

春小麦新种质的分子细胞遗传学鉴定

张 婧¹, 孙婧欣¹, 宋维富², 杨雪峰², 宋庆杰², 李集临¹, 张延明¹

(1. 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, 黑龙江 哈尔滨 150025; 2. 黑龙江省农业科学院 作物育种研究所, 黑龙江 哈尔滨 150086)

摘要:远缘杂交能把亲缘关系较远的种、属中有用基因引入栽培种, 改良现有品种。利用形态学和分子细胞遗传学研究方法, 对远缘杂交创制的 5 份普通小麦新种质进行分析鉴定。结果表明: 5 份材料为春小麦, 株系 4-11 和 4-30-32 突出表现为大穗、多分蘖, 2015-2016 年分蘖数为别为 18~20 和 16~17 个, 熟期正常。二者的千粒重平均为 38 和 36 g, 籽粒蛋白质含量超过 18%。株系 6-30-31 表现为矮秆(55 cm), 密穗有芒, 平均穗长 7 cm, 千粒重平均 32.6 g。株系 5-6 和 5-19, 穗型似小偃麦, 无芒, 千粒重平均为 33.7 和 36.4 g, 籽粒蛋白质含量超过 19%。5 份材料根尖体细胞染色体数为 42, 减数分裂行为正常。分子标记和原位杂交检测表明, 株系 4-11 和 5-19 带有中间偃麦草遗传成分, 为小麦-中间偃麦草易位系, 株系 5-6 为六倍体小偃麦, 矮秆株系 6-30-31 带有 E 染色体组遗传成分。

关键词:小麦; 种质资源; 远缘杂交; 基因组原位杂交

中图分类号: S512.1 **文献标识码:** A **文章编号:** 1002-2767(2017)03-0001-07 DOI: 10.11942/j.issn1002-2767.2017.03.0001

小麦属于禾本科的小麦属, 它是世界上最早栽培的农作物之一。经过长期的发展, 已经成为世界上分布最广、面积最大、总产最高、贸易额最多、营养价值最高的粮食作物之一。全球共有 35%~40% 的人口以小麦为主要粮食, 它提供了人类营养所需的 20% 的热能和蛋白质^[1]。在小麦属中的其它物种、近属以及更远的种属中蕴藏着许多普通小麦不具备的而为育种发展所需要的性状基因, 通过远缘杂交、染色体操纵和基因工程技术, 可以将这些基因结合于普通小麦中, 从而丰富小麦的遗传基础, 为小麦育种提供各种种质资源^[2]。小麦的近缘多年生种属包括很多种, 如鹅观草属(*Roegneria*)、假鹅观草属(*Pseudoroegneria*)、偃麦草属(*Elytrigia*)、赖草属(*Leymus*)、冰草属(*Agropyrum*)、披碱草属(*Elymus*)、新麦草属(*Psathyrostachys*)、黑麦属(*Secale*)、大麦属(*Hordeum*)等^[3]。

远缘杂交是指不同种、属杂交, 所产生的后代称为远缘杂种^[4]。我国自 20 世纪 50 年代就开始了小麦与中间偃麦草远缘杂交、小麦与长穗偃麦

草杂交和八倍体小黑麦育种工作, 到目前为止已培育出一大批优良品种。如 1956 年黑龙江省农业科学院开始用小麦与中间偃麦草杂交育种工作, 先后培育出龙麦 1 号、龙麦 2 号、新曙光 6 号等新的春小麦品种^[5]。孙善澄等^[6]在黑龙江省农业科学院利用六倍体中间偃麦草与小麦杂交, 选育出的 5 个八倍体小偃麦(中 1、中 2、中 3、中 4、中 5)直至今日仍在小麦育种工作中起重要作用。1956 年, 中国科学院西北植物所李振声等^[7]用小麦与长穗偃麦草杂交选育的新品种小偃 6 号具有抗多种病害、耐旱、耐干风热、长穗和多花等优良性状, 小偃 6 号同时也成为我国小麦育种的重点亲本。鲍文奎先生利用远缘杂交培育出具有黑麦一些优良性状的八倍体小黑麦新品种^[7]。2006 年, 哈尔滨师范大学李集临等^[8]利用八倍体小偃麦与偃麦草属进行杂交, 创造出一批新型中间材料, 并对小偃麦与中间偃麦草杂交不亲和性和不育性进行了探讨^[9]。

