巨穗小麦种质株高的基因定位*

谢晓玲[1]　邓自发[1]　解俊峰[2]
(1. 南通师范学院生命科学与技术系　江苏南通　226007;　2. 中国科学院西北高原生物研究所　青海西宁　810001)

摘要: 巨穗小麦新种质材料是一具有茎杆粗壮、叶片短宽直立、大穗、大粒、高结实率等特点的种质资源。本研究应用单体分析和双端体分析方法对"241"材料进行了遗传学研究。结果表明, 小麦新种质材料"241"的 1A、3A、5A 和 4B 染色体上具有控制株高的隐性基因, 6B 染色体上具有控制株高的显性基因, 其中 3A、5A 和 6B 染色体上的基因表现为强效, 1A 和 4B 染色体上的基因表现为弱效。通过双端体分析进一步将控制株高的基因定位到 1AS、3AS、5AL 和 4BL 上。

关键词　巨穗小麦　株高　单体分析　双端体分析　基因定位

株高是小麦的主要经济性状之一, 是衡量一个优良品种的重要标志。矮杆品种的育成虽大大提高了作物的抗倒伏能力, 但其生物学产量、收获指数限制了小麦产量的大幅度提高[3, 6]。解俊峰等认为未来超高产品种的模式, 必须改变现有栽培品种的株型、叶型和穗型结构, 使植株粗壮大型化, 占据更大的空间, 形成较好的支撑和输导系统; 叶片宽厚直立, 合理配置, 增加有效光合面积; 穗子巨穗重穗化, 提高穗粒重, 增加库容量[1, 4]。"241"就是在这种思想指导下培育出的一种巨穗小麦新种质材料, 它同时具备茎杆粗壮、叶片宽大直立、大穗、大粒、高结实率等诸多优良性状, 是改良普通小麦的优质种质资源。对"241"株高的基因定位研究, 对于探究其遗传机理及对普通小麦的品种改良, 均具有重要意义。

1　材料和方法

1.1　材料

被测系"241"是中国科学院西北高原生物研究所解俊峰研究员培育出的一种特殊的大穗、大粒新种质材料。测验材料"中国春"单体系和双端体系均从中国农业科学院引入。根据第七届国际小麦遗传学会议关于重新命名第四部分同源群染色体的约定, 已将 4A 与 4B 染色体名称互换。

1.2　试验设计

将"241"、中国春单体系及双端体系播种, 根据花粉母细胞减数分裂鉴定出单体系中的单体植株。以每个单体系检测出的 3～5 株为母本,"241"为父本杂交, 同时将中国春二体株与"241"正、反交, 另播种二亲本材料作对照, 以中国春双端体为母本分别与"241"杂交; 第二年将各杂交组合 F_1 种子及双亲材料播种, 每个材料种二行, 行长 1.6m, 每行 10 株; 取分蘖期根尖 0～4℃低温处理 24h, 再用卡诺氏固定液固定 24h, 在 60℃、1N 盐酸中水解 10～13min, 卡宝品红染色, 压片镜检观察染色体数并摄影, 根据鉴定结果于大田挂牌标记, 成熟时分别收获考种。次季再将各组合种子及双亲材料播种按随机区组排列, 3 次重复, 4 行区, 行长 90cm, 行距 25cm, 每行定位播 8 粒, 缺苗处补栽同期播种的同系幼苗, 全试验栽培管理一致。第 3 年按成熟期分批收获考种。

1.3　统计分析

株高测量每株选最高分蘖, 从茎基部量至穗顶端(不包括芒)。F_1、F_2 资料均采用方差分析和 L. S. D 法测定各单体群体、端体群体及其与二体群体的差异显著性, 用 t 检验测定正反交二体系间平均值的差异显著性。

2　结果与分析

2.1　胞质效应检测

"241"与中国春双体杂交, 正反交 F_1 二体系的株高均值介于双亲之间, 正反交 F_1 二体系间的株高均值差异不显著, 正反交 F_2 二体系间的株高均值差异也不显著, 表明株高目的差异不是胞质效应, 控制"241"株高的基因位于细胞核染色体上。

