

小麦穗发芽基因等位变异及其区域分布研究

王黎明^{1,2}, 李永霞¹, 高华利^{1,2,3}, 王春平¹, 王洪刚², 李兴锋^{2*}

(1 河南科技大学 农学院, 河南洛阳 471003; 2 山东农业大学 农学院/作物生物学国家重点实验室, 山东泰安 271018; 3 河南省黄泛区农场, 河南周口 466000)

摘 要: 为了解中国不同麦区小麦种质资源抗穗发芽基因的等位变异与分布特征, 利用小麦抗穗发芽相关的 *Vp1B3* 和 *Dorm-1* 标记对 7 个不同麦区的 446 份小麦种质资源的等位变异和分布差异进行了检测。结果表明: (1) 利用标记 *Vp1B3* 检测出 *Vp1* 的等位基因共有 3 种类型, 分别为 *Vp1Bc* (与抗穗发芽相关)、*Vp1Ba* (与感穗发芽相关)、*Vp1Bb* (与抗穗发芽相关), 其频率分别为 62.8%、32.9% 和 4.3%。(2) 标记 *Dorm-1* 在供试材料中共检测出 2 种特异性条带, 分别为 468 bp (*DormB1a*, 与感穗发芽相关) 和 606 bp (*DormB1b*, 与抗穗发芽相关), 所占比例分别为 98.6% 和 1.4%。(3) 具有 *DormB1b* 基因型的种质主要分布在黄淮冬麦区和长江中下游冬麦区, 比例分别为 5.1% 和 1.9%; 具有 (*Vp1Bc*+*Vp1Bb*) 基因型 (组合) 的种质在长江中下游冬麦区和西南冬麦区分布最多, 比例分别为 75.0% 和 74.1%。(4) 通过标记 *Vp1B3* 和 *Dorm-1* 的综合鉴定, 共筛选出同时携带 *Vp1* 与 *Dorm-B1* 位点种质 6 份, 分别是‘陕麦 611’、‘郑农 19’、‘豫 49-198’、‘信阳 0913’、‘咸阳大穗’与‘徐州 8066’, 可以作为抗穗发芽育种的参考亲本。

关键词: 普通小麦; 麦区; 穗发芽; 功能标记; 分子标记辅助选择

中图分类号: Q789; S512.1 **文献标志码:** A

Molecular Identification and Distribution of Pre-harvest Sprouting (PHS) Genes in Different Common Wheat Regions of China

WANG Liming^{1,2}, LI Yongxia¹, GAO Huali^{1,2,3},
WANG Chunping¹, WANG Honggang², LI Xingfeng^{2*}

(1 Agronomy College, Henan University of Science and Technology, Luoyang, He'nan 471003, China; 2 State Key Laboratory of Crop Biology, Agronomy College, Shandong Agricultural University, Tai'an, Shandong 271018, China; 3 Huangfanqu Farm in Henan Province, Zhoukou, He'nan 466600, China)

Abstract: In order to understand the allelic variation and distribution of pre-harvest sprouting (PHS) genes in wheat varieties of different regions, we genotyped 446 wheat cultivars from 7 wheat regions by the functional markers *Vp1B3* and *Dorm-1* related to PHS resistance in China. The results indicated that: (1) *Vp1* had three allelic variations detected by the marker *Vp1B3*: *Vp1Bc* (related to resistant PHS), *Vp1Bb* (related to resistant PHS) and *Vp1Ba* (related to susceptible PHS), and their frequencies were 62.8%, 4.3% and 32.9%, respectively. (2) *Dorm-B1* had two kinds of specific bands detected by the marker *Dorm-1*: 468 bp (genotype of *DormB1a*, correlated with susceptible PHS) and 606 bp (genotype of

收稿日期: 2018-08-30; 修改稿收到日期: 2018-12-25

基金项目: 国家自然科学基金(U1304318); 山东农业大学作物生物学国家重点实验室开放基金(2008KF01); “十三五”国家重点研发计划(2018YFD010141); 河南省自然科学基金(162300410077); 河南省国际合作项目(172102410052)

作者简介: 王黎明(1976—), 男, 博士, 副教授, 主要从事小麦的种质创新及分子育种工作。E-mail: lmwang1@163.com

* 通信作者: 李兴锋, 博士, 教授, 主要从事生物技术与小麦遗传改良的理论与应用研究。E-mail: lixf@sdau.edu.cn

DormB1b, correlated with resistant PHS) accounted for 98.6% and 1.4%, respectively. (3) The detection by marker Dorm-1 showed wheat germplasms with the genotype of *Dorm-B* were distributed in Huanghuai winter wheat region (HHWWR) and Yangtze River middle-lower reaches winter wheat region (YMWWR), with the ratios of 5.1% and 1.9%, respectively. The results of Vp1B3 indicated that wheat germplasms with (*Vp1Bc* + *Vp1Bb*) genotype (combination) were mostly distributed in YMWWR and Southwestern winter wheat region (SWWWR) with the ratios of 75.0% and 74.1%, respectively. (4) Through the comprehensive identification of Vp1B3 and Dorm-1 markers, 6 accessions of *Vp1* and *Dorm-B1* loci related to resistant PHS were screened out, which were ‘Shanmai 611’, ‘Zhengnong 19’, ‘Yu 49-198’, ‘Xinyang 0913’, ‘XianyangDasui’ and ‘Xuzhou 8066’, respectively. These accessions could be used as reference parents for PHS resistance breeding.

