

# 小麦几个“矮源”品种矮秆基因的遗传分析\*

朱国华\*\* 林志珊 辛志勇 庄巧生

(中国农业科学院作物育种栽培研究所)

## 提 要

本研究选用矮变1号、冬协2号为主要矮源,通过株高的常规遗传分析、单体分析和赤霉素( $GA_3$ )鉴定,分析了矮源品种矮秆基因的遗传特点。结果表明:矮变1号受一对不完全显性矮秆基因控制,其株高和胚乳皆对 $GA_3$ 不敏感。蚰包的衍生系冬协2号、CA8333和农林10号的衍生系G-230携带有相同的一对隐性矮秆基因Rht2,且位于4D染色体上,其株高对 $GA_3$ 不敏感,但胚乳对 $GA_3$ 敏感。花培矮携带两对 $GA_3$ 不敏感的隐性矮秆基因,其中一对与冬协2号和G-230的相同。

**关键词** 小麦矮秆基因,单体分析,赤霉素敏感性

近二十多年以来,国外一些学者采用常规方法、染色体工程技术及赤霉素( $GA_3$ )处理对几个矮源所携带的矮秆基因做过较多的研究鉴定<sup>[4][6][12][14]</sup>。其中农林10号具有两个隐性半矮秆基因Rht1和Rht2,分别位于染色体4A和4DS上;大姆指矮具有一个半显性矮秆基因Rht3,位于染色体4A上,为Rht1的等位基因,这3个基因对 $GA_3$ 反应不敏感;日本赤小麦携带有Rht8和Rht9两个隐性矮秆基因,分别位于染色体2D和7BS上,它们对 $GA_3$ 表现为敏感。矮变1号携带有显性矮秆基因Rht10,位于染色体4DS上,但对矮变1号的研究还不深入<sup>[13][11][12]</sup>。同时对在华北北部地区矮化育种中起过重要作用来自山东矮源品种蚰包的遗传行为也不清楚。据此本文研究了矮变1号、冬协2号(含蚰包矮秆基因)为主的一些矮源品种的矮秆基因,试图为小麦矮化育种提供更多的信息。

## 材 料 与 方 法

1986—1990年分别在中国农科院作物所试验地、网室及实验室内进行试验,包括4个试验。

**1. 株高的常规遗传分析** 以矮变1号、冬协2号、G-230、花培矮一组为矮秆亲本,丰抗8号、丰抗13号为一组中高秆亲本,按矮×中高秆的NCII设计配制组合。1987年春配齐所有组合的 $P_1$ 、 $P_2$ 、 $F_1$ 、 $F_2$ 4个世代及部分组合的回交世代 $B_1$ 、 $B_2$ 。同年秋播上述材料,采用随机区组设计,3次重复,随机选取单株考察株高性状。

**2. 外源 $GA_3$ 处理的效应分析** 选用4个矮秆亲本与丰抗8号、丰抗13号和CA8333杂交组合的 $F_2$ 代及其7个亲本品种。试验在室内黑暗条件下进行,控制温度25

\* 该研究得到了国家科委“七·五”攻关项目资助。

\*\* 现在中国科学院遗传研究所工作。

— 28℃。品种和 F<sub>2</sub> 代的种子先用 7% 的次氯酸钠溶液消毒, 再播于盛有蛭石的瓷盘内, 2 次重复, 0℃ 低温培养 3 天后, 采用 10ppm 的 GA<sub>3</sub> 溶液每天浇苗的基部。处理 3 天后连续记载苗高, 直至第一片叶停止生长为止。GA<sub>3</sub> 处理鉴定矮秆基因按照 Gale<sup>[11]</sup> (1978) 建立的测验方法进行。其中 GA<sub>3</sub> 敏感性分类中, 部分敏感的形态特征为苗高介于不敏感和敏感类型之间, 第一叶片呈直立状, 苗基部较粗, 与不敏感类型类似(粗略可归为不敏感类型), 而与敏感类型第一叶片的披垂状和苗基部的细长状明显不同。

**3. 胚乳对 GA<sub>3</sub> 反应的鉴定** 根据 Gale<sup>[8][9]</sup> (1973, 1975) 经过我们改良的方法进行。把矮变 1 号和冬协 2 号的种子的胚去除, 用 7% 的次氯酸钠溶液消毒后将不带胚的种子接种于外加 GA<sub>3</sub> 的培养基上, 以不加 GA<sub>3</sub> 的培养基作为对照。两天后滴入 I-KI 指示剂显色鉴别其敏感性。