2.2　F_1 单体分析

F_1 单体分析的结果(表 1)表明, 1A、3A、5A 和 4B 单体系株高显著或极显著大于对照二体系, 其中 3A 和 5A 染色体上基因的效应相对较强, 其株高分别比二体系高 18.42cm 和 22.17cm, 1A 和 4B 染色体上基因的效应相对较小, 仅分别比二体系高 7.57cm 和 7.92cm, 其余 17 个单体系株高与二体系均无显著差异。F_1 单体株与二体株间的差异可能是单体对应染色体上隐性基因表达的结果, 也可能是单体效应引起, 可通过 F_2 单体分析进一步检测和验证 F_1 分析结果。

2.3　F_2 单体分析

F_2 的分析结果与 F_1 的结果基本一致, 除 1A、3A、5A、4B 和 6B 单体系外, 其余 16 个单体系的株高与二体系均无显著差异。1A、3A、5A、4B 和 6B 株高分别较对照二体系高 8.0、10.9、6.52、14.3 和 11.18cm。3A、5A 和 6B 染色体上的基因表现为强效, 1A 和 4B 染色体上的基因表现为弱效。故可判定控制"241"株高的基因主要位于 1A、3A、5A、4B 和 6B 染色体上。因 1A、3A、5A 和 4B 染色体

* 国家自然科学基金资助项目, 项目编号: 39470446。

© 1994-2009 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved.　http://www.cnki.net

的效应在 F_1 单体分析中也能检测出来, 故可判定这些染色体上增加株高的基因是隐性的。6B 染色体的效应在 F_1 分析中未检测出来, 说明 6B 染色体增加株高的基因是显性的。1A、3A、5A、4B 和 6B 的 F_2 单体系中, 二体株与单体株的株高平均值及方差差异不显著, 表明"241"的株高与细胞中的 1A、3A、5A、4B 和 6B 染色体数无关, 所以 1A、3A、5A、4B 和 6B 染色体上增加株高的基因无剂量效应。F_2 单体系中包括二体株、单体株及少量缺体株, 一些缺体株在开花前死亡, 另一些长势很差, 株高明显低于同系中的二体株及单体株, 此为缺体效应, 与对应染色体上是否存在控制株高的基因无关, 故本研究中缺体数据不在统计之列。

表 1 F_1 株高的单体分析结果(cm)

系	F_1	系	F_1
1A	117.44±2.63*	6B	107.67±3.58
2A	113.25±3.33	7B	111.33±3.27
3A	128.25±1.55*	1D	111.80±4.82
4A	103.33±5.26	2D	106.00±3.94
5A	132.00±4.51**	3D	108.25±2.63
6A	107.67±5.11	4D	106.16±3.77
7A	106.33±3.73	5D	106.80±2.84
1B	113.00±3.62	6D	114.25±3.93
2B	110.25±4.51	7D	104.50±5.27
3B	104.00±4.91	中国春	104.40±1.67
4B	117.75±5.76*	"241"	120.60±1.34
5B	108.25±4.47	二体系	109.83±2.52

注: *: $p<0.05$; **: $P<0.01$

表 2 F_2 株高的单体分析结果(cm)

系	均值	方差	系	均值	方差
1A	121.70*	9.31	6B	124.88**	8.50
2A	112.20	10.52	7B	113.44	10.89
3A	124.66**	12.13	1D	115.11	12.17
4A	114.00	11.74	2D	113.67	10.94
5A	128.00**	10.20	3D	108.25	11.55
6A	112.78	12.81	4D	114.67	13.24
7A	113.89	12.60	5D	113.89	11.33
1B	115.89	13.19	6D	112.45	13.45
2B	110.30	14.23	7D	109.89	13.27
3B	115.00	10.64	中国春	103.98	7.65
4B	120.22*	8.66	"241"	120.78	7.24
5B	114.50	12.89	二体系	113.70	11.38

注: *: $p<0.05$; **: $P<0.01$

2.4 端体分析

双端体分析结果见表 3。除双端体(1AL ×"241")F_1 株高显著高于("241"×中国春)二体系外, 其余端体系与二体系差异均不显著。结合单体分析, 可以将控制"241"株高的基因定位于 1AS、3AS、5AL 和 4BL 上。因 6B 染色体上控制株高的基因是显性基因, 故通过 F_1 端体分析无法确定其所在臂, 尚有待于进一步研究。