Key words: common wheat; wheat region; PHS; functional marker; molecular marker-assisted selection

穗发芽是一种世界性的自然灾害,严重降低小麦产量,劣化小麦品质尤其是影响加工品质^[1]。全球每年由小麦穗发芽引起的直接经济损失约为 10 亿美元^[2]。抗穗发芽是中国乃至世界小麦品质育种中亟待解决的关键问题之一。

穗发芽受多种因素综合影响,种子休眠水平是决定小麦穗发芽抗性强弱的一个主要遗传因素^[3-4],包括主效基因与微效基因等多个遗传位点。目前,与穗发芽抗性有关的主效 QTL 在 4A^[5]、4B 与 4D^[6]以及 6B 与 7D^[7]等多条染色体上都有分布,已鉴定的与小麦种子休眠/穗发芽抗性相关的基因主要有 *Vp1*^[8]、*Tamyb10-1*^[9]、*TaMFT*^[10]、*TaSdr*^[11]和 *Dorm-B1*^[12]等。其中 *Vp1* 基因是参与调控小麦种子休眠形成的重要转录因子,Yang 等^[13]利用开发出的位于普通小麦 3BL 上的 *Vp1* 基因 STS 标记 Vp1B3,该标记可信度很高,是有效用于小麦抗穗发芽种质筛选的功能性标记^[14-16]。张春利等^[12]根据基因 *Dorm-B1* 在穗发芽抗、感品种间的差异,开发出定位于 7BL 上的 STS 标记 Dorm-1,该标记在大多数抗穗发芽品种中扩增出 606 bp 片段,而在绝大多数穗发芽品种中扩增出 468 bp 片段。近年来,利用上述开发的部分标记相继对四川^[15-16]、山东^[17]、

黑龙江^[18]、新疆^[19]、长江中下游^[20]与扬麦系列^[21]、西部春麦^[22]以及历史品种^[23]等多个地区的小麦种质(品种)的抗穗发芽基因位点进行了检测,但研究材料大多局限在单一生态区(单一省份),而综合利用多个功能标记同时对多个生态区开展不同抗穗发芽相关基因等位变异及其分布的研究报道较少。因此,本研究综合利用 STS 功能标记 Vp1B3 和 Dorm-1 对 7 个不同麦区的 446 份小麦种质资源的等位变异和分布差异进行检测分析,并进行抗穗发芽小麦种质资源的筛选,为培育高抗穗发芽的小麦品种提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 材 料

供试小麦品种(系)来自中国 7 个小麦生产区,共计 446 份材料(表 1)。所有材料均来源于河南科技大学小麦种质创新与分子育种团队,于 2014~2016 年统一种植于河南科技大学农学院农场,田间管理均按常规方法进行。

1.2 方 法

1.2.1 DNA 的提取 每份供试材料选取 3 粒有代表性的种子,发苗并取适量新鲜幼嫩的叶片,参照

表 1 供试小麦品种(系)及其麦区分布情况

Table 1 Wheat cultivars collected from different wheat regions of China

代 码 Code	小麦生产区 Wheat growing region	品种(系)数 Cultivars (lines)
I	黄淮冬麦区 Huanghuai winter wheat region (HHWWR)	215
II	北部冬麦区 Northern winter wheat region (NWWR)	109
III	西南冬麦区 Southwestern winter wheat region (SWWWR)	58
IV	长江中下游冬麦区 Yangtze River middle-lower reaches winter wheat region (YMWWR)	52
V	青藏高原冬麦区 Qingzang spring winter wheat region (QSWWR)	3
VI	东北春麦区 Northeastern spring wheat region (NESWR)	4
VII	西北春麦区 Northwestern spring wheat region (NWSWR)	5

CTAB 法^[24]提取基因组 DNA,用琼脂糖凝胶电泳技术检测 DNA 质量。

1.2.2 STS 标记 分别利用小麦 3B 染色体上穗发芽基因 *Vp1* 的 STS 功能标记 *Vp1B3* 和 7BL 染色体上穗发芽基因 *Dorm-B1* 功能标记 *Dorm-1* 检测其在不同麦区小麦中的等位变异。标记的引物由上海生工生物工程技术服务公司合成(表 2)。

