

第一章 小麦遗传资源

小麦是世界上最早的栽培植物之一，约有 8 000 年以上的历史，在巴勒斯坦发现有 9 000 年前小麦栽培的遗迹。小麦在人类文明和文化发展上起过决定性的作用，迄今仍是世界上大多数国家的基本粮食作物。它在地球上分布最广，遍及世界各大洲，几乎自北极圈到非洲和美洲的南端，总面积约 2 亿 hm^2 。

小麦在中国农业生产中早已占重要地位，分布很广，北起黑龙江省漠河，南至海南岛，西自新疆维吾尔自治区塔什库尔干塔吉克自治县，东抵沿海各地及台湾省；海拔分布相差悬殊，低自 -150m（新疆吐鲁番盆地），高至 4 450m（西藏日喀则萨嘎县）。依据《中国农业年鉴》统计，1991—1995 年中国小麦平均播种面积超过 $2986 \times 10^4 \text{hm}^2$ ，总产量 $10159 \times 10^4 \text{t}$ 。种植面积超 $200 \times 10^4 \text{hm}^2$ 的省有河南、山东、河北、四川、江苏。

中国人民在悠久的小麦生产和科研活动中，选择和保存了大量的 wheat 遗传资源。小麦遗传资源就是可向小麦传递种质的所有植物材料，包括小麦属各个种及其亲缘属的植物。有野生的和栽培的；有古老地方品种、育成品种和引入品种，也有具特殊优良性状的品系、突变体、雄性不育材料以及非整倍体等。

第一节 小麦遗传资源的重要性及其研究内容

一、小麦遗传资源的重要性

小麦遗传资源是小麦育种的物质基础，也是其它农业科研的基础材料。在科学技术迅速发展的时代，它的重要性越发显得突出。

小麦遗传资源是小麦育种的物质基础。众所周知，小麦育种家根据小麦生产的需要而制定育种目标。育种目标确定后，就要从遗传资源中选择亲本材料，如果没有适宜的亲本材料，就不可能选育出适应生产需要的优良新品种。因此，有人认为育种工作实际上就是对遗传资源的科学加工；对遗传资源了解得越透彻，越容易选出适宜的亲本材料；遗传资源的多样性越大，育种家的天地就越广阔。纵观小麦育种的历史，凡是突破性的成就，都与关键性遗传资源的研究和利用密切相关。20 世纪 50—60 年代研究和利用了矮秆基因，使小麦育种产生了革命性的变革，大幅度地提高了小麦的产量，被称之为“绿色革命”。在品质育种方面，自发现品种阿特拉斯 66（Atlas 66）是理想的高蛋白基因供体以后，已培育出了一批比普通商品小麦蛋白质含量高 1%~2% 的品种。抗病性很强的 1B/1R 种质和 VPM 系统及 Maris Huntsman 系列品种，在小麦抗病育种中的成绩斐然，利用它们做亲本，培育出了大批高产抗病的优良新品种，使小麦育种达到了一个新阶段。正因为如此，有些育种家认为，50 年代以来小麦育种取得的重大进展，是基于遗传资源工作的成就。

小麦遗传资源是小麦起源、演化、分类、生态、生理生化、遗传等项研究的物质基

础。从事小麦起源、演化、分类、生态、生理生化、遗传等项研究的学者，必须首先拥有足够的符合需要的小麦遗传资源材料，否则就无从着手工作，就像是没有建筑材料无法盖起房屋一样。如小麦分类研究，首先就必须具备小麦属的各个种及其各种类型；研究小麦的演化，就要拥有小麦属的二倍体、四倍体和六倍体种，并且还要有可能是传递给小麦各组染色体的近缘植物，等等。

二、小麦遗传资源的研究内容

小麦遗传资源研究的内容有收集、保存、研究、创新和利用。

(一) 收集 收集是小麦遗传资源的基础和先行，只有不断地收集，并集中管理，才能减少资源材料的损失。收集的方式在国内有征集即各级政府或科研机关向各小麦产区的基层单位发文或信，向他们征集小麦遗传资源及其有关资料。第二种方式是各地区科研单位互相交换。第三种方式是考察，国家或地区政府组织考察队（组），赴小麦遗传资源丰富的地区进行实地考察收集。在国际间小麦遗传资源的收集主要是通过引种，引种的途径有国际种质交换，科技协定交换，科技合作研究，科学家互赠，驻外使馆人员执行引种任务。第二种方式是派科学工作者赴小麦遗传资源丰富的国家实地考察搜集，或参加国际上组织的考察，把搜集到的资源材料直接带回本国。

(二) 保存 保存是小麦遗传资源的保证，将收集到的资源材料保存好，使之具有旺盛的生命力和遗传完整性，这样才能实现对它们的深入研究和利用。小麦遗传资源保存的方式主要是种子贮存，其次是种质资源圃保存。老的种子保存方法有酒罐保存法、干燥器保存法和一般种子库保存法。现代化种子库保存法是从 20 世纪 50 年代末至 60 年代初开始的，一般分为中期库和长期库。中期库的温度为 $0 \sim 5^{\circ}\text{C}$ ，相对湿度 $40\% \sim 50\%$ ，保存种子寿命 $15 \sim 20$ 年左右。长期库的温度为 $-10 \sim -20^{\circ}\text{C}$ ，相对湿度 $30\% \sim 50\%$ ，可保存种子寿命 $50 \sim 100$ 年以上。种质资源圃保存是将多年生的小麦野生近缘植物种植在种质资源圃内，保证一定的群体，及时管理。另外，随着生物技术的发展，有的研究者试图通过保存 DNA 的方法，保存一些特殊的小麦遗传资源。

(三) 研究 研究是小麦遗传资源的关键和核心，经过研究明确每份资源的特征特性和优缺点，以便充分利用。同时，通过研究结果的分析和探讨，可能得到新的规律、见解和理论。研究的内容概括如下。

1. 一般特征特性鉴定与评价 包括农艺性状（冬春性、生育期、株高、穗长、穗粒数、千粒重、饱满度等）、植物学性状（茎、叶、穗、芒和种子的形状、颜色、大小、有无茸毛等）、抗病虫性（三种锈病、白粉病、赤霉病、黄矮病、根腐病、纹枯病、麦蚜、麦秆蝇等）、抗逆性（寒冷、干旱、盐碱、湿涝等）、品质性状（营养品质、加工品质等）的鉴定与评价。

2. 单一性状的鉴定筛选 如某一病害新小种的出现造成小麦的减产，这时就需要鉴定大量的资源材料，预期筛选出抗新小种的种质。然后利用这些种质做亲本，选育抗新小种的推广品种。

3. 基础理论研究 包括小麦的起源、演化、分类、生态型、遗传多样性、核心种质、主要性状的遗传分析、规律性等研究。

(1) 起源与演化研究 目前小麦的起源地基本认为是西南亚地区(叙利亚、伊拉克、约旦、土耳其、伊朗、阿富汗等国家)。中国是否为小麦的初生起源地,还是小麦的次生起源地,专家们的意见不尽相同。通过种(属)间杂交的亲合性、杂种染色体配对、染色体组型分析、同工酶分析或分子遗传技术分析(RFLP、AFLP、RAPD、SSR等),研究各个种或类型之间的亲缘关系,从而明确小麦的演化过程或途径。

(2) 分类研究 小麦属的种、亚种、变种的划分,不论采用植物形态学方法,还是细胞学或生化方法,迄今尚没有一个统一的标准和结果。中国特有的云南小麦、新疆小麦和西藏半野生小麦虽已知属于六倍体种,染色体数 $2n=42$,染色体组型为 AABBDD,但是它们分别具有与其它六倍体种十分明显不同的原始性状,因此它们的分类地位还有待进一步研究的必要。

