

网络出版时间:2026-04-01
网络出版地址:https://link.cnki.net/urlid/61.1359.s.20260330.1700.008

小麦-黑麦 1BL·1RS 易位品种(系)中的 1RS 结构变异探析

郭婧琦^{1,2}, 熊自颖¹, 符书兰¹, 张怀渝², 唐宗祥¹

(1. 四川农业大学农学院, 四川成都 611130; 2. 四川农业大学生命科学院, 四川雅安 625000)

摘要:为了探究小麦-黑麦 1BL·1RS 易位品种(系)中的 1RS 结构差异,以 1BL·1RS 易位品种南麦 618 为亲本,分别与矮抗 58、川农 17、兰考矮早 8 等 13 个 1BL·1RS 易位品种(系)和 1 个 7DL·1RS 易位品种鲁麦 8 号杂交,获得 14 组 F₁ 植株。使用根据串联重复序列 pSc119.2、pSc200 和 pSc250 设计的高 GC 含量寡核苷酸探针 Oligo-119.2-2、200G、250G 和高 AT 含量寡核苷酸探针 Oligo-119.2-3、200T、250T,对 F₁ 植株根尖中期染色体进行 ND-FISH 分析。结果表明,除 Oligo-119.2-3 无信号外,其余 5 个探针都在不同来源的 1RS 上产生不同强弱信号。探针 200G 和 200T 在 1RS 上产生的信号呈现一致的强弱变化,而 250G 和 250T 体现的变异不一致。250T 在不同来源 1RS 上的信号强弱不同,而 250G 在相应 1RS 上的信号强度相似。这说明不同品种中 1RS 的 pSc250 家族串联重复序列的 GC 和 AT 碱基含量存在差异。根据探针在 1RS 上的信号强弱变化,可以将这 15 个小麦品种(系)中的 1RS 分为 4 种结构类型。本研究结果显示了 1RS 的结构多样性,丰富了对中国小麦品种(系)中 1BL·1RS 易位染色体的认识。

关键词:小麦;黑麦;1BL·1RS 易位;串联重复序列;染色体结构变异

中图分类号:S512.1;S512.5;S330 **文献标识码:**A **文章编号:**1009-1041(2026)05-0567-09

Analysis of Structural Variations of 1RS in Wheat-Rye 1BL·1RS Translocation Cultivars(Lines)

GUO Jingqi^{1,2}, XIONG Ziyi¹, FU Shulan¹, ZHANG Huaiyu², TANG Zongxiang¹

(1. College of Agriculture, Sichuan Agricultural University, Chengdu, Sichuan 611130, China;

2. College of Life Sciences, Sichuan Agricultural University, Ya'an, Sichuan 625000, China)

Abstract: To explore the structural differences of 1RS arms in wheat-rye 1BL·1RS translocation cultivars(lines), the 1BL·1RS translocation cultivar Nanmai 618 was used as parent to hybridize with 13 1BL·1RS translocation cultivars(lines), including Aikang 58, Chuannong 17 and Lankao Aizao 8, as well as the 7DL·1RS translocation cultivar Lumai 8. A total of 14 types of F₁ plants were obtained. High-GC content oligonucleotide probes(Oligo-119.2-2, 200G, 250G) and high-AT content oligonucleotide probes(Oligo-119.2-3, 200T, 250T) were designed based on the tandem repeats pSc119.2, pSc200, and pSc250. These probes were used in non-denaturing fluorescence *in situ* hybridization (ND-FISH) analysis for identifying the metaphase chromosomes of root tips from these F₁ plants. The results showed that, except for Oligo-119.2-3 which produced no signal, the other five probes generated signals with varying intensities on 1RS chromosome arms from different sources. The signal intensities of probes 200G and 200T on 1RS exhibited consistent variation trends, while the variations reflected by 250G and 250T were inconsistent. For example, 250T showed distinct signal intensities on 1RS from different sources, whereas 250G displayed similar signal intensities on the corresponding 1RS arms. These findings indicated that there were differences in the GC and AT base con-

收稿日期:2025-09-25 修回日期:2026-01-19

基金项目:国家自然科学基金项目(32070373)

第一作者 E-mail:2023216030@stu.sicau.edu.cn(郭婧琦); zyxiong@genetics.ac.cn(熊自颖)

通讯作者 E-mail:zxtang@sicau.edu.cn(唐宗祥); zhyu@sicau.edu.cn(张怀渝)

tents of the pSc250 tandem repeated family in 1RS among different cultivars. According to the variation in signal intensity of the probes on 1RS, the 1RS arms in these 15 wheat cultivars(lines) could be classified into four structural types. The results of this study revealed the structural variations of 1RS, which enriches the understanding of 1BL·1RS translocation chromosomes in wheat cultivars (lines) in China.

Keywords: Wheat; Rye; 1BL·1RS translocation; Tandem repeats; Chromosome structural variation