在分子生物学技术迅速发展的今天, 毫无疑问远缘杂交仍有它的重要现实意义。小麦远缘杂交虽较困难和复杂, 但经过育种工作者近几十年来的探索, 逐步阐明了远缘杂交不易成功和杂种结实率低的原因^[9], 同时提出了许多克服这些困难的有效方法。在现有的对于普通小麦改良的系统中, 仅仅一个系统是成功的, 那就是通过远缘杂交能最有效地把外源有益遗传物质转移到普通小麦中, 同时在创造育种材料中获得了巨大的

收稿日期: 2017-02-03

基金项目:国家重点研发计划资助项目(2016YFD0100102-16); 黑龙江省大学生创新创业训练计划重点资助项目(2016 10231024)

第一作者简介:张婧(1992-), 女, 黑龙江省牡丹江市人, 在读硕士, 从事细胞遗传学研究。E-mail: 350490922@qq.com。

通讯作者:张延明(1977-), 男, 博士, 副教授, 从事分子细胞遗传学研究。E-mail: blueright@163.com。

成功^[10-11]。

本研究利用形态学和分子细胞遗传学研究方法,对八倍体小偃麦草 8 号与中间偃麦草(E-1E1E2E2StSt,2n=6x=42)杂交后代中,普通小麦类型材料进行分析鉴定,旨在为选育多分蘖、大穗多粒、抗病等优良农艺性状的普通小麦新种质和春小麦的种质改良提供材料基础和科学依据。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 亲本材料 亲本材料八倍体小偃麦草 8 号(AABBDDEE,2n=8x=56)是普通小麦(*T. aestivum*)与中间偃麦草(*Th. intermedia*)复合杂交而成,引自山西省农业科学院。中间偃麦草(E1E1E2E2StSt,2n=6x=42)引自中国农业科学院原品种资源研究所。

1.1.2 田间杂交及杂种后代选育 2006-2013 年,以八倍体小偃麦草 8 号为母本,中间偃麦草为父本,在哈尔滨师范大学生命科学与技术学院实验田进行田间杂交及杂种后代选育。2014-2016 年对杂种 F₆ 中分离的普通小麦类型材料进行选育鉴定,本研究鉴定材料为 5 个株系 4-11、4-30-32、6-30-32、5-6 和 5-19。

每年 4 月初播种,种植方式采用单粒播种,播种 2 垄,行长 2 m,行距 0.2 m,株距 0.1 m,每个株系种 3 个重复。田间管理同当地大田生产,6 月下旬田间进行自然抗病性调查,普通小麦中国春(*Triticum aestivum* cv. Chinese Spring)和龙麦 26 为对照。

1.2 方法

1.2.1 形态学观察 每个株系田间选取长势相同的 10 个植株。对植株高度、麦穗长度、小穗数、穗粒数、分蘖数、小花数、千粒重、芒有无、抗病性

等性状分别进行检测,主要依据《小麦种质资源描述规范和数据标准》^[12]。

1.2.2 根尖染色体检测 5%双氧水浸泡种子,20%次氯酸钠消毒。清水冲洗,在 23.5℃ 恒温培养箱中培养 24 h,转入 4℃ 冰箱中处理 48 h。转入 23.5℃,培养 27.5 h。于中午剪下 1.5~2.0 cm 长的根尖,将根尖放入冰水混合的离心管中处理 24 h,再放入 4℃ 卡诺固定液中 12 h,用醋酸洋红染色,对每个株系的 80 个细胞进行根尖染色体检测,并镜检计数,照相。

1.2.3 DNA 的提取 每个株系中取 1 g 新鲜叶片(10 个植株的混合叶片),液氮速冻后,瞬间研磨。采用 CTAB 法提取小麦 DNA^[13]。

1.2.4 花粉母细胞检测 在形态学观察确定的植株上取材。6:00-8:00 选取适宜的幼穗,用卡诺固定液固定,30 min 后更换固定液,用 60℃ 的 1 mol·L⁻¹ HCl 水解 8 min,避光下将花药置于希夫试剂中染色,30 min 后制片,对每个株系的 80 个细胞进行花粉母细胞检测,显微成像系统(LEICA DFC280)照相。