**4. 单体分析** 考虑到在作物所的矮化育种中常用冬协 2 号作为矮秆亲本利用, 所以对它携带的矮秆基因进行染色体定位。1988 年在网室内用冬协 2 号作父本与中 7902 的 21 个单体杂交, 所收杂交种 F<sub>1</sub> 植株, 用细胞学方法镜检选出单体。1989 年用选出的单体 F<sub>1</sub> 植株自交得到 F<sub>2</sub> 代。1990 年春在实验室内用 GA<sub>3</sub> 处理各家系单体自交的 F<sub>2</sub> 代种子。其它具体步骤同试验 2。对长出的苗隔天取根尖固定, 供镜检用。

## 结 果 与 分 析

### 1. 株高的常规遗传分析

把矮亲分别与中高亲的杂种 F<sub>1</sub> 代的株高优势和显性度列于表 1 (注: 由于 1988 年气候条件影响, 株高普遍偏低)。从表 1 中可见: 冬协 2 号、G-230 的 F<sub>1</sub> 代不仅出现超中亲,

表 1 F<sub>1</sub> 及双亲株高比较(1987、1988)(厘米)

Table 1 Comparison of plant heights among F<sub>1</sub> and the two parents (cm)

组 合 Crosses	亲本 1 Parent 1		亲本 2 Parent 2		杂种一代 F <sub>1</sub> generation		中亲 Mid-parent		显性度* Dominance degree	
	1987	1988	1987	1988	1987	1988	1987	1988	1987	1988
矮变 1 号 × 丰抗 8 号	31.7	29.0	90.6	71.1	52.6	45.9	61.5	50.0	0.30	0.20
矮变 1 号 × 丰抗 13 号	31.7	29.0	92.3	70.6	55.5	44.5	62.1	49.8	0.22	0.25
冬协 2 号 × 丰抗 8 号	78.2	60.5	90.6	71.1	97.8	73.7	84.6	65.8	-2.13	-1.50
冬协 2 号 × 丰抗 13 号	78.2	60.5	92.3	70.6	93.8	69.1	85.2	65.5	-1.22	-0.70
G-230 × 丰抗 8 号	82.3	70.3	90.6	71.1	94.7	79.6	86.6	70.7	-1.98	-22.63
G-230 × 丰抗 13 号	82.3	70.3	92.3	70.6	102.1	79.9	87.2	70.4	-2.98	-67.71
花培矮 × 丰抗 8 号	52.9	49.0	90.6	71.1	79.5	69.5	72.1	60.1	-0.39	-0.86
花培矮 × 丰抗 13 号	52.9	49.0	92.3	70.6	85.9	70.3	72.7	59.8	-0.67	-0.98

$$* \text{显性度(Dominance degree)} = \frac{F_1 - MP}{\frac{1}{2}(P_1 - P_2)}$$

而且还出现超高亲;花培矮的组合仅出现超中亲;而以矮变1号为亲本的组合,不表现超亲现象,说明它具有明显的降秆作用。再从显性度的值看:矮变1号为亲本,  $F_1$  的  $D$  值为正值,而其它亲本  $F_1$  的  $D$  值为负值。由上可以得出结论:矮变1号携带有部分显性的矮秆基因,其它矮秆亲本则具有隐性矮秆基因。

矮 × 中高组合的  $F_2$  代及回交世代的株高变异列于表2、图1。从中可以看出:矮变1号 × 丰抗8号、矮变1号 × 丰抗13号组合的  $F_2$  代株高分离分别为双峰和三峰分布,经卡方( $\chi^2$ )测验,分别符合3矮:1高和1矮:2半矮:1高的比例。丰抗8号组合的回交世代:  $B_1$  为1矮:1半矮,  $B_2$  为1半矮:1高,经  $\chi^2$  测验都适合。由此可知,矮变1号受一对不完全显性主效矮秆基因控制,它在不同的遗传背景下的作用大小不同。冬协2号组合的  $F_2$ 、 $B_1$  及  $B_2$  代株高呈正态分布, G-230、花培矮的组合则表现为正倾或多峰分布,多峰分布的峰谷不明显。说明这三个矮秆材料受一对或少数几对隐性基因控制。此外,分布图的超亲分离表明这些矮秆亲本还受到一些微效基因的影响。