1.2.3 PCR 扩增与电泳检测 PCR 反应体系为 20 μL ,包括 20 mmol $\cdot\text{L}^{-1}$ Tris-HCl (pH8.4)、20 mmol $\cdot\text{L}^{-1}$ KCl、200 $\mu\text{mol} \cdot\text{L}^{-1}$ dNTPs、1.5 mmol $\cdot\text{L}^{-1}$ MgCl_2 、每条引物 0.01 μmol 、Taq DNA 聚合酶 1.5 U、模板 DNA 80 ng。PCR 反应在 T100TM Thermal Cycler (Bio-Rad)进行,其中,标记 *Vp1B3* 的反应采用 Touchdown PCR 程序:94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 5 min;94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 60 s,62 $^{\circ}\text{C}$ 开始,每个循环降低 0.3 $^{\circ}\text{C}$,退火 30 s,72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 1 min,36 个循环;72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 10 min;4 $^{\circ}\text{C}$ 保温。标记 *Dorm-1* 的 PCR 程序为:95 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 5 min;95 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s,66 $^{\circ}\text{C}$ 退火 30 s,72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 60 s,40 个循环;72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 5 min;4 $^{\circ}\text{C}$ 保温。扩增产物采用 0.08 kg $\cdot\text{L}^{-1}$ 的非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离检测,缓冲液体系为 1 $\times$ TBE 溶液,110 V 恒定电压电泳 3 h 左右(视 PCR 扩增片段大小、带型及环境温度适当调整电泳时间),银染显影后,用 Tanon Gis-2010 型凝胶成像系统

扫描成像并存入计算机。根据每个材料的检测结果推断穗发芽活性相关基因类型,并对每个基因的等位变异及其在不同麦区的频率分布分别进行统计分析。

2 结果与分析

2.1 不同麦区小麦穗发芽基因 *Vp1* 的等位变异及其分布特征

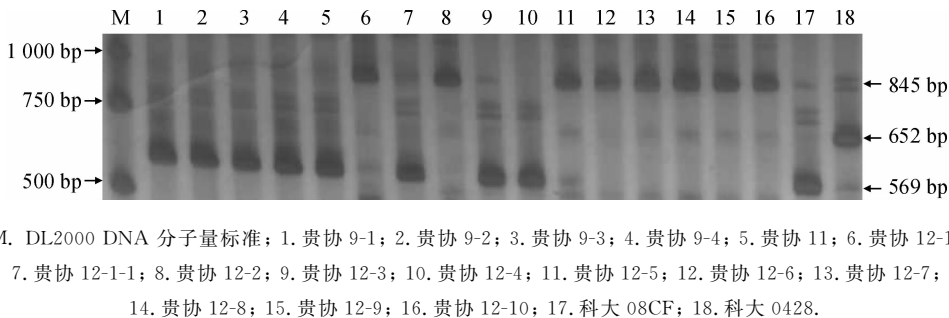
穗发芽基因 *Vp1* 的功能标记 *Vp1B3* 在供试的 446 份材料中分别扩增出 652 bp、845 bp 和 569 bp 等 3 种基因片段(图 1),其所对应的基因型分别为 *Vp1Ba*(感穗发芽)、*Vp1Bb*(抗穗发芽)和 *Vp1Bc*(抗穗发芽)。

进一步对 *Vp1* 不同等位基因频率进行统计结果(表 3)发现,基因型为 *Vp1Ba* 材料共有 147 份,所占比例为 32.9%;基因型为 *Vp1Bb* 的材料共计 19 份,所占比例为 4.3%;基因型为 *Vp1Bc* 的材料有 280 份,所占比例为 62.8%。同时,综合表 3 和图 2,A)可知,*Vp1Ba*、*Vp1Bb*、*Vp1Bc* 三种等位变异在不同麦区的分布存在明显差异:*Vp1Ba* 分布于所有麦区,黄淮冬麦区和北部冬麦区分布频率最高,均为 35.8%;*Vp1Bb* 仅仅分布在西南冬麦区(13 份)和北部冬麦区(4 份)与黄淮冬麦区(2 份)等 3 个麦区,比率分别为 22.4%、3.7%、0.9%;*Vp1Bc* 是各个麦区主要抗穗发芽基因位点,在长江中下游冬

表 2 本研究所用小麦穗发芽相关基因功能标记

Table 2 Functional markers of genes on pre-harvest sprouting of wheat

标记 Marker	引物序列 Primer sequence (5'→3')		扩增片段 Fragment size/bp	目标等位变异 Targeted allele
	正向 Forward	反向 Reverse		
Dorm-1	G TTCCTCCCAACCAATCTCA	G CCGGTCTAAACGTACGA	606/468	<i>Dorm-B1b/Dorm-B1a</i>
Vp1B3	TGCTCCTTTCCCAATTGG	A CCCTCCTGCAGCTCATTG	652/845/569	<i>Vp1Ba/Vp1Bb/Vp1Bc</i>