1.2.5 中间偃麦草 E 组特异引物检测 E 组通用引物 P3、P4 引自 Li^[14],序列如表 1,由上海生工生物公司合成。PCR 反应在 Eppendorf 5333 PCR 仪上进行,P3、P4 反应体系 25 μL: ddH₂O 15.7 μL、10×Buffer 2.5 μL、dNTP 2.5 μL、引物 R 1 μL、引物 F 1 μL、dream Taq DNA 聚合酶 0.3 μL、模板 DNA 2 μL(10~30 ng)。预变性 94℃ 5 min,变性 94℃ 30 s,复性 37℃ 45 s,延伸 72℃ 1 min,72℃ 10 min,40 个循环,4℃ 或 -20℃ 保存。PCR 产物用 0.8% Agarose 胶检测,凝胶成像系统(BIO-RAD,美国)照像。

表 1 特异扩增 PCR 引物
Table 1 PCR primers for specific amplification

引物 Primers	正链(5'-3') Forward primer(5'-3')	反链(5'-3') Reverse primer(5'-3')	退火温度/℃ T _m	片段长度/bp Size	位置 Chr. arms
P3、P4	GCTGAATCTGCGTATCGTCCC	GACTTGTTCTTCGCGTGTTG	52	982	E

1.2.6 基因组原位杂交 采用地高辛标记(DIG-Nick Translation, Germany, Mannheim)中间偃麦草总基因组 DNA 作为探针,中国春基因组 DNA 为封阻,杂交液 25 μL·片⁻¹(探针 DNA 2 μL,封阻 DNA 4 μL, ddH₂O 6 μL, 甲酰胺 10 μL, 20×SSC 2 μL, 鲑鱼精子 DNA 0.5 μL,

10% SDS 0.5 μL),37℃ 温浴杂交过夜。杂交信号用抗地高辛若丹明(Anti-Digoxigenin-Rhodamine Fab fragments, Germany, Mannheim)检测,经 DAPI 复染后,加入抗退色剂 10 μL,显微镜(LEICA, DM6000B, DFC480)观察,采集图像。所有步骤均避光操作。

1.2.7 蛋白质含量检测 采用 DA7200 多功能近红外分析仪对籽粒进行检测。人工挑选饱满、大小均一的籽粒 100 粒,放入托盘;固定托盘后,选取检测程序;在程序中对检测样品编号;运行检测程序,并记录数据;Simplicity 软件进行数据分析。

2 结果与分析

2.1 形态学鉴定

形态学鉴定结果表明,5 个株系为春性小麦,4 月初播种后,生长期同对照品种龙麦 26 一致。

株系 4-11 和 4-30-32 突出表现为多分蘖(见图 1A,图 2A)。2014 年,株系 4-11 分蘖为 56 个,株系 4-30-32 分蘖为 32 个;2015 年分蘖数有所下降,株系 4-11 分蘖为 20 个,株系 4-30-32 分蘖为 17.6 个(见表 2);2016 年株系 4-11 分蘖为 18 个,株系 4-30-32 分蘖为 16 个(见表 3)。株系 4-11 平均穗长 16 cm,长芒(见图 1B),籽粒为卵圆形(见图 6A),较饱满,千粒重平均 38 g,抗病。株系 4-30-32 平均穗长 13 cm,有芒(见图 2B),籽粒为卵圆形(见图 6B),较饱满,千粒重平均 36 g,抗病。

株系 6-30-31 植株矮小,平均株高 55 cm(见图 3A,表 2),晚熟,密穗(见图 3B),平均穗长 7 cm,有芒(见图 3B),籽粒为卵圆形(见图 6C),较饱满,千粒重平均 32.6 g,抗病。

株系 5-6 和 5-19 穗形似小偃麦(见图 4A,5A)。株系 5-6 平均穗长 11.5 cm,无芒(见图 4B),籽粒为卵圆形(见图 6D),较饱满,千粒重平均 33.7 g,抗病,脱粒难;株系 5-19 平均穗长12.5 cm,

