

甘肃黑麦在与普通小麦杂交导入黑麦有益基因中的作用

李思敏, 李军辉, 樊路

(中国农业科学院作物育种栽培研究所, 北京 100081)

摘要: 利用中国春 *ph1b* 突变体和中国春为母本, 分别与甘肃黑麦和兰州黑麦杂交, F_1 观察减数分裂中期染色体配对情况, 并用中国春回交, 统计回交结实率。研究表明, 无论以 *CSph1b* 还是以 *CS* 做母本, 用甘肃黑麦做父本的杂交组合(*CSph1b* × 甘肃黑麦和 *CS* × 甘肃黑麦) F_1 减数分裂中期染色体配对水平, 均明显高于用兰州黑麦作父本的杂交组合(*CSph1b* × 兰州黑麦和 *CS* × 兰州黑麦)。首次发现在中国的黑麦品种甘肃黑麦中含有促进部分同源染色体配对基因。 F_1 减数分裂中期染色体配对情况分析表明, 甘肃黑麦中可能含有 *ph1b-like* 基因, 其作用与 *ph1b* 基因相似。回交结实情况表明, 用甘肃黑麦为父本的杂交组合[(*CS* × 甘肃黑麦) F_1 × *CS* 和 (*CSph1b* × 甘肃黑麦) F_1 × *CS*] 的回交结实率(11.54 和 1.06) 显著高于用兰州黑麦为父本的组合[(*CS* × 兰州黑麦) F_1 × *CS* 和 (*CSph1b* × 兰州黑麦) F_1 × *CS*] 的回交结实率(0.16 和 0.42)。从染色体配对和回交结实情况看, 利用 *ph1b* 基因的同时, 用甘肃黑麦比用兰州黑麦更利于把黑麦外源有益基因导入普通小麦中。

关键词: 普通小麦; 黑麦; 部分同源配对; *ph1b-like* 基因; 回交; 结实率

中图分类号: S512 文献标识码: A 文章编号: 1000- 7091(2000) 增刊- 0036- 04

诱导普通小麦与其近缘种属间的部分同源染色体配对、交换, 将外源有益基因导入普通小麦, 是创造新种质最具方向性和有效性的方法。六倍体小麦减数分裂时染色体严格的二倍体化配对, 造成黑麦染色体与普通小麦染色体很难配对及与 *ph1b* 突变体杂交后 F_1 回交困难, 是将黑麦有益基因导入小麦的最大障碍。消除这一障碍主要有 2 种途径, 一是消除或减弱普通小麦中抑制部分同源染色体配对基因的作用(主要是小麦 5BL 上的 *Ph1* 基因), 二是发现和利用黑麦中的促进染色体配对基因, 而把两种途径结合在一起则可能会收到最好的效果。以往研究发现国外的黑麦品种中存在促进染色体配对基因^[1,2]。而且, 许多国外学者利用普通小麦与不同的黑麦品种进行杂交, 研究杂种 F_1 减数分裂中期染色体配对情况, 发现不同的黑麦品种中含有不同的促进染色体配对基因^[3~ 6], 国内则未开展这方面的研究。本研究利用中国春 *ph1b* 突变体及对照中国春对中国的 2 个黑麦品种进行了染色体配对及回交方面的研究, 取得了满意的结果, 现报道如下:

1 材料和方法

中国春 *ph1b* 突变体(*CSph1b*) 和中国春(*CS*) 由 R. Morris(美国内布拉斯加大学) 提供。甘

收稿日期: 2000- 11- 02

作者简介: 李思敏(1965-), 男, 学士, 助理研究员, 主要从事太谷核不育小麦育种和远缘杂交的研究工作。

肃黑麦($2n=14$)和兰州黑麦($2n=14$)由中国农科院作物所小黑麦组提供。分别以中国春 $ph1b$ 突变体和中国春为母本,甘肃黑麦和兰州黑麦为父本组配杂交组合 $CS\times$ 甘肃黑麦、 $CS\times$ 兰州黑麦、 $CSph1b\times$ 甘肃黑麦和 $CSph1b\times$ 兰州黑麦。杂交 F_1 幼穗用卡诺氏固定液(6 95%酒精:3 氯仿:1 冰醋酸)固定,压片法制片,醋酸洋红染色,观察各组合杂种 F_1 植株花粉母细胞减数分裂中期染色体配对情况。同时,各组合 F_1 用中国春回交,统计回交结实情况。