## 2. 外源赤霉素( $GA_3$ )处理的效应分析

$GA_3$  处理品种幼苗高度的变化列于表3。表中可见:矮变1号、冬协2号、G-230、花培矮和 CA8333 5个品种处理与对照的苗高比较接近,表现为对  $GA_3$  不敏感;丰抗8号、丰抗13号2个品种处理的苗高明显高于对照,表现对  $GA_3$  反应敏感。从芽鞘长度的变化对比也可以看出不同品种对  $GA_3$  反应有敏感或不敏感的趋势,但不很明显。由此说明这4个矮秆亲本及 CA8333 携带有  $GA_3$  不敏感的矮秆基因,其余2个中秆品种不携带有矮秆基因或携带有  $GA_3$  敏感的矮秆基因。

表2  $F_2$ 、 $B_1$ 、 $B_2$  世代株高分离 (1988)  
Table 2 Segregation of plant height in  $F_2$ ,  $B_1$  and  $B_2$  generations

世代 Generation	组合 Crosses	矮 Dwarf	半矮 Semi-dwarf	高 Tall	合计 Total	比例 Ratio.	$\chi^2$	$\chi^2_{0.05}$
$F_2$	矮变1号 × 丰抗8号		183	67	250	3 : 1	0.432	3.84
	矮变1号 × 丰抗13号	23	65	31	119	1 : 2 : 1	2.093	5.99
	冬协2号 × 丰抗8号		正态分布		278			
	冬协2号 × 丰抗13号		正态分布		128			
	G-230 × 丰抗8号		正倾分布		165			
	G-230 × 丰抗13号		多峰分布		163	不典型		
	花培矮 × 丰抗8号		多峰分布		135	不典型		
	花培矮 × 丰抗13号		多峰分布		356			
$B_1$	矮变1号 × 丰抗8号	46	51		97	1 : 1	0.258	3.84
	冬协2号 × 丰抗8号		正态分布		106			
$B_2$	矮变1号 × 丰抗8号		69	70	139	1 : 1	0.007	3.84
	冬协2号 × 丰抗8号		正态分布		93			

