

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2008.01757

莫迦小麦(*Triticum macha* L.) T型恢复基因 Rf_3 和K型不育基因 rfv_1 的连锁关系

宋喜悦¹ 董普辉² 胡银岗¹ 马翎健¹ 李宏斌¹ 何蓓如^{1,*}

(¹西北农林科技大学农学院, 陕西杨凌 712100; ²河南科技大学农学院, 河南洛阳 475300)

摘要:为进一步明确莫迦小麦(*Triticum macha*) T型恢复基因 Rf_3 与K型不育基因 rfv_1 的连锁关系, 利用T型细胞质背景(T504A/Tm3314 F₂代和T504A//KTm3314A/90(13)21 杂交分离群体)的可育株在K型细胞质下的育性测交分析, 明确了来自莫迦小麦的这2个基因连锁并不紧密, 交换值约为16.54%。可利用T型主效恢复基因 Rf_3 提高含有T型主效恢复基因和K型主效不育基因的基础材料的选择效率。

关键词: *Triticum macha*; T型主效恢复基因 Rf_3 ; K型主效不育基因 rfv_1

Linkage Relationship between T-type Restorer Gene Rf_3 and K-type Male Sterile Gene rfv_1 in *Triticum macha* L.

SONG Xi-Yue¹, DONG Pu-Hui², HU Yin-Gang¹, MA Ling-Jian¹, LI Hong-Bin¹, and HE Bei-Ru^{1,*}

(¹ College of Agronomy, Northwest A&F University, Yangling 712100, Shaanxi; ² College of Agronomy, Henan University of Science and Technology, Luoyang 471003, Henan, China)

Abstract: Wheat (*Triticum aestivum* L.) breeding line Tm3314 is a T-type non-1B/1R material carrying 1BS of *T. macha*. KTm3314A, a K-type non-1B/1R male sterile line developed from Tm3314, is easily restored in fertility, does not produce haploids in reproduction, and has high temperature-sensitivity, thus has potential in wheat hybrid breeding. The T-type restorer gene Rf_3 , which is closely linked to K-type male sterile gene rfv_1 on 1BS in *T. spelta*, is used as a marker of $rfk1$ under the background of *T. timopheevae* cytoplasm. However, some male sterile materials with substitutive chromosome fragments of the 1BS of *T. macha* have been found the absence of rfv_1 under *T. timopheevae* cytoplasm background. To understand the linkage relationship between Rf_3 and rfv_1 in *T. macha*, the segregation generations of (T504A/Tm3314) F₂ and T504A//KTm3314A/90(13)21 as well as their back-cross populations with a K-type sterile line K119A were used in field experiments in 2003–2006. The results showed that crossing-over value between Rf_3 and rfv_1 was 16.54%.

Keywords: *Triticum macha* L.; Major T-type restorer gene Rf_3 ; Major K-type male sterile gene rfv_1

为利用小麦杂种优势, 20世纪70年代Tsunewaki等^[1]对小麦属和山羊草细胞质对普通小麦的遗传效应进行了系统研究, 指出D²、G、M^u和S^v类细胞质在杂交小麦研究中具有应用前景, 其中评价最高的细胞质是S^v类的黏果山羊草(*Aegilops kotschyi*)细胞质。1B/1R小麦“沙尔蒙”和小麦野生变种斯卑尔脱(*Triticum spelta*)、莫迦(*Triticum macha*)在这种细胞中都是雄性不育的, 但前者产生30%以上的单倍体, 后者表现野生类型无法直接利用。1987年, 何

蓓如等^[2]利用中国1B/1R小麦与黏果山羊草(*Ae. kotschyi*)细胞质选育出单倍体频率低的小麦雄性不育系(K型不育系)并实现三系配套。但是, 由于多数1B/1R小麦已丧失对当前小麦条锈病流行小种的抗性, 1B/1R小麦品质欠佳, 遇雨穗易发芽, 一些1B/1R不育系产生频率不等的单倍体等原因, 近年来利用其作为亲本和育成品种减少, K型不育系利用面临保持系资源逐渐不足的潜在问题。