3 讨论

3.1 F_1 单体分析检测出控制"241"株高的基因位于 1A、3A、5A 和 4B 染色体上的结论在 F_1 单体分析中都得到了进一步验证, 在 F_2 单体分析中还检测出 6B 染色体上具有增加株高的显性基因。由此可以认为, 巨穗小麦新种质材料"241"的 1A、3A、5A 和 4B 染色体上具有增加株高的隐性基因, 6B 染色体上具有增加株高的显性基因, 其中 3A、5A 和 6B 染色体上基因表现为强效, 1A 和 4B 上存在弱效基因。

3.2 在单体分析的基础上通过双端体分析可进一步把控制目标性状的基因定位于染色体的某一臂上。本项研究结合单体分析和双端体分析, 可将控制"241"株高的基因定位于 1AS、3AS、5AL 和 4BL 上, 因 6B 染色体上控制株高的基因是显性基因, 固通过 F_1 端体分析无法确定其所在臂, 尚有待于进一步研究。

表 3 株高的端体分析结果(单位: cm)

系	F_1	系	F_1
1AL	127.51±1.39**	6BL	108.36±1.28
2AS	107.06±3.57	7BL	114.37±2.53
3AS	109.56±2.88	1DL	111.35±2.65
4AL	112.85±3.69	2DS	110.79±3.33
5AL	110.06±1.57	3DL	111.04±2.88
6AL	108.44±2.66	4DS	112.66±2.37
7AS	110.83±2.35	5DL	113.73±3.15
1BL	112.21±2.42	6DS	113.24±3.23
t""- 2B	110.95±2.17	7DS	113.27±2.67
3BL	106.77±3.10	中国春	104.40
4BL	102.33±2.55	"241"	120.6
5BL	110.01±2.09	二体系	109.83

注: **: $P<0.01$

3.3 20 世纪中叶逐步发展起来的小麦染色体工程育种以及分子育种, 使小麦育种开始步入了"精确育种"阶段, 以目的基因的发现、定位与精确转移为标志[2]。巨穗小麦种质"241"为具有特殊优良性状且在遗传上达到稳定的优异种质, 在其培育过程中引入了一些优秀的外源基因, 普遍具有茎秆粗壮、高大的特点, 对其株高进行基因定位及在此基础上进行的小麦育种研究, 可能会使小麦育种工作实现新的突破。

3.4 比较基因组学研究表明, 禾本科作物基因组存在高度保守性, 基因图谱具高度同源性, 基因顺序的同线性和共线性被高度保留, 大多数分子标记可在多种作物中通用, 不同种间的基因作用机制和遗传分析可相互启发、相互预测相应位置上未曾定位的同工酶或有关基因位点及着丝粒位置, 并根据定向进化同源基因的保守性, 为近源种重要性状的基因定位、克隆转移或替换提供有用信息[5]。因此, 对具有诸多优良性状的巨穗小麦新种质"241"株高进行基因定位及在此基础上进一步基因克隆、分离、测序等研究具有尤为重要的意义。

参考文献

1 窦全文, 解俊峰. 95-2 重穗型小麦品系生长动态分析. 西北植物学报, 1999, 8(4): 43～46
2 傅大雄, 阮仁武, 戴秀梅等. 显性矮杆基因 *Rht*10 亚染色体水平导入"中国春"的研究. 麦类作物学报, 2001, 21(1): 1～5
3 裴忠有, 李月莹, 沈平等. 禾本科作物株高遗传的研究进展. 杂粮作物. 2000, 20(5): 18～22
4 解俊峰, 冯海生, 窦全文. 高原 2D 单体及巨穗小麦新种质创造. 兰州大学学报(自然科学版), 1994, 30(增刊): 136～143
5 许自成, 池振中, 贾志强等. 小麦数量性状基因定位及比较基因组研究进展. 河南农业大学学报, 1997, 31(4): 327～333
6 Gale M D, et al. Dwarfing genes in wheat. Progress in wheat breeding 1. Ed. by G E Russe11, London; Butterworths, 1985, 1～35
(下转 11 页)