(3) 遗传分析 在鉴定评价的基础上,对具有优异性状的资源材料可进行遗传分析,包括优异性状的控制基因及其定位,遗传的显隐性、传递力、配合力等。

(4) 生态型研究 根据众多小麦品种的生态特点,划分成若干类型即生态型。生态型的划分对小麦生产区划、品种的生产利用和育种利用都有重要意义。品种生态型的划分不是永久不变的,因为随着气候的变迁和农业条件的改变,小麦品种的生态条件也就发生变化,所以相适应的品种也在不断地更替,那么各生态区的品种特点也多少会产生变化。因此,当生态条件有了较大改变之后,品种生态型需要继续研究,加以补充或修改。

(5) 国外引种规律性研究 通过对世界各地大量遗传资源材料的鉴定、研究结果的分析,可发现一些规律性。如美国从长期对小麦抗病鉴定结果发现,抗叶锈病的品种主要来自中国、巴尔干、俄罗斯、巴西、阿根廷。中国多年国外小麦引种试种研究表明,美国的春小麦品种能适应中国的东北和西北春麦区;而一些冬小麦品种只适应北部晚熟冬麦区。前苏联的小麦品种仅可在中国西北的新疆种植。

(6) 遗传多样性研究 这里所说的小麦遗传多样性是指小麦属内各物种间、物种内不同群体间、群体内个体间的遗传变异的大小。遗传变异大则多样性丰富,适应的范围广。研究小麦遗传多样性,应着重物种内群体间和群体内个体间的遗传变异。可以分别从形态水平、染色体水平、等位酶水平、DNA水平进行研究。小麦遗传多样性研究,可为小麦遗传资源考察收集的取样、物种和变种的分类、小麦的演化过程、小麦遗传资源核心种质的建立提供依据。

(7) 核心种质的研究 核心种质(Core Collection)是指最少重复又包括了该物种最大遗传多样性的资源材料。因此,建立小麦核心种质需要多学科合作,首先是对已有的资源材料的各种性状进行鉴定和鉴别,这就涉及到农艺、病理、昆虫、生理和生化等学科。另外的资源材料还要进行细胞学、遗传学、分类学、生态型和地理分布、酶类和DNA标记研究。入选核心种质可依据已知的鉴定或鉴别资料,以及上述各学科的研究结果。小麦核心种质的建立有利于小麦遗传资源的研究、交换、利用和管理。然而核心种质不能代替总体遗传资源,并且它本身也不是一成不变的,它将随着遗传资源的发展和鉴定技术的提高而不断完善。

4. 生物技术在小麦遗传资源中的应用研究 应用于小麦遗传资源的生物技术主要是细胞工程、染色体工程和基因工程以及遗传标记。植物细胞工程中的组织培养技术,大大

促进和提高了小麦远缘杂交育种和单倍体育种水平，其中包括小麦遗传资源的创新。组织培养技术在应用研究中，不论是培养基还是培养温湿度等的调控，都不断得到改进或提高，应用前景广阔。遗传标记中的原位杂交（in-situ hybridization）、品种指纹（fingerprint）绘制、限制性片段长度多态性（RFLP）、随机扩增多态性 DNA（RAPD）、扩增片段长度多态性（AFLP）和微卫星 DNA（microsatellite DNA）又称 SSR（simple sequence repeat）等技术，可快速和准确地鉴别品种，检测小麦外源染色质，进行基因 DNA（分子）标记；同时适用于小麦的起源、演化、分类、遗传多样性和核心种质等研究。详见第十一章。

5. 建立数据库和信息系统 小麦遗传资源的所有资料和研究数据均输入电子计算机，建成数据库。在数据库的基础上，编制成信息系统，可迅速检索、统计、分析各种信息，追踪小麦品种亲本的系谱，绘制各种类型小麦的地理分布图，识别和分析染色体和同工酶的图像（详见第十章）。

（四）创新 创新是小麦遗传资源的发展。尽管中国小麦遗传资源比较丰富，但因小麦生产和育种发展很快，育种家常感到现有的小麦遗传资源还不能满足育种的需要。这就要求小麦遗传资源工作者在现有资源的基础上，根据育种的需要，通过品种间或远缘杂交和生物技术手段，强化某一优良性状或将某些优良性状进行聚合（如矮秆兼大粒，兼抗两种或多种病害，兼抗旱、寒或兼抗寒、盐，等等），形成易于育种利用的新遗传资源材料。这些创造的新资源将有利于提高育种的效率和效果，并可能使育成的新品种在某一重要性状方面有较大的进展或突破。

（五）利用 利用是小麦遗传资源研究的最终目的。这里所说的利用是指提供小麦育种或其它科研和教学单位用作杂交亲本、理论研究、某一性状鉴定筛选或教学的教材。为了充分合理地利用小麦遗传资源，遗传资源工作者必须科学、准确、及时地将资源材料及其有关资料，甚至有效的利用途径供给需求者。这就要求遗传资源工作者对拥有的资源材料要作全面深入的鉴定评价和遗传分析，明确其利用价值和具有完备的资料，并且经常宣传优异种质，以供需求者选用。与此同时，还要与需求者、特别是育种家经常互通信息，以便知道需求者现阶段和将来所需要的资源类型，从而达到有目的性的供种目标。

第二节 世界小麦遗传资源研究概况

早在一个多世纪以前，一些国家和科学研究组织就开始了小麦遗传资源的收集、研究和利用。20 世纪 30 年代初，瓦维洛夫（N. I. Vavilov）对收集自 5 大洲 60 多个国家的作物遗传资源作出研究后提出，小麦的起源中心（多样性中心）在西南亚。哈兰（V. H. Harlan）同样在小麦遗传资源的收集和研究上做出了卓越贡献。现已公认小麦最早栽培于西南亚的新月形沃地，其是小麦的多样性中心。多年来，小麦遗传资源的收集，重点在其多样性中心进行。20 世纪后半叶，人们逐渐懂得野生近缘植物对改良作物的重要价值，而注意收集野生近缘植物。小麦野生近缘植物遍布全世界温带地区。中亚、东亚西部、南美南部和北美西部多年生属多样性丰富，一年生属的多样性中心大都在中亚和西亚。