2000年, 何蓓如等^[3-4]根据斯卑尔脱小麦T型恢

基金项目: 国家高技术研究发展计划(863计划)项目(2001AA241043)

作者简介: 宋喜悦(1968–), 男, 内蒙赤峰人, 副教授, 主要从事小麦雄性不育和杂种优势利用研究。E-mail: songxiyue@126.com

*通讯作者(Corresponding author): 何蓓如, 教授, 博士生导师。

Received(收稿日期): 2007-11-22; Accepted(接受日期): 2008-02-19.

复基因 Rf_3 和K型不育基因 rfv_1 在1B染色体短臂上紧密连锁的研究结果,发明了一种选育非1B/1R的K型雄性不育系和保持系的染色体转移方法,即以T型细胞质为背景, Rf_3 基因为筛选标记,将任意适于作杂交小麦亲本的品种改良为K型保持系TSP,进而转育成非1B/1R类型的K型小麦雄性不育系KTSPA(YS型)。而Tsunewaki^[5]和Mukai等^[6]研究表明,莫迦小麦也具有T型主效恢复基因 Rf_3 和K型主效不育基因 rfv_1 。本课题组将莫迦小麦的T型主效恢复基因定位在1BS染色体上,并利用类似上述的染色体转移方法,选育出具有莫迦小麦1BS染色体核型的T型非1B/1R基础材料Tm3314,进而选育出K型非1B/1R不育系KTm3314A^[7]。多年观察结果(另文发表)表明,KTm3314A育性易恢复,不产生单倍体,并有较高的温度敏感特性等,较YS型更具应用价值。由于对Tm3314中 Rf_3 和 rfv_1 的基因连锁关系并不明确,因而增加了对K型非1B/1R小麦雄性不育系和保持系的选育难度。为明确 Rf_3 和 rfv_1 连锁的紧密程度,本研究以Tm3314和KTm3314A为试验材料,对 Rf_3 和 rfv_1 的重组率进行估算,以期选育新型非1B/1R类型K型小麦雄性不育保持系及不育系的方法提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料与田间种植

Tm3314为具有提莫菲维小麦细胞质的K型保持系,T型雄性不育系的恢复系,KTm3314A为K型非1B/1R雄性不育系,K119A为K型1B/1R雄性不育系,T504A为T型1B/1R雄性不育系,90(13)21和504兼是T型不育系的保持系和K型不育系的恢复系。以上材料均由西北农林科技大学K型杂交小麦课题组提供。

2002—2005年在西北农林科技大学试验农场(陕西杨凌)种植试验材料,小区行长1m,行距0.25m,株距0.067m。田间管理按大田生产进行。

1.2 (T504A/Tm3314) F₂的育性变化及其可育株在K型细胞质下的育性试验

2003年10月播种(T504A/Tm3314)F₂代种子,2004年3月分单株挂牌编号,抽穗后套袋自交,并调查单株的育性(T型胞质背景下),对T504A与Tm3314的T型育性基因进行遗传分析;同时以F₂代可育株按编号分别与K型不育系K119A测交2~3穗,得测交F₁种子。

2004年10月播种测交F₁种子,2005年5月对测交F₁代分单株套袋自交,调查单株的自交结实率,对材料Tm3314、504中K型育性基因的遗传分析。

根据(T504A/Tm3314)F₂代(T型胞质背景)各单株自交结实率和这些单株与K119A测交F₁(K型细胞质背景)的育性表现,对其进行基因型推断并计算T型主效恢复基因和K型主效不育基因的交流值。

1.3 T504A//KTm3314A/90(13)21 杂交后代的育性变化及其可育株在K型细胞质下的育性试验

2003年10月播种T504A//KTm3314A/90(13)21杂交种子,2004年3月分单株挂牌编号,于小麦抽穗后套袋自交,分单株调查育性水平(即在T型细胞质下的育性水平),对T504A与Tm3314的T型育性基因进行遗传分析。同时可育株按编号分别与K型不育系K119A测交2~3穗,得F₁种子。

