

小麦—中间偃麦草衍生材料农艺性状、HMW-GS 及 GISH 鉴定

李小军, 李 淦, 胡铁柱, 胡喜贵, 孙 玉, 茹振钢, 宋 杰, 张立琳

(河南科技学院/河南省现代生物育种协同创新中心/河南省高校作物分子育种重点开放实验室, 新乡 453003)

摘要:本研究分析了 143 个小麦—中间偃麦草种质材料的农艺性状、高分子量麦谷蛋白亚基及部分代表性材料的染色体构成, 旨在为小麦育种中广泛有效地利用这些种质提供有用信息。结果表明, 小麦—中间偃麦草种质主要农艺性状变异丰富, 其在穗长、小穗数和分蘖数性状上明显优于主栽品种, 分别有 142 (99.3%)、125 (87.4%) 和 62 (43.4%) 个小麦—中间偃麦草材料的穗长、分蘖数和小穗数大于主栽品种的平均值。供试材料在 *Glu-1* 的 3 个基因位点上共检测到 12 个等位变异, 形成 15 种亚基组合类型, 以 (2*, 7+8, 5+10) 为主, 占有所有材料的 25.7%; *Glu-A1* (1 和 2*), *Glu-B1* (7+8) 和 *Glu-D1* (5+10) 位点的优质亚基比例分别达到了 68.4%、68.4% 和 52.0%, 有 102 (71.3%) 个材料在 *Glu-1* 的 2 或 3 个位点同时具有优质亚基; 有 17 个材料的优质亚基组合为 (2*, 7+8, 5+10) 或 (1, 7+8, 5+10), 且在穗长、小穗数和分蘖数性状上均优于主栽品种。进一步对 30 个代表性材料 GISH 分析发现, 8 个为八倍体小麦, 其他为非整倍体。研究结果表明这些材料可以作为改良普通小麦的有益基因资源。

关键词: 小麦; 中间偃麦草; 农艺性状; HMW-GS; GISH

Agronomic Traits and HMW-GS of 143 Wheat-*Thinopyrum intermedium* Derivatives and Their GISH Identification

LI Xiao-jun, LI Gan, HU Tie-zhu, HU Xi-gui, SUN Yu, RU Zhen-gang, SONG Jie, ZHANG Li-lin

(Henan Institute of Science and Technology/Collaborative Innovation Center of Modern Biological Breeding,

Henan Province/ Key Discipline Open Laboratory on Crop Molecular Breeding of Henan Institute, Xinxian 453003)

Abstract: One hundred and forty-three wheat-*Thinopyrum intermedium* derivatives were evaluated based on agronomic traits and high-molecular-weight glutenin subunit (HMW-GS). Genomic in situ hybridization (GISH) method was also used to establish the cytogenetic constitution of thirty representative wheat-*Th. intermedium* derivatives. Analysis of main agronomic traits indicated that there was an abundant genetic variation in these germplasms, and most of them were superior to main wheat cultivars in spike length, spikelets and spikes per plant. 142 (99.3%), 125 (87.4%) and 62 (43.4%) of the wheat-*Th. intermedium* derivatives were higher than the average of main wheat cultivars in the three traits, respectively. At *Glu-1* locus, a total of 12 different glutenin alleles were observed. They resulted in 15 different HMW subunit combinations, and the combination (2*, 7+8, 5+10) was the major type with the frequency of 25.7%. Desirable HMW subunits, 1 and 2* in *Glu-A1*, 7+8 in *Glu-B1* and 5+10 in *Glu-D1*, were found in this study with the frequency of 68.4%, 68.4% and 52.0%, respectively. One hundred and two wheat-*Th. intermedium* derivatives had desirable HMW subunits at two or three locus of *Glu-1*, which occupied 71.3% of all accessions. Seventeen wheat-*Th. intermedium* derivatives possessed the combinations of HMW-GS (2*, 7+8, 5+10) or (1, 7+8, 5+10), and all of them were superior to main wheat cultivars in spike length, spikelets and spikes