20 世纪下半叶以来，小麦遗传资源的收集、保存和研究受到了联合国粮农组织（FAO）国际农业研究咨询小组（CGIAR）及其所属的有关国际农业科研机构的高度重视，

召开一系列会议，使小麦遗传资源研究工作在世界范围内更加有组织有计划地进行。例如，1975 年国际遗传资源委员会（IBPGR，现已改名为国际植物遗传资源研究所 IPGRI）在前苏联列宁格勒召开了第一次国际小麦遗传资源会议，会上分析了世界小麦遗传资源概况，根据各个国家和地区小麦遗传资源丰富的程度和已收集状况，制定了下一步优先收集计划。同时，在会上成立了由 IBPGR 和位于墨西哥的国际玉米小麦改良中心（CIMMYT）组成的小麦遗传资源咨询委员会。此后，小麦遗传资源委员会于 1976 年在意大利罗马召开了第一次会议；1978 年，同样在罗马召开了第二次会议；1981 年在墨西哥国际玉米小麦改良中心召开了第三次会议，1983 年在日本东京，于第六届国际小麦遗传学大会之后，召开了第四次会议，研究分析了小麦遗传资源收集的进展状况，并制定了下一步优先收集计划。以后，在每次国际小麦遗传学大会上都专门召开小麦遗传资源委员会会议，研讨小麦遗传资源工作的状况和计划。此外，进入 90 年代以来，召开了一系列关于小麦遗传资源的国际学术讨论会。如：1989 年在位于叙利亚的国际干旱地区作物研究所（ICARDA）召开了“在小麦改良中遗传资源的评价与利用”国际学术讨论会。会后出版了以《小麦遗传资源：满足多种需要》为名的论文集。1992 年，同样在 ICARDA 召开了“野生亲缘和原始类型中生物多样性的评价和利用与小麦改良”国际学术讨论会，会后出版了以《生物多样性与小麦改良》为题的论文集。这两次会议充分反映了世界小麦遗传资源收集、保存和评价的状况。除此以外，由于小麦野生近缘植物的研究和利用日益受到重视，90 年代以来还专门召开过两次国际小麦族学术讨论会（International Triticeae Symposium）。第一次会议于 1991 年在瑞典的 Helsingborg 召开。第二次会议于 1994 年在美国犹他州 Logan 召开。这些会议上的许多论文已说明对于小麦遗传资源的研究，不仅在个体水平上进行，即从形态上和个体特性鉴定上评价，而且在细胞水平上进行，即有大量细胞遗传学的评价和研究。同时，有不少工作是在分子水平上进行的，如应用分子标记，或分子细胞遗传学研究小麦族的系统学，评价遗传资源的多样性，或创造新种质。

一、国际农业研究机构组织的小麦遗传资源收集

自从 1975 年小麦遗传资源咨询委员会成立以来，IBPGR 进行了三年调查，查明 70 年代末世界小麦遗传资源的状况。当时全世界已收集小麦遗传资源 157 259 份。由于各国相互交流，材料中重复较多，有 9 万多份为来源不详或相互重复的材料，实际可供研究利用的材料不到 6 万份。对这些材料的来源进行了研究，发现有些重要地区和分类单位尚属空白，据此研究制定了收集计划。前三年，IBPGR 支持了 13 个收集项目，从巴基斯坦、阿尔及利亚、阿富汗等 13 个国家和地区共收集了小麦种质 1 912 份。自 1976 年至 1983 年共收集小麦遗传资源栽培种质 7 000 余份，野生种质 1 500 余份（C. G. D. Chapman, 1985）。

1984 年以后 CIMMYT 组织了一系列旨在收集种质的考察。如：1984 年，考察土耳其东部，收集地方品种约 750 份。1984 年，考察巴基斯坦北部，收集地方品种约 375 个。1987 年，考察土耳其东南部，收集小麦和大麦种质约 500 份。1989 年考察土耳其黑海地区，收集栽培一粒小麦和栽培二粒小麦商用品种 12 个（CIMMYT 与英国考古研究所合作）等。

90年代以来 IBPGR (IPGRI) 支持的重点转向了小作物, 国际上小麦遗传资源的收集已逐渐减少。

从整体看来，过去对小麦的栽培种收集较充分，而对野生种收集尚不够。根据 IBPGR 统计（1985），对小麦属野生种和山羊草属的收集情况列于表 1-1。从表 1-1 可以看出，在小麦的野生种方面，伊拉克、土耳其、伊朗和前苏联最为丰富，不仅 4 个种都存在，而且种质数量较多，分别为 995、892、137 和 99 份。从单个种看，野生一粒小麦在土耳其、伊拉克最多，其次为伊朗和前苏联；乌拉尔图小麦在黎巴嫩和土耳其最多；野生二粒小麦在以色列最多，达 1681 份，其次是土耳其、黎巴嫩和伊拉克；阿拉拉特小麦主要分布在伊拉克、土耳其、前苏联和伊朗。

表 1-1 不同来源的小麦野生种和山羊草各个种的收集份数

(引自 C. G. D. Chapman, 1985)

来源国家	小 麦				山 羊 草																	
	野生一粒	乌拉图	野生二粒	阿拉拉特	不详	双角	尾状	小亚	顶芒	肥 柱 穗	壮 结果	高大	欧	无芒	卵穗	拟斯卑尔脱	粗 三芒	离果	小伞	单芒	瓦维洛夫	偏凸
阿富汗	• • • •				4	• + • •				19 7 • •		• • • •				• 91 • 53		• • • •				
阿尔及利亚	• • • •				11	• • • •				• • • •		• • • •	1			• • • • 1		• • • •				+
保加利亚	• • • •				•	• • • •				• 1 • •		• • • •	3			• • • • 3		• • • •				
中国	• • • •				•	• • • •				• • • •		• • • •				• 10 • •		• • • •				
塞浦路斯	• • • •				166	• + • •				• • • • 5		• • • •	3			• • • • 2		• • • •				
埃及	• • • •				•	9 • • • •				• • • • 15		+	• • • •			• • • • •		• • • •				
法国	• • • •				•	• • • •				• 3 • •		• 3 • 31				• 1 13 14		• • • •				2
希腊	25 • • • •				649	• 82 • 127				• 4 • •		• 190 • 93				• • 137 169		• 8 • •				
匈牙利	• • • •				•	• + • •				• + • •		• • • •	1			• • • • •		• • • •				
伊朗	99 15 4 19				54	• + 25 3				28 90 3 4		13 6 5 •				1 123 2 231		14 • • •				
伊拉克	442 3 42 508				7	• 12 2 •				23 7 14 28		• 36 • 4				104 + 48 167		65 • 1 •				
以色列	1 • 1681 •				•	5 + • •				1 + • 31		49 1 • 6				26 • • •		• • + •				
意大利	• • • •				•	• • • •				• + • •		• • • •	23			• • 10 •		• • • •				+
约旦	• • 1 •				•	• • • •				• • • • 105		9 • • • 13				1 • • •		• • 11 +				
黎巴嫩	14 102 50 •				11	• + • •				+ • • • 7		+	• • • 2			+ • • • •		• • + •				
利比亚	• • • •				1	+	• • • •			• • • •		• • • •	2			• • • • •		• • • •				+
摩洛哥	• • • •				4	• • • •				1 3 • •		• • • •	2			2 1 9 3		• • • •				6
巴基斯坦	• • • •				12	• • • •				• • • •		• • • •				• 9 • •		• • • •				
葡萄牙	• • • •				•	• • • •				• • • •		• • • •	135			• • 17 92		• • • •				
罗马尼亚	• • • •				•	• • • •				• 1 • •		• • • •				• • • • •		• • • •				
西班牙	• • • •				•	• • • •				• • • •		• • • •	90			• • 3 65		• • • •				9
叙利亚	3 9 20 •				5	• 8 15 +				19 1 + 40		10 36 • 42				32 1 • 35		8 • 14 •				
突尼斯	• • • •				2	• • • •				• • • •		• • • •				• • • • •		• • • •				

(续)

来源国家	小 麦				山 羊 草																				
	野生一粒	乌拉尔图	野生二粒	阿拉拉特	不详	双角	尾状	小亚	顶芒	肥穗	柱穗	牡	粘果	高大	欧	无芒	卵穗	拟斯卑尔脱	粗	三芒	离果	小伞	单芒	瓦维洛夫	偏凸
土耳其	549	101	171	71	277	1	114	39	19	1	172	1	9	•	194	64	136	271	23	223	623	198	5	•	•
前苏联	75	19	2	63	3	•	•	3	6	2	59	2	3	•	14	6	1	36	186	8	58	6	•	•	•
南斯拉夫	1	•	•	•	99	•	•	•	•	•	•	•	•	•	•	•	•	•	•	•	•	•	•	•	•
不详	190	14	87	14	15	11	43	2	53	29	36	9	19	8	78	2	49	92	105	18	203	22	6	•	17
总数	1399	2058		1321	259		208		384		266		558		588		550		1719		19		34		
	263		675	26		94		123		29		89		78		565		488		313		26			