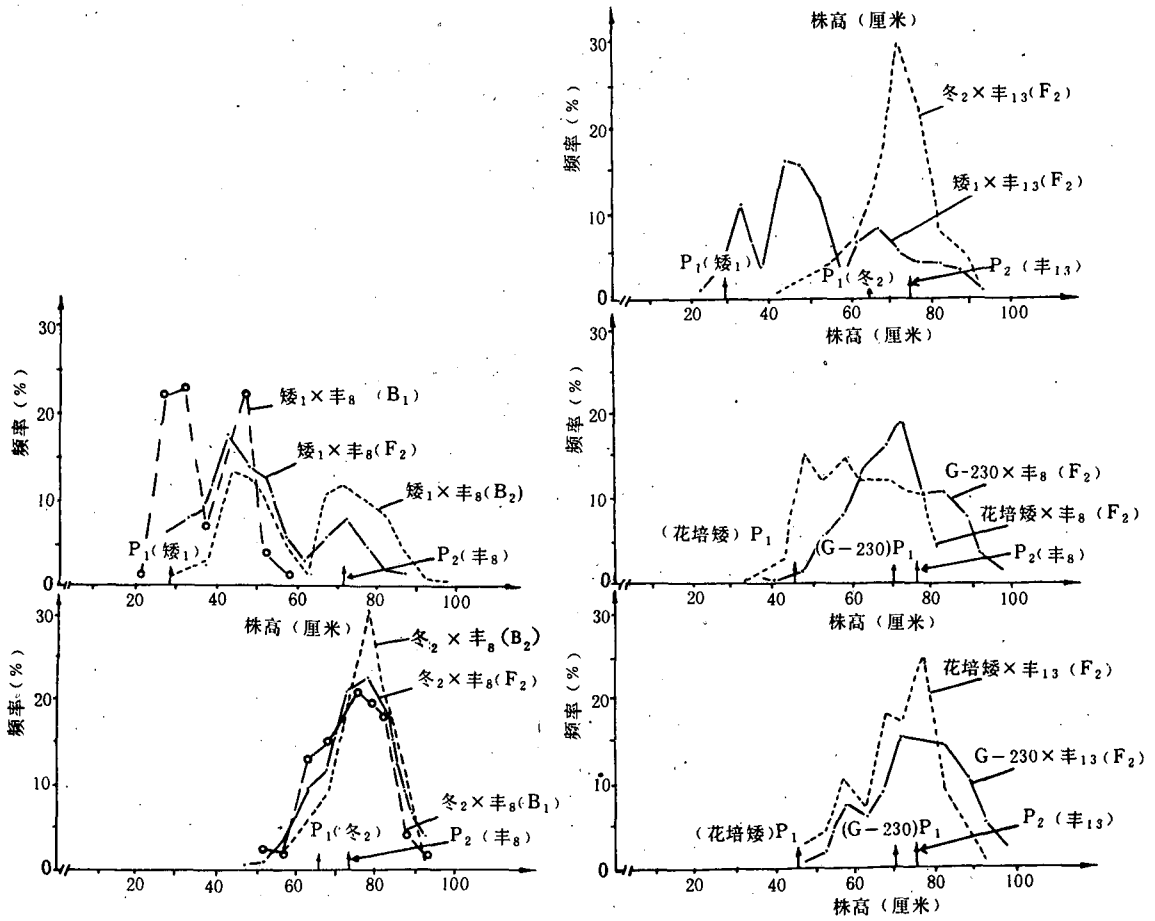


图1 分离世代的株高分布(1988)

Fig. 1 Distribution of frequency of plant height in segregating generations

在Gale<sup>[11]</sup> (1978)提出的 GA<sub>3</sub> 及矮秆基因(Gai / Rht) 测验方法的基础上,加上新的Rht10 基因,这里重新制定一个测验表(表4)作为鉴定矮秆基因的标准(其中 Gai / Rht 表示 GA<sub>3</sub> 不敏感基因与矮秆基因是完全连锁或基因多效遗传)。12个组合的 F<sub>2</sub> 代幼苗对 GA<sub>3</sub> 处理的反应结果列于表5。先分析不敏感 × 敏感的8个组合: 幼苗对 GA<sub>3</sub> 的反应表现为3种类型: 不敏感、部分敏感和敏感。矮变1号 × 丰抗8号(或丰抗13号)的组合经  $\chi^2$  测验, 适合1不敏感: 2部分敏感: 1敏感的比例。因此矮变1号只受一对矮秆基因控制。同理得出冬协2号、G-230也都受一对矮秆基因控制。从花培矮 × 丰抗8号(或丰抗13号)组合可知, 3种类型的比例经  $\chi^2$  测验适合9不敏感: 6部分敏感: 1敏感的比例, 表明花培矮携带有两对矮秆基因。再看不敏感 × 不敏感类型的4个组合: F<sub>2</sub> 代幼苗都表现为对 GA<sub>3</sub> 不敏感(I)。其中冬协2号 × CA8333 组合因父母本都含有同样的蚰包矮秆基因, 故 F<sub>2</sub> 代呈现全 I。值得注意的是 G-230 × CA8333 组合中, 也只出现全 I 的类型。G-230 是 Gaines 品种的后代, 而 Gaines 携带有农林10号的一对矮秆基因 Rht2<sup>[10]</sup>。结合本试验可知 G-230 也含有一对 Rht2 基因。根据表4, 可以推知 CA8333 可能携带 Rht2 或 Rht10。但 CA8333 并不太矮, 且 CA8333 和冬协2号含有共同矮秆基因, 而冬协2号的胚乳反应为

表3 GA<sub>3</sub>处理后不同时期(月/日)的幼苗高度(厘米)(1988)  
Table 3 Seedling height (cm) at different dates (month/day) after GA<sub>3</sub> treatment

