

小麦矮秆突变体的遗传分析

林廷安 朱渭 李春兰

(北京农业大学)

提 要

对辐射诱发的小麦矮秆突变系进行了遗传分析，鉴定出这些矮秆突变系主要受1~2个主要的隐性矮秆基因所控制，而且这些隐性矮秆基因并未带有不良的基因多效性，即胚芽鞘相应地缩短而影响出苗率，说明辐射诱变方法可以创造自然界所缺少的矮源。

近年来，矮秆小麦由于增强了抗倒伏性和有效地施用氮肥能充分地发挥增产潜力，已受到小麦育种家的重视。但是，目前为育种家所利用的小麦矮秆基因相当少，而且国际上最广泛应用的矮源，尤其是日本的“农林10号”和津巴布韦的“奥里森”带有明显的基因多效性^{[8][11]}，即相应地缩短了胚芽鞘的长度，这样对幼苗的出土率影响较大，特别是在干旱条件下，矮秆小麦的出苗率普遍较差，为了培育更多的高产矮秆小麦，必须去创造更多的矮秆原始材料，从中筛选出不带有这种基因多效性的矮源，可是这种类型用杂交方法是不易获得的，但是可以通过诱发突变的方法来创造。近年来美国^[8]、意大利^[8]和苏联^[14]等国采用辐射和化学诱变的方法已成功地获得各种类型的矮秆和半矮秆突变体，直接或间接地培育成一批优良的矮秆小麦品种，证明很多矮秆突变体是选育矮秆小麦品种极有用的材料。但是国际上对小麦矮秆突变体的遗传研究得较少。

我们试验的目的是对几年来我们利用辐射和化学诱变剂引变获得的几个小麦矮秆突变体进行初步的遗传分析，鉴定这些矮秆突变体是显性还是隐性，判断矮秆突变系所具有的矮秆基因数目，同时通过与目前国际上广泛采用的矮源如农林10号和奥里森等品种进行杂交，来鉴别这些矮秆突变系是否具有与它们相同的或不同的矮秆基因，并进一步探索这些矮秆突变系在育种上利用的价值。

材 料 与 方 法

试验采用了以下3个小麦矮秆突变系

(1)650 由农大139品种引变而得的矮秆突变系(γ射线25000γ照射风干种子)，株高55~60厘米。

(2)1300 由有芒白四号品种引变的半矮秆突变系(用γ射线1000γ照射抽穗期的植株)，株高75~80厘米。

(3)633—1 由东方红三号品种引变的半矮秆突变系(用化学诱变剂EI 0.03% 处理种子)，株高80厘米。

二个常用的矮源

本文承卢宗海，郭平仲二同志审阅和提出宝贵意见，特此志谢。

(1)农林10号 日本矮秆小麦，株高60~65厘米。

(2)奥里森 津巴布韦矮秆小麦*，株高60~65厘米。

原始品种农大139，有芒白四号和东方红三号均为100~120厘米的高秆品种。

这3个矮秆突变系分别与其高秆亲本品种及矮秆品种农林10号和奥里森进行杂交。

为了保证植株生长均匀，将获得的F₁代种子单粒点播，株距10厘米，F₂代株距为20厘米，行距均为30厘米，二次重复。获得的资料进行生物统计处理，用势能比法^[12]来测定F₁代秆高的显性程度(h)。

$$h = \frac{F_1 - MP}{\frac{1}{2}(P_1 - P_2)}$$

MP—中亲值；

F₁，P₁及P₂分别为F₁代及二个亲本的平均株高。

F₂代群体的植株高度采用5厘米分组法来进行分组，在表和图上所表示的数值是每个茎秆组的上限。

在进行胚芽鞘长度的研究时，增加三个矮秆突变系：①1596-1-3 由农大139引变而得的矮秆突变系，株高70~75厘米，②7412 由有芒白四号引变的半矮秆突变系，株高85~90厘米，③527 由农大139引变的半矮秆突变系，株高为80~85厘米。测定的方法是将种子分别播种在盛有蛭石的瓷盘内，每个试验材料50粒种子，三次重复。盘深2.5厘米，种子间距1.5厘米，行距3厘米。将瓷盘放入暗室，保持温度在18℃左右，7天后测定幼苗胚芽鞘的长度。

结果与分析

(一) 矮秆突变系的株高分析

由表1可见，突变系与其原始品种杂交的F₁代株高表现，都接近其高秆的原始品种如农大139，东方红三号或有芒白四号，说明矮秆突变系650，633-1和1300等矮秆突变系的矮秆表现是隐性的基因突变。

表1 亲本、F₁代株高平均数、方差及F₁代显性值 (1979)