无芒(见图 5B),籽粒为卵圆形(见图 6E),较饱满,千粒重平均 36.4 g,抗病,直播大地与普通小麦一样出苗生长,但苗匍匐生长较同时期普通小麦矮。



图1 株系 4-11 植株及穗型
Fig.1 Plant and spike of line 4-11



图2 株系 4-30-32 植株及穗型
Fig.2 Plant and spike of line 4-30-32

表 2 2015 年株系形态学表现

Table 2 Morphological performance of plants in 2015

类型 Type	株系 Lines	株高/cm Plant height	分蘖数 No. of tillers	穗长/cm Ear length	小穗数 Spikelet number	主穗粒数 Seeds of main spike	芒性 Awn	千粒重/g 1000-grain weight	抗病性 Disease resistance	抗倒伏性 Lodging resistance	熟期 Maturity
亲本 Parents	麦草 8 号	96.6±1.02	3.5±1.00	12.6±1.73	18.2±1.01	36.4±1.24	-	33.6±1.47	+	+	L
	中间偃麦草	107.2±1.25	17.3±1.54	15.4±1.07	25.5±0.97	35.5±3.01	-	28.6±1.19	+	+	L
普通小麦 类型 Normal type	4-11	113.5±1.25	20±0.25	16.7±1.36	20.6±1.13	36.8±1.07	+	39.2±1.56	+	+	N
	4-30-32	100.5±1.27	17.6±1.03	14.4±1.29	20.8±1.64	48.7±1.64	+	37.5±0.27	+	+	N
	6-30-31	54.7±1.65	4.5±1.06	7.46±1.22	23±1.02	50.3±1.35	+	32.6±1.06	+	+	L
	5-6	78.5±0.46	6.8±1.27	11.5±0.97	21±0.82	52.6±1.20	-	33.7±1.14	+	+	L
	5-19	112.3±1.23	5.6±0.67	12.5±1.02	21±0.74	48.5±1.14	-	36.4±1.23	+	+	N

抗病:指抗赤霉病;+ :抗;- :感赤霉病;表中数值为“平均数±标准差”;N:正常;L:晚熟;E:早熟。下同。
Disease-resistant: Resistance to Fusarium head blight; + : resistance; - : Fusarium head blight; The data in the table mean average± standard deviation;
N: normal; L: later; E:early. The same below.

表 3 2016 年株系形态学表现
Table 3 Morphological performance of plants in 2016

类型 Type	株系 Lines	株高/cm Plant height	分蘖数 No. of tillers	穗长/cm Ear length	小穗数 Spikelet number	主穗粒数 Seeds of main spike	芒性 Awn	千粒重/g Thousand-grain weight	抗病性 Disease resistance	抗倒伏性 Lodging resistance	熟期 Maturity
亲本 Parents	麦草 8 号	94.5±1.35	3.7±1.00	13.0±1.63	18.7±2.01	35.4±1.04	-	31.6±1.77	+	+	L
	中间偃麦草	114.2±1.37	26.3±1.69	17.1±1.33	27.3±1.29	42.5±3.11	-	5.2±2.29	+	+	L
普通小麦 类型 Normal type	4-11	101.5±1.05	18±1.25	16.1±1.56	18.5±1.23	35.2±1.07	+	38.65±1.16	+	+	N
	4-30-32	92.4±1.27	16±1.23	13.2±1.29	21.4±1.64	54.5±1.34	+	36.05±1.23	+	+	N
	6-30-31	56.2±1.22	4.95±0.87	8.23±1.71	20.6±0.63	48.3±0.62	+	33.1±0.23	+	+	L
	5-6	79.3±0.36	7.21±1.33	12.3±0.53	22.2±0.37	51.32±0.51	-	33.78±0.25	+	+	L
	5-19	113.9±0.94	5.6±0.64	11.7±2.01	23.2±1.42	50.3±1.41	-	35.26±1.01	+	+	N

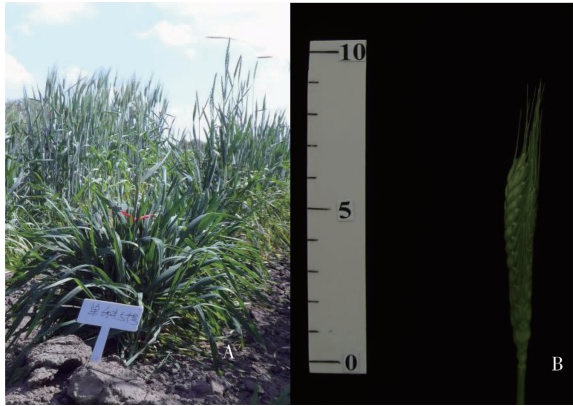


图 3 株系 6-30-31 植株及穗型
Fig. 3 Plant and spike of line 6-30-31



图 4 株系 5-6 植株及穗型
Fig. 4 Plant and spike of line 5-6

2.2 根尖体细胞染色体检测

检测结果表明,株系 4-11、4-30-32、6-30-31、5-6、5-19 根尖体细胞染色体数均为 42(见图 7),遗传稳定。

2.3 花粉母细胞检测

株系 4-11 和 4-30-32 减数分裂花粉母细胞检测结果表明,2 份材料为 21 个二价体(见图 8A、

B),减数分裂行为正常。
2.4 E 染色体组特异分子标记检测

利用 E 染色体组特异分子标记,对株系 4-11、4-30-32、6-30-31、5-6、5-19 及对照组进行分析鉴定。结果表明,株系 4-11、6-30-31、5-6、5-19 和对照中间偃麦草扩增出 982 bp 标准条带,中国春和 4-30-32 没有扩增出条带,株系 4-11、6-30-31、5-6、5-19 品系均带有 E 染色体组遗传成分(见图 9、图 10)。

