 个等位变异, Xbarc17、Xbarc65、Xbarc197、Xgwm595 等 4 个标记多态性最低,只有 3 个等位变异。标记 Xgwm334 和 Xbarc17 在野生一粒小麦和栽培一粒小麦中均无扩增产物,在乌拉尔图小麦中有扩增产物并存在多态性。多态性信息量(*PIC*)的变幅为 0.167 ~ 0.936,平均为 0.694(表 2)。

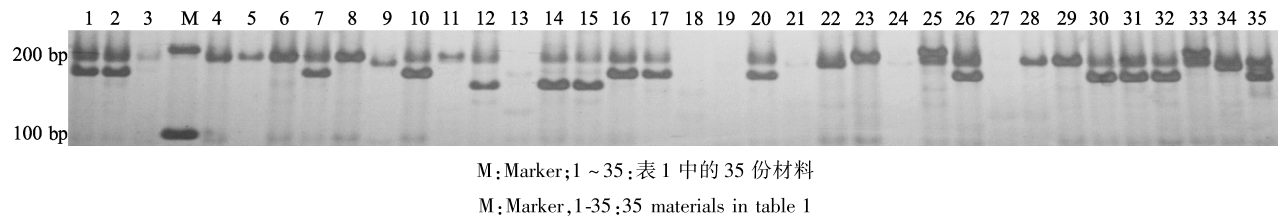


图 1 Xbarc48 在一粒系小麦材料的扩增结果

Fig. 1 Amplification of homoeologous microsatellite locus in einkorn wheats using the primer Xbarc48

2.3 遗传距离及聚类分析结果

为了分析一粒系小麦材料间的遗传差异,利用 69 对 SSR 标记等位变异计算了不同材料间遗传距离(*GD*)。34 份一粒系小麦材料的平均遗传距离为 0.782, 3AA4 与 3AA6 之间遗传距离最小为 0.211, 3AA1 与 3AA19 之间遗传距离最大为 0.984。34 份一粒系小麦材料与普通小麦材料中国春的遗传距离均大于 0.92,其中乌拉尔图小麦与中国春遗传距离最近。

为了确定 34 份一粒系小麦材料之间的遗传关系,利用 SSR 遗传距离矩阵按照 UPGMA 进行聚类分析,构建了各供试材料的亲缘关系图。聚类结果表明,在遗传距离为 0.445 的水平上,中国春和 34 份一粒系小麦材料被聚为 3 大类:中国春与其他一粒系小麦材料遗传距离较远,被单独聚为第 I 大类;34 份一粒系小麦材料可明显划分为 2 个类群,乌拉尔图小麦 3AA14、3AA15、3AA16 和 3AA19 聚为第

表 2 SSR 标记名称、所在染色体、检测到的等位基因数目及多态性信息量

Table 2 The names ,chromosome ,number of alleles ,and polymorphism index content( *PIC* )for SSR markers

