

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2009.02167

川麦 42 的 1BS 染色体臂对小麦主要农艺性状的遗传效应

李俊¹ 魏会廷² 杨栗洁³ 李朝苏¹ 汤永禄¹ 胡晓蓉¹ 杨武云^{1,*}

¹ 四川省农业科学院作物研究所, 四川成都 610066, ² 四川省农业科学院植物保护研究所, 四川成都 610066, ³ 成都石室中学, 四川成都 610000

摘要: 川麦 42 的 1BS 染色体臂来源于人工合成小麦亲本 Syn769。利用川麦 42 与含 1BL/1RS 易位系的四川小麦品种川农 16 构建的 127 个重组自交系(RIL, F_8), 经 3 年 4 个环境的遗传评价, 比较了川麦 42 的 1BS 和川农 16 的 1RS 染色体臂对小麦产量构成因子和产量的遗传效应。结果表明, RIL 群体中川麦 42 的 1BS 染色体臂株系和川农 16 的 1RS 染色体臂株系在分蘖力、成穗率、全生育期、小穗数、收获指数和籽粒产量 6 个性状上存在显著差异; 1BS 染色体臂有利于提高成穗率和收获指数, 而 1RS 染色体臂有利于提高分蘖能力和增加小穗数, 1BS 株系的籽粒平均产量比 1RS 株系增加 2.91%。鉴于 1RS 染色体臂上的抗条锈病基因丧失抗性, 其携带的黑麦碱基因对加工品质有明显的负向作用, 而川麦 42 的 1BS 染色体臂携带高抗条锈病基因 *YrCH42*, 并对小麦籽粒产量有正向作用, 因此建议在小麦遗传改良中利用川麦 42 的 1BS 替换 1RS 染色体臂。

关键词: 1BS; 1RS; 人工合成小麦; 川麦 42; 遗传效应

Genetic Effects of 1BS Chromosome Arm on the Main Agronomic Traits in Chuanmai 42

LI Jun¹, WEI Hui-Ting², YANG Su-Jie³, LI Chao-Su¹, TANG Yong-Lu¹, HU Xiao-Rong¹, and YANG Wu-Yun^{1,*}

¹ Crop Research Institute, Sichuan Academy of Agricultural Sciences, Chengdu 610066, China; ² Institute of Plant Protection, Sichuan Academy of Agricultural Sciences, Chengdu 610066, China; ³ Chengdu Shishi High School, Chengdu 610000, China

Abstract: Chuanmai 42 (Syn769/Sw3243//Chuan6415) is a non-1BL/1RS wheat (*Triticum aestivum* L.) cultivar with high-yield potential and good resistance to strip rust (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*), which has been developed from an elite synthetic hexaploid wheat Syn769 (Decoy 1/*Aegilops tauschii* 188, 1BS/1BL). The 1BS chromosome arm of Chuanmai 42 is originated from Syn769 and carries a stripe rust resistance gene *YrCH42*. In purpose of understanding the genetic effects of 1BS and 1RS chromosome arm on yield-related traits in wheat, 127 recombinant inbred lines (RILs, F_8) derived from Chuanmai 42 and Chuan-nong 16 (1BL/1RS translocation cultivar) were evaluated in three years across four environments in Sichuan province from 2005 to 2008. A total of 16 traits of the two parents (Chuanmai 42 and Chuannong 16) and the RIL population, such as spike number, grain number per spike, thousand-grain weight, and grain yield, were investigated. 1BS chromosome arm lines derived from Chuanmai 42 and 1RS chromosome arm lines derived from Chuannong 16 were significantly different on six traits. The 1BS chromosome arm positively increased the ratio of spikes to summit population and harvest index, whereas the 1RS chromosome arm only had positive effect on tiller number per plant and spikelet number per spike. The average grain yield of RILs with 1BS chromosome arm was 2.91% higher than that of RILs with 1RS chromosome arm. Because the 1RS chromosome arm with *Sec-1* gene significantly degrades the processing quality of wheat and the rust resistance genes are invalidated to rust races in China, it is suggested to replace the 1RS with the 1BS chromosome arm of Chuanmai 42.