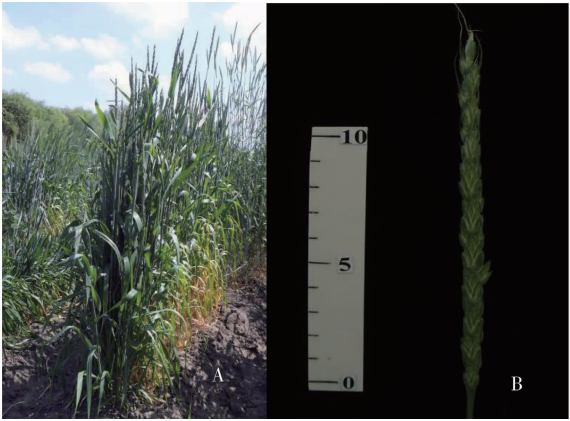


图 5 株系 5-19 植株及穗型
Fig. 5 Plant and spike of line 5-19

2.5 基因组原位杂交(GISH)检测

以中间偃麦草总基因组 DNA 为探针,中国春总基因组 DNA 为封阻,GISH 检测结果表明,株系 4-11 有 1 条染色体端部带有信号(见图 11A),为 E 组染色体端部易位;株系 5-19 有 4 条染色体端部带有信号,为染色体端部易位(见图 11B);株系 5-6 有 14 条染色体带有信号(见图 11C)。结合形态学、分子标记的鉴定结果,株系 4-11、5-19 为小麦-中间偃麦草小片段异位系;株系 5-6 为六倍体小偃麦。

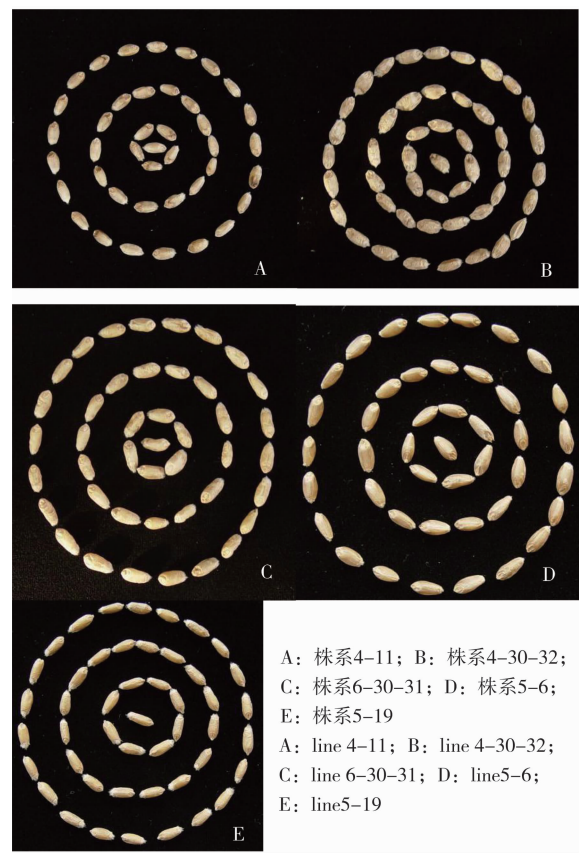


图 6 籽粒形态比较
Fig. 6 Morphological performance of kernel

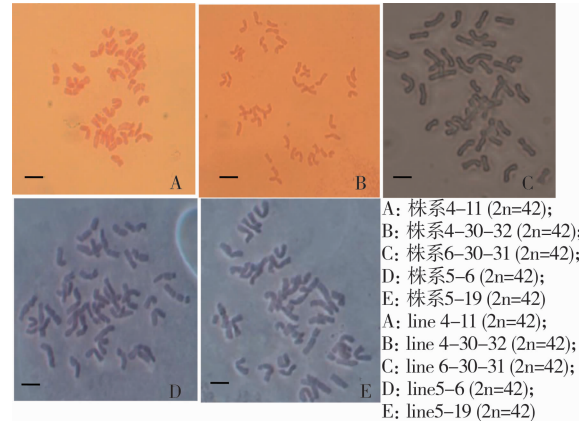


图 7 根尖体细胞染色体检测(标尺=10 μm)
Fig. 7 Chromosomes in root tip cells (Bar=10 μm)