品种 Variety	浓度 Concentration (ppm)	时期 Date								芽鞘长度 Coleoptile length
		4/19	4/20	4/21	4/22	4/23	4/24	4/25	4/30	
矮变1号	0	2.30	3.27	4.22	5.15	5.73	6.40	7.05	7.26	2.50
	10	2.33	3.50	4.34	5.27	5.96	6.59	7.18	7.33	2.47
冬协2号	0	2.94	4.97	6.53	9.00	10.78	12.90	14.40	16.60	4.27
	10	3.14	5.13	7.10	9.20	11.10	13.27	14.70	17.40	3.70
G-230	0	3.03	4.75	6.27	7.85	9.28	11.16	12.47	14.25	3.43
	10	3.09	4.93	6.70	8.27	9.59	11.20	12.65	13.98	3.45
花培矮	0	2.30	3.37	4.97	6.22	7.19	8.26	9.30	10.30	3.00
	10	2.48	3.70	5.43	6.67	7.58	8.63	9.50	10.93	2.90
CA8333	0	3.34	4.93	6.95	9.48	11.03	13.04	15.03	17.25	3.88
	10	3.70	5.97	8.63	10.67	12.14	13.40	15.37	18.45	4.05
丰抗8号	0	3.43	4.75	6.80	9.58	11.72	14.10	15.83	18.40	4.50
	10	4.18	7.38	10.57	13.73	15.60	17.43	18.84	23.70	5.30
丰抗13号	0	4.63	6.68	9.40	11.97	13.74	15.73	17.40	18.80	5.25
	10	5.18	9.63	12.70	15.90	18.80	22.25	24.65	25.25	5.33

首次GA<sub>3</sub>处理时期为4/16 The first time of GA<sub>3</sub> treatment : 4/16

芽鞘长度为最后测定值 Coleoptile length is the last value of measurement

S(见试验3), 因此CA8333及冬协2号所含的矮秆基因只可能是Rht2, 而不是Rht10。又从花培矮 × CA8333组合的F<sub>2</sub>代呈现全I, 可以推测花培矮也是Rht2基因的携带者。

### 3. 胚乳对GA<sub>3</sub>反应的鉴定

小麦种子萌动时, 从胚分泌出的赤霉素在糊粉层诱导合成或激活了 $\alpha$ -淀粉酶。当种子被切成两半时, 不带胚的半截种子不能产生 $\alpha$ -淀粉酶, 但将其放置在外加GA<sub>3</sub>的培养基上时便可诱导产生 $\alpha$ -淀粉酶, 并将培养基中的淀粉分解成糖。用I-KI指示剂显色时被水解的部分呈现白色晕圈, 圈的大小表示种子糊粉层细胞合成或激活 $\alpha$ -淀粉酶的能力, 也即显示种子胚乳对GA<sub>3</sub>反应的敏感性。图2表示矮变1号、冬协2号不带胚的半截种子在外加GA<sub>3</sub>和不加GA<sub>3</sub>的培养基上的反应情况, 上、下图分别为反应48小时和72小时后的情形。可以看出: 矮变1号产生的酶较少, 速度也缓慢, 因而种子周围培养基的白色晕圈较小; 而冬协2号的则较大。故矮变1号的胚乳对GA<sub>3</sub>较不敏感, 冬协2号的胚乳对GA<sub>3</sub>反应敏感。

表 4 亲本对GA<sub>3</sub>的反应及未知矮秆基因型测验的F<sub>2</sub>代分离的期望比例(1988)Table 4 Expected parental gibberellin responses and F<sub>2</sub> segregations of unknown Gai / Rht genotypes × Gai / Rht<sub>1</sub>, 2, 3 and 10 testers.

未知基因型 Unknown genotype	亲本对GA <sub>3</sub> 的反应 Parental response to applied GA <sub>3</sub>		F <sub>2</sub> 代分离的期望比例 Expected F <sub>2</sub> segregating ratio		
	苗 Seedling	胚乳 Endosperm	测验基因型 Tester genotypes		
			Gai / Rht <sub>1</sub>	Gai / Rht <sub>2</sub>	gai / rht
gai / rht	S	S	3I : 1S	3I : 1S	全 S
Gai / Rht <sub>1</sub>	I	S	全 I	15I : 1S	3I : 1S
Gai / Rht <sub>2</sub>	I	S	15I : 1S	全 I	3I : 1S
Gai / Rht <sub>3</sub>	I	I	全 I	15I : 1S	3I : 1S
Gai / Rht <sub>10</sub>	I	I	15I : 1S	接近全 I	3I : 1S
Gai / Rht <sub>1</sub> Gai / Rht <sub>2</sub>	I	S	全 I	全 I	15I : 1S
Gai / Rht <sub>3</sub> Gai / Rht <sub>2</sub>	I	I	全 I	全 I	15I : 1S
Gai / Rht <sub>10</sub> Gai / Rht <sub>2</sub>	I	I	全 I	全 I	15I : 1S