注：+ 该国曾有此种记录，但未采到。

在栽培种方面，据 IBPGR 统计，至 1985 年以前，除去相互引种和原产地不详的材料，全世界共收集普通小麦 27 149 份，硬粒小麦 8 236 份，稀有种和种别不详的 28 778 份。其中栽培品种总数在 10 000 个以上的国家有中国和印度，5 000 个以上的有埃塞俄比亚和土耳其，1 000 个以上的有阿富汗、南斯拉夫、巴基斯坦、叙利亚、西班牙等 (Chapman, 1985)。

IBPGR 制定了今后的收集策略。积极支持在物种丰富的地区收集野生种。如在西南亚，尽管过去对那里进行过较多的考察，但是对小麦属的野生种和山羊草属含 D 和 S 染色体的物种收集尚不齐全。今后的野外考察应离开主干道路，尽可能深入到较远的地方采集。收集全部遗传变异是不可能的，但应收集到足够的变异，以满足育种家的需要。建议今后在西南亚再收集 1000 个小麦野生种的群体和 500 个带 D 染色体组的山羊草群体，就会满足育种家的需要。

二、国外小麦遗传资源的保存

据 D. L. Plucknett 等 (1987) 不完全统计，全世界保存小麦种质资源 1 000 份以上的种质库有 30 个 (中国的种质库不计在内)。各个库的温度条件不同。一般说来，库内温度为 10℃ 至室温者为短期库，库温为 0~10℃ 者为中期库，-10~-20℃ 种子干燥后置密封容器中保存者为长期库。在 1985 年以前这 30 个库保存材料的数目和保存条件见表 1-2。表内的数字是参考性的。随着时间的推移，各库内保存的遗传资源数目已有很大变动，至 1987 年，这些库内的材料共达约 41 万份，其中 2/3 是重复的。IBPGR 指定了 4 个小麦基础材料库：位于列宁格勒 (彼德格勒) 的全苏作物栽培研究所 (即今瓦维洛夫研究所)，位于科罗拉多州科林斯堡的美国国家种子贮藏研究室，位于意大利巴厘的种质研究所和位于日本京都大学的植物种质研究所 (以山羊草和野生小麦种质为主)。现在公认，基础库相互重复保存彼此之间的材料是需要的和有益的，它可以对自然灾害、人为失误或政局动乱造成的损失起保险作用。但是在同一基因库内重复保存相同材料，或者把一物种的全部材料在几个地方保存一套，那是费钱和不必要的。有关国际农业研究中心正在试图解决各基因库的重复保存问题。

表 1-2 各国及国际组织基因库内的小麦 (*Triticum* spp.)

份数	贮存类型	机 构	地 点
74500	中期, 长期	全苏植物栽培研究所 *	苏联, 列宁格勒
39003	中期	美国农业部	美国, 马里兰州, 贝尔茨维尔
37477	长期	国家种子贮藏研究室 *	美国, 科罗拉多州, 科林斯堡
31144	中期	国际玉米小麦改良中心	墨西哥, 埃尔巴丹
31000	短期	农业研究组织	以色列, 比特达根
26000	中期, 长期	种质研究所 *	意大利, 巴里
22100	长期	新南瓦尔斯农业部	澳大利亚, 塔姆沃思
16596	短期 #	国际干旱地区农业研究中心	叙利亚, 阿勒颇
16000	短期	印度农业研究所	印度, 新德里
13600	短期 #	植物引种与遗传资源研究所	保加利亚, 普罗弗迪夫
10875	中期, 长期	作物栽培与育种研究所	德意志联邦共和国, 不伦瑞克
10000	中期, 长期	遗传与栽培植物中心研究所	德意志民主共和国, 加特尔斯莱本
8000	短期 #	植物育种与驯化研究所	波兰, 拉德齐科
7201	中期, 长期	植物遗传资源中心	埃塞俄比亚, 亚的斯亚贝巴
7000	短期	全国小麦研究中心	巴西, 帕苏丰杜
6774	中期	植物种质研究所 *	日本, 东京
6000	短期	禾谷类与经济植物研究所	罗马尼亚, 丰杜莱亚
6000	中期	巴基斯坦农业研究委员会	巴基斯坦, 伊斯兰堡
5000	中期, 长期	遗传与植物育种研究所	捷克斯洛伐克, 布拉格
4852	中期, 长期	全国农牧业技术研究所	阿根廷, 佩尔加米诺
4506	中期, 长期	植物育种研究所	英国, 剑桥
4200	中期, 长期	国立农业科学研究所	日本, 筑波
4000	中期	爱琴海地区农业研究组织	土耳其, 米尼门
4000	中期	农业植物育种基金会	荷兰, 瓦赫宁根
4000	中期	国立农业品种试验研究所	匈牙利, 塔皮奥斯齐利
2500	短期	国立农业研究院	法国, 弗萨利斯
2000	短期	加利福尼亚大学	美国, 加利福尼亚, 里弗萨德
1726	中期	达拉阿曼研究站	阿富汗, 喀布尔
1221	短期	国家植物遗传资源局	印度, 新德里
1200	中期	拉莫尼那全国农业大学	秘鲁, 利马

注: 引自 D. L. Plucknett 等, 1987。

* 为国际遗传资源委员会指定的基础材料库。

表示长期贮存设施正在建设中。

国际农业研究机构中与小麦有关的除国际植物遗传资源委员会 (IBPGR, 后改名为 IPGRI) 外, 还有位于墨西哥的国际玉米小麦改良中心 (CIMMYT) 和位于叙利亚的国际干旱地区农业研究中心 (ICARDA)。1988 年 CIMMYT 和 ICARDA 签署了一项协议, 规定了两

个中心在小麦属遗传资源上的分工。 ICARDA 负责四倍体小麦、二倍体小麦和小麦野生近缘植物（主要是山羊草）； CIMMYT 负责六倍体（普通）小麦和小黑麦。每个基础材料，彼此都重复保存一份，以保证安全。这样， CIMMYT 为 ICARDA 复份保存春性硬粒小麦，小麦野生近缘植物和大麦。反之， ICARDA 为 CIMMYT 保存普通小麦和小黑麦基础材料。

CIMMYT 在 1966—1981 年之间只有一个很小的冷藏间，保存材料很少。 1981 年建成一个中期库，温度为 -2°C ，保存种质资源 95000 余份。现正在建设温度为 -18°C 的长期库。当它建成后，便将六倍体小麦和小黑麦的基础材料放入其中保存，其他材料仍放在中期库保存。CIMMYT 到 1992 年保存的各类小麦遗传资源的份数见表 1-3。这些数字虽然是时间性的，会因继续收集或丧失发芽力而有所变动，但这种概况是有参考价值的。

表 1-3 CIMMYT 保存的各种麦类遗传资源份数

(引自 CIMMYT, 1992)

作 物	份 数
普通小麦	52 839
硬粒小麦	13 448
小黑麦	13 268
大麦	7 991
黑麦	194
小麦原始类型 (栽培一粒和栽培二粒)	4 523
野生小麦和山羊草	2 984
共 计	95 247