黑麦 (*Secale cereale* L.) 1R 染色体短臂 (1RS) 携带有条锈病抗性基因 *Yr9*、叶锈病抗性基因 *Lr26*、秆锈病抗性基因 *Sr31* 和白粉病抗性基因 *Pm8*^[1], 以及调控优良农艺性状和非生物胁迫耐受性的相关基因^[2-3], 使其成为小麦遗传改良中应用最广泛的外源染色体片段之一。尽管 1RS 上的条锈病和白粉病抗性基因 *Yr9* 和 *Pm8* 因病原菌进化而失效^[4], 但 1BL·1RS 易位染色体凭借其综合优良效应, 至今仍在小麦育种中被广泛应用^[5-6]。有报道指出, 大多数 1BL·1RS 易位染色体中的 1RS 源自德国黑麦 Petkus^[7]。唐怀君等^[1]利用 1RS 特异分子标记对 78 份 1BL·1RS 易位品种(系)进行分析, Luo 等^[8]利用串联重复序列寡核苷酸探针对 102 份 1BL·1RS 易位品种(系)进行非变性荧光原位杂交(ND-FISH)分析, 均未检测出 1RS 的多态性变异。这些研究结果似乎表明 1BL·1RS 易位品种(系)中 1RS 的遗传基础狭窄。然而, Jiao 等^[9]对中国 17 个代表性小麦品种的泛基因组测序结果显示, 其中 8 个品种含有 1BL·1RS 易位染色体, 不同品种中 1RS 之间的黑麦特异串联重复序列 pSc200 存在缺失变异^[9]。Li 等^[10]对含 1BL·1RS 易位的小麦骨干亲本周 8425B 进行基因组测序, 并将其 1RS 序列与小麦品种矮抗 58 和科农 9204 的 1RS 进行比较, 发现这 3 个品种的 1RS 存在倒位和易位的情况。这些研究结果说明这些小麦品种(系)中的 1RS 存在结构上的变异。中国许多小麦品种(系)含有 1BL·1RS 易位染色体^[11-12]。除已测序的 1BL·1RS 易位小麦品种(系)外, 有必要考察其他小麦品种(系)中的 1RS 是否存在结构上的变异, 这有利于了解中国小麦品种(系)中 1RS 遗传变异的丰富度, 为其进一步应用提供理论指导。基因组测序是了解 1RS 结构特点的最好方法, 但其成本高。1RS 亚端部区域含有 pSc119.2、pSc200 和 pSc250 三种高拷贝串联重复序列^[13], 根据这三种串联重复序列所设计的荧光原位杂交(FISH)探针可检测出黑麦 1RS 结构变异^[8,14]。

本研究根据这三种串联重复序列的碱基组成特征, 设计了 GC 和 AT 碱基含量不同的新寡核苷酸探针, 用于分析不同小麦品种(系)中的 1BL·1RS 易位染色体。通过有性杂交的方式, 将两个品种(系)中的 1BL·1RS 易位染色体置于同一个细胞中, 保证杂交过程中探针在染色体上分布的均匀性、杂交时间和显微照相曝光强度的一致性^[15]。前期研究发现, 小麦品种南麦 618 含有 1BL·1RS 易位染色体, 且该易位染色体的 1BL 近着丝粒区域含有寡核苷酸探针 Oligo-s120.3 的信号, 而其他 1BL·1RS 易位染色体中的 1BL 不带有该探针信号^[16]。本研究以南麦 618 为亲本, 分别与来自中国不同地区的 14 种含 1RS 易位小麦品种(系)杂交, 再通过新设计的寡核苷酸探针对 F₁ 植株根尖中期染色体进行非变性荧光原位杂交(ND-FISH)分析, 以南麦 618 的 1BL·1RS 易位染色体核型为对照, 检测其他不同小麦品种(系)中 1RS 的结构多态性。

1 材料与方法

1.1 试验材料

本研究所用材料名称、系谱及来源单位的信息列于表 1。除品种鲁麦 8 号含 7DL·1RS 易位染色体外, 其余 14 个品种(系)都含 1BL·1RS 易位染色体。以品种南麦 618 为亲本, 分别与其他 14 个品种(系)杂交, 获得 14 组 F₁ 植株。

1.2 细胞学鉴定

根据 1RS 亚端部串联重复序列 pSc200、pSc250、pSc119.2 分别设计 GC 和 AT 含量不同的寡核苷酸探针 200G、200T、250G、250T、Oligo-119.2-2 和 Oligo-119.2-3(表 2), 用于检测 1RS 的结构多态性。此外, 已报道的寡核苷酸探针 Oligo-Ku^[17]为黑麦染色体特异探针, 与探针 Oligo-pSc119.2-1^[18]相结合可以识别黑麦 7 条染色体; 探针 Oligo-pSc119.2-1 与 Oligo-pTa535-1 相结合, 可以区分 21 条小麦染色体^[18]; 探针 Oligo-s120.3 用于区分南麦 618 来源的 1BL·1RS 易位染色体。利

表 1 易位小麦品种(系)的系谱及来源

Table 1 Pedigree and source of the wheat translocation varieties(line)

编号 No.	品种(系) Cultivar(line)	系谱 Pedigree	来源 Source
1	南麦 618 Nanmai 618	2001-43-1/攀早抗 ^[8] 2001-43-1/Panzaokang	四川省南充市农业科学院 Academy of Agricultural Sciences, Nanchong, Sichuan
2	川农 17 Chuannong 17	91S-23×A302 ^[8]	本实验室保存 Preserved in this laboratory
3	川麦 32 Chuanmai 32	1900“S”/Ning 8349//1900 ^[8]	四川省农业科学院作物所 Crop Research Institute, Sichuan Academy of Agricultural Sciences
4	川麦 55 Chuanmai 55	SW3243/SW8688 ^[8]	
5	鲁麦 8 号 Lumai 8	矮孟牛Ⅳ型/山农辐 66 ^[1] Aimengniu Ⅳ/Shannongfu 66	中国科学院遗传与发育生物学研究所 Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Sciences
6	周 8425B Zhou 8425B	[小黑麦广麦 74/练丰 1 号//山前麦] ⁶⁰ Co-γ/3/安农 7959 ^[8] [Triticale guangmai 74/Lianfeng 1// Shanqianmai] ⁶⁰ Co-γ/3/Annong 7959	
7	矮抗 58 Aikang 58	周 11(周 8425B/内乡 182)//温麦 6 号/郑 8960 ^[8] Zhou 11(Zhou 8425B/Neixiang 182)//Wenmai 6/Zhengzhou 8960	
8	兰考矮早 8 Lankaoaizao 8	小黑麦 84(184)/90 选系 ^[1] Triticale 84(184)/90 selected line	
9	晋麦 45 Jinmai 45	沙瑞克/临汾 3029/3/74100//蚰包-036/小偃 759 ^[8] Sharieke/Linfen 3029/3/74100//Qubao-036/Xiaoyan 759	
10	陕 354 Shaan354	陕 16726/陕 213 ^[8] Shaan 16726/Shaan 213	中国科学院遗传与发育生物学研究所 Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Sciences
11	中育 5 号 Zhongyu 5	冀 5418/豫西 832 ^[1] Ji 5418/Yuxi 832	
12	烟农 18 Yannong 18	中 144/寨 5241//小黑麦遗 8 ^[8] Zhong 144/Zhai 5241//Triticale yi 8	
13	石 4185 Shi 4185	Tal 材料/植 8094//予麦 2 号/3/冀麦 26 ^[8] Tal/Zhi 8094//Yumai 2/3/Yimai 26	
14	科农 199 Kenong 199	石 4185/科农 9204 ^[8] Shi 4185/Kenong 9204	
15	山前麦 Shanqianmai	从前苏联引进 ^[1] Introduced from the former Soviet Union	