标记 SSR marker	染色体位置 Chromosome	等位变异数 No. of alleles	多态性信息量 <i>PIC</i>	标记 SSR marker	染色体位置 Chromosome	等位变异数 No. of alleles	多态性信息量 <i>PIC</i>
Xbarc17	1A	3	0.167	Xgwm397	4A	6	0.782
Xbarc28	1A	10	0.809	Xgwm601	4A	4	0.676
Xbarc83	1A	5	0.763	Xbarc10	5A	10	0.529
Xbarc119	1A	10	0.755	Xbarc40	5A	13	0.806
Xbarc145	1A	5	0.558	Xbarc56	5A	5	0.574
Xbarc148	1A	9	0.832	Xbarc141	5A	5	0.478
Xbarc158	1A	8	0.844	Xbarc151	5A	10	0.853
Xbarc240	1A	5	0.439	Xbarc180	5A	8	0.832
Xgwm357	1A	17	0.874	Xbarc186	5A	9	0.676
Xgwm497	1A	5	0.538	Xbarc197	5A	3	0.652
Xgwm666	1A	6	0.315	Xgwm156	5A	13	0.843
Xbarc5	2A	7	0.444	Xgwm291	5A	8	0.725
Xgwm71.1	2A	15	0.887	Xgwm293	5A	6	0.685
Xgwm265	2A	19	0.936	Xgwm595	5A	3	0.503
Xgwm328	2A	15	0.754	Xgwm617	5A	10	0.858
Xgwm339	2A	6	0.740	Xgwm639	5A	12	0.889
Xgwm356	2A	13	0.870	Xbarc3	6A	5	0.268
Xgwm359	2A	9	0.746	Xbarc48	6A	7	0.792
Xgwm372	2A	8	0.728	Xbarc65	6A	3	0.420
Xgwm382	2A	13	0.887	Xbarc146	6A	12	0.872
Xgwm473	2A	13	0.773	Xbarc195	6A	10	0.876
Xgwm445	2A	7	0.756	Xgwm334	6A	4	0.216
Xgwm512	2A	17	0.886	Xgwm459	6A	10	0.804
Xgwm515	2A	7	0.512	Xgwm494	6A	12	0.855
Xgwm614	2A	8	0.676	Xgwm570	6A	12	0.832
Xbarc45	3A	4	0.431	Xwmc580	6A	11	0.855
Xbarc67	3A	6	0.734	Xbarc108	7A	9	0.791
Xgwm155	3A	6	0.751	Xbarc121	7A	7	0.671
Xgwm369	3A	5	0.311	Xbarc174	7A	10	0.814
Xgwm391	3A	10	0.817	Xgwm63	7A	11	0.671
Xgwm480	3A	8	0.803	Xgwm282	7A	5	0.391
Xgwm674	3A	10	0.770	Xgwm332	7A	10	0.843
Xbarc70	4A	13	0.856	Xgwm471	7A	8	0.585
Xbarc138	4A	14	0.874	Xgwm635	7A	9	0.817
Xbarc170	4A	6	0.315				

Ⅱ 大类;野生一粒小麦和栽培一粒小麦聚为第Ⅲ 大类,在这一个大类中分为 3 个亚类,3 份野生一粒小麦材料 3AA1、3AA3、3AA5 为第 1 亚类,3 份野生一粒小麦材料 3AA2、3AA31、3AA32 和 17 份栽培一粒小麦材料 3AA35、3AA36 等被聚在第 2 亚类,通过聚类分析未能完全区分开,栽培一粒小麦 3AA27、3AA30、3AA24、3AA25、3AA10、3AA12、3AA33 被聚在第 3 亚类(图 2)。

2.4 苗期白粉病和叶锈病抗性鉴定

对 34 份一粒系小麦材料进行小麦白粉病、叶锈病抗病性鉴定,在这些材料中有 15 份为抗白粉病材料,占供试材料的 41.2%;23 份材料为抗小麦叶锈病材料,占供试材料的 67.6%;13 份材料(3AA1、3AA5、3AA6、3AA9、3AA10、3AA11、3AA15、3AA27、3AA28、3AA29、3AA30、3AA34 和 3AA40)兼具白粉病和叶锈病抗性,占鉴定材料总数的 38.2%(表 3)。

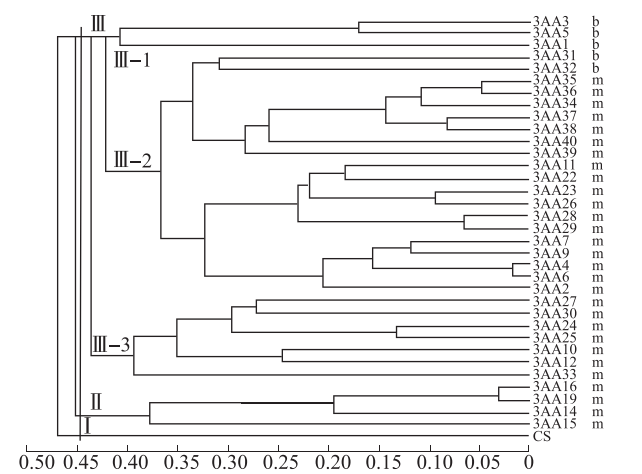


图2 34份一粒系小麦材料UPGMA聚类图

Fig.2 UPGMA dendrogram of 34 einkorn wheat accessions

6份野生一粒小麦材料中有1份材料兼具小麦白粉病和叶锈病抗性(3AA1),其余均为感病材料;4份乌拉尔图小麦材料中有1份材料具有白粉病抗性,2份材料具有叶锈病抗性;与其他2个一粒系小麦材料相比,栽培一粒小麦材料抗病性较好,有13份材料具有白粉病抗性,20份具有叶锈病抗性,分