组合	母本		父本		中亲值 MP	F ₁		F ₁ -MP	显性程度 (h)
	\bar{x}	S^2	\bar{x}	S^2		\bar{x}	S^2		
农大139×650	105.7	11.7	56.9	5.4	81.3	93.2	20.6	11.9	0.48
农林10号×650	66.3	23.1	56.9	5.4	61.6	89.1	24.7	27.5	5.85
奥里森×650	63.2	46.2	56.9	5.4	60.0	86.5	17.3	26.5	8.41
东方红三号×633-1	121.9	40.4	80.0	10.4	100.9	115.6	11.3	14.7	0.70
奥里森×633-1	63.2	46.2	80.0	10.4	71.6	100.0	24.6	28.4	3.38
有芒白四号×1300	119.5	40.1	80.4	5.0	99.9	113.8	23.9	13.9	0.71
农林10号×1300	66.3	23.1	80.4	5.0	73.3	100.0	10.1	26.7	3.78
奥里森×1300	63.2	46.2	80.4	5.0	71.8	90.5	39.8	18.7	2.17

三个矮秆突变系650，633-1和1300分别与有名的小麦矮秆基因源—农林10号和奥里森杂交获得的结果表明，F₁代株高表现均为明显的超显性(h>1.05为超显性)(表

*奥里森原为春麦，1977年我们引来试验冬种，仅存活一株，已为冬性，生长良好，现所用的研究材料均为这一株后代。

1)。 F_1 代株高超显性的表现说明，这三个矮秆突变系至少有一个或几个主要的矮秆基因不同。因为遗传学上早有说明，凡是两个表型相同，而基因型不同的突变类型杂交时， F_1 代由于遗传互补作用而失去突变表型，而如果 F_1 代仍保持突变表型说明两系的基因型相同。突变系650虽然在茎秆高度表现型上与农林10号和奥里森很相似，但产生了明显的超显性(h 分别为5.85和8.41)。可以推断650的矮秆基因与农林10号和奥里森不同。根据Allan^[5]等人的研究，证明农林10号至少带有二个主要的独立的隐性矮秆基因 Rht_1 和 Rht_2 ，而根据Fick等人^[7]研究认为，奥里森除带有与农林10号相似的二个主要的隐性矮秆基因外，还具有第三个显性的矮秆基因 Rht_3 ，这个基因对所有高秆基因表现部分显性作用。我们的资料至少可以证明，650、1300和633—1所具有的隐性矮秆基因与 Rht_1 或 Rht_2 不同。

1980年我们研究了3个矮秆突变体与其原始品种杂交的 F_2 代。表2表示了 F_2 代群体各个茎秆组的频数分布。数字下面的横线表示亲本株高的范围。在农大139×650组合的228株 F_2 代中有14株(占6.1%)分布在650的秆高分布范围内，而有214株(占93.9%)分布在农大139的秆高分布范围内(图1)，通过 χ^2 测验 F_2 代株高分离很符合15:1的二对基因的分离比率($P=0.99-0.95$) (表3)。初步可以推测650的矮生性可能是受二个隐性基因所控制。在矮秆突变系633—1与其原始品种杂交的 F_2 代中，分离表现很符合3:1的分离比率($P=0.95-0.90$)，可以推断633—1可能具有一个隐性的矮秆基因。在有芒白四号×1300的 F_2 代182个群体中有10株(占5.5%)的株高低于1300的株高分布范围，有74株(占40.6%)在1300株高分布范围之内，另有98株(占53.8%)在有芒白四号株高分布范围之内，分离比率类似9高:6中矮:1矮($P=0.70-0.50$) (表2，图3)，说明1300矮秆突变系可能具有两个隐性的矮秆基因。

表2 F_2 代株高分离

1980年

组合	茎秆高度组															
	30	35	40	45	50	55	60	65	70	75	80	85	90	95	100	105
农大139×650					4	8	7	11	35	65	56	32	14	1		
有芒白四号×1300					1	1	8	8	32	34	33	32	21	11	1	
东方红三号×633—1					1	8	4	22	20	23	28	35	38	22	4	8
农林10号×650	1	2	9	17	25	28	43	42	22	7	9					
农林10号×1300		2	7	12	19	35	45	38	34	20	12	6	1	1		
650×奥里森			4	5	4	15	17	7	14	5	4	3	1			
1300×奥里森			1	3	3	4	4	5	8	4	3	4	2	1		
633—1×奥里森			1	1	1	0	4	2	5	5	6	4	2			

由表2还可以看到，这3个矮秆突变系与农林10号和奥里森杂交的 F_2 代株高分布表现了极为明显的越亲分离，有大量的植株超越二个亲本株高的极限，这种现象亦为这些突变系具有与农林10号等所具有的不相同的矮秆基因提供了补充证明。