2004年10月播种测交F₁种子,2005年5月对测交F₁代分单株套袋自交,国内法调查结实率,对90(13)21中K型恢复基因的遗传分析,并对T型主效恢复基因和K型主效不育基因的交流值估算。

自交结实率(%) = 有效小穗基部两朵小花的结实数/(有效小穗数×2)×100。

2 结果与分析

2.1 Tm3314、504和90(13)21中K型育性基因的遗传分析

2.1.1 Tm3314和504中K型育性基因 将T504A/Tm3314杂种F₂代可育株分别与K型不育系K119A测交,在所得的337个测交群体中完全可育的为38个,完全不育的107个,育性分离的192个。表明在F₂群体中存在K型育性基因纯合和杂合的植株。

对上述192个育性分离群体进行育性分析,在随机调查的1066株中,发现535个可育株和531个不育株,经卡方检验符合1:1的比例($\chi^2 = 0.05$, $\chi^2_{0.05,1} = 3.84$),表明T504A/Tm3314杂种F₁中存在1对杂合的K型育性基因 Rfv_1rfv_1 ,因试材504为K型恢复系,而Tm3314为K型保持系,所以Tm3314和504中应分别含1对K型育性基因 rfv_1rfv_1 和 Rfv_1Rfv_1 。

2.1.2 90(13)21中K型恢复基因 将KTm3314A/90(13)21杂种F₁与T504A测交后代的343个可育株分别与K119A测交,将测交后代表现育性分离的287个群体作为1个K型育性基因分离群体来考虑,

其中可育株 546 株, 不育株为 498 株, 经卡方测验符合 $1:1$ ($\chi^2 = 2.187, \chi^2_{0.05,1} = 3.841$)。表明 90(13)21 受 1 对 K 型恢复基因 Rfv_1Rfv_1 控制。

2.2 T504A 和 Tm3314 中 T 型育性基因的遗传分析

经 χ^2 测验, T504A/Tm3314 杂种 F_2 群体的育性分离符合 1 对基因分离规律(表 1), 表明 T504A/Tm3314 杂种 F_1 含 1 对杂合 T 型恢复基因 Rf_3rfv_3 , 即 T504A、Tm3314 各含 1 对 T 型的育性基因 rf_3rf_3 、 Rf_3Rf_3 。

表 1 显示, 在 642 株 T504A//KTm3314A/90(13)21 的测交后代群体中可育单株为 343 株, 因材料 90(13)21 是 T504A 的异型保持系, 不含任何 T 型恢复基因, 表明其育性恢复基因来源于 Tm3314, 不育单株为 299 株, 经 χ^2 测验, 符合 1 对基因分离规律。该结果进一步说明 Tm3314 的育性受 1 对 T 型恢复基因 Rf_3Rf_3 控制, T504A 受 1 对 T 型的不育基因 rf_3rf_3 的控制。

表 1 (T504A/Tm3314) F_2 和 T504A//KTm3314A/90(13)21 在 T 型细胞质下的育性分离

组合 Combination	可育株 Fertile plants	不育株 Sterile plants	理论比 Expected ratio	χ^2 值 χ^2 value
(T504A/Tm3314) F_2	337	91	3:1	3.177
T504A//KTm3314A/90(13)21	343	299	1:1	3.016

$\chi^2_{0.05,1} = 3.841$. The criterion for fertility is seed-setting rate no less than 5%.