多年生小麦野生近缘植物的保存远较一年生种复杂。 Doug R. Dewey 自世界各地收集了大量的多年生小麦族植物，在美国犹他州 Logan 建立了世界最大的小麦族多年生种质圃，并进行了大量的属间和种间杂交，研究杂种减数分裂期的染色体行为，明确了许多多年生种的染色体组。位于瑞典 Svalöv 的瑞典农业科学大学植物遗传育种系，建立了小麦多年生野生近缘植物圃，保存和研究自世界各地收集的材料。

三、国外小麦遗传资源的评价

70 年代以前，小麦遗传资源的评价多由小麦品种改良工作者进行，一般针对自己的育种目标，评价的性状少，材料也相对较少。自 80 年代以来，小麦遗传资源评价多由种质资源工作者进行，一般多针对本国或本地区各个单位育种的需要，故而评价的性状较多，对大量材料进行鉴定。同时，将鉴定结果输入计算机，发展起性状数据库。进入 90 年代，由于科学技术的进一步发展，多学科的专家，如植物系统学家、细胞遗传学家、植物病理和农业昆虫学家、植物生理和生化学家等等，认识到小麦及其近缘植物在生物学和遗传学上类型十分丰富，加以小麦是世界上头等重要的作物，都乐于以小麦族为材料进行深入研究，已经形成了多单位、多学科，对小麦遗传资源，在个体水平、细胞水平和分子水平上，进行多方面评价研究的局面。另一方面，在 70 年代以前，多集中在对小麦地方

品种和育成品种的筛选上；80年代对小麦稀有种的评价较多；自80年代后期至90年代，对小麦族内许多属开展了较全面的评价研究。概括起来，分为下列3个方面：

(一) 生物多样性研究方面 例如1985—1988年，国际干旱地区农业研究所 (ICARDA) 和意大利 Tusciana 大学合作，对来自60个国家的15000份硬粒小麦，在西亚、北非地区进行多点种植，对株高，产量性状，生育期，抗条锈病、散黑穗病、叶枯病，抗旱性，籽粒蛋白质含量和贮藏蛋白等34个性状进行了评价。明确了一些优良性状的变异范围及其地理分布区，为育种提供了一批优异种质 (Srivastava, J. P. and A. B. Damania, 1990)。

ICARD 对86份原始种 (主要是栽培二粒小麦) 和629份山羊草，在叙利亚生态条件不同的两地点种植，评价研究有关种，在生育期、分蘖数、抗病性、抗旱性和耐冷性等方面，群体内和群体间在不同国家和不同地区的变异性。为当地提供了一批有用种质 (Srivastava, J. P. and A. B. Damania, 1990)。

美国加利福尼亚州立大学 Divas 分校 (载于 Damania, A. B. 1993) 研究了簇毛麦的群体生物学与遗传资源评价。在田间研究了来自意大利的31个群体和来自南斯拉夫的12个群体，每群体取8~10个家系，每家系3~5株，二次重复。测量了穗部6个性状及旗叶的长、宽和株高等数量性状。对所有性状的数据进行了单变量和多变量分析。利用计算机计算每一对群体的所有性状的欧氏几何距离，然后进行聚类分析，结果将意大利和南斯拉夫的群体分为4类，表明簇毛麦在自然选择下发生了地理遗传分化。在实验室利用同工酶和贮藏蛋白法研究了簇毛麦的交配系统和等位基因的多样性，证明其异交范围为0.509~0.999，平均异交系数估算值为0.749，表明簇毛麦为一高度异花授粉种；对高分子量谷蛋白位点 Glu-V1 的多样性研究表明，来自意大利和南斯拉夫的14个群体，每个群体都存在5~10个等位基因，利用 Nei 的多样性统计表明，Glu-V1 的群体内多样性远大于群体间的。据此提出了簇毛麦种质收集和保存的策略。此外，还对簇毛麦的8种同工酶位点进行了染色体定位 (见 Damania, A. B. 1993)。

V. Jaaska (Damania, 1993) 利用同工酶评价了栽培小麦野生二倍体种的遗传多样性。研究了作为A染色体组来源的栽培一粒小麦、野生一粒小麦和乌拉尔图小麦；作为B染色体组来源的 *Sitopsis* 组山羊草诸二倍体种，以及作为D染色体组来源的粗山羊草。结果表明，酯酶同工酶可用来区分3个小麦二倍体种；*Sitopsis* 组的二倍体山羊草中，拟斯卑尔脱山羊草倾向于野生四倍体阿拉拉特小麦和野生二粒小麦B染色体的供体，然而，由小麦AB和ABD染色体组中新定名的4B染色体编码的ADH—A₆₂在*Sitopsis*组的任何一个种中均没有出现，这就为B染色体的来源问题留下了一些疑问；肯定了粗山羊草是小麦D染色体组的供体，EST-H、AAT-B和ADH-A等同工酶可以区分粗山羊草的两个亚种 *strangulata* 和 *eu-tauschii*。*eu-tauschii* 亚种分布区很广，外高加索可能是其起源地和初生多样性中心；*strangulata* 亚种的多样性中心在阿塞拜疆的东南地区。同工酶的资料建议，根据种的交配系统和特殊群体的不同，需要采取不同的保护、取样和收集策略。

在DNA水平上研究种质资源的多样性近年来有较大进展。如M. A. Pagnotta等 (Damania, 1993) 比较了用RFLP和RAPD两种分子标记方法评价野生二粒小麦的优缺点，对来自叙利亚和土耳其的11个群体评价结果表明，RFLP能检测出供试材料的 α -醇溶蛋白和

γ -醇溶蛋白的多态性，而 RAPD 只能检测出 γ -醇溶蛋白的多态性。用 RAPD 法检测供试材料的低分子量谷蛋白序列，显示了广泛的多态性，11 个野生二粒小麦群体表现为 8 种不同的模式；对于高分子量谷蛋白基因，RAPD 和 RFLP 都能检测出同样效果的多态性，11 个群体表现为 4 种谱带模式。试验说明，PCR (RAPD) 和 RFLP 两种分子标记在检测遗传多态性上都是有用的。大部分贮藏蛋白基因在群体间存在广泛的多样性，预示着这些野生二粒小麦群体在改良小麦贮藏蛋白含量上有重要价值。

(二) 种间关系和系统发育研究方面近 10 年来，特别是 90 年代以来，国外在形态学水平上、细胞学水平上、蛋白质水平上，以及 DNA 水平上进行了许多有关小麦族系统发育，特别是染色体组间关系的研究。研究结果虽因方法不同或统计分析的软件不同各有差异，但大体趋势还是一致的，有一定的参考价值。较有代表性的研究有 Frederiksen and Seberg (1992) 根据一年生或多年生、茎丛生或非丛生、幼苗状况、叶鞘、叶片、穗、穗轴、小穗、颖、内外稃、子房，以及染色体等 31 个形态特征，根据对蜡叶标本测量的数据，对小麦族 20 余个种的 40 个二倍体种进行了聚类分析，画出小麦族植物系统发育树状图。研究结果表明，B 染色体组与 D 组的关系较近，它们又与山羊草属的各个种，以及无芒草属 (*Henrardia*) 的关系较近，而小麦的 A 染色体组反而与一年生的簇毛麦、黑麦，以及多年生的冰草属关系较近。

Richard R-C Wang (1992) 总结了多年生二倍体种的属间杂交结果，根据 C 值 (染色体臂配对频率，参阅 Alonso and Kimber, 1981) 用加权和非加权成对算术平均数方法 (UPMA 和 WPMAN) 进行聚类分析，画出了多年生小麦族植物系统发育关系树状图 (图 1-1)。这一结果表明，薄冰草属 (J 或 E) 与假鹅观草属 (S) 及冰草属 (P) 关系较近；而它们与黑麦属 (R)、大麦属 (H)、新麦草属 (N) 关系较远。

