

# 小麦新品系宛原 50-2 矮秆基因的 染色体定位<sup>\*</sup>

贾继增 丁寿康 李月华 张辉 齐秀改

(中国农业科学院作物品种资源所, 北京 100081)

## 提 要

宛原 50-2 是一个株高比常用矮源矮, 农艺性状较好的新品系。通过 21 个单体系  $F_1$ 、 $F_2$  的株高和  $F_2$  的赤霉素反应及测交分析, 发现该品系携带有 4 对或 4 对以上的矮秆基因。其中 Rht 1S 位于染色体 4B<sup>\*\*</sup> 上; Rht8 和 Rht9 分别位于染色体 2D 和 7B 上; 一对可能通过诱变产生的对赤霉素不敏感的矮秆基因, 暂命名为 Rht(Wan), 位于染色体 4D 上。

**关键词** 小麦, 矮秆基因, 基因定位

近 20 年来, 半矮秆小麦品种的育成与推广对世界小麦增产起了关键性作用。矮源是矮化育种的基础。迄今已正式命名的矮秆基因(Rht)有 21 个<sup>[9]</sup>。根据这些基因对赤霉素( $GA_3$ )的反应, 可分为敏感型和不敏感型两种。赤霉素不敏感的矮秆基因有 5 个, 它们是 Daruma 中的 Rht1、Rht2; 大拇指矮中的 Rht3; 矮变一号中的 Rht10 及 Saitama27 中的 Rht1s。其余均为  $GA$  敏感型的矮秆基因。世界上目前应用的矮源主要为 Daruma 和赤小麦。据统计世界上约一半以上的生产品种具有这两个矮源的血统<sup>[6]</sup>。此外, Saitama27 也是南欧及我国利用的一个主要矮源<sup>[1, 2, 10]</sup>。我国小麦矮源丰富, 但有关矮源的研究起步较晚。我国目前小麦育种常用的矮秆亲本都分别不同程度地存在着早衰、出苗力差、降秆作用小等缺点, 因此亟需培育鉴定出更理想的矮源, 以满足不断提高的育种目标的要求。

小麦矮秆新品系宛原 50-2 是河南省南阳地区农业科学研究所周中普等同志用 (St2422/464)/内乡 5 号组合的  $F_2$  种子经  $^{60}Co-\gamma$  射线照射, 幼苗返青后又用 DES 处理后选育出来的。该品系为弱冬性, 在北京地区春播可正常成熟, 秋播加薄膜覆盖可正常越冬; 株高 50cm 左右, 显著矮于我国常用的矮秆亲本; 千粒重在原产地可达 45g 左右, 在北京 1986、1987、1988 年 3 年平均为 35.4g。鉴于该品系具有上述特点, 有可能在较大范围内做为亲本利用, 因而对其矮秆基因进行研究。

## 1 材 料 和 方 法

**1.1 单体分析** 1986 年以中国春及其 21 个单体系的单体株为母本, 以宛原 50-2 为父本配齐 22 个杂交组合。次年 2 月将双亲及上述组合的  $F_1$  播于阳畦。行长 1.5m, 行距 0.3m, 单行区, 每行播 20 粒种子, 2 次重复。挑旗后取幼穗镜检, 鉴定单体株。亲本及 22 个组合的  $F_2$  子

\* 国家自然科学基金资助研究项目, 试验中得到张祖珍、姚玉环等同志的帮助, 在此一并致谢。

\*\* 1988 年第七届国际小麦遗传学讨论会后的新命名, 即原 4A。

本文于 1991 年 2 月 23 日收到, 1993 年 3 月 27 日终审完毕。

1988年春播于大田,行长2m,每行播50粒,双行区,3次重复。收获后就株高及其它农艺性状进行考察。

**1.2 赤霉酸(GA<sub>3</sub>)反应** 参照 Worland<sup>[1]</sup>等的鉴定方法,取双亲二体组合 F<sub>2</sub> 及由 21 个组合 F<sub>1</sub> 单体株产生的 F<sub>2</sub> 种子浸种催芽,待种子萌动后置入 4℃ 冰箱处理一天,以使出苗整齐。将发芽种子播入盛有砵石的容器内,然后灌以适量的 50ppmGA<sub>3</sub> 溶液,并保湿,置于 20℃ 的黑暗条件下使其生长。10 天后根据幼苗形态,鉴定 GA 敏感株,计算分离比例并进行 X<sup>2</sup> 测验。