收稿日期: 2015-01-16 修回日期: 2015-02-28 网络出版日期: 2015-12-09

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20151209.0906.012.html>

基金项目: 河南省重大科技专项 (121100111400); 河南省科技攻关项目 (132102110031, 122102110220)

第一作者研究方向为小麦遗传育种。E-mail: lixiaojun227@163.com

通信作者: 茹振钢, 研究方向为小麦遗传育种。E-mail: rzgh58@163.com

per plant. Furthermore, GISH analysis in thirty representative wheat-*Th. intermedium* derivatives showed that eight accessions were octoploid trititrigias, and the remaining belonged to aneuploidy. These results above indicated that these wheat-*Th. intermedium* derivatives were important genome resources for wheat improvement.

Key words: wheat; *Thinopyrum intermedium*; agronomic traits; HMW-GS; GISH

半个多世纪以来,我国小麦育种在提高产量和改良品质方面取得了显著成绩。但是,由于持续的人为选择及优良品种的大面积推广,当前小麦育种出现的突出问题是小麦主产区所用亲本单一、新品种的遗传相似性增加,导致今后育成突破性品种的难度加大^[1-2]。近年来,虽然我国小麦育成品种数量也在不断增加,但所用亲本遗传基础狭窄已经成为限制小麦育种工作开展的瓶颈。所以,发掘优异基因资源、创制突破性的优异种质已成为当前小麦育种亟待解决的问题。

小麦的野生近缘种具有许多普通小麦所需的优异基因,通过远缘杂交和染色体工程技术可以把这些基因转移到小麦中。中间偃麦草(*Thinopyrum intermedium*)易与小麦杂交,是偃麦草属中最先同小麦杂交成功并广泛利用的物种之一,是普通小麦遗传改良的重要基因源^[3]。经过数十年的研究,目前在中间偃麦草中已发现的重要性状基因有抗白粉病^[4-5]、抗锈病^[6-7]、抗黄矮病^[8]、抗纹枯病^[9]、抗叶锈病^[10]、农艺性状^[11-12]和抗旱、抗寒及耐盐^[13]基因等。国内外学者对中间偃麦草有关的重要基因资源进行了深入研究和利用。Y. Cauderon^[14]从小麦与中间偃麦草杂交后代中选育出高抗黄矮病的部分双二倍体 TAF-46。我国的孙善澄首先利用中间偃麦草与小麦杂交选育出远中 1~远中 5 八倍体小偃麦,作为抗病育种的亲本材料被国内外育种工作者广泛应用,先后育成龙麦 8 号、龙麦 9 号、龙麦 10 号、陕麦 150、小冰麦 33 和早优 504 等大面积推广的小麦品种^[15];F. Han 等^[16]研究发现这些部分双二倍体中不同基因组间存在遗传重组。

前人的研究表明^[17-19],小麦及其近缘种内存在丰富的遗传变异,利用不同来源的近缘种和不同遗传背景的小麦品种杂交不仅能创造出新的基因型,还可以发现一些已知基因的优异等位基因,所以,利用中间偃麦草等近缘种与小麦杂交创造新的种质资源、挖掘其有益基因仍是当前育种工作研究的重点。本研究分析了 143 个小麦—中间偃麦草种质材料的农艺性状、高分子量麦谷蛋白亚基(HMW-GS, high molecular weight glutenin subunits)及部分代表性材料的染色体构成,旨在为小麦育种中广泛有效地利

用这些种质提供有用信息。

1 材料与方法

1.1 材料

143 个小麦—中间偃麦草种质材料由山西省农业科学院作物科学研究所孙玉研究员提供;黄淮麦区主栽小麦品种百农 AK58 和温麦 6 号作为农艺性状比较的对照品种;普通小麦中国春和 Marquis 作为高分子量谷蛋白电泳的对照品种。