2.3 Tm3314 的 T 型恢复基因和 K 型不育基因重组率分析

2.3.1 (T504A/Tm3314) F_2 不同单株在不同细胞质下的育性表现 T504A/Tm3314 杂种 F_1 的自交结

实率平均为 60.2%, 变幅为 54.0%~79.5%。而 Tm3314 是具有 T 型细胞质的莫迦小麦 1BS 染色体核型的 T 型恢复系, 其自交结实率在 80% 以上, 以 80% 为界进行完全可育和部分可育的划分。根据 (T504A/Tm3314) F_2 代 (T 型胞质背景) 各单株自交结实率和这些单株与 K119A 测交 F_1 (K 型细胞质背景) 的育性表现, 可将 F_2 代各单株分为 7 种类型 (A~G), 并对其进行基因型推断(表 2)。

Tm3314 具有提莫菲维 (*T. timopheevi*) 细胞质, 育性正常, 它与 K 型不育系连续回交 7 代后表现完全雄性不育, 其基因型为 $Rf_3Rf_3rfv_1rfv_1$; 材料 504 与 K 型不育系杂交 F_1 育性恢复, 而与 T 型不育系杂交 F_1 完全不育, 基因型为 $rf_3rf_3Rf_3rfv_1Rfv_1$ 。可见表 2 中的 E 类属于 Tm3314 的亲本型后代, 而 T504A 的亲本型后代由于在提莫菲维细胞质下不育而没有测交后代, F 类在提莫菲维细胞质下和在黏果山羊草细胞质下都可育, 表明其基因型为 $Rf_3Rf_3Rfv_1Rfv_1$, 是 Tm3314 的 1BS 的 Rf_3-rfv_1 片段与 T504A 的 1BS 的 rf_3-Rfv_1 区段交换型配子的纯合体。另一种重组型配子的纯合体 $rf_3rf_3rfv_1rfv_1$ 则在提莫菲维细胞质下完全不育, 而没有测交后代。一个染色体交换所产生的两种重组配子的期望比率应是相等的。因此, Rf_3-rfv_1 的重组率应为 $(16.74 \pm 1.81)\%$ 。

2.3.2 K119A/3/T504A//KTm3314A/90(13)21 测交重组值 在 642 株 T504A//KTm3314A/90(13)21 的测交后代群体中 (T 型细胞质背景) 可育单株和不育单株分别为 343 和 299 株(表 1)。以 343 个可育单株做父本与 K 型不育系 K119A 测交, 其测交后代群体 (K 型细胞质背景) 中完全可育个体 56 株, 育性分离个体 287 株, 表明 T504A//KTm3314A/90(13)21 可育单株中存在杂合的 K 型育性基因和纯合的显性 K

表 2 (T504A/Tm3314) 的 F_2 代单株基因型推断
Table 2 The deduction about genotype of individual plant in F_2 generation of (T504A/Tm3314)

类型编号 Code of type	株数 No. of plants	可育株率 Ratio of fertile plants (%)		基因型推断 Deduction of genotype
		提莫菲维细胞质 <i>T. timopheevi</i> cytoplasm	黏果山羊草细胞质 <i>Ae. kotschy</i> cytoplasm	
A	160	54.0~79.5	S	$Rf_3rf_3Rfv_1rfv_1$
B	32	>80.0	S	$Rf_3Rf_3Rfv_1rfv_1$
C	35	54.0~79.5	100	$Rf_3rf_3Rfv_1Rfv_1$
D	33	54.0~79.5	0	$Rf_3rf_3rfv_1rfv_1$
E	74	>80.0	0	$Rf_3Rf_3rfv_1rfv_1$
F	3	>80.0	100	$Rf_3Rf_3Rfv_1Rfv_1$
G	91	0	—	$rf_3rf_3rfv_1rfv_1, rf_3rf_3Rfv_1Rfv_1, rf_3rf_3Rfv_1rfv_1$

S: segregation of fertility. “—”: no test progenies.