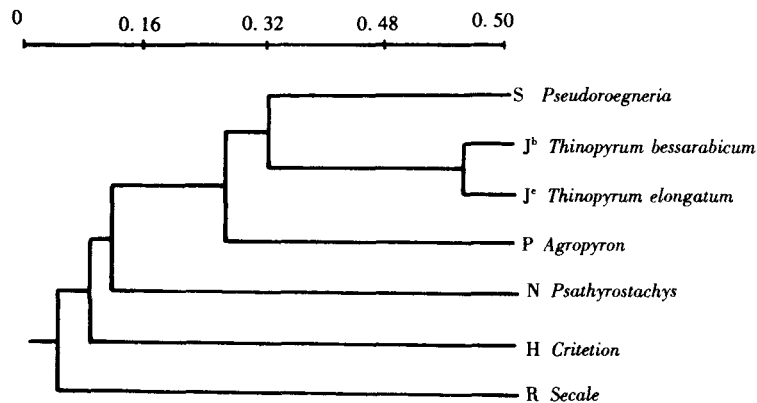


图 1-1 根据二倍体杂种染色体配对资料产生的小麦族多年生属属间关系图
(R. Wang, 1992)

McIntyre (1988) 根据 16 个假定的同工酶位点变异的比较，对 10 个属 17 个种，包括 H、I、P、N、R、V、S、E、J、A、B 和 D 染色体组，进行了聚类分析，画出了小麦族植物系统发育关系图 (图 1-2)。结果揭示，染色体组相同的种能聚在一起。但是，大麦属 (I) 与芒麦草属 (H) 的系统发育关系本应较近，它们曾被划入同一个大麦属内，这里却

相距甚远。这就不能不使这一试验结果的参考性受到影响。在该试验中，小麦属的 B 组与 A 组系统发育关系较近，它们与 D 组关系相对较远。小麦属的 A 组与薄冰草属的 J 组关系最近，而 D 组与薄冰草属的 E 组关系最近。

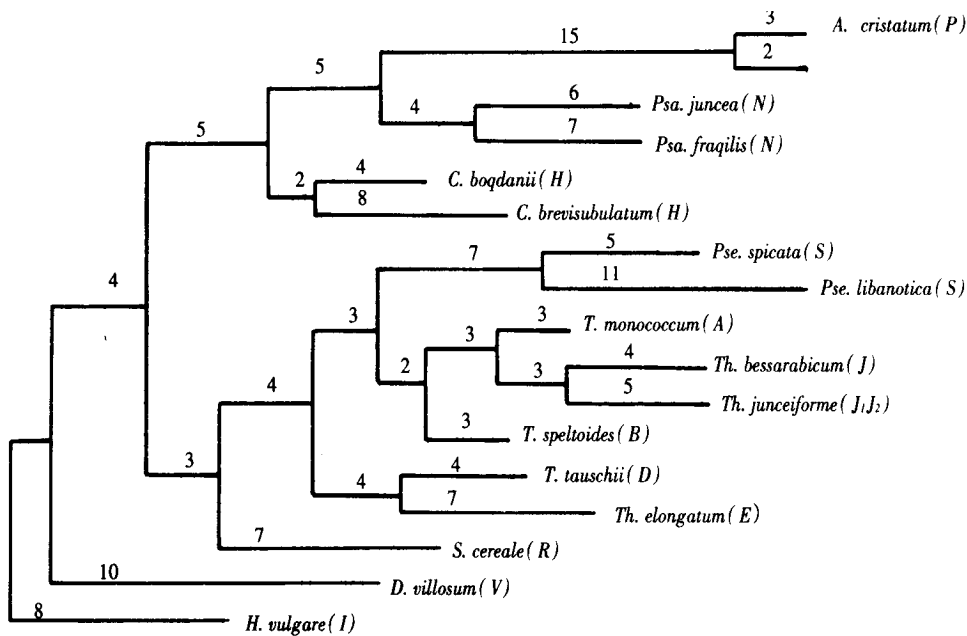


图 1-2 根据同工酶资料产生的小麦族系统发育属间关系图
(McIntyre, 1988)

Monte 等 (1993) 用 21 个 cDNA 探针研究了小麦族内 16 个种的 RFLP 变异，根据研究结果画出分别带有 12 种染色体组的系统发育种间关系图 (图 1-3)。试验结果表明，小麦

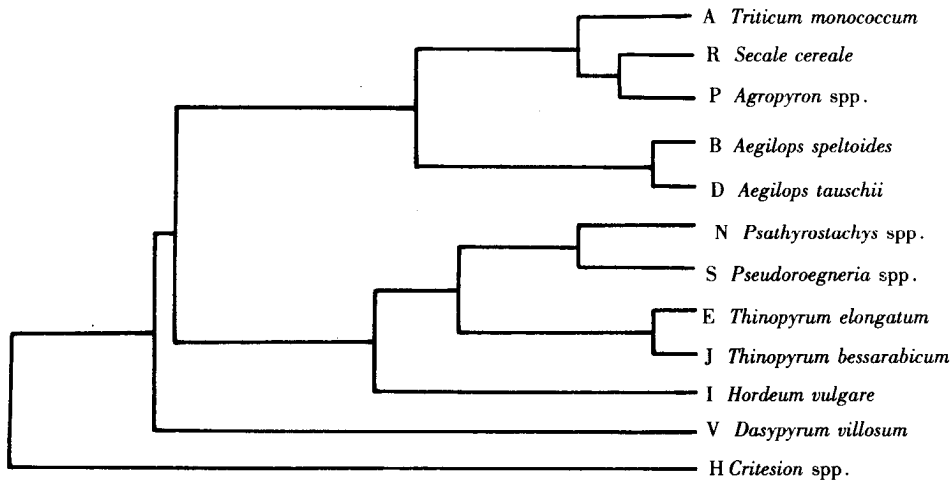


图 1-3 根据 RFLP 资料产生的小麦族植物系统发育关系图
(Monte 等, 1993)

属的 B 染色体组与 D 组关系较近，与 A 组关系相对较远。这一结果与根据形态性状聚类分析的结果相同。值得提到的是，在本试验中，同一属的不同染色体组之间都关系较近，如山羊草（小麦属）的 B 与 D，薄冰草属的 E 与 J，都相距很近，而大麦属的 I 与芒麦草属 H 相距并不很近。看来，它们分为两个属是适宜的。在这里，小麦的 A 组与黑麦属的 R 组及冰草属的 P 组关系很近，甚至近于 A 组与 B、D 的关系。

Kellogg（见 Wang, 1994）研究了小麦族 10 余个属 20 余个种的叶绿体 DNA。根据其谱带，计算并绘制出各个种间系统发育关系图（图 1-4）。这一结果显示，山羊草属的拟斯卑尔脱山羊草（S，普遍认为它是小麦 B 组和 G 组的来源）与其它含 S 组的山羊草种有明显区别。但是，拟斯卑尔脱山羊草与小麦 A、D 组的关系反而较其它含 S 组的山羊草种与 A、B 组的关系更远，这一点与多数人研究结果不同。