## 2 结果与分析

**2.1 F<sub>1</sub>、F<sub>2</sub> 株高分析** 中国春、宛原 50-2、正常二体 F<sub>1</sub> 及 21 个单体系 F<sub>1</sub> 的平均株高见表 1。由表 1 可见,中国春的平均株高为 108.5cm,宛原 50-2 为 46cm, F<sub>1</sub> 二体平均株高为 87.1cm,介于中亲值(77.3cm)与高亲值(108.5cm)之间,说明宛原 50-2 的矮秆性状受部分隐性基因控制。在 21 个单体 F<sub>1</sub> 中,除 2A、2B、2D 的 F<sub>1</sub> 平均株高与二体 F<sub>1</sub> 的平均株高差异显著外,其余各单体系 F<sub>1</sub> 的平均株高与二体 F<sub>1</sub> 的株高差异均不显著。McIntosh(1988,私人通信)和我们的试验<sup>[2]</sup>均发现第二部分同源染色体群的单体株明显矮于二体株。因此尽管宛原 50-2 的

表 1 (中国春及其单体系×宛原 50-2)F<sub>1</sub>、F<sub>2</sub> 平均株高

Table 1 Mean plant height for F<sub>1</sub> and F<sub>2</sub> in crosses involving euploid CS and CS monosomics with Wanyuan 50-2

		株数	株高(cm)	株数	株高(cm)
		No. plants	Height(cm)	No. plants	Height(cm)
中国春	CS	10	108.5		
宛原 50-2(Wanyuan 50-2)		10	46		
			F1		F2
二体	Euploid	10	87.1	135	74.9
单体	Monosomic				
	1A	8	81.9	240	71.1
	1B	9	82.6	249	72.5
	1D	9	83.1	220	72.7
	2A	15	63.6 * *	213	61.5 * *
	2B	15	67.1 *	210	68.3 * *
	2D	13	58.6 *	243	61.1 * *
	3A	10	88.1	210	69.1 *
	3B	8	84.6	220	72.3
	3D	8	84.6	264	72.1
	4A	8	85.7	296	63.3 * *
	4B	8	75.8	250	64.4 * *
	4D	8	84.0	240	66.0 * *
	5A	15	93.2	195	76.2
	5B	8	86.4	240	71.9
	5D	8	87.7	231	74.1
	6A	8	81.3	290	70.9
	6B	8	81.2	243	69.7 *
	6D	10	85.5	240	73.1
	7A	8	80.4	231	66.8 * *
	7B	8	76.6	237	67.2 * *
	7D	8	81.6	234	67.7 * *

\* : P<0.05      \* \* : P<0.01

株高表现为部分隐性,但由于单体效应等因素的影响,不能用 $F_1$ 株高作为矮秆基因染色体定位的依据。由表1还可看出,在本研究的21个单体系 $F_2$ 群体中,经 $X^2$ 测验,有9个单体系的 $F_2$ 株高明显矮于二体系 $F_2$ ,差异达极显著水平,它们依次是2D、2A、4A、4B、4D、7A、7B、7D和2B的 $F_2$ 。此外,3A和6B两个 $F_2$ 群体的平均株高也矮于二体 $F_2$ ,差异达显著水平。造成上述差异的原因,既有矮秆基因的效应,又有单体效应和遗传背景等其它因素的影响,原因比较复杂。因此仅根据 $F_2$ 平均株高也无法进行矮秆基因的染色体定位。