表 2 寡核苷酸探针及其相关信息

Table 2 Oligonucleotide probes and their associated information

探针名称 Name of probe	探针序列 Sequence of probe	探针碱基组成 Base composition of probe	用于设计探针的原序列名称 Sequence used for probe design
200G	GGGTGGGGCGCCCAGG	(GC) ₁₄ (AT) ₂	pSc200 ^[22]
200T	TTTTTGATTTTCTTT	(GC) ₂ (AT) ₁₄	pSc200 ^[22]
250G	GGGCCATTTTCGAGTGGCGC	(GC) ₁₃ (AT) ₆	pSc250 ^[22]
250T	TTCGTATCCTTCTGTCAAACTTTGTCTGTTT	(GC) ₁₂ (AT) ₂₁	pSc250 ^[22]
Oligo-119. 2-2	CGAACCCCGGGGTGCG	(GC) ₁₃ (AT) ₃	pSc119. 2 ^[23]
Oligo-119. 2-3	TCATCAACAATCATAA	(C) ₄ (AT) ₁₂	pSc119. 2 ^[23]

用这些探针和 ND-FISH 技术,对本实验配制的杂交 F₁ 根尖中期染色体进行分析。从每个杂交组合中随机选取 3 个 F₁ 植株进行中期染色体制备,每个 F₁ 植株滴 4 张片,每张片至少观察 3 个细胞。探针在同一个细胞的两条 1RS 上产生的

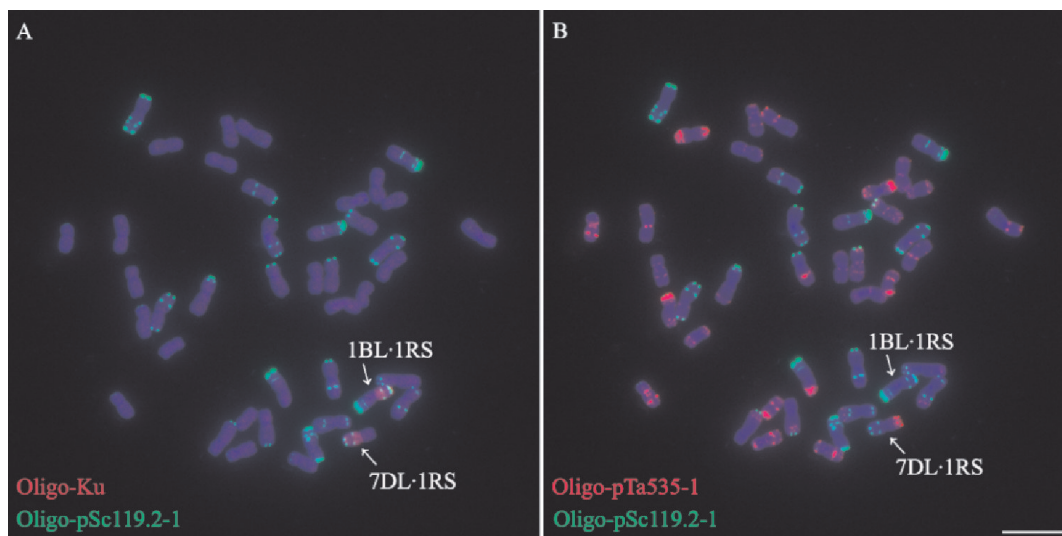
信号存在肉眼可见的强弱差异,并且在每个杂交组合的 F₁ 植株中观察的细胞都体现一致的差异,即为探针在 1RS 上产生的信号有真实的差异。染色体制备参照 Han 等^[20]的方法,ND-FISH 参照 Fu 等^[21]的方法。

2 结果与分析

2.1 鲁麦8号7DL·1RS易位染色体检验

已知鲁麦8号含有1对7DL·1RS易位染色体^[24],南麦618含1对1BL·1RS易位染色体^[25]。本实验配制了鲁麦8号×南麦618杂交组合,以鉴定其F₁植株含1RS易位染色体的情况。结果显示,来自鲁麦8号×南麦618的F₁植株中,两条染色体的短臂带有Oligo-Ku和Oligo-pSc119.2-1

信号(图1A),根据Oligo-pSc119.2-1的信号模式,确定这两条染色体臂为黑麦1RS。与1条1RS对应的长臂端部区域带有极强的Oligo-pSc119.2-1信号(图1A, B),符合该探针在1B染色体长臂1BL上的信号模式。而另一条1RS对应的长臂带有极强的Oligo-pTa535-1信号(图1B),符合该探针在7D染色体长臂7DL上的信号模式。由此判断F₁植株中含1条1BL·1RS和1条7DL·1RS易位染色体,这也验证了亲本的正确性。



A和B: 以Oligo-Ku、Oligo-pSc119.2-1和Oligo-pTa535-1为探针的顺序ND-FISH分析。标尺=10 μm。

A and B: Sequential ND-FISH analysis using probes Oligo-Ku, Oligo-pSc119.2-1, and Oligo-pTa535-1. Scale bar=10 μm.