表3 一粒系小麦材料苗期白粉病和叶锈病抗病性鉴定结果

Table 3 Identification result of einkorn wheat accessions to leaf rust and powdery mildew diseases							
编号	分类	叶锈病抗性	白粉病抗性	编号	分类	叶锈病抗性	白粉病抗性
Code	Class	Leaf rust resistance	Powdery mildew resistance	Code	Class	Leaf rust resistance	Powdery mildew resistance
3AA1	A <sup>b</sup>	R	R	3AA24	A <sup>m</sup>	R	S
3AA2	A <sup>b</sup>	S	S	3AA25	A <sup>m</sup>	R	S
3AA3	A <sup>b</sup>	S	S	3AA26	A <sup>m</sup>	S	R
3AA4	A <sup>m</sup>	S	S	3AA27	A <sup>m</sup>	R	R
3AA5	A <sup>b</sup>	R	R	3AA28	A <sup>m</sup>	R	R
3AA6	A <sup>m</sup>	R	R	3AA29	A <sup>m</sup>	R	R
3AA7	A <sup>m</sup>	R	S	3AA30	A <sup>b</sup>	R	R
3AA9	A <sup>m</sup>	R	R	3AA31	A <sup>b</sup>	S	S
3AA10	A <sup>m</sup>	R	R	3AA32	A <sup>m</sup>	S	S
3AA11	A <sup>m</sup>	R	R	3AA33	A <sup>m</sup>	S	S
3AA12	A <sup>m</sup>	—	R	3AA34	A <sup>m</sup>	R	R
3AA14	A <sup>u</sup>	S	S	3AA35	A <sup>m</sup>	R	S
3AA15	A <sup>u</sup>	R	R	3AA36	A <sup>m</sup>	S	S
3AA16	A <sup>u</sup>	R	S	3AA37	A <sup>m</sup>	R	S
3AA19	A <sup>u</sup>	S	S	3AA38	A <sup>m</sup>	R	S
3AA22	A <sup>m</sup>	R	S	3AA39	A <sup>m</sup>	R	S
3AA23	A <sup>m</sup>	R	S	3AA40	A <sup>m</sup>	R	R

—:未出苗  
—:No germination

本研究对34份一粒系小麦材料进行了SSR分子标记分析,在选取的定位在普通小麦A染色体组的标记中得到69个重复性好、多态性高的标记。其中Xgwm334和Xbare17两个标记在野生一粒小麦和栽培一粒小麦中都没有得到扩增结果,但在4个乌拉尔图小麦中存在重复性较好的扩增结果,并且

别占供试栽培一粒小麦材料的54%和83%。

### 3 结论与讨论

目前已经对一粒系小麦的遗传多样性进行了多方面的研究。如利用AFLP技术对野生一粒小麦遗传多样性的研究表明,乌拉尔图小麦与野生一粒小麦种间变异较大<sup>[21]</sup>。应用RFLP技术,发现一粒系小麦具有较高的遗传多样性,其中栽培一粒小麦的遗传多样性居于乌拉尔图小麦和野生一粒小麦之间,靠近野生一粒小麦<sup>[22]</sup>。H. C. Jing等<sup>[9]</sup>利用46对SSR标记对30份栽培一粒小麦进行遗传多样性分析,探讨了SSR标记与小麦生长、产量、谷物特征及盐旱胁迫下发芽等多种重要生物学特征之间的联系,这是在栽培一粒小麦(*T. monococcum*)中报道的第一个全基因组特征标记的关联分析。白建荣等<sup>[11]</sup>利用普通小麦A基因组含有微卫星位点的引物对3种一粒系小麦的部分同源微卫星位点进行了检测,发现59%的小麦A基因组微卫星位点的引物可在一粒系小麦的多个种质中检测到部分同源微卫星位点。