1.2 农艺性状调查

2011-2012 年小麦生长季,将 143 个小麦—中间偃麦草材料及主栽品种百农 AK58 和温麦 6 号种植在河南科技学院试验田(河南省新乡市)。每个材料种植 2 行,行长 2 m,每行 40 粒,行距 25 cm。材料成熟后进行性状调查,从每小区中间随机抽取 5 个单株测量主茎高、穗长、小穗数、穗粒数、单株穗数及千粒重。

1.3 高分子量麦谷蛋白亚基分析

参考张玲丽等^[20]方法分离麦谷蛋白亚基并进行 SDS-PAGE 电泳分析,并按 P. I. Payne 等^[21]的系统命名。对照品种中国春和 Marquis 的高分子量谷蛋白亚基组成分别为(null, 7 + 8, 2 + 12)和(1, 7 + 9, 5 + 10)。

1.4 GISH 鉴定

对 30 个代表性小麦—中间偃麦草种质材料进行基因组原位杂交(GISH, genomic in situ hybridization)鉴定。总基因组 DNA 的提取采用 CTAB 法。中间偃麦草 DNA 标记依照 DIG-Nick-Translation Mix 或 Biotin-Nick-Translation Mix(Roch 公司)使用说明书采用缺刻平移法进行。GISH 程序参照 F. Han 等^[16]的方法,探针与封阻 DNA 用量比例为 1:50。探针杂交信号用荧光素 Fluorescein 或 Rhodamine 检测,分别经 PI 或 DAPI 复染后杂交信号呈黄绿色或红色,小麦染色体呈红棕色或蓝色。采用 OLYMPUS-BX51 显微镜照相记录。

2 结果与分析

2.1 小麦—中间偃麦草种质主要农艺性状

143 个小麦—中间偃麦草种质主要农艺性状变

异丰富,从变异系数来看,有效分蘖的变异最大,变异系数达到 0.37,其他 5 个性状的变异系数相当。与主栽品种的主要农艺性状比较分析表明,所有小麦—中间偃麦草种质的株高均超过了 70 cm,只有 2 个材料(中 526 和中 462)的株高在 70~80 cm。在穗长、小穗数和分蘖数性状上,小麦—中间偃麦草种质材料明显优于主栽品种,其中 142(99.3%)个材料的穗长大于主栽品种的平均值,125(87.4%)和 62(43.4%)个材料的有效分蘖数和小穗数均超过主栽品种。在穗粒数和千粒重性状上,小麦—中间偃麦草种质的优势相对较弱,只有 1 个材料(中 530)的千粒重超过了主栽品种,所有材料的穗粒数均少于主栽品种。

表 1 小麦—中间偃麦草种质与主栽小麦品种的主要农艺性状比较

Table 1 Comparison of agronomical traits between wheat-*Th. intermedium* lines and wheat cultivars

性状 Trait	小麦—中间偃麦草种质 Wheat- <i>Th. intermedium</i> lines				主栽 品种 Wheat cultivars
	平均值 Mean	范围 Range	标准差 SD	变异系数 (%) CV	平均值 Mean
株高(cm) PH	104.41	73.20~133.40	11.38	0.11	70.54
穗长(cm) SL	15.50	8.60~22.80	2.52	0.16	9.66
小穗数 SN	21.11	15.80~28.00	2.45	0.12	21.26
穗粒数 KNS	34.86	19.20~48.20	5.14	0.15	50.76
千粒重(g) TKW	31.57	15.48~45.36	4.56	0.14	43.87
有效分蘖 TN	12.09	4.00~31.00	4.49	0.37	6.98

PH: Plant height, SL: Spike length, SN: Spikelet number, KNS: Kernel number per spike, TKW: 1000-kernel weight, TN: Tiller number, SD: Standard deviation, CV: Coefficient of variation