图1 鲁麦8号×南麦618的F₁植株中1RS易位染色体的类型分析

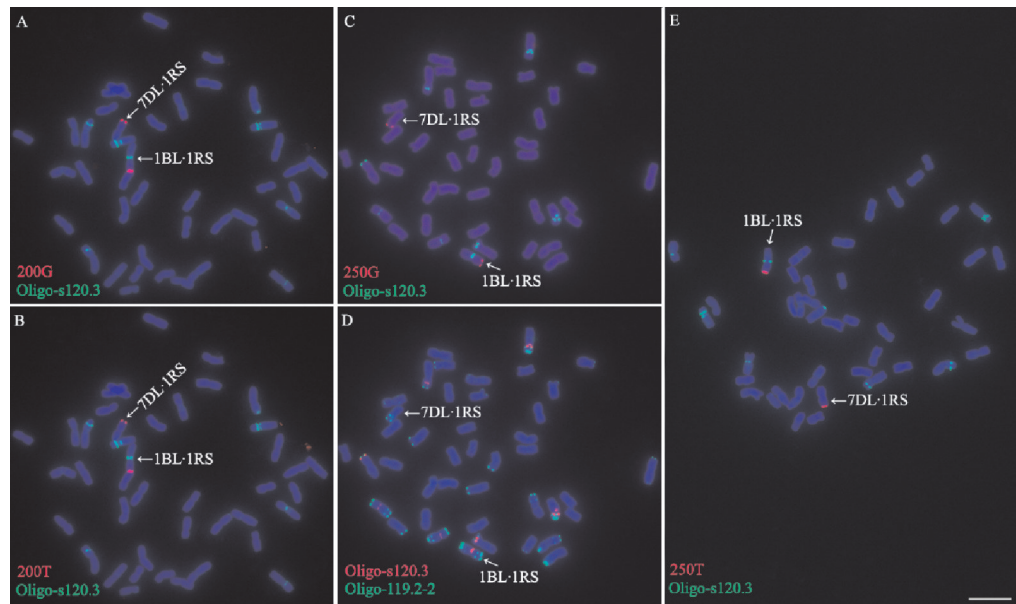
Fig. 1 Analysis of the type of 1RS translocations in the F₁ plants from Lumai 8×Nammai 618

2.2 不同小麦品种(系)中1RS结构差异的细胞学鉴定

新设计的探针中,仅Oligo-119.2-3不能在供试材料的染色体上产生信号。探针200G、200T、250G和250T只在1RS端部区域产生信号(图2~图4),因此可以借助这些探针的信号和随体识别1RS易位染色体。设置了200G+Oligo-s120.3、200T+Oligo-s120.3、250G+Oligo-s120.3、250T+Oligo-s120.3和Oligo-119.2-2+Oligo-s120.3五种探针组合,用以比较南麦618的1RS与其余14个品种(系)的1RS的结构差异。每一个杂交组合的F₁植株中,都有1条1BL·1RS易位染色体中的1BL近着丝粒区域带有较强的Oligo-s120.3信号(图2~图4),表明这条1BL·1RS易位染色体来自南麦618。根据探针在1RS上显

示的信号差异,可以将参试品种(系)中的1RS分为4种类型。探针200G、200T、250T和Oligo-119.2-2在鲁麦8号、陕354和山前麦这3个品种中的1RS上产生的信号明显弱于南麦618(图2),而探针250G产生的信号与南麦618相比却显著的强弱差异(图2)。通过每个探针组合观察的9个细胞都是如此。因此,将鲁麦8号、陕354和山前麦中的1RS归为第一种类型。这表明250T和250G所代表的序列在不同1RS之间存在不一致的差异。

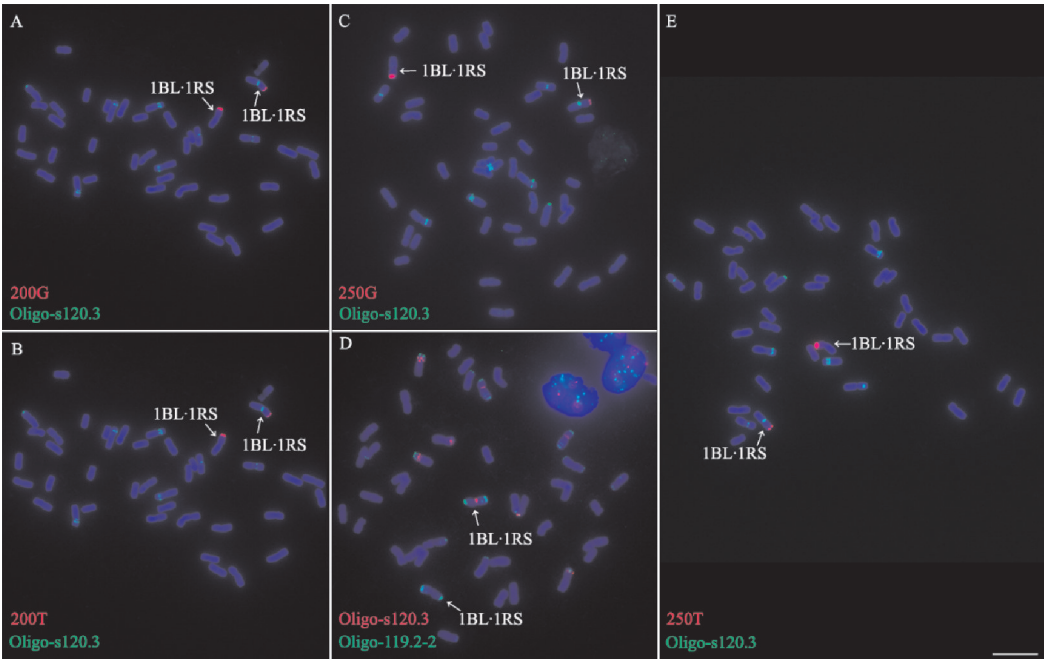
对于来自南麦618×川麦32的F₁植株,利用5种探针组合观察了9个细胞。探针200G、200T、250T和250G在川麦32的1RS上产生的信号明显强于南麦618,而Oligo-119.2-2的信号强弱无明显差异(图3)。9个细胞都是如此。因而将川麦32中的1RS归为第二种类型。



A 和 B:以 Oligo-s120.3、200G 和 200T 为探针的顺序 ND-FISH 分析;C 和 D:以 Oligo-s120.3、250G 和 Oligo-119.2-2 为探针的顺序 ND-FISH 分析;E:以 Oligo-s120.3 和 250T 为探针的 ND-FISH 分析。标尺=10 μ m。携带 Oligo-s120.3 信号的 1BL·1RS 易位染色体来自南麦 618,7DL·1RS 易位染色体来自鲁麦 8 号。

A and B: Sequential ND-FISH using probes Oligo-s120.3, 200G and 200T; C and D: Sequential ND-FISH using probes Oligo-s120.3, 250G and Oligo-119.2-2; E: ND-FISH using probes Oligo-s120.3 and 250T. Bar=10 μ m. The 1BL·1RS translocation chromosome carrying the Oligo-s120.3 signal comes from Nanmai 618, and the 7DL·1RS translocation chromosome comes from Lumai 8.