M. DL2000 DNA 分子量标准; 1. 贵协 9-1; 2. 贵协 9-2; 3. 贵协 9-3; 4. 贵协 9-4; 5. 贵协 11; 6. 贵协 12-1; 7. 贵协 12-1-1; 8. 贵协 12-2; 9. 贵协 12-3; 10. 贵协 12-4; 11. 贵协 12-5; 12. 贵协 12-6; 13. 贵协 12-7; 14. 贵协 12-8; 15. 贵协 12-9; 16. 贵协 12-10; 17. 科大 08CF; 18. 科大 0428.

图 1 *Vp1B3* 检测不同麦区部分参试小麦品种(系)穗发芽基因 *Vp1* 等位变异

M. DL2000 marker; 1. Guixie 9-1; 2. Guixie 9-2; 3. Guixie 9-3; 4. Guixie 9-4; 5. Guixie 11; 6. Guixie 12-1; 7. Guixie 12-1-1; 8. Guixie 12-2; 9. Guixie 12-3; 10. Guixie 12-4; 11. Guixie 12-5; 12. Guixie 12-6; 13. Guixie 12-7; 14. Guixie 12-8; 15. Guixie 12-9; 16. Guixie 12-10; 17. KD 08CF; 18. KD 0428

Fig. 1 Allelic variation of wheat cultivars(lines) from different wheat growing regions by the marker of *Vp1B3* for *Vp1*

表 3 小麦穗发芽基因 *Dorm-B1* 与 *Vp1* 等位变异及其在不同麦区分布

Table 3 Distribution of wheat different PHS genes of *Dorm-B1* and *Vp1* in different wheat growing regions

基因型 Genotype	麦区 Wheat growing region	小麦生产区 Wheat growing region							平均 Mean		
		I	II	III	IV	V	VI	VII			
Dorm-B1	B1a	品种(系)数 No. of cultivars	204	109	58	51	3	4	5	434	
		频率 Frequency /%	94.9	100	100	98.1	100	100	100	97.3	
	B1b	品种(系)数 No. of cultivars	11	0	0	1	0	0	0	12	
		频率 Frequency/ %	5.1	0	0	1.9	0	0	0	2.7	
	合计 Total	品种(系)数 No. of cultivars	215	109	58	52	3	4	5	446	
		频率 Frequency/ %	100	100	100	100	100	100	100	100	
	Vp1	Vp1Ba	品种(系)数 No. of cultivars	77	39	15	13	0	1	2	147
			频率 Frequency/ %	35.8	35.8	25.9	25	0	25	40	32.9
Vp1Bb		品种(系)数 No. of cultivars	2	4	13	0	0	0	0	19	
		频率 Frequency/ %	0.9	3.7	22.4	0	0	0	0	4.3	
Vp1Bc		品种(系)数 No. of cultivars	136	66	30	39	3	3	3	280	
		频率 Frequency/ %	63.3	60.6	51.7	75	100	75	60	62.8	
合计 Total		品种(系)数 No. of cultivars	215	109	58	52	3	4	5	446	
		频率 Frequency/ %	100	100	100	100	100	100	100	100	