S: 表示 GA<sub>3</sub> 敏感; I: 表示 GA<sub>3</sub> 不敏感S: GA<sub>3</sub>-sensitive; I: GA<sub>3</sub>-insensitive表 5 12 个杂交组合 F<sub>2</sub> 代幼苗对 GA<sub>3</sub> 反应(1988)Table 5 GA<sub>3</sub> responses of F<sub>2</sub> seedlings of twelve crosses

组合 Crosses	苗数 Total seedlings	Gai / gai 表型 Gai / gai phenotype			测验比例 Testing ratio	χ <sup>2</sup>	χ <sup>2</sup> <sub>0.05</sub>
		不敏感 Insensitive	部分敏感 Partially sensitive	敏感 Sensitive			
矮变 1 号 × 丰抗 8 号	205	60	101	44	1 : 2 : 1	2.54	5.99
矮变 1 号 × 丰抗 13 号	220	63	108	49	1 : 2 : 1	1.86	5.99
冬协 2 号 × 丰抗 8 号	184	35	96	53	1 : 2 : 1	3.87	5.99
冬协 2 号 × 丰抗 13 号	152	44	75	33	1 : 2 : 1	1.62	5.99
G-230 × 丰抗 8 号	213	59	111	43	1 : 2 : 1	2.78	5.99
G-230 × 丰抗 13 号	152	46	71	35	1 : 2 : 1	3.34	5.99
花培矮 × 丰抗 8 号	209	110	88	11	9 : 6 : 1	1.99	5.99
花培矮 × 丰抗 13 号	224	119	86	9	9 : 6 : 1	3.89	5.99
矮变 1 号 × CA8333	160	160	0	0			
冬协 2 号 × CA8333	155	155	0	0			
G-230 × CA8333	128	128	0	0			
花培矮 × CA8333	189	189	0	0			

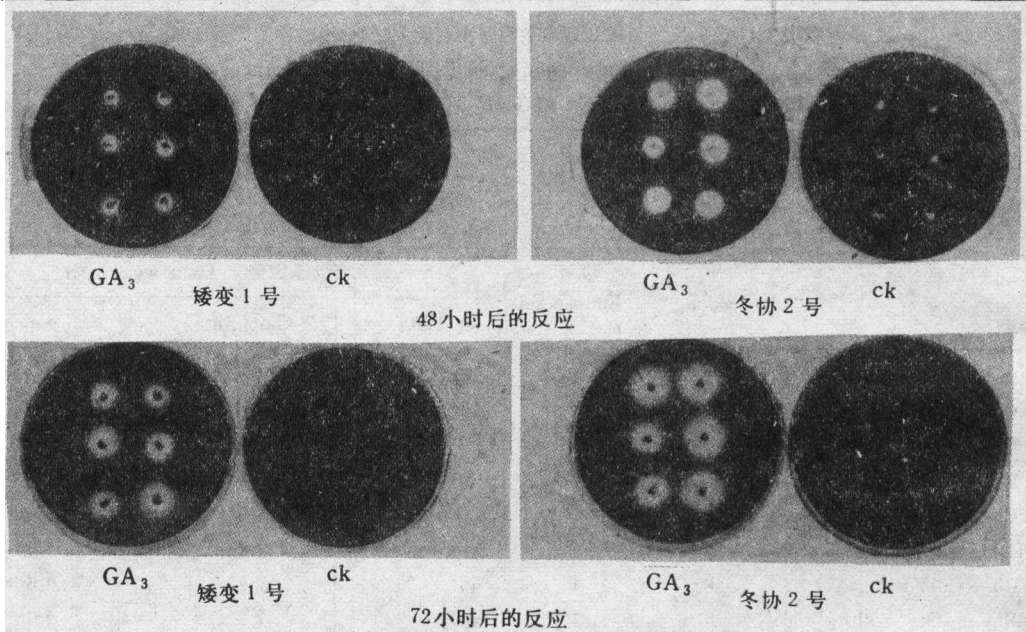


图2 矮变1号、冬协2号胚乳对GA<sub>3</sub>的反应(1990)  
Fig. 2 GA<sub>3</sub> response of endosperms of Ai-bian 1 and Dongxie 2