图 2 鲁麦 8 号×南麦 618 的 F₁ 植株中 1RS 的结构差异
Fig. 2 Structural differences of the 1RS in the F₁ plants from Lumai 8 × Nanmai 618



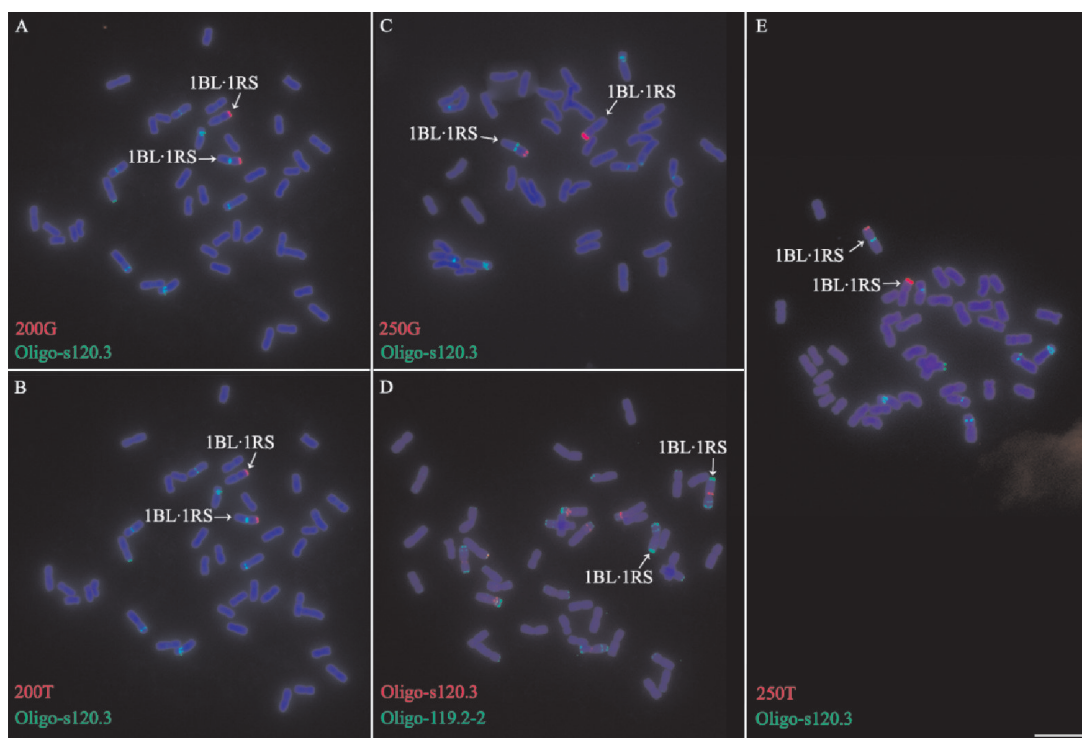
A 和 B:以 Oligo-s120.3、200G 和 200T 为探针的顺序 ND-FISH 分析;C:以 Oligo-s120.3 和 250G 为探针的 ND-FISH 分析;D:以 Oligo-s120.3 和 Oligo-119.2-2 为探针的 ND-FISH 分析;E:以 Oligo-s120.3 和 250T 为探针的 ND-FISH 分析。标尺=10 μ m。携带 Oligo-s120.3 信号的 1BL·1RS 易位染色体来自南麦 618。

A and B: Sequential ND-FISH using probes Oligo-s120.3, 200G and 200T; C: ND-FISH using probes Oligo-s120.3 and 250G; D: ND-FISH using probes Oligo-s120.3 and Oligo-119.2-2; E: ND-FISH using probes Oligo-s120.3 and 250T. Bar=10 μ m. The 1BL·1RS translocation chromosome carrying the Oligo-s120.3 signal comes from Nanmai 618.

图 3 川麦 32×南麦 618 的 F₁ 植株中 1RS 的结构差异
Fig. 3 Structural difference of the 1RS in the F₁ plants from Chuanmai 32 × Nanmai 618

对来自其余 10 个杂交组合的 F_1 植株,利用 5 种探针组合观察的细胞在 9~12 个之间。探针 200G、200T 和 Oligo-119.2-2 在周 8425B、矮抗 58、川麦 55、川农 17、兰考矮早 8、石 4185、烟农 18、晋麦 45、中育 5 号和科农 199 中的 1RS 上产

生的信号与南麦 618 中的信号无明显强弱差异(图 4)。然而,探针 250T 和 250G 在这 10 个品种(系)的 1RS 上产生的信号显著强于南麦 618 中的信号(图 4)。根据这些结果,将这 10 个品种(系)中的 1RS 归为第三种类型。



A 和 B: 以 Oligo-s120.3、200G 和 200T 为探针的顺序 ND-FISH 分析; C: 以 Oligo-s120.3 和 250G 为探针的 ND-FISH 分析; D: 以 Oligo-s120.3 和 Oligo-119.2-2 为探针的 ND-FISH 分析; E: 以 Oligo-s120.3 和 250T 为探针的 ND-FISH 分析。标尺=10 μm 。携带 Oligo-s120.3 信号的 1BL·1RS 易位染色体来自南麦 618。