Keywords: 1BS; 1RS; Synthetic hexaploid wheat; Chuanmai 42; Genetic effect

黑麦的 1RS 染色体臂取代小麦 1BS 染色体臂形成的小麦-黑麦 1BL/1RS 易位系, 具有黑麦 1RS 片段上携带的叶锈(*Lr26*)、秆锈(*Sr31*)、条锈(*Yr9*)和白粉病(*Pm8*)等抗性基因^[1-2], 因此, 1BL/1RS 易位系

本研究由国家自然科学基金项目(30771338, 30871532), 国家高技术研究发展计划(863 计划)项目(2006AA10Z1C6), 国家科技支撑计划项目(2006BAD13B02-03, 2006BAD01A02), 国家小麦产业技术体系项目, 四川省育种攻关项目, 四川省应用基础项目和四川省财政教育青年基金资助。

* 通讯作者(Corresponding author): 杨武云, E-mail: yangwuyun@yahoo.com.cn; Tel: 028-84504657

第一作者联系方式: E-mail: lijunchd@yahoo.com.cn

Received(收稿日期): 2009-02-23; Accepted(接受日期): 2009-07-09.

作为优异基因资源在全世界小麦育种改良中被广泛利用^[3]。1971年,我国从罗马尼亚引入含1BL/1RS易位系的洛类品种以来,1BL/1RS易位系及其衍生品种因其抗病性和高产、丰产性被广大育种者大量利用。在我国小麦品种中,近50%冬小麦品种携有1BL/1RS易位染色体^[4];四川省1998—1999年区试的24个优良新品系中,20个(占83.1%)含有1BL/1RS易位染色体^[5],由此可见,1BL/1RS染色体在我国以及四川小麦育种中占有举足轻重的作用。

对1BL/1RS易位系的增产遗传效应虽有很多报道,但其结论存在一定的差异^[6-12]。研究表明,1RS片段上具有增产因子,1BL/1RS易位系比非1BL/1RS易位系具有较高的收获指数、千粒重、抽穗期、每平方米穗数等,并且具有较高的稳产性和较强的适应性^[13-15]。但也有人报道,1BL/1RS易位对小麦产量、穗重、收获指数、穗粒数、每平方米穗数和抽穗期没有明显影响^[9-10]。

小麦1BS染色体臂上含有丰富的抗条锈病基因,如已被定位的*Yr10*、*Yr15*、*YrH52*、*Yr24* (*YrCH42*或*Yr26*)等对中国当前条锈病流行生理小种具有较强的抗性^[16-19]。由于1RS上的主效抗病基因相继丧失抗性,同时含有编码黑麦碱基因(*Sec-1*)使小麦品质变差^[10],因此,利用1BS代替1RS(1BL/1RS易位系)的可能性是一个值得研究的问题。

1995—2002年,本课题组利用从CIMMYT引进的“硬粒小麦(*Triticum durum*, $2n = 28$, AABB)——节节麦(*Aegilops tauschii*, $2n = 14$, DD)”人工合成小麦基因资源,通过与四川普通小麦的杂交,育成小麦新品种川麦42。该品种在国家区试长江上游组中比对照川麦107平均增产16.4%^[20],同时具有高产、稳产、抗条锈等多个优良性状,已成为我国小麦高产、抗条锈育种的重要基因资源。川麦42是非1BL/1RS易位系,其1BS上含有高抗条锈病基因*YrCH42*^[19]。本试验利用川麦42与1BL/1RS易位系品种川农16构建了重组自交系(RIL)群体,通过3年4个环境的种植与评价,比较川麦42的1BS和川农16的1RS对小麦产量构成因子和产量的遗传效应,旨在为小麦育种中利用1BS替代1RS提供依据。

1 材料与方法

1.1 试验设计

川麦42和川农16杂交,以单粒传的方法构建重组自交系(F_8 代)127个。川麦42是课题组利用人

工合成小麦Syn769和四川小麦Sw3243杂交, F_1 再与川6415杂交育成的高抗条锈、高产、稳产性好、适应性广且综合性状好的穗数穗重并重型小麦品种,属非1BL/1RS易位系,其系谱为Syn769/Sw3243//川6415;川农16是四川农业大学小麦研究所利用川育12作母本,以创制的含黑麦异源基因的穗数型高产优异小麦新材料“87-429”为父本组配而成的小麦新品种,是1BL/1RS易位系^[21]。

2005—2008连续3个小麦生长季在四川广汉种植川麦42、川农16及其RIL群体,试验按照随机区组设计,3次重复,小区面积5 m²,采用免耕、撬窝穴播、稻草覆盖栽培方式。2007—2008年小麦生长季在四川井研县种植上述亲本及RIL群体,试验按照随机区组设计,3次重复,小区面积1.5 m²,采取翻耕、条沟点播、细土盖种栽培方式。

田间调查基本苗、分蘖、生育期和有效穗,成熟期取样考种,测定株高、千粒重、穗粒数、穗长、小穗数、单穗重等性状,田间测定小区产量。籽粒产量按12%水分折算,生物产量为整个地上部分干重,生物量生产率=生物产量×100/全生育期天数,籽粒生产率=籽粒产量×100/抽穗至成熟天数。