型育性基因。因Tm3314的基因型为 $Rf_3Rf_3rfv_1rfv_1$, 90(13)21与K型不育系杂交 F_1 育性恢复, 而与T型不育系杂交 F_1 完全不育(其基因型为 $rf_3rf_3Rfv_1Rfv_1$), 则T504A//KTm3314A/90(13)21的后代可育株基因型为 $Rf_3Rf_3Rfv_1rfv_1$ (育性分离)和 $Rf_3Rf_3Rfv_1Rfv_1$ (完全可育)。

根据育性分离的重组类型在测交后代群体中所占的比例, 估算T型主效恢复基因和K型主效不育基因的交换值为 $16.33\% \pm 1.99\%$ 。

3 讨论

3.1 莫迦小麦的T型主效恢复基因与K型主效不育基因

Hamawaki和Mukai^[8]通过端体分析估计 Rfv_1 基因位点距着丝点的图距为34 cM, Snape等^[9]估计1BS随体区域的 Rf_3 基因位点距着丝点的图距为36 cM, 据此认为 Rf_3 和 Rfv_1 基因的遗传距离为2 cM。Mukai和Endo^[10]通过染色体缺失分析认为斯卑尔脱小麦的T型恢复基因 Rf_3 与K型不育基因 rfv_1 在1B染色体短臂上是紧密连锁的。Ahmed等^[11]以斯卑尔脱小麦和中国春杂交形成的66个 F_8 代重组自交系与具有中国春细胞核的T型不育系和具有斯卑尔脱小麦细胞核的K型不育系分别测交, 对各自测交 F_1 的育性进行QTL分析, 发现1BS上的RFLP标记 $XksuG9c$ 和 $Xpta71c$ 分别与T型主效恢复基因 Rf_3 和K型主效恢复基因 Rfv_1 紧密连锁, 2个RFLP标记间的遗传距离为1.6 cM。我们先前的研究表明, TSP3314来自斯卑尔脱小麦的 Rf_3 与 rfv_1 基因之间的连锁交换值为 19.7% ^[12], 而其RFLP图谱的遗传距离为5.9 cM。 Rf_3 和 rfv_1 基因的物理图谱距离与杂交实验估算的遗传图谱距离相差较大, 可能与 Rf_3 和 rfv_1 基因位于1B染色体短臂的重组热点区有关^[13], 这有待进一步研究。本试验估算的莫迦小麦的T型主效恢复基因和K型主效不育基因之间的交换值约为 16.54% , 与斯卑尔脱小麦 Rf_3 和 rfv_1 基因间的连锁交换值相近, 二者连锁都不紧密。但所得重组率对于选育非1B/1R类型K型不育系具有实际指导意义。

3.2 具有莫迦小麦1BS染色体核型的非1B/1RK型小麦雄性不育系的转育

除极个别品种外, 绝大多数的普通小麦品种都不具有T型不育系的恢复基因^[14]。因此, 适宜作杂交小麦亲本的绝大部分优良小麦品种都可以利用Tm3314的T型恢复基因作为K型不育基因存在的筛

选标记, 回交转育成为非1B/1RK型保持系及不育系。

具有1B/1R易位的普通小麦品种(系)一般都是K型小麦雄性不育系的保持系, Koebner等^[15]研究了1RS和1BS染色体的异源联会, 发现二者之间的重组频率仅为0.4%。Graybosch^[16]认为外源染色体片段一旦稳定地结合到小麦染色体上, 这个片段将不会在 Ph_1 基因存在的条件下与小麦染色体发生重组, 或仅以极低的频率重组。因此, 在普通小麦1B/1R易位系与Tm3314或TSP3314回交过程中, 以T型主效恢复基因作为K型主效不育基因存在的遗传标记, 将1B/1R易位系回交转育为非1B/1R类型的K型保持系和不育系也就比较容易^[17]。而在非1B/1R易位的普通小麦品种(系)中存在较广泛的恢复源^[18], 但这些恢复源中有一些品种(系), 从其性状特性上不适于作恢复系, 却适于作杂交小麦的亲本不育材料。