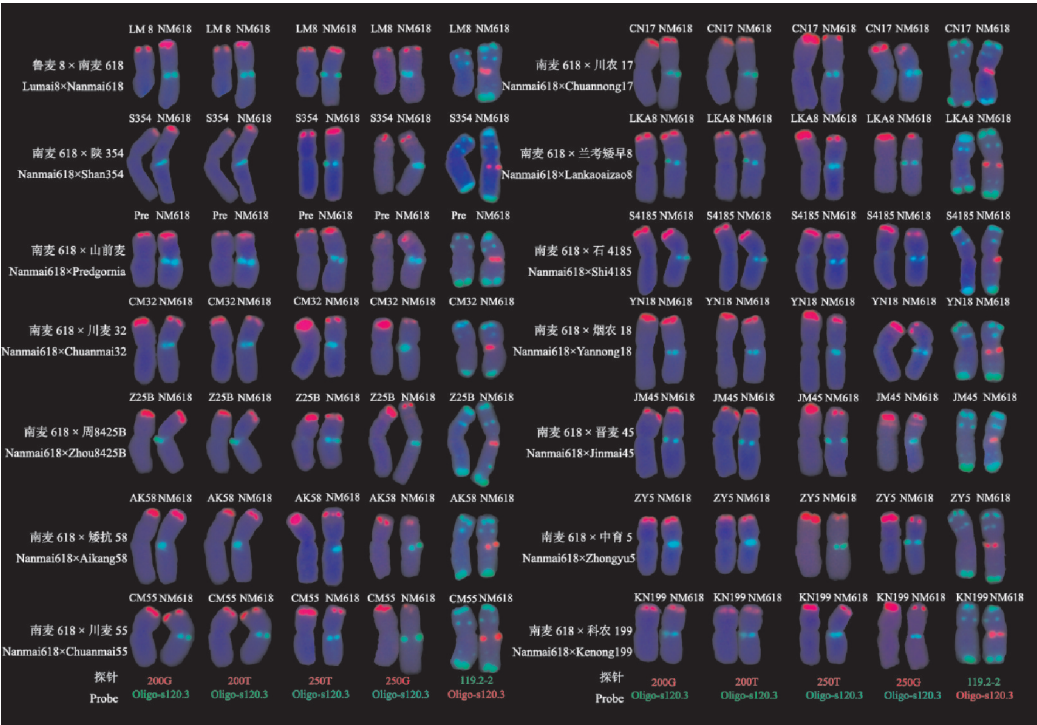
A and B: Sequential ND-FISH using probes Oligo-s120.3, 200G and 200T; C: ND-FISH using probes Oligo-s120.3 and 250G; D: ND-FISH using probes Oligo-s120.3 and Oligo-119.2-2; E: ND-FISH using probes Oligo-s120.3 and 250T. Bar=10 μm . The 1BL·1RS translocation chromosome carrying the Oligo-s120.3 signal comes from Nanmai 618.

图 4 中育 5 号×南麦 618 的 F_1 植株中 1RS 的结构差异

Fig. 4 Structural differences of the 1RS in the F_1 plants from Zhongyu 5 × Nanmai 618

以上结果表明,南麦 618 中的 1RS 结构与其余 14 个品种(系)中的 1RS 均不同,所以将南麦 618 中的 1RS 归为第四种类型。为了更全面地显示各探针在 1RS 上的信号差异,将所有 F_1 植株中的 1BL·1RS 易位染色体进行放大剪贴,排列于同一张图中进行比较(图 5),可以看出,川麦 32 中的 1RS 结构也与其余 14 个品种(系)中的 1RS 不同。来自 pSc200 和 pSc250 的 4 种探针在川麦 32 的 1RS 上产生的信号都显著强于南麦 618 中的 1RS。而这 4 种探针中,至少有 1 种在其他 13 个品种(系)的 1RS 上产生的信号与南麦 618 之

间没有显著的强弱差异。探针 200G 和 200T 产生的信号变化具有一致性,具体表现为,在 14 个品种(系)的 1RS 上,这 2 个探针的信号强度均强于南麦 618,或均弱于南麦 618,或无显著差异(图 5)。而探针 250G 和 250T 在来自鲁麦 8 号、陕 354 和山前麦的杂交 F_1 植株中,没有这样的一致性(图 5)。由此表明这些 1RS 的 pSc250 家族序列中,GC 和 AT 碱基含量存在差异。除了南麦 618×川麦 32 的 F_1 植株外,探针 Oligo-119.2-2 在其余 F_1 植株中体现的信号差异与 200G 和 200T 一致(图 5)。



来自南麦 618 的易位染色体携带 Oligo-s120.3 信号,另外 14 个小麦品种(系)易位染色体不携带 Oligo-s120.3 信号。
The translocation chromosomes from Nanmai 618 carry the Oligo-s120.3 signal, while the translocation chromosomes from the other cultivars(lines) without the Oligo-s120.3 signal.

图 5 14 组杂交 F₁ 植株的 1BL·1RS 染色体的剪贴图

Fig. 5 Diagram of 1BL·1RS chromosomes from the 14 types of F₁ plants

3 讨论

已有报道使用寡核苷酸探针 Oligo-pSc119.2、Oligo-pSc200 和 Oligo-pSc250 鉴定了 102 份 1BL·1RS 和 1 份 1AL·1RS 小麦易位品种(系),其中包含了本研究所用的小麦易位品种(系),但并未发现这些小麦易位品种(系)中 1RS 臂的细胞学结构差异^[8]。这是因为在已有的报道中,每份小麦易位品种(系)是在各自独立的条件下进行 ND-FISH 分析,除了探针信号的有无可以进行比较之外,探针信号的强弱并不能相互比较^[8]。本研究采用杂交的方式将两个不同小麦品种(系)中的 1RS 易位染色体导入同一个细胞核,然后进行 ND-FISH 分析。这保证了在 ND-FISH 分析过程中,两条 1RS 所接受的杂交条件是相同的,避免了因探针浓度差异、杂交时间差异以及照相时的曝光强度差异导致的信号误差。加上 3 个植株的重复和多个细胞的观察,能够保证探针信号强弱差异的真实性。因此,本研究通过探针信号强度差异,分析了 1RS 亚端部区域串联重复序列的