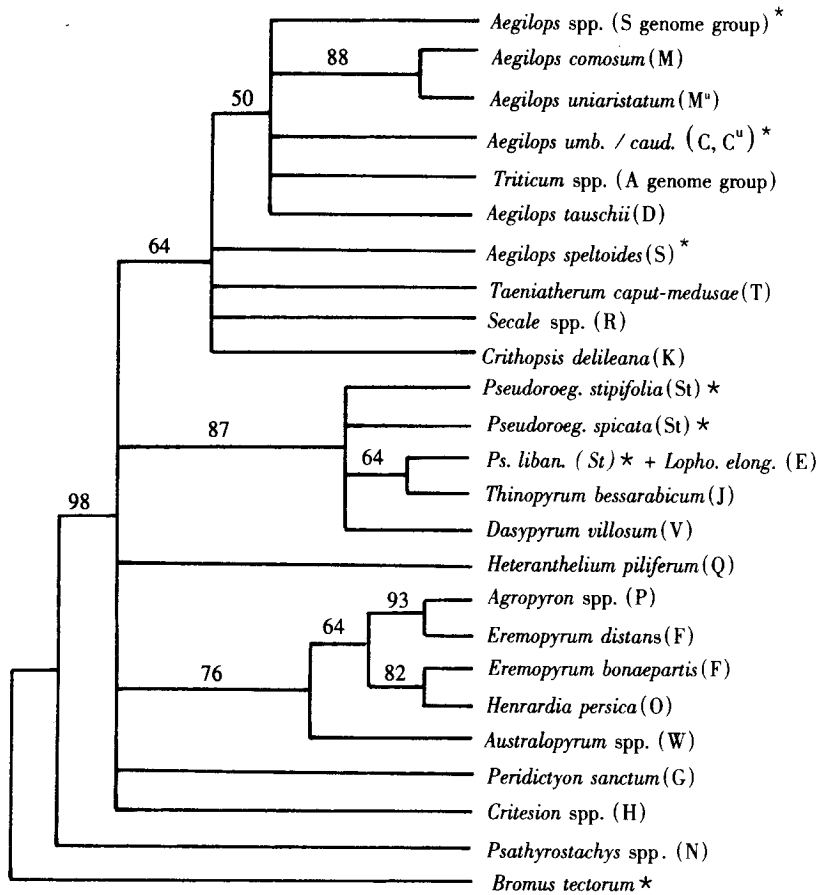


图 1-4 根据叶绿体 DNA 资料分析产生的小麦族植物系统发育关系图

: C 亦作 U; S 亦作 B; St 亦作 S; *Bromus tectorum* 不属于小麦族。
(Kellogg, 1994)

总之，在小麦族的种间关系和系统发育方面，不论从形态水平、细胞水平，还是从分子水平上都未得到统一意见，正在用新的生物技术做进一步的研究。

(三) 重要性状的鉴定和评价方面 主要产麦国家针对本国需要对本地和引进种质进行大批量抗病性、抗虫性或其他特性筛选的时期已基本过去,并且对抗性材料的地理分布大都进行了或深或浅的分析。当前在特性鉴定方面更注意策略,即提高鉴定的准确性和效率。Mackay (1990) 指出,使种质鉴定有效必须做到 3 点:第一,精心计划评价的材料,充分利用前人的鉴定结果,为了使鉴定材料的数目不致过于庞大,可以利用核心种质;第二,鉴定的性状要根据育种和生产的需要,有些性状虽不是直接需要,但与将来的增产和稳产有关,也可以鉴定;第三,鉴定结果要尽快信息化,提供利用。多年来,许多国家和国际小麦科研机构在种质资源特性鉴定方面着重为育种家提供下列 4 类材料:(1) 未来具增产潜力的种质;(2) 病虫害的新抗源;(3) 对环境有更大幅度适应性的材料;(4) 改进品质所需的种质。在鉴定材料的选择方面,首先针对目标在染色体组相同的栽培种内寻找,即若为改良普通小麦需要,先在普通小麦各类品种间寻找。若栽培种中不存在目标性状时,可在原始种中寻找。原始种中仍未找到时,再到野生种和近缘种中筛选。

许多研究发现,在小麦的野生种和野生近缘植物中,不仅存在丰富的抗病基因,而且不论自花授粉或异花授粉的种,都存在很大的种内多样性。因此,向栽培小麦转移抗病基因时,需要首先对供体种进行抗病性的遗传多样性分析。Dhaliwal 等(见 Damania, 1993)对印度旁遮普大学保存的 14000 余份小麦种质资源广泛地进行了抗叶锈病、条锈病、白粉病、印度腥黑穗病及谷物孢囊线虫的鉴定和高分子量麦谷蛋白亚基的分析。在此基础上,对已鉴定出的抗病材料中,含 A、S 和 D 染色体组的二倍体和四倍体小麦野生种和山羊草进行了叶锈病分离菌系的抗性鉴定。发现野生一粒小麦的抗病性包括 6 种反应型,拟斯卑尔脱山羊草和粗山羊草各表现 4 种反应型,野生二粒小麦有 5 种反应型,其他多倍体种在抗病反应型上也表现出很大的多样性。进一步在各个种内,不同反应型的材料间进行链式(Chain)杂交和双列(diallel)杂交,以便对抗锈基因做遗传分析。

每种基因都有基因符号。每个基因,一旦证实是新的基因时便可统一登记和命名。绝大多数基因都已进行了染色体定位,有的已确定了其在染色体或基因图谱中的位置。小麦已登记和命名的基因详见本书附录。

分子标记技术,如原位杂交、RFLP、RAPD、AFLP、SSR 及其它技术的发展对种质资源的评价鉴定将带来有力的促进。现在许多单位正在致力于寻找重要性状的分子标记。一旦发现这种标记,特性鉴定的进程将大大加快,有力地推动种质资源的有效利用。详见本书有关章。

(董玉琛 郑殿升)

主要参考文献

- 中国农业科学院.1993.农学基础科学发展战略.北京:中国农业科技出版社, 15
中国农学会遗传资源分会.1994.中国作物遗传资源.北京:中国农业出版社, 40~45
刘洪岭,李兴普.1993.河北省小麦品种选育及利用.石家庄:河北科学技术出版社, 18
许运天,董玉琛.1981.作物品种资源.北京:农业出版社
李德炎.1976.小麦育种学.北京:科学出版社

- Chapman, C. G. D. 1985. Wheat genetic resources-A survey and strategy for collecting.
- Damania, A. B. 1993. Biodiversity and Wheat Improvement. 李立会等译。1996. 生物多样性与小麦改良, 北京: 中国农业科技出版社
- Freder, S. and O. Seberg 1992. Phylogenetic analysis of the Triticeae (Poaceae). *Hereditas*, 116: 15 ~ 19
- Kellogg, E. A. 1994. Systematics of the Triticeae: Problems and progress. In Proc. of 2nd Intern. Triticeae Symp. R. R. -C. Wang, K. B. Jensen and C. Jaussi (Eds.) pp. 201 ~ 214
- Mackay, M. C. 1990. Strategic planning for effective evolution of plant germplasm. in J. P. Srivastava and A. B. Damania ed: Wheat Genetic Resources: Meeting Diverse Needs. Chichester-New York-Brisbane-Toronto-Singapore, ICARDA
- McIntyre, C. L. 1988. Variation at isozyme loci in Triticeae. *Plant Syst. Evol.* 160: 123 ~ 142
- Monte, J. V. . C. L. McIntyre and J. P. Gustafson 1993. Analysis of phylogenetic relationships in Triticeae tribe using RFLPs, *Theor. Appl. Genet.* 86: 649 ~ 655
- Plucknett, D. L. . N. J. H. Smith, J. T. Williams, N. M. Anishetty 1987. Gene Banks and The World 's Food. 许运天, 庄巧生译. 1990. 基因库与世界食物. 北京: 世界图书出版社
- Srivastava, J. P. and A. B. Damania 1990. Wheat Genetic Resources: Meeting Diverse Needs, Chichester-New York-Brisbane-Toronto-Singapore, ICARDA
- Talbert, L. E. . G. M. Magyar, M. Lavin, T. K. Blake and S. L. Moylan 1991. Molecular evidence for the origin of the S-derived genomes of polyploid *Triticum* species, *Amer. J. Bot.* 78: 340 ~ 349
- Wang, R. R. -C. 1992. Genome relationships in the perennial Triticeae based on diploid hybrids and beyond, *Hereditas*. 116: 133 ~ 136