2.2 小麦—中间偃麦草种质高分子量谷蛋白组成

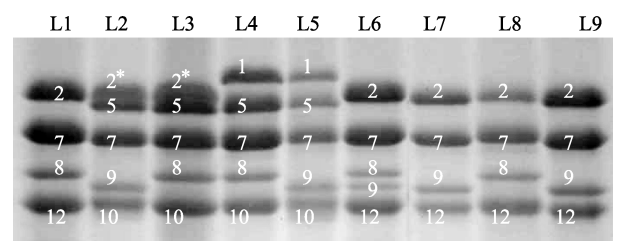
2.2.1 *Glu-1* 位点 HMW-GS 等位变异 143 个材料在 *Glu-1* 的 3 个基因位点上共检测到 12 种等位变异(表 2),平均每个位点等位变异数为 4。*Glu-A1* 位点有 1、2* 和 null 共 3 种等位变异,频率分别为 27.6%、40.8% 和 31.6%;*Glu-B1* 位点有 4 种等位变异,7+8 和 7+9 为主要类型,频率分别为 68.4% 和 29.6%,另有 2 个材料含有 8 亚基,1 个材料含有 7+8+9 亚基(图 1);*Glu-D1* 位点有 5 种等位变异,5+10 和 2+12 为主要类型,频率分别为 52.0% 和 41.4%,1 个材料含有 2+10 亚基,在 9 个材料中发

现 1 个未知亚基,其分子量小于中国春的 12 亚基(图 2),暂时标记为 x。

表 2 HMW-GS 在不同位点的变异类型及频率

Table 2 Alleles and frequencies of HMW-GS at *Glu-1* loci

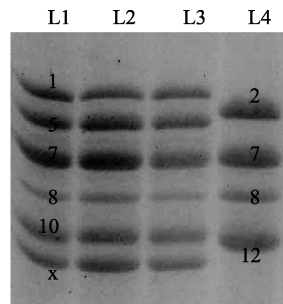
基因位点 Locus	等位基因 Allele	亚基 Subunit	材料数 No. of materials	频率(%) Frequency
<i>Glu-A1</i>	a	1	42	27.6
	b	2*	62	40.8
	c	null	48	31.6
<i>Glu-B1</i>		8	2	1.3
	b	7+8	104	68.4
	c	7+9	45	29.6
		7+8+9	1	0.7
<i>Glu-D1</i>	a	2+12	63	41.4
	d	5+10	79	52.0
	e	2+10	1	0.7
		5+10+x	7	4.6
		2+12+x	2	1.3



L1: 中 510; L2: 中 265; L3: 中 205; L4: 中 517; L5: 对照 Marquis;
L6: 中 521; L7: 中 536; L8: 对照中国春; L9: 中 534
L1: Zhong 510, L2: Zhong 265, L3: Zhong 205, L4: Zhong 517,
L5: CK Marquis, L6: Zhong 521, L7: Zhong 536,
L8: CK Chinese spring, L9: Zhong 534

图 1 部分小麦—中间偃麦草种质 HMW-GS 电泳图谱

Fig. 1 HMW-GS pattern of some wheat-*Th. intermedium* derivatives



L1~L3: 中 327; L4: 中国春
L1-L3: Zhong 327, L4: CK Chinese spring

图 2 *Glu-D1* 位点检测到的新亚基电泳图谱

Fig. 2 Pattern of novel HMW-GS found at *Glu-D1* locus

2.2.2 HMW-GS 组合及频率 12 种 HMW-GS 形成 15 种亚基组合类型(表 3)。(2*,7+8,5+10)亚基组合频率最高,占 25.7%,其次为(null,7+8,2+12),频率为 16.4%;(2*,7+9,5+10)和(null,7+9,2+12)比例相当,分别为 13.8%和 12.5%;(1,7+8,2+12)和(1,7+8,5+10)组合频率也基本一致,分别为 9.9%和 9.2%;余下 9 种亚基组合的频率均低于 4.0%。在 *Glu-D1* 位点上,未知亚基 x(分子量小于中国春的 12 亚基,图 2)分别形成(1,7+8,5+10+x)、(2*,7+8,5+10+x)和(1,7+9,2+12+x)组合类型。研究也发现,9 个材料在电泳分析的 3 个不同子粒间出现了变异,每个材料都出现了 2 种不同的亚基组合类型。