**2.2  $F_2$  幼苗的赤霉酸反应** Gale(1975)<sup>[4]</sup>等人的研究证明,在GA不敏感的矮秆品种中GA不敏感性与矮秆性为同一基因控制。GA反应受遗传背景及环境条件的影响较小,具有快速、准确等优点,这样GA不敏感性就可作为矮秆基因的标记性状,用于矮秆基因的鉴定<sup>[3,5,7,11]</sup>。在赤霉酸反应鉴定中,宛原50-2的幼苗直立、粗壮,呈典型的GA不敏感型。中国春为典型的敏感型。 $F_2$ 分离出敏感、半敏感和不敏感各种类型,其中敏感型最易识别。因此,可根据 $F_2$ 中分离出的敏感型幼苗比例确定GA不敏感矮秆基因的对数及位点。22个组合的 $F_2$ 幼苗GA反应的分离比例见表2。在表2中二体及17个单体系的 $F_2$ 群体中分离出的敏感株经 $X^2$ 检验,符合15:1的分离比例,说明在宛原50-2中有两对GA不敏感矮秆基因。在5BF<sub>2</sub>与6BF<sub>2</sub>中分离出的敏感株虽然与15:1的比例差异显著,但以3:1的分离比例检验时,其 $X^2$ 值分别为7.67和8.08,差异更显著。因此结合总体进行分析,我们认为这可能是由于取样误差等原因所致。在22个组合的 $F_2$ 群体中,只有4BF<sub>2</sub>和4DF<sub>2</sub>分离出敏感株的比例最低。在4BF<sub>2</sub>的175株幼苗中,敏感型仅2株,占群体的1.14%,显著偏离15:1的分离比例( $X^2=6.90 > X_{2,0.05}^2=3.84$ )。在4DF<sub>2</sub>的102株幼苗中也仅分离出一株敏感型,占群体的0.98%,与15:1的分离比例差异显著( $X^2=3.916 > X_{0.05}^2=3.84$ )。Sears(1954)<sup>[10]</sup>研究发现,在单体自交中一般有3%左右的缺体株产生。就本试验的两对相互独立的GA不敏感矮秆基因的分离而言,当其中的一对基因所在染色体以3%的机率出现缺失时,另一个位点上的高秆基因(表现为GA敏感型)出现的机率为25%,这样在其关键染色体所处的 $F_2$ 群体中分离出敏感株的机率是3%×

表2 (中国春及其单体系×宛原50-2) $F_2$ 幼苗对赤霉酸反应  
Table 2 The GA response of  $F_2$  seedlings in crosses involving euploid CS and CS monosomics with Wanyuan 50-2

		株 数 No. plants					株 数 No. plants		
		不敏感+半敏感 Insensitive+ Semisensitive	敏感 Susceptible	X			不敏感+半敏感 Insensitive+ Semisensitive	敏感 Susceptible	X
二体	Euploid	89	10	1.89	单体	Monosomic			
单体	Monosomic				4B	173	2	6.90 **	
	1A	112	8	0.01	4D	101	1	3.98 *	
	1B	124	13	1.93	5A	85	5	0.01	
	1D	101	6	0.01	5B	81	11	4.19 *	
	2A	89	3	0.94	5D	72	8	1.33	
	2B	88	10	1.98	6A	88	8	0.40	
	2D	93	7	0.01	6B	87	12	4.86 *	
	3A	100	11	1.99	6D	115	9	0.08	
	3B	95	11	2.41	7A	103	5	0.25	
	3D	95	6	0.01	7B	90	10	1.80	
	4A	166	10	0.02	7D	164	13	0.20	

\*:  $P < 0.05$     \*\*:  $P < 0.01$

25% = 0.75%。在上述两个  $F_2$  群体中, 实际分离出的敏感株比例分别为 1.14% 和 0.98%, 与理论值相吻合, 证明宛原 50-2 的两对 GA 不敏感矮秆基因分别位于染色体 4B 和 4D 上。