第二章 中国小麦遗传资源

中国幅员辽阔，气候和土壤多样，耕作制度复杂，小麦分布遍及全国，栽培历史悠久。因此，中国小麦遗传资源相当丰富，特别是普通小麦的类型多，具有丰富的多样性。目前中国已编入目录的小麦遗传资源共 42777 份，其中普通小麦 37398 份，小麦稀有种 2191 份，小麦近缘植物 2237 份，小麦特殊遗传材料 951 份。这些资源的来源见表 2-1。另外，在“九五”期间还将有 2600 份小麦遗传资源编入目录，其中普通小麦 2100 多份，小麦稀有种 250 份，小麦近缘植物 200 份。据上述资料统计，中国小麦遗传资源总计 4: 4 万余份，占全世界小麦遗传资源总数（12 万份）的 36. 6%，其中产于中国的约占 23. 7%。

表 2-1 中国小麦遗传资源的数量及来源

类 别	数量 (份)	来 源	
		国内 (份)	国外 (份)
普通小麦	37398	23623 *	13775
小麦稀有种	2191	686	1505
小麦近缘植物	2237	1737	500 * *
小麦特殊遗传材料	951	741	210
合 计	42777	26787	15990

其中地方品种 13902 份，育成品种 (系) 9721 份。

国内外的份数为估计数。

中国小麦遗传资源中含有小麦属的 20 多个种，从古代就种植的有普通小麦、密穗小麦、圆锥小麦、硬粒小麦、波兰小麦和东方小麦，其它小麦种是近代从国外引进的。产于中国的普通小麦类型相当多，并且有独特的云南小麦（铁壳麦）、新疆小麦（稻麦子）、西藏半野生小麦。包括小麦近缘属有 15 个，其中中国自然界存在的有 11 个：大麦属、披碱草属、冰草属、芡草属、新麦草属、赖草属、偃麦草属、鹅观草属、黑麦属、旱麦草属和山羊草属。另外，中国科学工作者先后合成了一批小麦类新物种或异附加系、异代换系、易位系和其它特殊遗传材料，如六倍体小黑麦、八倍体小黑麦、八倍体小偃麦、七倍体小赖麦，六倍体和八倍体小簇麦及其它双二倍体物种，特殊遗传材料有单体、缺体、双端体、不育系、恢复系，等等。

第一节 中国小麦遗传资源的特点及对小麦育种的贡献

一、中国小麦遗传资源的特点

中国小麦遗传资源的突出特点，主要表现在普通小麦。中国普通小麦遗传资源和世界

上大多数国家的相比，具有早熟性、多粒性、高度适应性和高亲和性等特点。

早熟性是中国普通小麦遗传资源最突出的特点，不论是地方品种，还是育成品种都明显比国外的早熟，如北方冬麦区多数品种比欧洲品种早熟 5~10 天，比美国品种早熟 5 天左右。著名的早熟地方品种如江门东、蚰子麦、临浦早，等等。先后育成的早熟品种（系）如北京 8 号、有芒白 4 号、有芒红 7 号、辽春 4 号、福麦 7 号，大粒早等。除这些品种外，中国农业科学院作物品种资源研究所麦类室于 1992—1994 年在北京鉴定筛选出比中熟品种京 841 早熟 2~10 天的冬小麦品种（系）179 个，如北京的京双系统、早穗系统、核不育系统，山西的平阳系统、忻 79-115、长治早熟 3 号、临汾 5064，河北的冀资辐系统、冀字号系统，陕西的陕早系统，山东的鲁资系统，河南的花特早、矮早 781（豫麦 18）、百农 791，等等。

多粒性也是中国普通小麦品种较普遍具有的特性，特别是圆颖多花类型和拟密穗类型表现更为突出。在老地方品种中如白踉芒、平原 50、二芒麦、大红芒、野人毛、出山豹、排灯麦、合川光头、蚂蚱麦、神仙麦、铜柱头、金华白蒲等，它们每小穗结实 5 粒左右，中部小穗多者可达 7~8 粒，每穗结实 70 粒左右，多的可达 90 粒或百粒以上。近些年来，中国科学工作者创造一批大穗多粒的遗传资源，穗长 20cm 左右，每穗粒数 60~90 粒，多者达百粒，它们比老地方品种的茎秆粗壮，千粒重提高（一般为 40g 左右），因此产量潜力较大。这批资源有四川省的攀枝花系统、陕西省的咸阳大穗系统、河南省的兰考大穗系统和新疆阿拉尔农一师大穗系统。

高度的适应性是中国普通小麦的第三个特点，有些品种对异常环境条件或病虫害具有很强抗性或耐性。抗逆性主要是对寒、旱、涝、盐碱等逆境的抵抗（耐）能力，在北方寒旱地区的一些冬小麦品种，于冬季无雪覆盖条件下，能耐 -20℃ 的低温，这样的品种有涿鹿冬麦、涿鹿红、五常冬麦、秃穗老麦、延安老麦、昌吉白麦、抗寒麦等。在半干旱和干旱地区，有些品种遇降水很少的年份，仍然能保持令人满意的产量，它们有燕京白芒白、蚂蚱麦、平遥小白麦、燕大 1817、陇东白齐麦、礼泉和尚头、榆林 62-19、铭贤 169、开封 124、齐大 195、徐州 438 衡水 6404、克旱 10 号、早选 10 号、绥德老红麦、轮胎红冬麦、延安 11、临旱 7538-30、浹阳 5 号、渭麦 4 号、杨家山红齐头、喀什白皮、定西 24、内蒙古小红麦、惠民 706-2、甘春 11、宁夏红芒麦等。在小麦湿害经常发生的南方冬麦区，耐湿性较强的品种有蓝溪早小麦、云南怒江小麦、水里站、水涝麦、崇阳红麦、兴化白玉麦、扬麦 1 号、浙 908 等。耐盐碱土壤的老地方品种有抗碱麦、沧县红芒白、沧县小红芒、盐城鸭舌嘴、茶淀红麦、巴克甫克、德选 1 号、螻蛄尾；育成的品种有科遗 26、屯垦 1 号、屯垦 2 号（内麦 7 号）、轮抗 7 号、轮抗 6 号、鲁德 1 号、鲁德 5 号、品冬 29、422M-1 等等。在酸性土壤地区存在耐酸性土壤的品种，如南昌条身子和进贤泡子麦等。还有耐风吹不易落粒的品种山西气死风类型，闭颖授粉的山东气死雾类型品种。抗病性的鉴定研究表明，中国小麦遗传资源中有些抗病性很强，经中国农业科学院植物保护研究所鉴定发现，抗锈病的小麦地方品种有莱阳秋（山东福山）、小白糠（山东海阳）、瞎八斗（山西万泉）、黑头麦、黑麦子（新疆塔城）、福寿麦（新疆莎东）等。抗白粉病的地方品种有小白冬麦（新疆景化）、白蚰蜒条（山西永济）、山疙瘩（山西解虞）、蚂蚱麦（山西临汾）、大葫芦头（河北沙河）、白麦（河北成安）、鹅翎白（河北大名）、白葫芦头（河北