注: I ~Ⅶ同表 1,下同
Note: I —Ⅶ same as in Table 1,the same as below

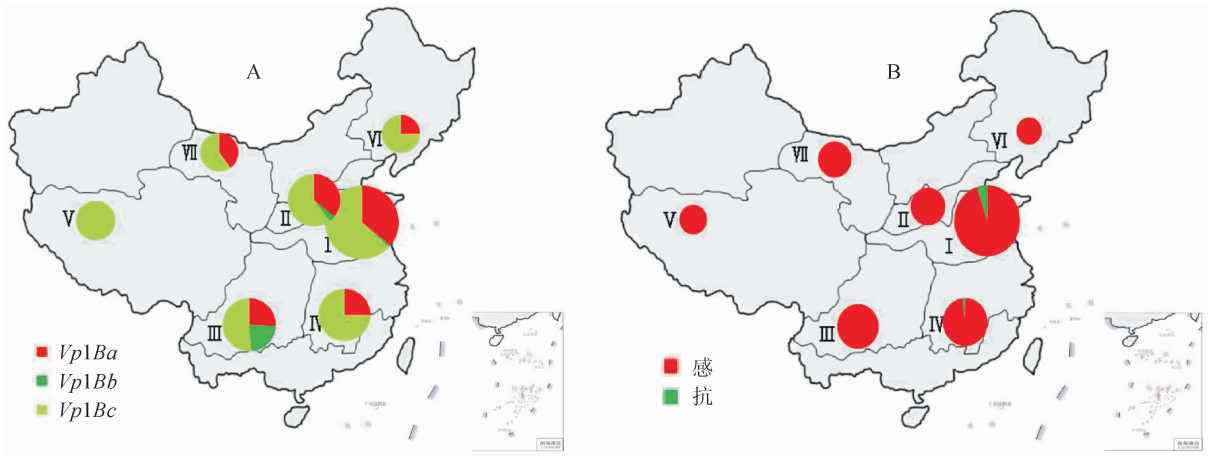


图 2 小麦穗发芽基因 *Vp1*(A)与 *Dorm-B1*(B)等位基因在不同麦区的分布

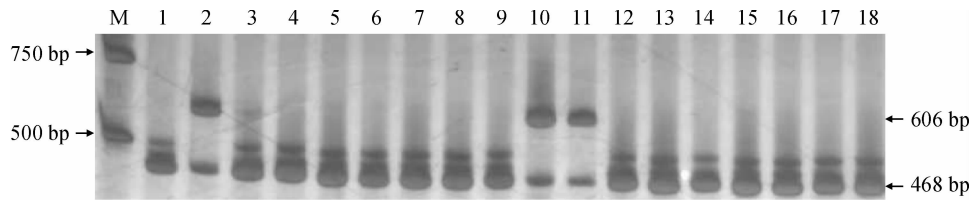
Fig. 2 Distribution of the gene alleles of *Vp1* (A) and *Dorm-B1*(B) in different wheat growing regions

麦区和黄淮冬麦区的分布频率较高,分别达到75.0%和63.3%。整体来看,7个不同麦区均表现为抗穗发芽基因位点(*Vp1Bb*+*Vp1Bc*)高于穗发芽基因型 *Vp1Ba*,(*Vp1Bb*+*Vp1Bc*):*Vp1Ba* 约为67:33,其中,长江中下游冬麦区、西南冬麦区抗穗发芽基因位点分布频率最高,分别为75%、74.1%。

2.2 不同麦区小麦穗发芽基因 *Dorm-B1* 的等位变异及其分布特征

标记 *Dorm-1* 在不同麦区小麦材料中共扩增出

468 bp 和 606 bp 的基因片段(图 3、表 3),分别对应穗发芽基因 *Dorm-B1* 的易穗发芽基因型 *Dorm-B1a* 与抗穗发芽基因型 *Dorm-B1b*,表明 *Dorm-B1* 仅仅具有两种等位变异位点。在供试的 446 份小麦种质中,扩增条带大小为 468 bp 具有 *Dorm-B1a* 基因型的材料高达 434 份,所占比例为 97.3%;扩增条带大小为 606 bp 具有 *Dorm-B1b* 基因型的材料共有 11 份,所占比例仅为 5.1%;整体来看,基因型 *Dorm-B1b* 远低于 *Dorm-B1a*,供试小麦资源在 *Dorm-*



M. DL2000 分子量标准; 1. 小偃 22; 2. 小偃 22-3; 3. 小偃 135A; 4. 小偃 6 号; 5. 小偃 81; 6. 西农 126; 7. 西农 9871; 8. 西农 177; 9. 西农 291; 10. 西农 88; 11. 西农 2000; 12. 西农 2611; 13. 西农 889; 14. 西农 979; 15. 西农 2595; 16. 西农 3517; 17. 西农 B22; 18. 陕麦 107

图 3 标记 Dorm-1 检测不同麦区部分参试小麦品种(系)穗发芽基因 *Dorm-B1* 等位变异

M. DL2000 marker; 1. Xiaoyan 22; 2. Xiaoyan 22-3; 3. Xiaoyan 135A; 4. Xiaoyan6; 5. Xiaoyan 81; 6. Xinong 126; 7. Xinong 9871; 8. Xinong 177; 9. Xinong 291; 10. Xinong 88; 11. Xinong 2000; 12. Xinong 2611; 13. Xinong 889; 14. Xinong 979; 15. Xinong 2595; 16. Xinong 3517; 17. Xinong B22; 18. Shaanmai 107

Fig. 3 Identification of genes *Dorm-B1* for partial wheat cultivars from different wheat growing regions by Dorm-1

B1 位点表现抗穗发芽的种质很少。就 *Dorm-B1* 等位变异位点在不同麦区的频率分布来看, *Dorm-B1b* 仅仅分布在黄淮冬麦区与长江中下游麦区(图 2, B、表 3), 其频率分别为 5.1%、1.9%。

鉴于标记 Dorm-1 检测带有抗穗发芽基因型 *Dorm-B1b* 的检出率偏低, 没有对供试材料穗发芽基因 *Vp1* 与 *Dorm-B1* 等位变异组合进行统计, 在所有 446 份材料中, 检测到‘陕麦 611’、‘郑农 19’、‘豫 49-198’、‘信阳 0913’、‘咸阳大穗’与‘徐州 8066’在 *Vp1* 与 *Dorm-B1* 位点均携带有穗发芽抗性基因, 其基因型组合均为(*Vp1B1c*+*Dorm-B1b*)。