表 3 HMW-GS 组合及频率

Table 3 Composition and frequency of HMW-GS

亚基组合 Subunit composition	材料数 No. of materials	频率(%) Frequency
1 7+8 2+12	15	9.9
1 7+8 5+10	14	9.2
1 7+8 5+10+x	5	3.3
1 8 2+12	2	1.3
1 7+9 2+12	2	1.3
1 7+9 5+10	2	1.3
1 7+8 2+10	1	0.7
1 7+9 2+12+x	1	0.7
2* 7+8 5+10	39	25.7
2* 7+9 5+10	21	13.8
2* 7+8 5+10+x	2	1.3
null 7+8 2+12	25	16.4
null 7+9 2+12	19	12.5
null 7+8 5+10	3	2.0
null 7+8+9 2+12	1	0.7

2.2.3 优质亚基及组合分布 本研究检测到的 *Glu-A1* 位点的 1 和 2*、*Glu-B1* 位点的 7+8 和 *Glu-D1* 位点的 5+10 属于优质亚基。在分析的 143 个材料中,*Glu-A1* 和 *Glu-B1* 位点的优质亚基比例均为 68.4%,*Glu-D1* 位点的优质亚基比例为 52.0%。53 个材料在 *Glu-1* 的 3 个位点同时具有优质亚基,49 个材料在 *Glu-1* 的 2 个位点同时具有优质亚基,分别占材料总数的 37.1%和 34.3%,30 个材料只在 1 个 *Glu-1* 位点中具有优质亚基,占材料总数的 21.0%。