存在多态性。这在一定程度上可以证明一粒系小麦中乌拉尔图小麦跟普通小麦的进化关系更近一些,而聚类分析的结果就更好的证明了这点,这与目前普遍接受的观点一致,即乌拉尔图小麦是四倍体小麦和六倍体小麦A基因组的供体<sup>[23]</sup>。聚类分析图中可以看出乌拉尔图和中国春都可以单独的聚为一



类,遗传距离较近,说明二者存在较近的进化关系。野生及栽培一粒系小麦被聚为一类,在该大类的3个亚类中第1、第3亚类分别为野生一粒小麦和栽培一粒小麦,而第2亚类中同时含有野生一粒小麦与栽培一粒小麦材料,未能将二者完全分开,说明二者进化关系较近,这一结果与 A. Filatenko 等<sup>[24]</sup>为代表的根据一粒系小麦之间是否具有生殖隔离将其分为乌拉尔图小麦 (*T. uratu*) 和一粒小麦 (*T. monococcum*) 2 个种,一粒小麦又分为野生一粒小麦和栽培一粒小麦 2 个亚种的研究结果相一致。

当前我国小麦品种白粉病和叶锈病的抗源单一、抗病性容易丧失,从小麦近缘种属如一粒小麦和野生二粒小麦材料中发掘新的抗病基因,是丰富小麦抗病资源,实现抗病基因多样化的有效途径。通过对一粒系小麦材料进行白粉病和叶锈病的抗性鉴定,发现与普通小麦材料相比,一粒系小麦的抗病性较好。在34份一粒系小麦材料中有15份具有小麦白粉病抗性,23份材料具有小麦叶锈病抗性,13份材料兼具白粉病和叶锈病抗性。其中,栽培一粒小麦叶锈病抗性为83%,远远高于乌拉尔图小麦(50%)和野生一粒小麦(17%)的抗性比例。这与 H. S. Dhaliwal 等<sup>[25-26]</sup>研究证实的大多数(84%)栽培一粒小麦对叶锈病具有抗性,而大多数的乌拉尔图小麦和几乎所有的野生一粒小麦都是敏感型的研究结果基本一致。

现代育种模式导致小麦品种间遗传多样性降低,相似系数增大,因此丰富小麦育种材料是当前小麦育种的主要任务之一。小麦的一些近缘物种在长期自然选择中形成或保留了大量普通小麦所不具备的或在人工选择下已经失去的抗逆境胁迫基因。目前已有许多小麦近缘种所蕴含的抗逆基因被广泛应用于小麦的遗传改良当中,如抗小麦秆锈病基因 *Sr22*,抗小麦白粉病基因 *Pm25*,耐盐基因 *TmHKT1*; *5-A* 等<sup>[5,7,27-28]</sup>已经转移到普通小麦或硬粒小麦中,拓宽了小麦的遗传基础。本研究通过遗传多样性分析及抗病性鉴定进一步证明了一粒系小麦材料中具有丰富的遗传变异,未来这些一粒系小麦材料将在普通栽培小麦的遗传改良中发挥重要的作用。