3 讨论

本研究分别利用已开发出的穗发芽相关基因的功能标记 *Vp1B3* 和 Dorm-1 对 7 个不同生态区的 446 份小麦种质进行分子检测, 发现穗发芽基因 *Vp1* 具有易抗穗发芽基因型 *Vp1Bc*、*Vp1Bb* 与易感穗发芽基因型 *Vp1Ba* 共 3 种基因型, 这与郭凤芝等^[17]、王亮等^[19]、马文洁等^[20]、刘莉等^[22] 研究结果类似。但是 3 种基因型所占比例并不完全相同, 其原因可能在于实验所用材料来源及其构成不同。本研究所用种质主要由来源于 7 个生态区推广的小麦品种以及多个育种单位近年来所筛选出的高代品系, 研究发现 *Vp1Bc* 与 *Vp1Ba* 分别是主要的抗穗发芽与感穗发芽等位基因位点, 所占比例分别为 62.8%、32.9%; *Vp1Bb* 整体所占比例较低, 仅为 4.3%, 但该基因位点在西南冬麦区比例高达 22.4%, 这可能与该麦区含有较多的人工合成与远缘杂交选育的种质资源有关, 前人研究发现该类型还较多地存在于西部春小麦^[22] 与历史品种^[23] 中, 其频率分别能达到 12.02% 与 9.34%。而李式昭

等^[16]、张春利等^[18] 与张晓等^[21] 研究仅检测到 *Vp1Bc* 与 *Vp1Ba* 两种基因型, 本研究对各个麦区 *Vp1* 等位变异频率分布分析也发现, 长江中下游、青藏冬春麦区、东北春麦区与西北春麦区均检测到 *Vp1Bc* 与 *Vp1Ba* 两种基因型, 这说明不同生态区小麦穗发芽抗性基因的分布存在明显等位变异。

利用标记 Dorm-1 对穗发芽基因 *Dorm-B1* 等位变异进行检测, 发现 *Dorm-B1* 具有 *Dorm-B1b* 与 *Dorm-B1a* 两种基因型, 具有抗穗发芽基因型 *Dorm-B1b* 种质仅有 11 份, 比例仅为 5.1%, 今后仍需要加强抗穗发芽种质的筛选; 另外, *Dorm-B1b* 仅在黄淮海麦区与长江中下游小麦材料中被检测出。与 *Vp1B3* 相比, Dorm-1 检测效率偏低, 而刘光辉等^[15] 研究发现, Dorm-1 与穗发芽抗性不相关。因此, 在实际小麦育种过程中, 需要综合筛选多个(种)标记进行综合鉴定, 以提高选择准确率^[14]。

综上所述, 本研究通过对中国 7 个不同小麦生态区种质资源穗发芽基因分布频率统计发现, 长江中下游冬麦区抗穗发芽基因位点(*Vp1Bb*)分布频率最高(75%), 这可能由于该生态区在小麦成熟期易发生阴雨天气, 穗发芽发生频率较高, 育种工作者在实际育种中已经加强了穗发芽抗性的筛选, 因而选育品种在长期的适应过程中已经具有了一定的穗发芽抗性; 而西南冬麦区抗穗发芽基因位点(*Vp1Bb*+*Vp1Bc*)分布频率也较高, 比率为 74.1%, 这是因为该生态区具有较多的远缘杂交合成的种质(‘贵协’系列种质, 引自于贵州大学张庆勤先生), 共为该生态区贡献了频率为 22.4% 的抗穗发芽等位基因位点 *Vp1Bb*。因此, 对不同生态区小麦种质资源中抗穗发芽等位基因变异及其分布规律的研究, 在对不同生态麦区抗穗发芽种质的筛选、抗穗发芽优异种

质的引种以及优良组合配置与分子育种等方面均具有重要的意义。建议将同时携带抗穗发芽基因 *Vp1* 与 *Dorm-B1* 位点的‘陕麦 611’、‘郑农 19’、‘豫 49-198’、‘徐州 8066’等材料作为小麦抗穗发芽育种的参考亲本。当然,小麦穗发芽抗性是由多基因控制的复杂性状,还受到包括种子结构、种皮颜色、

参考文献:

[1] HUMPLREYS D G, NOLL J. Methods for characterization of preharvest sprouting resistance in a wheat breeding program [J]. *Euphytica*, 2002, 126: 61-65.

[2] BLACK M, BEWLEY J D, HALMER P. The Encyclopedia of Seeds Science, Technology and Uses [M]. Oxfordshire: CABI Publishing, 2006: 528.