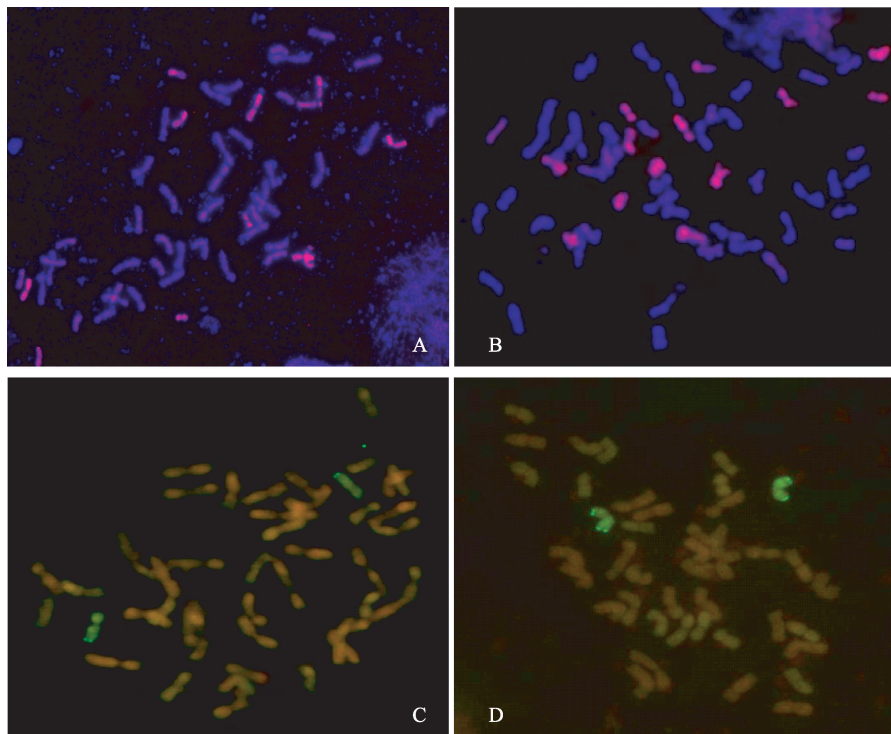
2.3 小麦—中间偃麦草种质的 GISH 鉴定

以中间偃麦草基因组 DNA 为探针,中国春基因组 DNA 为封阻的 GISH 鉴定结果表明,30 个小麦—中间偃麦草材料中有 19 个染色体数为 42 条,分别包含 40 条小麦染色体和 1 对中间偃麦草染色体,属于小麦—中间偃麦草二体代换系;8 个材料为八倍体小偃麦,分别包含 42 条小麦染色体和 14 条中间偃麦草染色体;2 个材料染色体总数均为 54 条,分别包含 42 条小麦染色体和 12 条中间偃麦草染色体;1 个材料有 44 条染色体,每个根尖细胞均有 2 条染色体呈现明显杂交信号,属于小麦—中间偃麦草二体附加系。图 3 是供试材料中 379、中 390、中 530 和中 534 的 GISH 图谱,它们的染色体数分别是 54、56、44 和 42 条,各包含 12、14、2 和 2 条中间偃麦草染色体。

3 讨论

小麦产量构成三要素中有效穗数对产量的贡献最大。田纪春等^[22]分析了 8 个不同类型的超级小麦新品种在不同土壤肥力条件下的产量构成因素,发现所有品种产量三因素对产量都有正向效应,其中穗数对产量的贡献最大,大穗型品种和多穗型品种都必须在一定的穗数基础上产量才能取得大的突破。崔党群等^[23]分析了黄淮冬麦区超高产小麦品种的产量结构模式,发现多穗型品种在保证足够穗数的前提下,进一步提高穗粒数和千粒重是高产的重要途径。何中虎等^[2]认为我国有关小麦产量潜力的生理基础和分子遗传机理研究十分薄弱,建议利用黄淮冬麦区的优异小麦品种与多小穗的近缘种质或其后代杂交回交,选育穗子略长、小穗略多、穗粒数和粒重协调发展的高产类型是提高产量的重要措施。本研究发现小麦—中间偃麦草种质材料在穗长、小穗数和分蘖数性状上明显优于主栽品种。同样,罗巧玲等^[24]分析了 390 个小麦—黑麦种质的主要农艺性状,也发现穗长和分蘖数是远缘杂交材料的优势。所以,这些材料可以作为改良小麦的有益资源加以利用。

Glu-1 位点的遗传组成对小麦加工品质有重要影响^[25],其中 1、2*、5+10、17+18 和 14+15 等亚基组合通常与较好的面包烘烤品质相关。本研究在小麦—中间偃麦草种质材料中只发现了 1、2*、7+8 和 5+10 优质亚基,其中 1 亚基比例(27.6%)与我国育成品种(30.6%)相当,2*亚基的比例(40.8%)远高于育成品种^[25],5+10 亚基比例(52.0%)低于



A~D 分别是小麦—中间偃麦草种质中 379、中 390、中 530 和中 534 以中间偃麦草基因组 DNA 为探针,中国春基因组 DNA 为封阻的 GISH 鉴定结果,其中 A 和 B 中间偃麦草染色体为红色,小麦染色体为蓝色,C 和 D 中间偃麦草染色体为绿色,小麦染色体为红色
A-D are GISH results of wheat-*Thinopyrum* progenies Zhong 379,Zhong 390,Zhong 530 and Zhong 534 with genomic DNA of *Th. intermedium* as a probe and Chinese Spring DNA as a blocker, respectively. The chromosomes of *Th. intermedium* were red and the remaining chromosomes of wheat were blue in A and B,the chromosomes of *Th. intermedium* were green and the remaining chromosomes of wheat were red in C and D