1.2 DNA提取和1BL/1RS易位系分子检测

每个株系随机取种子发芽,取幼嫩叶片按照CTAB法提取DNA。以川农16为对照,利用1RS特有SCAR标记AF1/AF4比较川麦42及其亲本Syn769、Sw3243和川6415,分析川麦42的1BS染色体臂来源;同时检测RIL群体中各株系的1BL/1RS易位系,用于分析1BS和1RS染色体臂的遗传效应。

SCAR标记AF1/AF4序列AF1为5'-GGAGA CATCATGAAACATTTG-3';AF4为5'-CTGTTGTTGGGCAGAAAG-3'^[22]。PCR体系总体积20 μL包括1×buffer (100 mmol L⁻¹ Tris-HCl pH 8.3、1.5 mmol L⁻¹ MgCl₂), 0.2 mmol L⁻¹ dNTPs, 50 ng 随机引物, 1 U *Taq* DNA聚合酶, 50~100 ng 模板DNA。PCR扩增程序为94℃预变性5 min, 94℃变性1 min, 60℃退火1 min, 72℃延伸1 min, 35个循环; 72℃延伸10 min, PCR扩增在PTC-200中进行, SCAR标记AF1/AF4由TaKaRa公司合成。扩增产物用2%琼脂糖凝胶电泳检测,电泳缓冲液为1×TAE, 200 V 电压电泳40 min, 溴化乙锭染色后用凝胶成像系统照相。以川农16为含1RS对照,在1.5 kb处有扩增产物的为1RS系,无带的为1BS系。

1.3 统计分析

利用 Microsoft Excel 计算 4 个环境的田间数据的平均值, 根据 1RS 特异引物分子检测的结果, 把 RIL 群体中的 127 个株系按照 1BS 和 1RS 分成两组, 利用 SPSS 对两组数据多环境均值进行 u -检验(大样本时, t -测验为 u -测验), 分析其差异显著性。由于川麦 42 的 1BS 和川农 16 的 1RS 为异源染色体臂, 无法配对、交换, 按染色体臂单元遗传; 但来自双亲的 1BL 染色体臂同源, 可以重组交换; 当按 1BS 和 1RS 将 RIL 群体分为两组时, 两组间 1BL 上基因

交换频率应该一致、总体效应相同; 因此, 两组间的差异即为 1BS 和 1RS 的遗传效应差异。

2 结果与分析

2.1 川麦 42 的 1BS 染色体臂来源分析

SCAR 标记检测结果显示, Sw3243 和川 6415 含有 1.5 kb 片段, 为 1RS 系; 川麦 42 和 Syn769 表现无带, 不含 1.5 kb 片段, 为 1BS 系(图 1-A)。据杂交亲本推断, 川麦 42 的 1BS 染色体臂来源于人工合成小麦 Syn769。

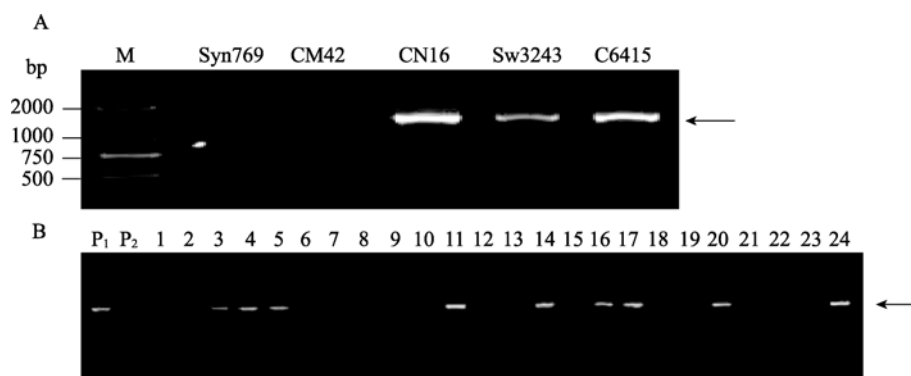


图1 以SCAR标记AF1/AF4检测川麦42及其亲本以及RIL群体

Fig. 1 Detection of 1RS in Chuanmai 42 and its parents and RILs with specific SCAR primer AF1/AF4

A: 川麦42及其亲本Syn769、Sw3243和川6415。M: DL2000; CM42: 川麦42; CN16: 川农16 (1RS对照); C6415: 川6415。

B: RIL株系。P₁: 川农16; P₂: 川麦42; 1、3、4、5、11、14、16、17、20、24泳道为含1RS株系; 其他泳道为1BS株系。箭头示1RS特异带(1.5 kb)。

A: Chuanmai 42 and its parents. M: DL2000; CM42: Chuanmai 42; CN16: Chuannong 16 (control for 1RS); C6415: Chuan 6415.