许多研究表明, K型小麦雄性不育的育性恢复是由一对主效恢复基因和1对微效基因控制的, 主效恢复基因被命名为 Rfv_1 , 微效恢复基因被命名为 Rfv_2 , 有些恢复材料含1对恢复基因, 而有些恢复材料含2对恢复基因^[19-23]。因此, 要将一个性状优良的适于做不育亲本的K型恢复系改造为非1B/1R类型的K型保持系和不育系, 需要根据所转育的材料含有K型恢复基因的多少, 在杂交回交后代的选择和群体大小上进行调整, 设计不同的转育方案。

4 结论

来自莫迦小麦的T型主效恢复基因和K型主效不育基因的连锁并不紧密, 其交换值约为 16.54% , 利用T型主效恢复基因 Rf_3 可提高含有K型主效不育基因的基础材料的选择效率。

References

- [1] Tsunewaki K, Mukai Y, Ryu Endo T, Tsuji S, Murata M. Genetics diversity of the cytoplasm in *Triticum* and *Aegilops*: V. Classification of 23 cytoplasm into eight plasm types. *Jpn J Genet*, 1976, 51: 175-191
- [2] He B-R(何蓓如), Ning Y-H(宁毓华), Liu S-D(刘曙东), Feng Y-Y(封玉印). A preliminary studies on the male sterile system of 1B/1R wheat varieties with *Ae. kotschyi* cytoplasm. *J Northwest Agric Univ* (西北农业大学学报), 1987, 15(3): 107-109 (in Chinese with English abstract)
- [3] Mukai Y, Takashi R. Physical mapping of a fertility-restoring gene against *Aegilops kotschyi* cytoplasm in wheat. *Jpn J Genet*,