2.6 蛋白质含量检测

蛋白质含量检测结果表明,除株系 6-30-31 蛋白质含量为 16.59%以外,其它材料均高于亲本麦草 8 号。株系 5-6 和 5-19 蛋白质含量超过 19%,株系 5-19 蛋白质含量最高为 19.38%;株系 4-11 和 4-30-32 蛋白质含量超过 18%,分别为 18.05%和 18.28%(见表 4)。

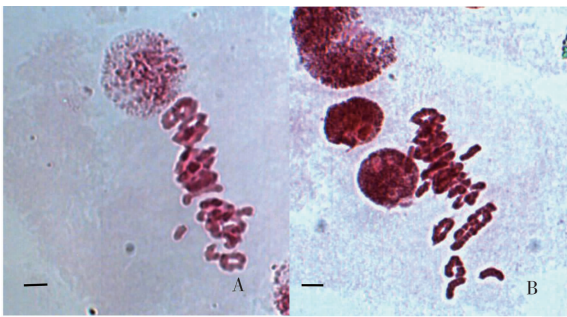


图 8 减数分裂中期 I 检测(标尺=10 μm)
Fig. 8 The test of meiosis at metaphase I(Bar=10 μm)

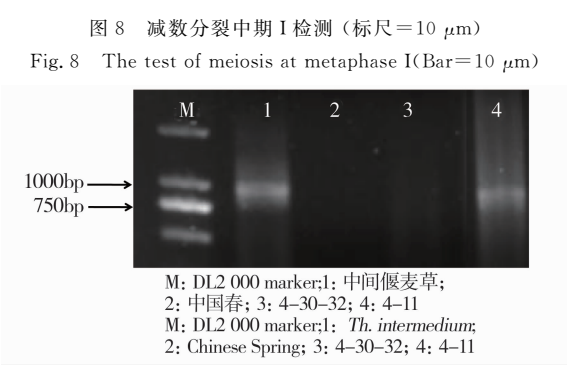


图 9 E 组特异引物 P3、P4 扩增结果
Fig. 9 The amplification results of specific primer P3 and P4 from E group

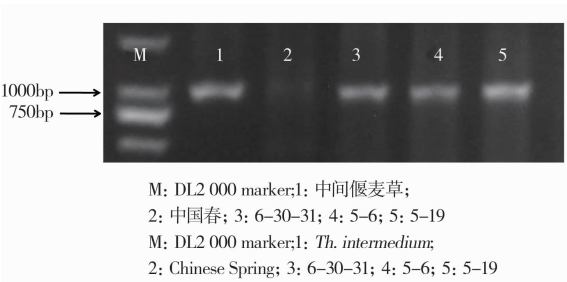
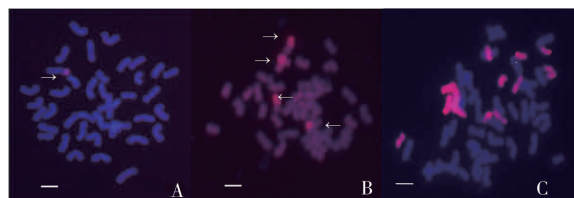


图 10 E 组特异引物 P3、P4 扩增结果
Fig. 10 The amplification results of specific primer P3 and P4 from E group

表 4 蛋白质和水分含量统计
Table 4 The protein and moisture content

序号 No.	材料 Materials	水分含量/% Moisture content	蛋白质含量/% Protein content
1	麦草 8 号	10.42	16.88
2	4-11	11.05	18.05
3	4-30-32	10.77	18.28
4	6-30-31	10.95	16.59
5	5-6	11.16	19.19
6	5-19	10.77	19.38



A:株系4-11,红色处为杂交信号; B:株系5-19,红色处为杂交信号;
C:株系5-6,红色处为杂交信号

A: line 4-11, Red was hybridization signal; B: line 5-19, Red was hybridization signal; C: line 5-6, Red was hybridization signal

图 11 GISH 检测 (标尺=10 μm)