B: RILs. P₁: Chuannong 16; P₂: Chuanmai 42; Lanes 1, 3, 4, 5, 11, 14, 16, 17, 20, and 24 are RILs with 1RS, and other lanes are 1BS lines. Arrows show the specific band of 1RS lines (1.5 kb).

2.2 川麦 42 和川农 16 主要农艺性状比较

在 4 个环境中, 两亲本除全生育期和生物生产率未达显著差异外, 其他 14 个性状均达到显著或极显著差异水平(表 1)。其中, 分蘖力、有效穗、成穗率和每平方米粒数表现为川农 16 显著高于川麦 42, 而穗粒数、千粒重、单穗重、株高、穗长、小穗数、生物产量、收获指数、籽粒产量和籽粒生产率均表现为川麦 42 显著高于川农 16。可以看出, 两亲本在分蘖、千粒重、穗粒数、穗长等产量构成因子上差异大, 差异大的这些性状互补, 有利于选出产量超越双亲的优良新品系。

2.3 川麦 42 的 1BS 染色体臂对小麦产量的遗传效应分析

由于 1BS 和 1RS 为非同源染色体臂, 1BS 和 1RS 不会发生同源配对和交换, 因此, RIL 群体中的 1BS 都来自川麦 42。利用 SCAR 标记 AF1/AF4 对 RIL 群体中的 127 个株系进行 1RS 检测显示, 60 个株系含 1RS, 67 个 RIL 株系含 1BS (图 1-B), 卡方测验

表明, RIL 群体中 1RS 和 1BS 的分离比符合 1:1 的理论比($\chi^2 = 0.39$, $P > 0.05$), 表明该 RIL 群体在 1BS 和 1RS 上未发生偏分离, 可用于遗传分析。

根据 SCAR 标记检测结果, 把 RIL 群体分成 1BS 株系和 1RS 株系两组, 利用 u -检验对 4 个环境的田间数据平均值进行差异性分析(表 1), 结果表明, 来自川麦 42 的 1BS 株系和来自川农 16 的 1RS 株系的分蘖力、成穗率和全生育期、小穗数、收获指数和籽粒产量的平均值存在显著差异(0.05 差异水平); 1RS 株系的分蘖力和小穗数平均值显著高于 1BS 株系; 1BS 株系的成穗率和收获指数显著高于 1RS 株系, 全生育期显著短于 1RS 株系, 1BS 株系籽粒平均产量较 1RS 株系增加 2.91%, 达显著水平。在其他性状上, 1RS 株系有效穗和生物产量高于 1BS 株系, 1BS 株系穗粒数和每平方米粒数高于 1RS 株系, 但未达到显著水平。说明来自川农 16 的 1RS 染色体臂有利于提高分蘖能力和增加小穗数, 而来自川麦

表 1 川麦 42 与川农 16 及 RIL 群体中 1RS 系与 1BS 系间主要农艺性状比较
Table 1 The comparison of main agronomic traits between parents Chuanmai 42 and Chuannong 16, 1RS lines and 1BS lines in RILs.

性状 Trait	亲本 Parent ¹⁾		RIL 系 RILs ²⁾	
	川麦 42 Chuanmai 42	川农 16 Chuannong 16	1RS	1BS
分蘖力 Tiller number per plant	1.8	2.2	<u>2.2</u>	<u>2.0</u>
成穗率 Ratio of spikes to summit population (%)	69.5	77.8	<u>73.2</u>	<u>76.0</u>
有效穗 Spike number (m ⁻²)	405	489	430	421
每平方米粒数 Grain number (m ⁻²)	15824	16847	16556.5	16622.3
穗粒数 Grain number per spike	39.1	34.5	38.6	39.6
千粒重 Thousand-grain weight (g)	49.0	43.4	45.91	45.58
单穗重 Grain weight per spike (g)	1.91	1.50	1.7	1.8
株高 Plant height (cm)	89.6	82.1	89.2	90.2
全生育期 Days from emergence to maturity (d)	179	180	<u>179.8</u>	<u>178.9</u>
穗长 Spike length (cm)	10.2	7.8	9.3	9.4
小穗数 Spikelet number per spike	20.1	19.4	<u>20.3</u>	<u>19.9</u>
生物产量 Biomass at maturity (kg hm ⁻²)	14011	13594	13924	13717
收获指数 Harvest index	0.47	0.44	<u>0.43</u>	<u>0.45</u>
生物生产率 Biomass production rate (kg hm ⁻² d ⁻¹)	78.2	75.8	78.1	77.2
籽粒生产率 Grain yield rate (kg hm ⁻² d ⁻¹)	149	132	131.7	135.1
籽粒产量 Grain yield (kg hm ⁻²)	7317.0	6703.5	<u>6876.2</u>	<u>7076.2</u>