图 3 部分小麦—中间偃麦草种质的 GISH 鉴定

Fig. 3 Identification of GISH in some wheat-*Th. intermedium* derivatives

美国小麦品种(74.6%)^[26],但远高于我国育成品种(18.6%)^[25]。另外,尽管供试材料的优质 HMW-GS 类型偏少,但在 *Glu-1* 的 3 个位点同时具有优质亚基的比例相对较高,而且部分材料在农艺性状上表现优异。因此,充分发掘和利用这些小麦—中间偃麦草种质材料的优良性状对小麦育种工作有重要意义。

普通小麦与野生近缘种杂交可以引进新的遗传特性,丰富小麦的遗传基础。八倍体小偃麦是普通小麦与偃麦草人工合成的属间杂种,兼有双亲诸多优良特性,与小麦杂交成功率更高,所以常作为偃麦草优良基因向小麦转移的桥梁亲本^[27]。与八倍体小偃麦相比,异代换系、异附加系和易位系携带的外源遗传物质较少,在育种上更好利用,其中易位系被认为是向小麦中转移外源有益基因的最有效方式^[24]。本研究对 30 个小麦—中间偃麦草代表性材料进行 GISH 鉴定,发现 19 个为小麦—中间偃麦草二体代换系,1 个为小麦—中间偃麦草二体附加系。通过利用电离辐射、组织培养和杀配子染色体等方

法处理这些材料很容易获得遗传稳定的小片段易位系,所以,它们在小麦育种中具有更高的利用价值。结合本研究的农艺性状和高分子量谷蛋白亚基组成分析来看,利用这些小麦—中间偃麦草种质材料与普通小麦杂交,在衍生后代有望获得兼顾农艺和品质性状的优异种质,应用于小麦重要性状的遗传改良。

参考文献

- [1] Tian Q Z, Zhou R H, Jia J Z. Genetic diversity trend of common wheat (*Triticum aestivum* L.) in China revealed with AFLP markers[J]. Genet Resour Crop Ev, 2005, 52: 325-331
- [2] 何中虎, 夏先春, 陈新民, 等. 中国小麦育种进展与展望[J]. 作物学报, 2011, 37(2): 202-215
- [3] 郑殿升, 杨庆文. 中国作物野生近缘植物资源[J]. 植物遗传资源学报, 2014, 15(1): 1-11
- [4] 司玉君, 刘树兵, 王洪刚, 等. 抗白粉病小麦—中间偃麦草种质的选育和 SSR 鉴定[J]. 植物遗传资源学报, 2006, 7(4): 404-408
- [5] 李欣, 张晓军, 张丛卓, 等. 兼抗白粉、条锈病小偃麦渗入系 CH7124 抗性遗传及细胞学鉴定[J]. 植物遗传资源学报, 2012, 13(4): 577-582
- [6] 王长有, 吉万全, 王秋英, 等. 小麦—中间偃麦草抗条锈衍生系的分子细胞遗传学研究[J]. 西北植物学报, 2002, 22(3):