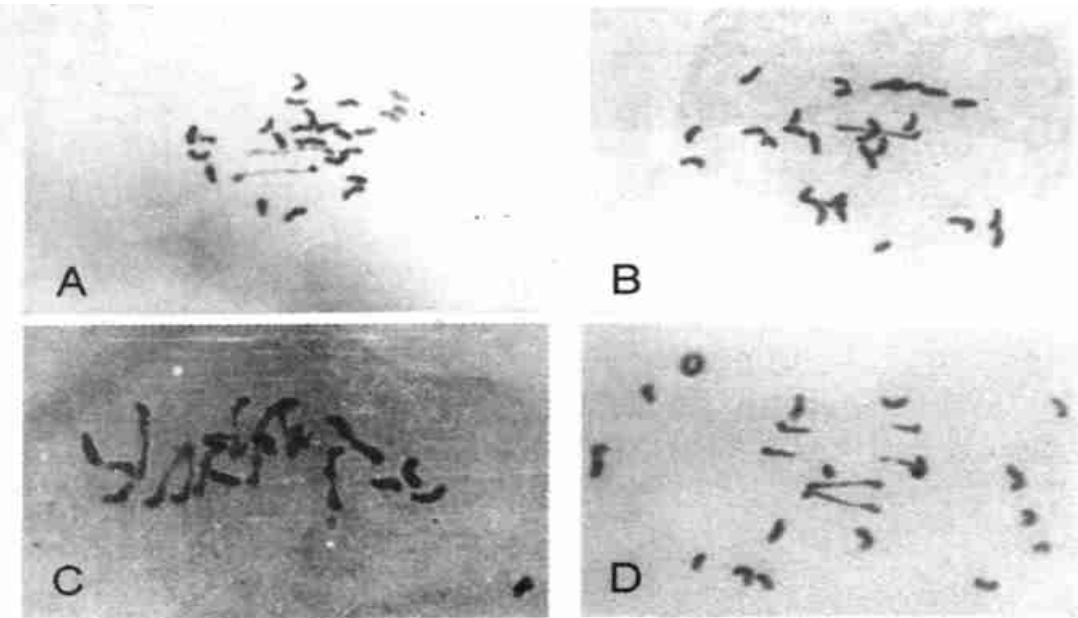
2 结果与讨论

$CSph1b$ 、 CS 与甘肃黑麦和兰州黑麦杂交 F_1 减数分裂中期染色体配对结果见表1,其染色体配对情况见图1。

2.1 以 $CSph1b$ 为母本的杂交组合($CSph1b\times$ 甘肃黑麦和 $CSph1b\times$ 兰州黑麦) F_1 减数分裂中期染色体配对水平(见表1)显著高于以 CS 为母本的相应的杂交组合($CS\times$ 甘肃黑麦和 $CS\times$ 兰州黑麦),表明 $ph1b$ 基因对普通小麦与黑麦的部分同源染色体配对具有明显的促进作用。

表1 $CSph1b$ 、 CS 与甘肃黑麦和兰州黑麦杂交 F_1 减数分裂中期染色体配对情况

组 合	II ^f	II	III	IV	V	I	Xta
$CSph1b\times$ 甘肃黑麦	1.537	4.862	0.691	0.031	0.012	13	9.459
$CSph1b\times$ 兰州黑麦	0.23	4.39	0.10			18.5	5.05
$CS\times$ 甘肃黑麦	0.12	1.11	0.02			25.50	1.39
$CS\times$ 兰州黑麦		0.68				26.6	0.68