¹⁾ 经成组 *t* 测验, 两亲本间除 “全生育期” 和 “生物生产率” 两性状外, 均达显著差异($P < 0.05$)。 ²⁾ 1RS 和 1BS 株系达显著差异($P < 0.05$)的性状值用下划线标示。

¹⁾ Significant differences were observed between two parents in all traits except for “Days from emergence to maturity” and “Biomass production rate” according to paired *t*-test at $P < 0.05$. ²⁾ Values with significant difference between 1RS and 1BS lines are underlined according to *u*-test at $P < 0.05$.

42 的 1BS 染色体臂有利于提高成穗率、收获指数, 增加籽粒产量。

2.4 RIL 中高产株系的 1BS 分布分析

综合 4 个环境产量分析, RIL 群体的 127 个株系有 11 个高产株系的籽粒产量显著高于高亲(川麦 42), 籽粒产量增产幅度 6.56%~12.70%, 平均籽粒产量 7 894.7 kg hm⁻², 较川麦 42 (7 317.0 kg hm⁻²) 增产 7.90% (表 2)。11 个高产株系的分蘖力、成穗率、有效穗、穗粒数、千粒重等重要性状介于双亲之间, 实现了双亲主要产量性状的重组, 因此产量超过高亲川麦 42。利用 SCAR 标记对 11 个高产株系检测发现, 10 个高产株系含 1BS 染色体臂, 仅株系 101 含 1RS 染色体臂(表 2), 说明 1BS 染色体臂与其他重要性状控制基因互作对小麦籽粒产量具有正效作用。

3 讨论

1BL/1RS 小麦-黑麦易位系对全世界小麦抗病育种和遗传改良发挥了重要作用, 近年来, 1RS 染

色体臂上的主效抗病基因 *Lr26*、*Yr9*、*Sr31* 和 *Pm8* 等相继丧失抗性^[23-30], 为此, 研究者利用更多抗病的黑麦品种, 创建了不同的 1RS/1BL 易位系, 暂时解决了 1RS 上抗病基因丧失的问题。但是 1RS 染色体臂由于携带黑麦碱基因和部分低分子谷蛋白亚基的丢失, 导致 1BL/1RS 易位系对 SDS 沉降值、和面时间、面团延伸性、耐揉性和抗延阻力等加工品质性状有显著负面效应^[34-38]。因此, 在小麦优质育种上, 应尽量避免 1BL/1RS 易位系, 可以利用 1BS 染色体臂来提高小麦抗病和优质育种。

国内外很多研究者曾利用不同的遗传群体和研究方法来探讨 1BS 和 1RS 对产量的效应, 结论各不相同^[7-12], 这可能与小麦遗传背景有关。Villareal 等^[6]研究发现, 携带 1RS 染色体臂的小麦品系在收获指数、每平方米穗数、千粒重、籽粒容重等性状均显著优于 1BS 小麦品系; Sevilla 等^[7-8]研究表明, 1RS 品系的千粒重比 1BS 品系高, 但小穗数和穗粒数等没有明显差异, 二者因不同遗传背景而对籽粒产量的影响存在差异; McKendry 等^[10]和肖永贵等^[9]认为,

表 2 11 个 RIL 高产株系主要农艺性状表现
Table 2 The main agronomic traits of 11 wheat lines in RIL with significantly higher grain yield than the high parent Chuanmai 42

RIL 株系 ¹⁾ RIL ¹⁾	分蘖力 Tiller number per plant	成穗率 Ratio of spikes to summit population (%)	有效穗 Spike number (m ⁻²)	每平方米 粒数 Grain number (m ⁻²)	穗粒数 Grain number per spike	千粒重 1000-grain weight (g)	单穗重 Grain weight per spike (g)	株高 Plant height (cm)
6	2.6	76.1	511	21444	42.0	40.8	1.70	87
104	2.1	70.3	436	18074	41.3	47.8	1.96	87
60	2.0	76.1	422	15806	41.6	49.7	2.05	97
<u>101</u>	2.6	75.9	498	15656	31.4	48.3	1.52	86
39	2.2	74.3	433	17186	39.6	47.2	1.85	82
7	1.8	82.9	427	17647	41.4	47.6	1.95	88
5	1.8	81.7	416	18006	43.3	44.0	1.90	93
125	2.3	67.0	449	17918	39.8	44.9	1.77	94
34	2.4	66.1	445	17825	40.0	45.7	1.80	92
45	1.8	75.5	413	17448	42.0	50.3	2.10	90
11	1.6	82.5	411	18072	43.9	48.2	2.07	91
平均 Mean	2.2	74.6	445	17735	40.2	46.6	1.86	89.6
变异系数 CV (%)	13.9	8.8	3.3	3.9	4.1	4.8	6.6	5.0