- 1992, 67: 199–207
- [4] He B-R(何蓓如). A method of screening wheat maintainer line and male sterile line: China, ZL94116837.X, 1998-12-25
- [5] Tsunewaki K. Genetic Diversity of the Cytoplasm in *Triticum* and *Aegilops*. Tokyo: Japan Society for Promotion of Science, 1980. pp 53–62
- [6] Mukai Y, Tsunewaki K. Basic studies on hybrid wheat breeding: VIII. A new male sterility fertility restoration system in common wheat utilizing the cytoplasm of *Aegilops kotschy* and *Aegilops variabilis*. *Theor Appl Genet*, 1979, 54: 153–160
- [7] Dong P-H(董普辉), He B-R(何蓓如), Song X-Y(宋喜悦), Hu Y-G(胡银岗), Ma L-J(马翎健), Yu-L(余玲), Li H-B(李宏斌). Chromosomal location of T-type fertility restoring gene derived from *T. macha*. *J Triticeae Crops* (麦类作物学报), 2006, 26(1): 13–16 (in Chinese with English abstract)
- [8] Hamawaki H, Mukai Y. Telocentric mapping of the fertility-restoring gene *Rfv₁* against *Aegilops variabilis* cytoplasm in wheat. *Jpn J Genet*, 1980, 55: 453–455
- [9] Snape J W, Flavell R B, Dell O. Intrachromosomal mapping of the nucleolar organizer region relative to three marker loci on chromosome 1B of wheat (*Triticum aestivum*). *Theor Appl Genet*, 1985, 69: 263–270
- [10] Mukai Y, Endo T R. Physical mapping of a fertility restoring gene against *Aegilops kotschy* cytoplasm in wheat. *Jpn J Genet*, 1992, 67: 199–207
- [11] Ahmed T A, Tsujimoto H, Sasakuma T. QTL analysis of fertility-restoration against cytoplasmic male sterility in wheat. *Gen Genet Syst*, 2001, 76: 33–38
- [12] Hu Y-G(胡银岗), Ma L-J(马翎健), Song X-Y(宋喜悦), Fang-P(方鹏), He B-R(何蓓如), Zhang W-J(张文俊). Molecular markers of the fertility genes *Rf₃* and *rfk₁* in the 1BS chromosome of *T. spelta* var. *duhamelianum*. *Northwest Sci-Tech Univ Agric For* (西北农林科技大学学报), 2004, 32(1): 15–18 (in Chinese with English abstract)
- [13] Liu B-S(刘保申), Sun Q-X(孙其信), Gao Q-R(高庆荣), Sun L-Z(孙兰珍), Xie C-J(解超杰), Li C-Y(李传友), Ni Z-F(倪中福), Dou B-D(窦秉德), Wei Y-L(魏艳玲). Mapping of fertility restoring gene for *Aegilops kotschy* cytoplasmic male sterility in wheat using SSR markers. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2002, 35(4): 354–358(in Chinese with English abstract)
- [14] Fan L(范濂), Wang F-T(王福亭), Zhang R-B(张汝斌). A preliminary study on the male sterility of cytoplasm of common wheat Primepi. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 1986, 19(1): 54–59(in Chinese with English abstract)
- [15] Koebner R M D, Shepherd K W. Controlled introgression to wheat of genes from rye chromosome arm IRS by induction of allosyndesis: I. Isolation of recombinants. *Theor Appl Genet*, 1986, 73: 197–208
- [16] Graybosch R A. Uneasy unions: quality effects of rye chromatin to wheat. *Cereal Sci*, 2001, 33: 3–16
- [17] He B-R(何蓓如). A method of screening wheat maintainer line and male sterile line: China, ZL94116837.X, 1996-08-28
- [18] Liu Z-Y(刘志勇), Sun Q-X(孙其信), Jiang L(姜岚), Zhang Y(张艳), Zhang S-H(张树红), Ni Z-F(倪中福), Chen X-Y(陈希勇), Gao J-W(高建伟). Detection of 1B/1R maintainers for CMS wheat of *Aegilops kotschy* cytoplasm by rye genome specific DNA primers. *J Agric Biotechnol* (农业生物技术学报), 1997, 5(3): 205–210(in Chinese with English abstract)
- [19] Liu S-D(刘曙东), He B-R(何蓓如), Wang Z-M(王志明), Xi Y-J(奚亚军), Yan H-F(严惠芳). Genetic analysis of male fertility restoration in wheat with *Aegilops kotschy* cytoplasm. *Acta Agric Boreali-Occident Sin* (西北农业学报), 1992, 1(4): 27–30(in Chinese with English abstract)
- [20] Fan L(范濂), Wu Y-T(武耀廷), Lü D-B(吕德彬), Zhang K-H(詹克慧), Bai H-F(白鹤峰). Study on the fertility restoration of male sterility in wheat with *Aegilops kotschy* cytoplasm. *J Henan Agric Univ* (河南农业大学学报), 1998, 32(3): 212–215(in Chinese with English abstract)
- [21] Xie Y-Q(谢迎秋), Sun L-Z(孙兰珍), Wang H-F(王海峰). Studies on polymorphism of fertility distribution among different F₂ segregated populations of K and V types male sterility in wheat (*Triticum aestivum*). *Acta Agric Boreali-Sin* (华北农学报), 1999, 14(1): 1–5(in Chinese with English abstract)
- [22] Chai S-C(柴守城), Yun H-Y(员海燕), Wang H-Y(王海燕), Li A-J(李安金), Cao P-Z(曹朋召), Li D-X(李得孝). A study on fertility—restoration of CMS systems with *Aegilops kotschy* or *Aegilops variabilis* cytoplasm and 1BL-IRS chromosome in common wheat. *Acta Bot Boreali-Occident Sin* (西北植物学报), 1999, 19(4): 654–658(in Chinese with English abstract)
- [23] Liu B-S(刘保申), Sun L-Z(孙兰珍), Gao Q-R(高庆荣), Zhang Y-C(张延传), Liu S(刘升). Genetic analysis on male sterility restoration of in wheat with *Aegilops kotschy* cytoplasm. *J Shandong Agric Univ* (山东农业大学学报), 2000, 31(1): 11–14 (in Chinese with English abstract)