为了进一步鉴定宛原 50-2 中的 GA 不敏感矮秆基因的位点, 我们又用已知矮秆基因位点的矮秆品种农林 10 号与宛原 50-2 进行杂交。为提高可能出现的 GA 敏感株的分离比例, 又使其  $F_1$  与 GA 敏感的中国春杂交, 然后用  $GA_3$  处理该三交组合  $F_1$  幼苗。结果在鉴定的 153 株幼苗中, 未发现有 GA 敏感株分离, 表明宛原 50-2 的两对 GA 不敏感矮秆基因的位点与农林 10 号的两对矮秆基因 Rht1 和 Rht2 的位点相同或相近, 即一个在染色体 4B 的  $\alpha$  臂上, 另一个在染色体 4D 短臂上, 距着丝点的距离都是 13-15 个遗传单位。在本试验  $F_2$  的株高分析中,  $4BF_2$  与  $4DF_2$  也极显著地矮于二体  $F_2$ , 进一步证实了上述赤霉素反应的分析结果。

### 3 讨 论

上述的 GA 反应及株高分析, 均表明宛原 50-2 有两对 GA 反应不敏感的矮秆基因, 分别位于染色体 4B 和 4D 上。为了研究这两对矮秆基因与已知矮秆基因的关系, 有必要就其来源进行分析。宛原 50-2 选自 (St2422/464)/内乡 5 号的  $F_2$  诱变群体, 其组合中的 St2422/464 引自罗马尼亚(据说原产意大利)。我们以前的研究已证实 St2422/464 携带有一对 GA 反应不敏感的矮秆基因 Rht1S, 位于染色体 4B 上<sup>[1]</sup>。本研究中宛原 50-2 的一对矮秆基因也位于染色体 4B 上, 且与 Rht1 相同, 因而也应与 Rht1S 的位点相同。因此可认为宛原 50-2 染色体 4B 上的矮秆基因来自其亲本 St2422/464, 为 Rht1S。宛原 50-2 的另一个亲本为内乡 5 号, 经系谱分析和 GA 反应证明, 该品种中没有农林 10 号的血统, 而且经调查, 在宛原 50-2 的选育过程中, 其周围也没有农林 10 号及其衍生系存在, 因此不可能与之发生天然杂交(周中普, 私人通信)。所以宛原 50-2 染色体 4D 上的矮秆基因不是来自农林 10 号。突变是产生新的矮秆基因的重要途径, 在已定名的矮秆基因中, Rht4、Rht5、Rht7 以及 Rht11-Rht20 等均来自人工诱变, 而 Rht1、Rht2、Rht3、Rht6、Rht8、Rht9、Rht10 则来自自然突变<sup>[8]</sup>。宛原 50-2 也是经过  $^{60}Co$  射线处理和 DMS 诱变剂处理而选育出来的, 因而其 4D 上的矮秆基因很可能也是来自人工诱变。由于突变通常带有很大的随机性, 由突变产生的基因完全相同的可能性甚小, 因此通常将突变产生的矮秆基因都命名为新的矮秆基因, 如上述提及的 Rht4、Rht5、Rht7、Rht10、Rht11-Rht20 即是如此, 尽管并未对其中的大多数基因进行染色体定位(如 Rht13-Rht20)。或者已证明其基因位点与已知矮秆基因的位点相同。据此惯例, 暂将宛原 50-2 染色体 4D 上的 GA 不敏感矮秆基因定名为 Rht(Wan)。

近年来研究发现, 部分同源染色体上的基因位点排列极为相似。例如, 矮秆基因 Rht1、Rht1S 和 Rht3 都位于染色体 4B 的同一位点; 近年来的研究还证明, Rht2 和 Rht10 在染色体 4D 上的位点相同或相近(Gale, 私人通信)。本试验测交结果证明, 宛原 50-2 中的 Rht(Wan) 和农林 10 号中的 Rht2 的位点也可能相同, 因此二者可能是等位基因。在本研究中, 除已证明 4B、4D 染色体上携带有矮秆基因外,  $4AF_2$  群体的平均株高也极显著地矮于二体  $F_2$ , 这表明宛原 50-2 的 4A 染色体上也可能携带有矮秆基因。这些都说明第四部分同源染色体组对小麦的株高有较大的影响。