RIL 株系 ¹⁾ RILs ¹⁾	全生育期 Days from emergence to maturity(d)	穗长 Spike length (cm)	小穗数 Spikelet number per spike	生物产量 Biomass at maturity (kg hm ⁻²)	收获指数 Harvest index	生物生产率 Biomass pro- duction rate (kg hm ⁻² d ⁻¹)	籽粒生产率 Grain yield rate (kg hm ⁻² d ⁻¹)	籽粒产量 Grain yield (kg hm ⁻²)
6	176	9.3	19.8	13790	0.50	78.4	150	8252.6
104	179	10.1	19.6	15221	0.45	85.2	152	8003.9
60	179	10.0	20.0	14723	0.44	82.5	148	7991.1
<u>101</u>	178	8.5	18.5	13184	0.49	74.3	136	7883.8
39	177	8.3	19.3	12580	0.51	71.1	143	7855.0
7	177	9.4	20.7	13152	0.49	74.1	148	7836.7
5	177	10.2	21.1	13900	0.47	78.8	146	7829.6
125	179	9.6	19.3	14454	0.48	80.7	159	7805.8
34	179	9.1	20.8	13696	0.52	76.8	163	7801.4
45	178	10.1	19.4	15354	0.44	86.6	147	7796.6
11	177	10.6	20.6	13708	0.46	77.7	136	7784.9
平均 Mean	178	9.6	19.9	13978	0.48	78.9	149.2	7894.7
变异系数 CV (%)	0.6	5.5	3.2	6.1	6.2	6.1	5.8	0.8

¹⁾ 下画线表示含1RS的株系。 ¹⁾ IRS lines are underlined.

1RS 和 1BS 小麦品系在籽粒产量、穗重、收获指数和穗粒数方面没有差异。本研究发现，来自川农 16 的 1RS 染色体臂株系可提高分蘖和小穗数，而来自川麦 42 的 1BS 染色体臂株系有利于提高成穗率、收获指数，籽粒产量略有增加；RIL 群体的 11 个高产株系中 10 个含有 1BS 染色体臂，进一步说明来自川麦 42 的 1BS 染色体臂与其他重要性状控制基因互作对小麦籽粒产量具有正效作用。川麦 42 的 1BS 染色

体臂来源于人工合成小麦 Syn769，携有高抗条锈基因 *YrCH42*^[19]。因此，川麦 42 的 1BS 染色体臂可代替含黑麦碱基因及丧失主要抗性的 1RS (即 1BL/1RS 易位系)，以提高小麦抗条锈性、品质而不降低籽粒产量水平。