[3] BAILEY P C, MCKIBBIN R S, LENTON J R, *et al.* Genetic map locations for orthologous *Vp1* genes in wheat and rice[J]. *Theoretical & Applied Genetics*, 1999, **98**(2): 281-284.

[4] LI C D, NI P X, FRANKI M, *et al.* Genes controlling seed dormancy and pre-harvest sprouting in a rice-wheat-barley comparison[J]. *Functional & Integrative Genomics*, 2004, **4** (2): 84-93.

[5] CHEN C X, CAI S B, BAI G H. A major QTL controlling seed dormancy and pre-harvest sprouting resistance on chromosome 4A in a Chinese wheat landrace[J]. *Molecular Breeding*, 2008, **21**(3): 351-358.

[6] KATO K, NAKAMURA W, TABIKI T, *et al.* Detection of loci controlling seed dormancy on group 4 chromosomes of wheat and comparative mapping with rice and barley genomes [J]. *Theoretical & Applied Genetics*, 2001, **102** (6-7): 980-985.

[7] ROY J K, PRASAD M, VARSHNEY R K, *et al.* Identification of a microsatellite on chromosomes 6B and a STS on 7D of bread wheat showing an association with preharvest sprouting tolerance[J]. *Theoretical & Applied Genetics*, 1999, **99** (1-2): 336-340.

[8] 张海燕, 常成, 冯继明, 等. 小麦籽粒休眠 *Vp1-B1* 基因的等位变异检测与分离[J]. 分子植物育种, 2009, **7**(2): 297-302.

ZHANG H P, CHANG C, FENG J M, *et al.* Isolation and detection of allelic variations of *Vp1-B1* gene associated with seed dormancy in Chinese wheat varieties[J]. *Molecular Plant Breeding*, 2009, **7**(2): 297-302.

[9] 李婷, 陈杰, 陈锋, 等. 黄淮麦区地方小麦品种籽粒颜色相关基因 *Tamyb10-1* 等位变异检测[J]. 植物遗传资源学报, 2014, **15**(5): 1 089-1 095.

LI T, CHEN J, CHEN F, *et al.* Molecular identification of the *Tamyb10-1* gene controlling the grain color in landrace wheat cultivars from Huanghuai wheat region[J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2014, **15**(5): 1 089-1 095.

[10] LIU S, SEHGAL K, LI J, *et al.* Cloning and characterization

of a critical regulator for preharvest sprouting in wheat[J]. *Genetics*, 2013, **195**(1): 263-273.

[11] ZHANG Y, MIAO X, XIA X, *et al.* Cloning of seed dormancy genes (*TaSdr*) associated with tolerance to pre-harvest sprouting in common wheat and development of a functional marker[J]. *Theoretical & Applied Genetics*, 2014, **127**(4): 855-866.

[12] 张春利. 小麦抗穗发芽分子标记的发掘与验证[D]. 北京: 中国农业科学院, 2008.

[13] YANG Y, ZHAO X L, XIA L Q, *et al.* Development and validation of a Viviparous-1, STS marker for pre-harvest sprouting tolerance in Chinese wheats. [J]. *Theoretical & Applied Genetics*, 2007, **115**(7): 971-980.

[14] 杨燕, 赵献林, 张勇, 等. 4 个小麦抗穗发芽分子抗性标记有效性的验证与评价[J]. 作物学报, 2008, **34**(1): 17-24.

YANG Y, ZHAO X L, ZHANG Y, *et al.* Evaluation and validation of four molecular markers associated with pre-harvest sprouting tolerance in Chinese wheats[J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2008, **34**(1): 17-24.

[15] 刘光辉, 杨随庄, 黄可兵, 等. 四川小麦穗发芽抗性鉴定及 5 个分子标记的有效性检验[J]. 麦类作物学报, 2015, **35**(2): 167-174.

LIU G H, YANG S Z, HUANG K B, *et al.* Identification and validation of five molecular markers for PHS tolerance in Sichuan wheat varieties (lines) [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2015, **35**(2): 167-174.

[16] 李式昭, 郑建敏, 伍玲, 等. 四川小麦品种籽粒硬度和穗发芽抗性相关基因的分子标记鉴定[J]. 西南农业学报, 2018, **31**(4): 641-645.

LI S Z, ZHENG J M, WU L, *et al.* Identification of grain hardness and resistance to pre-harvest sprouting in Sichuan wheat cultivars with molecular markers[J]. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2018, **31**(4): 641-645.

[17] 郭凤芝, 梁伟光, 樊庆琦, 等. 穗发芽相关基因 *Vp1B3* 不同等位变异在山东小麦中的分布与演变[J]. 麦类作物学报, 2009, **29**(4): 575-578.

GUO F Z, LIANG W G, FAN Q Q, *et al.* The distribution and evolution of allelic variation of *Vp1B3* in Shandong wheat [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2009, **29**(4): 575-578.