Fig. 11 The results of GISH (Bar=10 μm)

3 结论与讨论

应用远缘杂交、染色体工程的方法,将近缘种中的优良基因导入普通小麦基因组中,利用细胞分子生物学鉴定技术发掘、标记和利用近缘种染色体上潜在的抗病基因、营养高效基因、适应性和丰产性的基因,创制远缘杂交新种质基因资源,可进一步拓宽小麦的遗传基础,提高其生产潜力,培育出多抗、营养高效、广适、稳产型的小麦新品种,对保障我国的粮食安全具有重要作用^[15]。偃麦草属中蕴藏丰富的优良基因,不仅包含普通小麦缺少的白粉病、条锈病、叶锈病、秆锈病、黄矮病、条纹花叶病的抗原基因,而且还具有抗寒、抗虫、抗旱、耐盐碱、再生性和根系发达等优异特性,及长穗、多花、籽粒蛋白含量高等优点^[16]。

本研究利用八倍体小偃麦与中间偃麦草杂交,杂种 F_4 首次分离出普通小麦类型材料, F_5 、 F_6 分离程度加大,出现了更大群体的普通小麦新种质。最终,杂种后代 $F_4 \sim F_6$ 依据形态差异可分为牧草类型、小偃麦类型和普通小麦类型。其中牧草型和小偃麦类型材料表现为多年生、抗寒和割后再生性^[17-18],普通小麦类型材料虽未见这些特性,但是出现了多分蘖(20个以上),矮秆(55 cm),高蛋白质含量等特性的春小麦新种质。表明利用远缘杂交手段,通过多年的人工选育与自然筛选,可以将中间偃麦草的重要农艺学性状导入到普通小麦遗传背景中,并且杂种后代遗传特性多样,有利于突破小麦遗传资源狭窄的瓶颈,创造出类型丰富的小麦新种质。

在植物染色体组研究中,基因组原位杂交(Genomic in situ hybridization, GISH)是检测外源染色体片段的一种有效手段,已成功地从小麦的染色体组中识别出黑麦、大麦及中间偃麦草

等小麦外源染色体或染色体片段^[19-21]。本研究综合利用形态学、细胞学、分子标记和原位杂交手段,对选育的春小麦新种质进行分析鉴定,有效地明确了春小麦新种质的遗传背景,为进一步的开发和利用这些材料提供了重要信息。

本研究利用形态学与分子细胞遗传学方法对八倍体小偃麦与中间偃麦草杂交后代中的5份普通小麦类型材料进行鉴定,结果表明,5份新种质均为春小麦,根尖染色体数为42条。株系4-11和4-30-32具有多分蘖特性,株系6-30-31具有矮秆特性,株系5-6和5-19蛋白质含量高于19%。株系4-11、6-30-31、5-6、5-19均带有E染色体组成分,株系4-11和5-19为小麦-中间偃麦草易位系,株系5-6为六倍体小偃麦。本研究结果可为春小麦的遗传改良提供材料基础。

参考文献:

- [1] 白瑞珍,王同昌,韩方普.小麦远缘杂交现状[J].黑龙江农业科学院,1990,36(4):27-30.
- [2] 尤明山,李保云,唐朝晖,等.偃麦草E染色体组特异RAPD和SCAR标记的建立[J].中国农业大学学报,2002,7(5):1-6.
- [3] 刘成,杨足君,刘畅,等.小麦族中含st染色体组物种的多样性分子标记的建立[J].遗传,2007,29(10):1271-1279.
- [4] 卢军,李乐玉,朱利泉.荧光原位杂交技术的研究进展及其在染色体识别应用中的展望[J].安徽农业科学,2008,36(3):911-913.
- [5] 西北农学院.作物育种学[M].北京:农业出版社,1979.
- [6] 孙玉,孙善澄.多年生小麦的培育与选择研究[J].种子,2011,30(4):21-26.
- [7] 刘玉萍,苏旭,陈克龙,等.小麦族植物的分类现状及主要存在的问题[J].生物学杂志,2013,30(2):77-83.
- [8] 闫小丹,张延明,李集临,等.八倍体小偃麦与天蓝偃麦草杂交F1染色体组构型[J].植物研究,2010,30(2):1-5.
- [9] 李春宇,周璇,闫小丹,等.小偃麦与中间偃麦草杂交不亲和性和不育性的探讨[J].黑龙江农业科学,2014(5):1-6.
- [10] 陈建民, Gustafson J P. 普通小麦4A染色体重排的原位杂交研究[J].遗传学报,1997,24(2):141-148.
- [11] Huang X Q, Röder M S. Molecular mapping of powdery mildew resistance genes in wheat: a review [J]. Euphytica, 2004, 137(2): 203-223.
- [12] 张正斌.小麦遗传学[M].北京:中国农业出版社,2001:303.
- [13] Lu W D, Xu P B, Pu X. Summary of the situation for applying genetic resources from Elytrigia in Triticum aestivum breeding [J]. Acta Pratacult Sin, 2007, 16(6):