组成差异,从而体现不同小麦品种(系)中的 1RS 在结构上的差异。此外,已有的报道所使用的探针没有体现 GC 和 AT 碱基含量的差异^[8],这也可能是检测不出 1RS 结构差异的原因。

串联重复序列 pSc119.2、pSc200 和 pSc250 在黑麦基因组进化中起着重要作用^[13]。黑麦 1RS 亚端部的主要串联重复序列 pSc119.2、pSc200 和 pSc250 通过特定的排列组合形成包含多个基本重复单元的多聚体结构^[13],因而他们在 1RS 上的组成差异可以体现 1RS 的遗传多样性。探针 200G、200T、250G、250T 和 Oligo-119.2-2 都体现了 1RS 的结构差异。以南麦 618 为参照,200G 和 200T 所代表的序列在 14 个小麦品种(系)中的 1RS 上的拷贝数变异是一致的,表明不同 1RS 中 pSc200 家族序列的 GC 和 AT 碱基组成是一致的。250G 和 250T 所代表的序列在鲁麦 8 号、山前麦和陕 354 中的变异不一致,即这 3 个品种中的 1RS,250G 代表的序列拷贝数与南麦 618 无差异,而 250T 代表的 AT 含量丰富的序列拷贝数低于南麦 618。这表明不同 1RS 中 pSc250 家

族序列的 GC 和 AT 碱基组成不一致。同样, Oligo-119. 2-3 不能产生杂交信号, 可能是因为该探针代表的 AT 含量丰富的序列在这些材料中的拷贝数极低, 而 Oligo-119. 2-2 所代表的 GC 含量丰富的序列拷贝数高。因此, 不同 1RS 中的串联重复序列 pSc119. 2 和 pSc250 的 GC 和 AT 碱基组成不一致。

南麦 618 中的 1RS 与供试的其余 14 份小麦易位品种(系)中的 1RS 都不相同, 其 1RS 可能来源于攀早抗, 但具体来源仍不清楚^[25]。另外, 南麦 618 的 1BL 染色体上带有特异的 Oligo-s120. 3 信号^[16], 这一核型特征应源于其亲本材料在育种过程中的遗传传递, 从而使该品种形成区别于其他品种(系)的独特核型。这 15 份小麦易位品种(系)中的 1RS 可以分为 4 个类型。南麦 618 和川麦 32 中的 1RS 各自属于独立类型, 鲁麦 8 号、陕 354 和山前麦中的 1RS 为一种类型, 其余 10 个小麦品种(系)中的 1RS 属于一种类型。川麦 32 中的 1RS 来源尚不清楚, 但其 1RS 结构与其他 14 个小麦品种(系)都不相同。鲁麦 8 号的 1RS 来源于矮孟牛^[26], 矮孟牛和山前麦中的 1RS 来自黑麦 Petkus^[1, 27], 陕 354 属于洛类品种, 其 1RS 也来自黑麦 Petkus^[1], 它们中的 1RS 具有相似的结构, 因此推测陕 354 中的 1RS 来源与它们相同。小麦品种石 4185、烟农 18、晋麦 45 和中育 5 号也都属于洛类品种^[1], 但它们的 1RS 结构与鲁麦 8 号、山前麦和陕 354 不同。有两种可能的原因可以解释这一现象: 第一是在种子收集和传递过程中出现了混淆; 第二是 1RS 自身发生了变异。泛基因组分析表明, 不同小麦品种中的 1RS 携带的 pSc200 串联重复序列存在缺失变异^[9]。已有报道指出 1RS 可以在亚端部的串联重复序列聚集区发生不等交叉重组, 从而导致串联重复序列的拷贝数差异^[15]。因此可以推测, 1RS 的结构差异很可能由其自身串联重复序列的变异导致。然而, 这种结构差异有什么样的遗传效应, 值得进一步研究。周 8425B 作为黄淮麦区的骨干亲本, 其 1RS 可能来源于广麦 74 或山前麦^[1]。本研究所用的材料中, 只有矮抗 58 是周 8425B 的衍生后代^[28], 它们的 1RS 结构一致。尽管基因组测序显示矮抗 58 与周 8425B 的 1RS 之间, 存在本研究所采用的方法无法检测的变异^[10], 但本研究所采用的方法可以直观、方便地呈现 1RS 的结构差异。

综合分析认为, 中国小麦品种(系)中 1RS 在串联重复序列等结构上存在丰富的变异, 在一定程度上反映了它们的遗传多样性。这些基于寡核苷酸探针信号的差异为进一步追溯这些 1RS 的来源以及研究其变异机制提供了参考。

参考文献:

- [1]唐怀君, 殷贵鸿, 夏先春, 等. 1BL · 1RS 特异性分子标记的筛选及其对不同来源小麦品种 1RS 易位染色体的鉴定[J]. 作物学报, 2009, 35(11): 2107.
TANG H J, YIN G H, XIA X C, *et al.* Evaluation of molecular markers specific for 1BL · 1RS translocation and characterization of 1RS chromosome in wheat varieties from different origins [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2009, 35(11): 2107.
- [2]LIU H, TANG H P, DING P Y, *et al.* Effects of the 1BL/1RS translocation on 24 traits in a recombinant inbred line population [J]. *Cereal Research Communications*, 2020, 48(2): 225.
- [3]HOHN C E, BEKTAS H. Preliminary tests indicate the absence of polymorphism among 1RS · 1BL translocations in wheat for root biomass enhancement [J]. *Euphytica*, 2021, 217(4): 76.
- [4]任天恒, 陈放, 张怀琼, 等. 1RS · 1BL 易位在川农号系列小麦新品种选育中的作用[J]. 麦类作物学报, 2011, 31(3): 430.
REN T H, CHEN F, ZHANG H Q, *et al.* Application of 1RS · 1BL translocation in the breeding of “Chuannong” series wheat cultivars [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2011, 31(3): 430.
- [5]WANG J, LIU Y L, SU H D, *et al.* Centromere structure and function analysis in wheat-rye translocation lines [J]. *The Plant Journal*, 2017, 91(2): 199.
- [6]RABINOVICH S V. Importance of wheat-rye translocations for breeding modern cultivar of *Triticum aestivum* L. [J]. *Euphytica*, 1998, 100(1): 323.
- [7]SCHLEGEL R, KORZUN V. About the origin of 1RS · 1BL wheat-rye chromosome translocations from Germany [J]. *Plant Breeding*, 1997, 116(6): 537.
- [8]LUO J, LIAO R Y, DUAN Y L, *et al.* Variations of subtelomeric tandem repeats and rDNA on chromosome 1RS arms in the genus *Secale* and 1BL · 1RS translocations [J]. *BMC Plant Biology*, 2022, 22(1): 212.
- [9]JIAO C Z, XIE X M, HAO C Y, *et al.* Pan-genome bridges wheat structural variations with habitat and breeding [J]. *Nature*, 2025, 637(8045): 384.
- [10]LI G W, REN Y, YANG Y X, *et al.* Genomic analysis of Zhou 8425B, a key founder parent, reveals its genetic contributions to elite agronomic traits in wheat breeding [J]. *Plant Communications*, 2025, 6(3): 101222.
- [11]HUANG X Y, ZHU M Q, ZHUANG L F, *et al.* Structural chromosome rearrangements and polymorphisms identified in Chinese wheat cultivars by high-resolution multiplex oligonucleotide FISH [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2018,

- 131(9):1967.
- [12] GUO J, GAO D, GONG W P, *et al.* Genetic diversity in common wheat lines revealed by fluorescence *in situ* hybridization [J]. *Plant Systematics and Evolution*, 2019, 305(3): 247.
- [13] EVTUSHENKO E V, LEVITSKY V G, ELISAFENKO E A, *et al.* The expansion of heterochromatin blocks in rye reflects the co-amplification of tandem repeats and adjacent transposable elements [J]. *BMC Genomics*, 2016, 17:337.
- [14] GUO J T, LEI Y H, ZHANG H T, *et al.* Frequent variations in tandem repeats pSc200 and pSc119.2 cause rapid chromosome evolution of open-pollinated rye [J]. *Molecular Breeding*, 2019, 39(9):133.
- [15] XIONG Z Y, LUO J, ZOU Y, *et al.* The different subtelomeric structure among 1RS arms in wheat-rye 1BL·1RS translocations affecting their meiotic recombination and inducing their structural variation [J]. *BMC Genomics*, 2023, 24(1):455.
- [16] HU Z L, LUO J T, WAN L R, *et al.* Chromosomes polymorphisms of Sichuan wheat cultivars displayed by ND-FISH landmarks [J]. *Cereal Research Communications*, 2022, 50(2):253.
- [17] XIAO Z Q, TANG S Y, QIU L, *et al.* Oligonucleotides and ND-FISH displaying different arrangements of tandem repeats and identification of *Dasyphyrum villosum* chromosomes in wheat backgrounds [J]. *Molecules*, 2017, 22(6): 973.
- [18] TANG Z X, YANG Z J, FU S L. 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.
- [19] TANG S Y, QIU L, XIAO Z Q, *et al.* New oligonucleotide probes for ND-FISH analysis to identify barley chromosomes and to investigate polymorphisms of wheat chromosomes [J]. *Genes*, 2016, 7(12):118.
- [20] HAN F P, LAMB J C, BIRCHLER J A. High frequency of centromere inactivation resulting in stable dicentric chromosomes of maize [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2006, 103(9): 3238.
- [21] FU S L, CHEN L, WANG Y Y, *et al.* Oligonucleotide probes for ND-FISH analysis to identify rye and wheat chromosomes [J]. *Scientific Reports*, 2015, 5:10552.
- [22] VERSHININ A V, SCHWARZACHER T, HESLOP-HARRISON J S. The large-scale genomic organization of repetitive DNA families at the telomeres of rye chromosomes [J]. *The Plant Cell*, 1995, 7(11):1823.
- [23] MCINTYRE C L, PEREIRA S, MORAN L B, *et al.* New *Secale cereale* (rye) DNA derivatives for the detection of rye chromosome segments in wheat [J]. *Genome*, 1990, 33(5): 635.
- [24] QI Z J, CHEN P D, LIU D J, *et al.* A new secondary reciprocal translocation discovered in Chinese wheat [J]. *Euphytica*, 2004, 137(3):333.
- [25] 蒯 玮, 蒋 进, 唐宗祥, 等. 南麦系列小麦品种的染色体结构演变[J]. 麦类作物学报, 2019, 39(5):567.
- XI W, JIANG J, TANG Z X, *et al.* Structural variation of chromosomes of Nanmai wheat varieties [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2019, 39(5):567.
- [26] 亓增军, 刘大钧, 陈佩度, 等. 冬小麦种质“矮孟牛”中新型小麦-黑麦复杂易位的遗传传递分析[J]. 作物学报, 2001, 27(5):582.
- QI Z J, LIU D J, CHEN P D, *et al.* Genetic transmission characteristics of the new wheat-rye complex translocation discovered in winter wheat germplasm aimengniu [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2001, 27(5):582.
- [27] 郑殿升. 冬小麦品种牛朱特及其衍生物[J]. 作物品种资源, 1985(1):48.
- ZHENG D S. Winter wheat variety Niuzhute and its derivatives [J]. *China Seed Industry*, 1985(1):48.
- [28] 李侃佳, 许 豪, 于士男, 等. 小麦骨干亲本周 8425B 抗条锈病优异基因在其衍生品种中的遗传解析[J]. 作物学报, 2024, 50(1):16.
- LI Y J, XU H, YU S N, *et al.* Genetic analysis of elite stripe rust resistance genes of founder parent Zhou 8425B in its derived varieties [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2024, 50(1):16.