4 结论

川麦 42 的 1BS 染色体臂比川农 16 1RS 染色体

臂具有较高的成穗率、收获指数和籽粒产量。因此，在小麦遗传改良中，建议利用川麦 42 的 1BS 替换 1RS 染色体臂，以提高小麦品质和产量。

References

- [1] Singh N K, Shepherd K W, McIntosh R A. Linkage mapping of genes for resistance to leaf, stem and stripe rusts and ω -secalins on the short arm of rye chromosome 1R. *Theor Appl Genet*, 1990, 80: 609–616
- [2] Villareal R L, Mujeeb-Kazi A, Rajaram S, Del Toro E. Associated effects of chromosome 1B/1R translocation on agronomic traits in hexaploid wheat. *Breed Sci*, 1994, 44: 7–11
- [3] Wieser H, Kieffer R, Lelley T. The influence of 1B/1R chromosome translocation on gluten protein composition and technological properties of bread wheat. *J Sci Food Agric*, 2000, 80: 1640–1647
- [4] 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)
- [5] Wei Y-M(魏育明), Zheng Y-L(郑有良), Zhou R-H(周荣华), Zhou Y-H(周永红), Yan Z-H(颜泽洪), Jia J-Z(贾继增), Zhang Z-Q(张志清). Comparison of molecular methods for identifying the presence of 1BL/1RS translocation chromosomes in wheat. *J Sichuan Agric Univ* (四川农业大学学报), 2001, 19(1): 10–13 (in Chinese with English abstract)
- [6] Villareal R L, Rajaram S, Mujeeb-Kazi A, Del Toro E. The effect of chromosome 1BL/1RS translocation on the yield potential of certain spring wheat (*Triticum aestivum* L.). *Plant Breed*, 1991, 106: 77–81
- [7] Moreno-Sevilla B, Baenziger P S, Peterson C J. Agronomic performance and end-use quality of 1B vs. 1BL/1RS genotype derived from winter wheat 'Rawhide'. *Crop Sci*, 1995, 35: 1607–1612
- [8] Moreno-Sevilla B, Baenziger P S, Peterson C J, Graybosch R A, McVey D V. The 1BL/1RS translocation: Agronomic performance of F₃-derived lines from a winter wheat cross. *Crop Sci*, 1995, 35: 1051–1055
- [9] Xiao Y-G(肖永贵), Yan J(阎俊), He Z-H(何中虎), Zhang Y(张勇), Zhang X-K(张晓科), Liu L(刘丽), Li T-F(李天富), Qu Y-Y(曲延英), Xia X-C(夏先春). Effect of 1BL/1RS translocation on yield traits and powdery mildew resistance in common wheat and QTL analysis. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2006, 32(11): 1636–1641 (in Chinese with English abstract)
- [10] Mckendry A L, Tague D N, Miskin K E. Effect of 1BL-1RS on agronomic performance of soft red winter wheat. *Crop Sci*, 1996, 36: 844–847
- [11] Lelley T, Eder C, Grausgruber H. Influence of 1BL-1RS wheat-rye chromosome translocation on genotype by environment interaction. *J Cereal Sci*, 2004, 39: 313–320
- [12] Zarco-Hemander J A, Santiveri F, Michelena A, Pena R J. Durum wheat (*Triticum turgidum* L.) carrying the 1BL/1RS chromosomal translocation: Agronomic performance and quality characteristics under Mediterranean conditions. *Eur J Agron*, 2005, 22: 33–43
- [13] Rajaram S, Mann C E, Oriz-Ferrara G, Mujeeb-Kazi A. Adaptation, stability and high yield potential of certain 1B/1R CIMMYT wheats. In: Proceedings of the Sixth International Wheat General Symposium, Kyoto, Japan, 1983. pp 613–621
- [14] Lukaszewski A J. Frequency of 1RS-1AL and 1RS-1BL Translocations in United States wheats. *Crop Sci*, 1990, 30: 1151–1153
- [15] Villareal R L, Banuelos O, Mujeeb Kazi A, Rajaram S. Agronomic performance of chromosome 1B and 1BL-1RS near-isolines in the spring bread wheat Seri M82. *Euphytica*, 1998, 103: 195–202
- [16] Wang L F, Ma J X, Zhou R H, Wang X M, Jia J Z. Molecular tagging of the yellow rust resistance gene *Yr10* in common wheat, P.I. 178383 (*Triticum aestivum* L.). *Euphytica*, 2002, 124: 71–73
- [17] Peng J H, Fahima T, Röder M S, Li Y C, Gramaa A, Nevo E. Microsatellite high-density mapping of the stripe rust resistance gene *YrH52* region of chromosome 1B and evaluation of its marker-assisted selection in the F₂ generation in wild emmer wheat. *New Phytol*, 2000, 146: 141–154
- [18] Peng J H, Fahima T, Röder M S, Huang Q Y, Dahan A, Li Y C, Gramaa A, Nevo E. High-density molecular map of chromosome region harbouring stripe-rust resistance genes *YrH52* and *Yr15* derived from wild emmer wheat, *Triticum dicoccoides*. *Genetica*, 2000, 109: 199–210
- [19] Li G Q, Li Z F, Yang W Y, Zhang Y, He Z H, Xu S C, Singh R P, Qu Y Y, Xia X C. Molecular mapping of stripe rust resistance gene *YrCH42* in Chinese wheat cultivar Chuanmai 42 and its allelism with *Yr24* and *Yr26*. *Theor Appl Genet*, 2006, 112: 1434–1440
- [20] Zhang Y(张颀), Li W(李伟), Yang W-Y(杨武云), Zheng Y-L(郑有良). Biochemical character analysis of new wheat cultivar Chuanmai 42. *Southwest China J Agric Sci* (西南农业学报), 2004, 17(5): 600–603 (in Chinese with English abstract)
- [21] Li W(李伟), Zheng Y-L(郑有良), Wei Y-M(魏育明), Yan Z-H(颜泽洪), Lan X-J(兰秀锦). Biochemical marker character analysis of new wheat cultivar Chuannong 16. *Southwest China J Agric Sci* (西南农业学报), 2003, 16(2): 7–10 (in Chinese with English abstract)
- [22] Francis H A, Koebner R M D, Leitch A R. Conversion of a RAPD-generated PCR product, containing a novel dispersed repetitive element, into a fast and robust assay for the presence of rye chromatin in wheat. *Theor Appl Genet*, 1995, 90: 636–642
- [23] Sawhney R N, Sharma J B. Novel complementary genes for adult plant leaf rust resistance in a wheat stock carrying the 1BL-1RS translocation. *Plant Breed*, 1999, 118: 269–271
- [24] Wan A-M(王安民), Niu Y-C(牛永春), Wu L-R(吴立人), Yuan W-H(袁文焕), Li G-B(李高宝), Jia Q-Z(贾秋珍), Jin S-L(金社林), Yang J-X(杨家秀), Li Y-F(李艳芳), Bi Y-Q(毕云青). Physiologic specialization of stripe rust of wheat in China during 1991–1996. *Acta Phytopathol Sin* (植物病理学报), 1999, 29(1): 60–66 (in Chinese with English abstract)
- [25] Wu L-R(吴立人), Niu Y-C(牛永春). Strategies of sustainable control of wheat stripe rust in China. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2000, 33(5): 1–7 (in Chinese with English abstract)
- [26] Singh R P, Hodson D P, Jin Y, Huerta-Espino J, Kinyua M G, Wanyera R, Njau P. Current status, likely migration and strategies to mitigate the threat to wheat production from race Ug99 (TTKS)