- 136-140.
- [14] Li H J, Arterburn M, Jones S S, et al. A new source of resistance to *Tapesia yellundae* associated with a homoeologous Group 4 Chromosome in *Thinopyrum ponticum*[J]. *Genetics and Resistance*, 2004(9): 932-937.
- [15] 安调过, 许红星, 许云峰. 小麦远缘杂交种质资源创新[J]. *中国生态农业学报*, 2011, 19(5): 1011-1019.
- [16] 周玉琴. 小麦属远缘杂交育种研究新进展[J]. *小麦研究*, 2003, 24(4): 4-6.
- [17] 赵海滨, 张延明, 史春龙, 等. 寒地多年生小麦的选育与细胞遗传分析[J]. *作物学报*, 2012, 38(8): 1378-1386.
- [18] 靳嵩, 周璇, 李政宏, 等. 多年生小麦杂种 F₅ 代分子细胞遗传学鉴定[J]. *生物技术通报*, 2014(3): 65-72.
- [19] 杨文杰, 舒焕麟, 颜泽洪, 等. 表达 7 个高分子量谷蛋白亚基的小麦新种质创制、鉴定及分子细胞学分析[J]. *遗传学报*, 2005, 32(11): 1184-1190.
- [20] 杨坤, 刘欣, 杜丽璞, 等. 转 AcAMP-sn 基因抗全蚀病小麦新种质的创制与鉴定[J]. *作物学报*, 2014, 40(1): 22-28.
- [21] 李雪, 温辉芹, 裴自友, 等. 小麦抗旱水分高效表型指标分析与新种质筛选鉴定[J]. *山西农业科学*, 2015, 43(3): 249-253.

Molecular Cytogenetic Identification of New Germplasm on Spring Wheat

ZHANG Jing¹, SUN Jing-xin¹, SONG Wei-fu², YANG Xue-feng², SONG Qing-jie², LI Ji-lin¹, ZHANG Yan-ming¹

(1. Key Laboratory of Molecular Cytogenetics and Genetic Breeding of Heilongjiang Province, College of Life Science and Technology, Harbin Normal University, Harbin, Heilongjiang 150025; 2. Crop Breeding Institute, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin, Heilongjiang 150086)

Abstract: The useful genes from a distant genetic relationship can be introduced into the cultivars by the distant hybridization for improving the available varieties. The five new common wheat germplasms were analyzed and identified by morphological and molecular cytogenetic methods. The results showed that five of the materials were spring wheat, and the character of lines 4-11 and 4-30-32 were large spike and multi-tillers. The number of tillers in 2015-2016 was 18~20 and 16~17. The average 1 000-grain weight was 38 g and 36 g, and the grain protein content was more than 18%. The character of line 6-30-31 was a dwarf (55 cm) and dense spike. The average spike length was 7 cm, and the average thousand seed weight was 32.6 g. Line 5-6 and 5-19 were spike-like trititrigia, no awn, and the average of 1000-grain weight was 33.7 g and 36.4 g, the protein content of kernel was more than 19%. The number of chromosomes was 42 in root tip cells of five materials, and the meiosis was normal. The results of molecular markers and GISH showed that line 4-11 and 5-19 had the genetic elements of *Thinopyrum intermedium*, which were wheat-*Thinopyrum intermedium* translocation lines. Line 5-6 were hexaploid trititrigia. The dwarf line 6-30-31 carried E genome genetic components.

Keywords: wheat; germplasm resources; distant hybridization; GISH

(该文作者还有关宇, 单位同第一作者)

致 读 者

为适应我国信息化建设, 扩大本刊及作者知识信息交流渠道, 本刊现被《中国学术期刊网络出版总库》及 CNKI 等系列数据库收录, 其作者文章著作权使用费与本刊稿酬一次性给付。如作者不同意文章被收录, 请在来稿时声明, 本刊将做适当处理。

《黑龙江农业科学》编辑部