A($CS\times$ 甘肃黑麦) F_1 减数分裂中期染色体构型 $2II+24I$;b($CS\times$ 兰州黑麦) F_1 减数分裂中期染色体构型 $1II+26I$;c($CSph1b\times$ 甘肃黑麦) F_1 减数分裂中期染色体构型 $1II^f+4II+2III+12I$;d($CSph1b\times$ 兰州黑麦) F_1 减数分裂中期染色体构型 $4II+20I$ 。

图1 $CSph1b$ 、 CS 与甘肃黑麦和兰州黑麦杂交 F_1 分裂中期染色体配对情况

2.2 无论以 CSph1b 还是以 CS 做母本, 用甘肃黑麦做父本的杂交组合(CSph1b× 甘肃黑麦, CS× 甘肃黑麦) F₁ 减数分裂中期染色体配对水平(见表 1), 均明显高于用兰州黑麦作父本的杂交组合(CSph1b× 兰州黑麦, CS× 兰州黑麦), 表明甘肃黑麦中含有促进部分同源染色体配对的基因, 与兰州黑麦相比, 甘肃黑麦中的促进部分同源染色体配对基因的作用更明显。

当以 CSph1b (不含 ph1 基因) 为母本时, (CSph1b× 甘肃黑麦) 与(CSph1b× 兰州黑麦) F₁ 减数分裂中期染色体交叉数分别为 9. 459 和 5. 05, 二者相差 4. 409, 即甘肃黑麦中的促进部分同源染色体配对基因的作用约为 4. 409, 与 CSph1b 在单倍体状态下染色体交叉数 5. 08^[7] 相近, 表明甘肃黑麦中促进部分同源染色体配对基因的作用大小与 ph1b 基因相近; 而当以 CS (含 ph1 基因) 为母本时, (CS× 甘肃黑麦) 与(CS× 兰州黑麦) F₁ 减数分裂中期染色体交叉数为 1. 39 和 0. 68, 二者相差 0. 71, 即甘肃黑麦中的促进部分同源染色体配对基因的作用约为 0. 71, 明显低于其在(CSph1b× 甘肃黑麦) 组合中的作用, 表明甘肃黑麦中的促进部分同源染色体配对基因的作用可能象 ph1b 基因一样会受到 ph1 基因的抑制。由此可见, 甘肃黑麦中含有的促进部分同源染色体配对基因可能是 ph1b-like 基因。

2.3 在组合(CSph1b× 甘肃黑麦) F₁ 中, 减数分裂中期出现了一定数量的多价体(0. 031 四价体和 0. 012 五价体), 表明小麦染色体与黑麦染色体间有联会和交叉(而在 CSph1b 与兰州黑麦组合中则没有); 另外, 从表 1 可知, (CSph1b× 甘肃黑麦) F₁ 染色体的交叉数为 9. 459, 与 CSph1b 在单倍体下染色体的交叉数 5. 08 之差为 4. 379, 如果黑麦在单倍体下染色体交叉数为 0. 32^[8], 则普通小麦与甘肃黑麦染色体之间的交叉数约为 4. 059, 表明甘肃黑麦染色体与普通小麦染色体之间配对、交叉的机率是比较高的, 这对于将甘肃黑麦中的有益基因导入普通小麦极为有利。

表 2 用 CS 对 CSph1b、CS 与甘肃黑麦和兰州黑麦杂交 F₁ 回交结实情况

组 合	授粉小花数	回交结实粒数	回交结实率(%)
(CSph1b× 甘肃黑麦) F ₁ × CS	1 042	11	1. 06
(CSph1b× 兰州黑麦) F ₁ × CS	3 218	5	0. 16
(CS× 甘肃黑麦) F ₁ × CS	598	69	11. 54
(CS× 兰州黑麦) F ₁ × CS	3 120	13	0. 42