- of stem rust pathogen. *Nutr Nat Resour*, 2006, 54: 1–13
- [27] CIMMYT. Sounding the Alarm on Global Stem Rust, Mexico, DF: CIMMYT. 2005 [2007-05-22]. <http://www.globalrust.org/documents/SoundingAlarmGlobalRust.pdf>
- [28] He Z-H(何中虎), Xia X-C(夏先春), Chen W-Q(陈万权). Breeding for resistance to new race Ug99 of stem rust pathogen. *J Triticeae Crops* (麦类作物学报), 2008, 28(1): 170–173 (in Chinese with English abstract)
- [29] Duan X-Y(段霞瑜), Sheng B-Q(盛宝钦), Zhou Y-L(周益林), Xiang Q-J(向齐君). Monitoring of the virulence population of *Erysiphe graminis* f. sp. *tritici*. *Acta Phytophylacica Sin* (植物保护学报), 1998, 25(1): 31–35 (in Chinese with English abstract)
- [30] Lutz J, Limpert E, Bartos P, Zeller F J. Identification of powdery mildew resistance genes in common wheat (*Triticum aestivum* L.). I: Czechoslovakian cultivars. *Plant Breed*, 1992, 108: 33–39
- [31] Martin D J, Stewart B G. Dough stickiness in rye-derived wheat cultivars. *Euphytica*, 1990, 51: 77–86
- [32] Graybosch R A. Quality effects of rye chromatin transfers to wheat. *J Cereal Sci*, 2001, 33: 3–16
- [33] Barbeau W E, Griffey C A, Uriyo M G, Harris C H, Johnson J M. Baking performance of 1BL/1RS soft red winter wheats. *J Food Quality*, 2001, 24: 127–139
- [34] Khelifi D, Branlard G. The effect of HMW and LMW subunits of glutenin and of gliadins on the technological quality of progeny from four crosses between poor bread making quality and strong wheat cultivars. *Cereal Sci*, 1992, 16: 195–209
- [35] Gupta R B, Shepherd K W. Two-step one-dimensional SDS-PAGE analysis of LMW subunits of glutenin: I. Genetic control of the subunits in species related to wheat. *Theor Appl Genet*, 1990, 80: 183–187
- [36] Liu J-J(刘建军), He Z-H(何中虎), Pena R J, Zhao Z-D(赵振东). The effects of 1B/1R translocation on grain quality and noodle quality of bread wheat. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2004, 30(2): 149–153 (in Chinese with English abstract)
- [37] Liu L(刘丽), Yan J(阎俊), Zhang Y(张艳), He Z-H(何中虎), Pena R J, Zhang L-P(张立平). Allelic variation at the Glu-1 and Glu-3 loci and presence of 1B/1R translocation, and their effects on processing quality in cultivars and advanced lines from autumn-sown wheat regions in China. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2005, 38(10): 1944–1950 (in Chinese with English abstract)
- [38] Wieser H, Kieffer R, Lelley T. The influence of 1B/1R chromosome translocation on gluten protein composition and technological properties of bread wheat. *J Sci Food Agric*, 2000, 80: 1640–1647