表6 中7902×冬协2号的单体F<sub>2</sub>代家系对GA<sub>3</sub>的反应(1990)

Table 6 GA<sub>3</sub> response of F<sub>2</sub> monosomic families of Zhong 7902×Dongxie 2

序号 Group	染色体组 Genome					
	A		B		D	
	I	S	I	S	I	S
1	29	10	27	10	24	7
2	30	11	21	8	27	13
3	27	13	31	9	28	12
4	26	12	32	7	36	2**
5	29	8	27	11	28	12
6	28	10	30	10	28	9
7	28	12	30	8	30	8
二体对照	192	55				

\*\* 达0.01显著水平      \*\* Significant at the 0.01 level.

#### 4. 单体分析

表6列出中7902×冬协2号的单体F<sub>2</sub>代家系对GA<sub>3</sub>的反应。从表6可看出:除了4D外,其余群体对GA<sub>3</sub>反应的比例都很接近3不敏感:1敏感的分离比例,经χ<sup>2</sup>测验符合期望值。对于特殊的4D染色体我们做了根尖染色体数目的检查,并结合其苗高做出图3。图中明显可见4DF<sub>2</sub>代群体中苗的高度和染色体数目的剂量效应关系较为密切,表现在苗的高度

变化为缺体( $2n=40$ )> 单体( $2n=41$ )> 双体( $2n=42$ ) 的趋势。这是因为它们中的矮秆基因分别为不存在和以杂合子、纯合子的形式存在。从以上结果可以推断, 冬协 2 号的矮秆性状受一对主效基因控制, 它位于 4D 染色体上, 为 Rht2。

## 讨 论

本研究是采用不同的方法由浅入深并加以相互验证的方式来探讨几个矮源品种矮秆性状的遗传。

1. 通过株高的遗传分析得出 矮变 1 号受一对不完全显性的主效矮秆基因和一些微效基因的控制, 但和前人的结果一样, 仍没有弄清其是否还受隐性主效基因控制<sup>[13][11][2][3]</sup>。因为它的 Rht10 基因效应大, 即使有隐性基因存在, 它在株高上的表现将被 Rht10 的作用所掩盖。但通过 GA<sub>3</sub> 反应的鉴定后, 可以认为在主效基因上, 矮变 1 号只受一对显性基因控制, 这基本上澄清了上述的问题。

2. 对具有显性矮秆基因的矮源鉴定, 单纯从后代株高分离的角度可做初步的分析; 而对隐性矮秆基因则比较困难, 既不能准确地确定其基因对数, 又难以进行染色体定位。因为株高是一种连续变异的数量性状, 易受环境条件的影响, 尤其在组合双亲株高差异不太大的情况下, 在大田条件下更难鉴定。而对 GA<sub>3</sub> 敏感性反应则是一种简单的质量性状, 可在人工控制的环境条件下测定, 即快速又准确。我们正是利用对 GA<sub>3</sub> 不敏感的基因(Gai)和矮秆基因(Rht)的完全连锁或基因多效遗传成功地测定出冬协 2 号、CA8333 象 G-230 一样都是受一对隐性主效基因 Rht2 控制, 并将其定位于 4D 染色体上。然而, 此法对 GA<sub>3</sub> 反应敏感的矮秆材料(如长 133)却不能鉴定, 此类矮秆基因可考虑象确定日本赤小麦的 Rht8、Rht9 矮秆基因那样, 利用品种间代换系(需要单独建立)的方法进行<sup>[12]</sup>。

3. 矮变 1 号的 Rht10 基因和大姆指矮的 Rht3 一样, 其胚乳对 GA<sub>3</sub> 不敏感, 会降低种子萌发时  $\alpha$ -淀粉酶的活性, 有助于选育收获前抗穗发芽的品种<sup>[5][7]</sup>, 这在我国长江流域和黑龙江省小麦收获前多雨地区具有现实意义。同时由于 Rht10 基因降秆效果显著, 在小麦杂种优势利用研究中也值得重视。