2.4 用 CS 对各杂交组合 F₁ 进行回交的结实情况见表 2。从表 2 可以看出, 各组合 F₁ 用中国春回交, 其结实率由高到低的顺序为(CS× 甘肃黑麦) F₁ × CS、(CSph1b× 甘肃黑麦) F₁ × CS、(CS× 兰州黑麦) F₁ × CS 和(CSph1b× 兰州黑麦) F₁ × CS。即用甘肃黑麦为父本的杂交组合的回交结实率均明显高于用兰州黑麦为父本的杂交组合, 二者相差几倍甚至几十倍。

综上所述, 用甘肃黑麦为父本与普通小麦杂交, 不但由于甘肃黑麦中含有促进部分同源染色体配对基因, 其杂交 F₁ 减数分裂中期普通小麦与甘肃黑麦部分同源染色体配对水平明显高于兰州黑麦组合, 而且其 F₁ 用中国春回交结实率也显著高于兰州黑麦组合, 因此, 利用 ph1b 基因的同时, 利用甘肃黑麦比用兰州黑麦更利于把黑麦外源有益基因导入普通小麦中。

参考文献:

[1] 樊 路, 韩敬花. 普通小麦近缘种属中的控制染色体配对基因[J]. 北京农业科学, 1994, 12(1): 9- 10.

- [2] 王鹏科, 侯文胜. 诱导小麦部分同源染色体配对研究进展[J]. 麦类作物, 1999, 19(6): 3– 7.
- [3] Nakajima G, Zennyoz A. Cytogenetics of wheat and rye hybrids[J]. Seiken Ziho, 1966, 18: 39– 48.
- [4] Cuadrado M C, Romero C. Different genetic systems in rye affecting homoeologous pairing in wheat-rye combinations[J]. Genome, 1988, 30: 793– 796.
- [5] Lelley T. Induction of homoeologous pairing in wheat by genes of rye suppressing chromosome 5B effect[J]. Can J Genet Cytol, 1976, 22: 1– 6.
- [6] Gupta P K, George Fedak. The inheritance of genetic variation in rye (*Secale cereale*) affecting homoeologous chromosome pairing in hybrids with bread wheat(*Triticum aestivum*) [J]. Can J Genet Cytol, 1986, 28: 844 – 851.
- [7] 樊路, 吴凤彩, 韩敬花, 等. ph1b 基因诱导小麦 ABD 染色体组部分同源染色体配对的研究[J]. 遗传学报, 1992, 19(5): 436– 438.
- [8] Schlegel R G Melz, Nestrowicz R. A universal reference karyotype in rye, *Secale cereale* L[J]. Theor Appl Genet, 1987, 74: 820– 826.

The Effectiveness of Gansu Rye in Transferring Desirable Genes to Common Wheat in the Combination of Wheat and Rye

LI Si-min, LI Jun-hui, FAN Lu

(Institute of Crop Breeding and Cultivation, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China)

Abstract: Chinese Spring ph1b mutant and Chinese Spring wheat as female were crossed respectively with Gansu rye and Lanzhou rye for observing their MI chromosomes pairing in F₁ generation. Then the F₁ plants were backcrossed with Chinese Spring to test the seed set. The result shows that whatever the female is, Chinese Spring ph1b mutant or Chinese Spring, the chromosomes pairing level of the combinations with Gansu rye is much higher than that of Lanzhou rye. It is the first time to discover that the promoting homoeologous chromosomes pairing gene exist in Gansu rye. The analysis to the result of F₁ MI chromosomes pairing in all combinations suggests that Gansu rye may have ph1b-like gene. In addition, the result of backcross shows that the rate of seed set in the combination with Gansu rye as male are obviously higher. Thereby, it is evident that Gansu rye in transferring desirable genes from rye to wheat is more sufficient than Lanzhou rye, especially with the utilization of ph1b gene.

Key Words: Common wheat; Rye; Homoeologous pairing; ph1b-like gene; Backcross; Rate of seed set