宛原 50-2 的亲本内乡 5 号是以南大 2419 作母本与多父本杂交选育而成的。南大 2419 选自 Mentana, 是赤小麦的衍生品系。Gale(1985)<sup>[6]</sup>等人研究指出, 赤小麦中有两对 GA 反应敏感的矮秆基因 Rht8 和 Rht9。Rht8 位于染色体 2D 上, Rht9 位于染色体 5BS 并易位于染色

体 7BS 上。在本研究中,2DF<sub>2</sub> 与 7BF<sub>2</sub> 的平均株高都极显著地矮于其二体 F<sub>2</sub>,证明宛原 50-2 可能携带有 Rht8 和 Rht9 两对矮秆基因。

本试验中 2AF<sub>2</sub>、2BF<sub>2</sub> 株高的降低和 F<sub>1</sub> 的原因一样,是与第二部分同源染色体群的单体效应分不开的。在 22 个 F<sub>2</sub> 组合中,2DF<sub>2</sub> 的株高最低,其中除单体效应的原因外,似乎与其上可能存在的矮秆基因 Rht8 有关。此外,7AF<sub>2</sub>、7DF<sub>2</sub>、6AF<sub>2</sub>、6BF<sub>2</sub> 及 3AF<sub>2</sub> 的平均株高也都显著或极显著地矮于二体株。这是由于单体效应造成的,还是由遗传背景或环境因素等其它原因造成的,尚不很清楚。

综上所述,宛原 50-2 携带有 4 对或 4 对以上的矮秆基因:一是来自亲本 St2422/464 的 Rht1S,位于染色体 4B 上;二是由诱变产生的新矮秆基因 Rht(Wan),位于染色体 4D 上;其余两对是来自内乡 5 号的 Rht8 和 Rht9,分别位于染色体 2D 和 7B 上。此外,在染色体 4A 上也可能还有一对矮秆基因。该品种的矮秆特性是由于这些基因共同作用的结果。

### 参 考 文 献

- [1] 贾继增、丁寿康、李月华等,1992,中国农业科学,25(1),1-5。
- [2] 贾继增、丁寿康、李月华等,1991,作物学报,17(2),157-160。
- [3] Gale, M. D., C. N. Law, 1975, Heredity, 34, 393-399.
- [4] Gale, M. D. and G. A. Marshall, 1975, Heredity, 35, 55-65.
- [5] Gale, M. D. and G. A. Marshall, 1976, Heredity, 37, 283-289.
- [6] Gale, M. D. and S Youssefian, 1985, In, G. E. Russel(ed) Progress in plant breeding, pp. 1-35, Butlerworths, London.
- [7] Izumi, N., S. Sawada, and Sasakuma. 1983, Genetic analysis of dwarfness in *Triticum aestivum* L cv Ai-bian 1. Seiken Zoho, 38-48.
- [8] Konzak, C. F., 1987, In E. G. Heyne(ed) Wheat and wheat improvement, p. 438, Madison, Wisconsin, USA.
- [9] McItosh, R. A., 1988, In proceedings, seventh international wheat genetics symposium, p. 1238, Cambridge U. K.
- [10] Sears, E. R., 1954, the Aneuploids of common wheat, 1954, Missouri Agr Exp Sta Res Bull, 572.
- [11] Worland, A. J. and S. Petrovic, 1988, Euphytica, 38, 55-63.

### Chromosomal Location of Dwarfing Genes in Wanyuan 50-2, a New Dwarf Line of Wheat (*Tr. aestivum*)

Jia Ji-zeng Ding Shou-kang Li Yue-hua Zhang Hui Qi Xiu-gai

(Institute of Crop Germplasm Resources, CAAS, Beijing, 100081)

#### Abstract

Wanyuan 50-2, a new dwarf line of wheat, is shorter than the normal dwarfing sources and with good agronomic characters. It was found that there are four or more than four dwarfing genes in this line. They are Rht1s on chromosome 4B, Rht8 on 2D, Rht9 on 7B, and Rht (Wan), a new GA-insensitive dwarfing gene on chromosome 4D produced from mutation probably.

**Key words** Wheat (*Tr. aestivum*), Dwarfing genes, Gene location