(二) 株高与胚芽鞘长度之间的关系

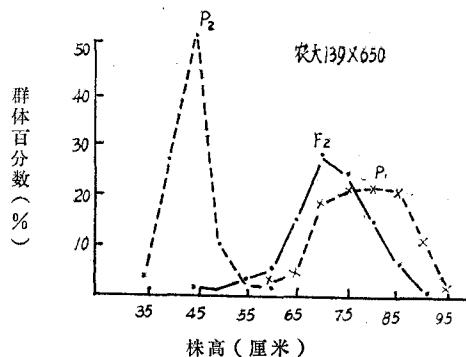
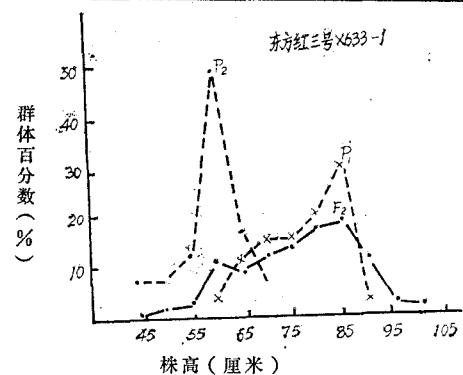
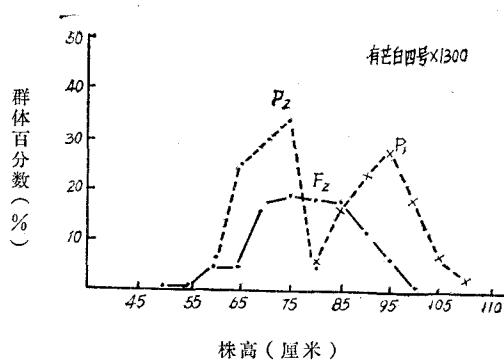
对6个矮秆突变系及其原始品种和农林10号，奥里森的胚芽鞘长度测定的结果(表4)表明，矮秆突变系的株高虽然明显地低于原始品种，但胚芽鞘长度没有相应的降低(如527，1300，7412，633—1)，或者略有降低(如650及1596—1—3)，但不显著，这些矮秆突变系及其原始品种胚芽鞘长度在4.85~6.43厘米之间，而农林10号和奥

表3 F_2 代株高分离及适合度检验

组合	植株总数	植株数			理论比率	χ^2 值	P值
		高秆	中矮秆	矮秆			
农大139×650	228	214	—	14	15:1	0.0029	0.99~0.95
有芒白四号×1300	182	98	74	10	9:6:1	0.843	0.70~0.50
东方红三号×633-1	203	153	—	50	3:1	0.0149	0.95~0.90

表4 矮秆突变系及其原始品种的平均胚芽鞘长度及株高

突变系及 原始品种	平均胚芽鞘长度 (厘米)	平均株高 (厘米)
650	5.44±0.50	56.9±2.32
1596-1-3	5.63±0.41	71.5±5.28
527	6.41±0.62	85.0±6.78
农大139	6.43±0.73	105.7±3.42
1300	5.01±0.73	80.4±2.24
7412	4.85±0.47	88.8±3.39
有芒白四号	4.71±0.50	119.5±6.33
633-1	5.37±0.72	80.0±3.16
东方红三号	5.29±0.56	121.9±6.35
农林10号	3.49±0.30	66.3±4.81
奥里森	3.81±0.35	63.2±6.79

图1 农大139×650 F_2 代群体株高频率分布曲线图2 东方红三号×633-1 F_2 代群体株高频率分布曲线图3 有芒白四号×1300 F_2 代群体株高频率分布曲线

里森的胚芽鞘明显地短于这些矮秆突变系及原始品种，长度为3.49~3.81厘米。

讨 论

Merkle等人的研究^[9]认为小麦株高的表现是由少数位点所控制，而且正常株高对半矮生性来说是部分显性的。Powell^[10]等人以及Allan等人^[5]的试验结果认为小麦矮秆遗传是比较简单是由1~3个位点上的隐性或显性的等位基因所控制的。我们的试验结果和上述的资料很一致，我们认为用物理、化学诱变因素引变的小麦矮秆突变系亦是由少数位点的，主要是隐性基因所控制。

在小麦诱发突变的试验中，获得各种类型的矮秆突变是比较普遍现象，根据Allan

和Vogel的单体分析表明^[4]，至少有11个染色体影响小麦的株高表现。E. R. Sears发现21个小麦染色体中有16个染色体带有缩短株高的基因，因此，如果射线引起任何16个染色体上一个基因发生突变或者引起一个正常基因缺失都可能使小麦茎秆缩短。根据矮秆突变系650的穗型为密穗型，明显地不同于农大139的纺锤型穗型，而且株高比原品种降低很多（45~50厘米），我们推断这种矮秆类型也可能是由射线引起的包含Q位点的染色体缺点而产生的，但还需要作进一步的研究。