## 参考文献

- [1] 郝晨阳,王兰芬,张学勇. 我国育成小麦品种的遗传多样性演变[J]. 中国科学,2005,35(5):408-415
- [2] Han C Y, Zhang X Y, Wang L F, et al. Genetic diversity and core collection evaluations in common wheat germplasm from the northwestern spring wheat region in China[J]. Mol Breeding, 2006,17:69-77
- [3] 马昭才,郑有良,魏育明. 一粒系小麦种质资源研究进展[J]. 麦类作物学报,2005,25(3):93-99
- [4] 董玉琛,郑殿升. 中国小麦遗传资源[M]. 北京:中国农业出版社,1998
- [5] Paull J G, Pallotta M A, Langridge P, et al. RFLP markers associated with *Sr22* and recombination between chromosome 7A of bread wheat and the diploid species *Triticum boeoticum*[J]. Theor Appl Genet, 1994,89:1039-1045
- [6] Shi A N, Leath S, Murphy J P, et al. A major gene for powdery mildew resistance transferred to common wheat from wild einkorn wheat[J]. Phytopathology, 1998,88:144-147
- [7] Munns R, Richard A J, Xu B, et al. Wheat grain yield on saline soils is improved by an ancestral  $\text{Na}^+$  transporter gene[J]. Nat Biotechnol, 2012,30:360-364
- [8] Röder M S, Korzun V, Wendehake K, et al. A microsatellite map of wheat[J]. Genetics, 1998,149:2007-2023
- [9] Jing H C, Komyukhin D, Kanyuka K, et al. Identification of variation in adaptively important traits and genome-wide analysis of trait-marker associations in *Triticum monococcum*[J]. J Exp Bot, 2007,58:3749-3764
- [10] 梅铭凤,姚国旗,江玉梅,等. 一粒小麦种质遗传多样性分析[J]. 麦类作物学报,2005,25(1):20-25
- [11] 白建荣,宋彦霞,朱银峰,等. 一粒系小麦的微卫星分析[J]. 华北农学报,2005,20(4):12-16
- [12] Liu Z Y, Sun Q X, Ni Z F, et al. Development of SCAR markers linked to the *Pm21* gene conferring resistance to powdery mildew in common wheat[J]. Plant Breeding, 1999,118:215-219
- [13] 陈万权,秦庆明. 国际上已知小麦抗叶锈病基因在中国的可利用性研究[J]. 中国农业科学,2002,35(7):794-801
- [14] Li Z F, Xia X C, Zhou X C, et al. Seeding and slow rusting resistance to stripe rust resistance in Chinese common wheats[J]. Plant Dis, 2006,90:1302-1312
- [15] Sharp P G, Kreis M, Shewry P R. Resistance to *Puccinia recondite tritici* in synthetic hexaploid wheats[J]. Indian J Genet, 1988,58:263-269
- [16] Xue S, Zhang F, Lin F, et al. A high-density intervarietal map of the wheat genome enriched with markers derived from expressed sequence tags[J]. Theor Appl Genet, 2008,117:181-189
- [17] Gadaleta A, Giancaspro A, Giove S L. Genetic and physical mapping of new EST-derived SSRs on the A and B genome chromosomes of wheat[J]. Theor Appl Genet, 2009,118:1015-1025
- [18] Lelley T, Stachel M, Grausgruber H, et al. Analysis of relationship between *Aegilops tauschii* and the D genome of wheat utilizing microsatellites[J]. Genome, 2000,43:661-668
- [19] Anderson J A, Churchill G A, Autrique J E, et al. Optimizing parental selection for genetic linkage maps[J]. Genome, 1992,36:181-186
- [20] Nei M, Li W H. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases[J]. Proc Natl Acad Sci USA, 1979,76:5269-5273
- [21] Sasanuma T, Chabane K. Genetic diversity of wheat wild relatives in the Near East detected by AFLP[J]. Euphytica, 2002,127:81-93
- [22] Corre V L, Bernard M. Assessment of the type and degree of restriction fragment length polymorphism (RFLP) in diploid species of the genus *Triticum*[J]. Theor Appl Genet, 1995,90:1063-1067
- [23] McFadden E S, Sears E R. The artificial synthesis of *Triticum spelta*[J]. Rec Soc Genet Am, 1944,13:26-27
- [24] Filatenko A, Hammer K. New descriptions of hulles wheats on the infraspecific level[J]. Genet Resour Crop Ev, 1997,44:285-288
- [25] Dhaliwal H S, Gill K S. Screening and utilization of wild wheat germplasm for rust resistance[J]. Wheat Inform Serv, 1982,54:39-43
- [26] Anker C C, Niks R E. Prehaustorial resistance to the wheat leaf rust fungus, *Puccinia tritricina* in *Triticum monococcum*[J]. Euphytica, 2001,117:209-215
- [27] James R A, Davenport R J, Munns R, et al. Physiological characterisation of two genes for  $\text{Na}^+$  exclusion in durum wheat: *Nax1* and *Nax2*[J]. Plant Physiol, 2006,142:1537-1547
- [28] 吴先华,罗培高. 小麦抗白粉病基因的定位及其在育种中的应用研究进展[J]. 中国农学通报,2006,22(5):346-351