4. 本试验的鉴定结果认为, 蚰包的衍生系(如冬协 2 号、CA8333)携带的矮秆基因为 Rht2。这意味着蚰包这个矮源品种(父、母本分别为外来品种包打三百炮和华北地方品种蚰子麦)与日本品种农林 10 号的矮秆基因有共同之处。据考查, 包打三百炮不是来自日本, 而蚰子麦是四十年代至五十年代初冀鲁豫一带分布较广的地方品种之一, 它植株较矮, 可能携带有矮秆基因。因此就产生了蚰包矮秆基因的起源以及它与农林 10 号矮秆基因的关系问题。目前国内外都在广泛利用 Rht1 和 Rht2 基因<sup>[12]</sup>, 且在我国北方冬麦区有进一步扩大利用的势态。从减轻遗传脆弱性的角度看, 创造和挖掘有利用价值的新矮秆基因是十分重要的。据国外报道, 人工诱变是创造新矮源的有效途径, 今后可多加注意。

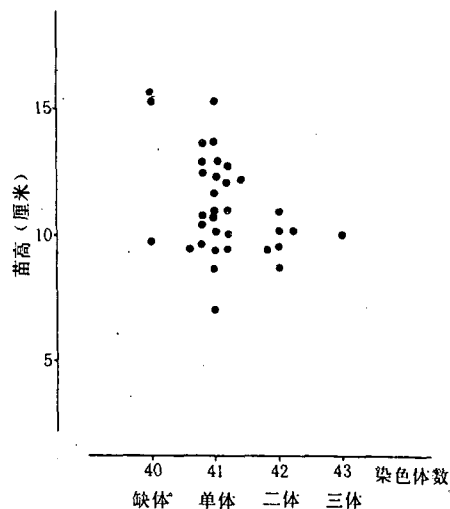


图 3 4D 单体 F<sub>2</sub> 代苗对 GA<sub>3</sub> 的反应及其染色体数(1990)

Fig. 3 GA<sub>3</sub> response and chromosome number in 4D F<sub>2</sub> monosomic seedlings.



## 参 考 文 献

- [1] 王玉成等, 1982, 作物学报, 8(3), 193—198.  
[2] 陆维忠等, 1985, 作物学报, 11(1), 39—45.  
[3] 岳大华等, 1983, 中国农业科学, (1), 36—41.  
[4] Allan, R. E. et al., 1959, Agronomy Journal, 51, 737—740.  
[5] Bhatt, G. M. et al. 1977, Euphytica, 26, 565—572.  
[6] Fick, C. N. et al. 1973, Genetics, 75, 531—539.  
[7] Flintham, J. E. 1982, Theor. Appl. Genet, 62, 121—126.  
[8] Gale, M. D. et al, 1973, Ann. Bot. 37, 729—735.  
[9] Gale, M. D. et al, 1975, Heredity. 35, 55—65.  
[10] Gale, M. D. et al, 1977, Plant Breeding Institute, Annual Report, 1976, 21—35.  
[11] Gale, M. D. et al, 1978, Proc. 6th Int. Wheat Genetics Symposium, 995—1002.  
[12] Gale, M. D. et al, 1985, Dwarfing genes in wheat, Progress in Plant Breeding, 1—35.  
[13] Izumi, N. et al, 1983, Seiken Ziho, 31, 38—48.  
[14] Morris, R. et al, 1972, Crop Science, 12, 247—249.

## Genetic Analysis of Dwarfing Genes from Several Dwarf Sources in Common Wheat

Zhu Guohua Lin Zhishan Xin Zhiyang Zhuang Qiaosheng

(Institute of Crop Breeding and Cultivation, Chinese Academy of Agriculture Sciences, Beijing)

### Abstract

Genetic studies by conventional method, monosomic analysis, and response to gibberellic acid ( $GA_3$ ) in the seedlings and endosperms were conducted for a preliminary evaluation of several sources of dwarfness in common wheat crosses. The results showed that Ai-bian 1 carried an incomplete dominant dwarfing gene, and its seedling and endosperm were  $GA_3$ -insensitive. Dongxie 2 and CA8333 (both are Youbao derivatives) and G-230 (with Norin 10 pedigree) carried the same recessive dwarfing gene  $Rht_2$ , which was located on chromosome 4D as confirmed from monosomic analysis. Its seedling was  $GA_3$ -insensitive but its endosperm was sensitive to  $GA_3$ . Huapei Ai possessed two recessive dwarfing genes to  $GA_3$ -insensitivity, one of which was similar to that of Dongxie 2 or G-230.

**Key words** Wheat dwarfing gene, Monosomic analysis, Sensitivity of  $GA_3$