小麦胚芽鞘长度在遗传上是相当稳定的，与株高间的相关极高($r = 0.805$)，苏联Ф. Г. Кириченко对25个冬小麦品种胚芽鞘长度的测定结果相关系数为 $r = 0.60 \pm 0.13$ ^[13]。而且根据一些人的研究，半矮生冬麦胚芽鞘的长度只有高秆品种胚芽鞘长度的 $1/3 \sim 3/4$ ^[5]。国际上很多有名的矮秆小麦品种由于带有农林10号的矮秆基因(Rht^1 和 Rht^2)，而且这二个隐性基因在胚芽鞘长度上有累加作用，因此，虽然加强了矮秆性状，但缩短了胚芽鞘，影响幼苗出土率。我们的试验结果证明，用诱发突变的方法可以获得更多株高比原品种明显降低的各种类型的矮秆和半矮秆突变系，而且这些矮秆基因并未带有使胚芽鞘缩短这种不良的基因多效性。因此，这些矮秆突变系将为矮秆小麦育种扩大遗传基础，诱发突变的方法可以源源不断地为选育小麦良种提供有价值的原始材料。

参 考 文 献

- [1] 顾洪铭等：1981，梗稻矮秆基因遗传分析，遗传，3(3)：20~23。
- [2] 林廷安等：1979，小麦矮秆突变的诱发，遗传，1(3)：27~30。
- [3] R.E. Allan, Vogel O.A., Burleigh J.R., Peterson C.J.: 1961. Inheritance of coleoptile length and its association with culm length in four wheat crosses. Crop Sci. 1: 328~332.
- [4] R.E. Allan, Vogel O.A.: 1963. F_2 monosomic analysis of culm length in wheat crosses involving semi-dwarf Nornin 10/Brevor-14 and Chines Spring series. Crop Sci. 3: 538.
- [5] R.E. Allan, Vogel O.A. and Peterson C.J.: 1968. Inheritance and differentiation of semidwarf culm length of wheat. Crop Sci. 8: 701~704.
- [6] T.P. Bogyo, Scarascia-Mugnozza G.T., Sigurbjornsson, B., Bagmara, b.: 1969 "Adaptation studies with radiation-induced durum wheat mutants" Induced Mutation in Plant. IAEA Vienna.
- [7] G.N. Fick, Qualset C.O.: 1973. Genes for dwarfness in wheat *Triticum aestivum* L. Genetics 75: 531~539.
- [8] C.F. Konzak: 1976. A review of semidwarfing gene sources and a description of some new mutants useful for breeding short stature wheats" Induced Mutations in Cross-breeding IAEA, 79~93.
- [9] O.G. Merkle and Alkins I.M.: 1964. Inheritance of plant height and stem rust resistance in wheat *Triticum aestivum* L. Crop Sci. 4: 453~454.
- [10] J.B. Powell and Schlehuber: 1967. Components of height inheritance of the semi dwarf straw character in wheat *Triticum aestivum* L. Crop Sci., 7: 511~516.
- [11] L.P. Reitz, Salmon S.C.: 1969. Origin, history and use of Nornin 10 wheat. Crop Sci. 8: 686~689.
- [12] G.E. Romero and Frey K.J.: 1973 Inheritance of semidwarfness in several wheat crosses. Crop Sci. 13: 334.
- [13] Ф.Г. Кириченко, Литвиненко Н.А., Пыльцев В. М: 1978. Длина колеоптиле у короткой стебельных сортов и мутантов озимой мягкой пшеницы. Доклады ВАСХНИП. 1978. № 7. 5~7.
- [14] П.П. Лукьяненко Избранные на труды: 1973 М. «Колос» .

STUDIES ON THE INHERITANCE OF SHORT-CULM MUTANTS IN WHEAT

Lin Tingan Zhu May Li Chunlan

(*Department of Agrophysics, Beijing Agricultural Univ.*)

ABSTRACT

The inheritance of three induced short culm wheat mutants were studied. Two of the mutants are determined by two recessive genes, one by a recessive gene.

In the crosses of three short-culm mutants with Nornin 10 and Olessen, the widely used semidwarf sources, there was transgressive segregation in the F_2 populations suggesting that the recessive genes determining short stature in the mutants and Nornin 10 are different.

Studies on the coleoptile length showed that Nornin 10 and Olessen have short coleoptiles and the genes in Nornin 10 and its derivatives concerning short stature are associated with undesirable pleiotropy such as poor emergence etc., while the short-culm wheat mutants induced by us have long coleoptile as their parent varieties. They may have value in the development of short statured, higher lodging-resistant wheat.