© 1994-2009 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net

运用数量分类学的判别和聚类分析来研究物种的亲缘关系, 可以把貌似而神异的物种划分开来[5]。但在利用统计软件进行试验数据的分析时, 必须注意个体量纲是否一致, 若不一致必须进行标准化, 而且在聚类方法的选择上宜采用正确的度量方法, 否则可能得出错误结论。本文采用组内连接法, 比最短距离法和最长距离法更加合理。高粱和苏丹草最终被聚成两大类, 但类内品种间仍存在差异, 有可能被划分为几个不同的小类, 采用结合线的方法[5], 不支持对它们进一步划分。另外, 本文只是营养生长阶段生物学性状的研究结果, 若加入生殖生长阶段花、果穗等性状试验数据后, 结果如何, 有待于进一步的研究。

参考文献

1 马鸿图, 罗耀武, 盖钧镒主编. 作物育种学各论[M]. 北京: 中国农业出版社, 1997, 287～294, 311

2 詹秋文, 钱章强. 高粱-苏丹草杂交种的选育和利用[J]. 种子, 1996, 6: 12～14

3 Hitchcock A S, Marks C F, Townsend J L, Munz P A, Fribourg H A. Sorghum & Sudangrass. http://www.sarep.ucdavis.edu/cgi-bin/ccrop.exe/show_crop_36. 2003. 1. 20

4 Pedersen J F, Toy J J, Johnson B. Natural outcrossing of Sorghum and sudangrass in the central great plains[J]. Crop Science, 1998, 38(4): 937-939

5 张守栋, 王庆亚, 顾德兴. 繁缕和无瓣繁缕六个居群的数值分析[J]. 云南植物研究, 2002, 24(2): 185～190

6 梁前进, 彭奕欣, 余秋梅. 野生鲫和五个金鱼品种的判别分析和聚类分析[J]. 水生生物学报, 1998, 22(3): 236～243

7 李合生. 植物生理生化实验原理和技术[M]. 北京: 高等教育出版社, 2000, 134～137

8 南京农业大学. 土壤农化分析(第二版)[M]. 北京: 中国农业出版社, 1996, 210～273

The Discriminant and Cluster analysis of Sorghum and Sudangrass in Nutrition Growth Phase

Zhan Qiuwen[1], **Xiao Xin**[1], **Wang Shuibing**[1], **Li Zhengpeng**[2], **Zhang Shoudong**[3], **Xu Rusong**[2]

(1. Department of Agronomy, Anhui Technical Teachers College, Fengyang 233100;

(2. Department of Biology, Anhui Technical Teachers College, Fengyang 233100;

(3. Department of Agronomy, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095)

Abstract: 30 biological characters were used for the comparative study between sorghum and sudangrass in nutrition growth phase. The results showed that the significant difference between sorghum and sudangrass was found in most characters. The cluster analysis revealed that, with the most important 16 characters selected by the stepwise discriminant analysis, 10 varieties of sorghum and sudangrass were divided into 2 groups, which Sudangrass S7, M5, S7 and Xinsu No. 2 were clustered to 1 group, but Sorghum 3042B, AR, Short 4, Write 5, Jin 5 and Tx623B42 were clustered to the other group.

Key words Sorghum Sudangrass Nutrition growth Discriminant analysis Cluster analysis

(上接 6 页)

Gene Location for Height of the Giant Spike Wheat Gemplasm

Xie Xiaoling[1], **Deng Zifa**[1], **Xie Junfeng**[2]

(1. Department of Life Sciences and Technology of Nantong Normal College, Nantong 226007)

(2. Northwest Plateau Institute of Biology, The Chinese Academy of Sciences, Xining 810001)

Abstract: The genes which control the height of the giant spike wheat gerrnplasrn "241" were located on chrornosome and chronaosome arms with "Chinese spring" monosomic series and ditelosomic series as the testing lines. The results showed that the height of "241" is controlled by genes on the chromosomes 1AS, 3AS, 5AL, 4BL and 6B respectively, three major genes on 3AS, 5AL and 6B, and two minor gene 1AS and 4BL. The result of monosonic analysis indicated that four genes are recessive (1A, 3A, 5A and 4B), and the gene on chromosome 6B is dominant.

Key words Giant spike wheat Gemplasm height Monosomic analysic Ditelosomic analysic Gene location

© 1994-2009 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net