- 530-534
- [7] Larkin P J, Banks P M, Lagudah E S, et al. Disomic *Thinopyrum intermedium* addition lines in wheat with Barley yellow dwarf virus resistance and with rust resistances [J]. *Genome*, 1995, 38: 385-394
- [8] Crasta O R, Francki M G, Bucholtz D B, et al. Identification and characterization of wheat-wheatgrass translocation lines and localization of barley yellow dwarf virus resistance [J]. *Genome*, 2000, 43: 698-706
- [9] 李洪杰, 王晓鸣, 陈怀谷, 等. 小麦-偃麦草杂种后代及小麦种质资源对纹枯病的抗性 [J]. *作物学报*, 2013, 39 (6): 999-1012
- [10] 刘成, 闫红飞, 宫文萍, 等. 小麦叶锈病新抗源筛选 [J]. *植物遗传资源学报*, 2013, 14 (5): 936-944
- [11] 王黎明, 林小虎, 张平杰, 等. 小麦—中间偃麦草二体异代换系山农 0095 的选育及其鉴定 [J]. *中国农业科学*, 2005, 38 (10): 1958-1964
- [12] 鲍印广, 崔法, 李兴锋, 等. 矮秆早熟小偃麦种质山农 0057-2 的选育与鉴定 [J]. *农业生物技术学报*, 2009, 17 (4): 684-689
- [13] Fedak G. Alien species as sources of physiological traits for wheat improvement [J]. *Euphytica*, 1985, 34: 673-680
- [14] Cauderon Y. Use of Agropyron species for wheat important [M]. Wageningen: Centre for Agricultural Publishing and Documentation, 1979
- [15] 祁适雨, 肖志敏, 辛文利, 等. “远中”号小偃麦在小麦育种中的应用 [J]. *麦类作物学报*, 2000, 20 (1): 10-15
- [16] Han F, Liu B, Fedak G, et al. Genomic constitution and variation in five partial amphiploids of wheat-*Thinopyrum intermedium* as revealed by GISH, multicolor GISH and seed storage protein analysis [J]. *Theor Appl Genet*, 2004, 109: 1070-1076
- [17] Lei M, Li G, Zhang S, et al. Molecular cytogenetic characterization of a new wheat *Secale africanum* 2R* (2D) substitution line for resistance to stripe rust [J]. *J Genet*, 2011, 90: 283-287
- [18] Kim W, Johnson J W, Baenziger P S, et al. Agronomic effect of wheat-rye translocation carrying rye chromatin (1R) from different sources [J]. *Crop Sci*, 2004, 44: 1254-1258
- [19] Hu L J, Li G R, Zeng Z X, et al. Molecular characterization of a wheat-*Thinopyrum ponticum* partial amphiploid and its derived substitution line for resistance to stripe rust [J]. *J Appl Genet*, 2011, 52: 279-285
- [20] 张玲丽, 李秀全, 杨欣明, 等. 小麦优良种质资源高分子量麦谷蛋白亚基组成分析 [J]. *中国农业科学*, 2006, 39 (12): 2406-2414
- [21] Payne P I, Lawrence G J. Catalogue of alleles for the complex gene loci, *Glu-A1*, *Glu-B1* and *Glu-D1* which code for high-molecular-weight subunits of gluten in hexaploid wheat [J]. *Cereal Res Commun*, 1983, 11: 29-35
- [22] 田纪春, 邓志英, 胡瑞波, 等. 不同类型超级小麦产量构成因素及籽粒产量的通径分析 [J]. *作物学报*, 2006, 32 (11): 1699-1705
- [23] 崔党群, 张娟, 闻捷, 等. 黄淮冬麦区超高产小麦品种的产量结构模式研究 [J]. *华北农学报*, 2001, 16 (4): 1-5
- [24] 罗巧玲, 郑琪, 许云峰, 等. 390 份小麦-黑麦种质材料主要农艺性状分析及优异材料的 GISH 与 FISH 鉴定 [J]. *作物学报*, 2014, 40 (8): 1331-1339
- [25] 张学勇, 庞斌双, 游光霞, 等. 中国小麦品种资源 *Glu-1* 位点组成概况及遗传多样性分析 [J]. *中国农业科学*, 2002, 1 (11): 1074-1082
- [26] 李艳丽, 鲁敏, 麻姗姗, 等. 67 份美国小麦种质资源的 HMW-GS 组成与品质分析 [J]. *植物遗传资源学报*, 2014, 15 (1): 18-23
- [27] Chen Q, Conner R L, Ahmad F, et al. Molecular characterization of the genome composition of partial amphiploids derived from *Triticum aestivum* × *Thinopyrum ponticum* and *T. aestivum* × *Th. intermedium* as sources of resistance to wheat streak mosaic virus and its vector, *Aceria tosichella* [J]. *Theor Appl Genet*, 1998, 97: 1-8