[18] 张春利, 杨芳萍, 宋庆杰, 等. 黑龙江省小麦品种穗发芽及光周期的分子检测[J]. 麦类作物学报, 2008, **28**(6): 930-934.

ZHANG C L, YANG F P, SONG Q J, *et al.* Molecular de-

tection of pre-harvest sprouting and photoperiod character in Heilongjiang wheat cultivars[J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2008, **28**(6): 930-934.

[19] 王 亮, 穆培源, 徐红军, 等. 新疆小麦品种穗发芽 *Vp-1* 基因等位变异的分布[J]. 麦类作物学报, 2009, (4): 571-574. WANG L, MU P Y, XU H J, *et al.* Allelic variation of *Vp-1* gene in Xinjiang wheat cultivars[J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2009, (4): 571-574.

[20] 马文洁, 张传量, 宋晓朋, 等. 不同麦区小麦品种穗发芽抗性及其与穗部性状的相关性[J]. 麦类作物学报, 2016, **36**(10): 1 269-1 274. MA W J, ZHANG C L, SONG X P, *et al.* Pre-harvest sprouting resistance in wheat from different wheat regions and its correlation with ear characteristics[J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2016, **36**(10): 1 269-1 274.

[21] 张 晓, 张伯桥, 江 伟, 等. 扬麦系列品种品质性状相关基因的分子检测[J]. 中国农业科学, 2015, **48**(19): 3 779-3 793. ZHANG X, ZHANG B Q, JIANG W, *et al.* Molecular detection for quality traits-related genes in Yangmai series wheat cultivars[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2015, **48**(19): 3 779-3 793.

[22] 刘 莉, 沈迎芳, 马 超, 等. 穗发芽相关基因 *Vp-1* 等位变异在西部春小麦品种中的分布研究初探[J]. 西南农业学报, 2014, **27**(6): 2 278-2 281. LIU L, SHEN Y F, MA C, *et al.* Preliminary study on distribution of allelic variation of *Vp-1* in western spring wheat varieties[J]. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2014, **27**(6): 2 278-2 281.

[23] 任立世, 刘进英, 杨 燕. 107 份小麦历史品种抗穗发芽基因型的检测[J]. 麦类作物学报, 2015, **35**(6): 752-758. REN L S, LIU J Y, YANG Y. Determination of pre-harvest sprouting resistance genotypes with *Vp1A3* and *Vp1B3* in 107 Chinese historical wheat cultivars[J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2015, **35**(6): 752-758.

[24] MURRAY H G, THOMPSON W F. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA[J]. *Nucleic Acids Research*, 1980, **8**(19): 4 321-4 325.

[25] 朱冬梅, 李 曼, 李东升, 等. 长江中下游麦区小麦新品种穗发芽抗性鉴定方法研究[J]. 核农学报, 2018, **32**(4): 795-801. ZHU D M, LI M, LI D S, *et al.* Evaluation and determination method of pre-harvest sprouting resistance of new wheat cultivars in middle and lower reaches of Yangtze River[J]. *Journal of Nuclear Agricultural Sciences*, 2018, **32**(4): 795-801.

[26] 曹雪连, 张 衡, 姜 昊, 等. 分子标记 PM19-A1 对 1015 份小麦抗穗发芽基因型的筛选及其有效性验证[J]. 麦类作物学报, 2016, **36**(10): 1 283-1 290. CAO X L, ZHANG H, JIANG H, *et al.* Detection and validation of molecular marker PM19-A1 associated with pre-harvest sprouting resistance in 1015 wheat varieties[J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2016, **36**(10): 1 283-1 290.

(编辑:裴阿卫)

Introduction of the Plant Front Cover: *Sapria himalayana*

Sapria himalayana Griffith belongs to Rafflesiaceae. Herbs, parasitic on roots, dioecious. Vegetative parts reduced to mycelium like tissue within host. Flowering shoot short, erect, unbranched. Inflorescence bracts spirally arranged, overlapped at base of flower. Flowers unisexual, brightly colored, odor putrid. Perianth lobes overlapping; orifice with membranous corona. Male flowers: perianth tube basally solid; stamens 20, connectives completely united to form a stalked cup; anthers inserted on outside at base of cup, surrounding column base; gynostemium rudimentary. Female flowers: perianth tube base adnate to ovary; staminode-body cupular, inconspicuously radiately 6-ribbed; anthers sterile; ovary inferior; placentas 10—12, irregular; integument 1; gynostegium robust. Fruit globose, with persistent perianth. Flowing November to December.

Parasitic on roots of *Vitis* and *Tetrastigma*. Distributed in China (Medog and Xishuanbanna), India, Myanmar, Thailand and Vietnam.

(Photographed and introduced by Dr ZHU Renbin)