

新疆春小麦品种资源矮秆基因 *Rht-B1b* 和 *Rht-D1b* 等位变异的分布

王 亮^{1,2} 李卫华³ 徐红军¹ 鲁鹏君³ 崔凤娟¹ 李士磊³

(1. 新疆农垦科学院 作物研究所 新疆 石河子 832000; 2. 作物种质创新与基因资源利用兵团重点实验室, 新疆 石河子 832000; 3. 石河子大学 农学院 新疆 石河子 832003)

摘要: 为了给新疆春小麦矮化育种提供有用信息和分子标记辅助选择的方法, 利用 *Rht-B1* 和 *Rht-D1* 位点的 4 个 STS 标记(NH-BF.2/WR1.2、NH-BF.2/MR1、DF/WR2.4 和 DF/MR2) 对 270 份新疆春小麦品种资源(包括 49 份地方品种、77 份新疆自育品种和 144 份引进国内外品种) 中矮秆基因 *Rht-B1b*(*Rht1*) 和 *Rht-D1b*(*Rht2*) 等位变异的组成进行分子鉴定。结果表明, 在新疆春小麦品种资源中, 携带 *Rht-B1a*(野生型)、*Rht-B1b*(突变型)、*Rht-D1a*(野生型) 和 *Rht-D1b*(突变型) 等位基因品种的比例依次为 63.3%、36.7%、42.2%、57.8%, 以 *Rht-B1a* 和 *Rht-D1b* 等位变异类型为主。其中, 只携带有 1 个矮秆基因(*Rht-B1b* 或 *Rht-D1b*) 的品种(系) 有 233 份, 占总数的 86.3%; 同时携带有 *Rht-B1b* 和 *Rht-D1b* 2 个矮秆基因的品种(系) 有 11 份, 占总数的 4.1%; 既不携带 *Rht-B1b* 又不携带 *Rht-D1b* 基因的品种(系) 有 26 份, 占总数的 9.6%。新疆地方品种、自育品种和引进国内外品种中矮秆基因 *Rht-B1b* 和 *Rht-D1b* 的分布比例也存在明显差异, 其依次为 20.4%、87.8%、72.7%、24.7%、22.9%、65.3%。总之, 新疆春小麦品种株高改良应该以培育矮秆或半矮秆的 *Rht-B1b* 基因型为重点, 同时可以直接利用这 2 个矮秆基因的功能标记来提高育种效率。

关键词: 新疆; 春小麦; 品种资源; 矮秆基因; 等位变异; STS 标记

中图分类号: S512.03 文献标识码: A 文章编号: 1000-7091(2013)06-0059-06

Distribution of Allelic Variation of Dwarfing Genes *Rht-B1b* and *Rht-D1b* in Xinjiang Spring Wheat Germplasm Resources

WANG Liang^{1,2}, LI Wei-hua³, XU Hong-jun¹, LU Peng-jun³, CUI Feng-juan¹, LI Shi-lei³

(1. Crop Research Institute, Xinjiang Academy of Agricultural and Reclamation Science, Shihezi 832000, China;

2. Xinjiang Production and Construction Group Key Laboratory of Crop Germplasm Enhancement and Gene Resources Utilization, Shihezi 832000, China; 3. College of Agronomy, Shihezi University, Shihezi 832003, China)

Abstract: In order to provide crucial information and methods of molecular marker-assisted selection for dwarfing breeding in Xinjiang spring wheat. A total of 270 spring wheat germplasm resources from Xinjiang wheat regions, including 49 landraces, 144 introduced cultivars and 77 local cultivars in Xinjiang, were identified for the allelic variation composition of dwarfing gene *Rht-B1b*(Previously *Rht1*) and *Rht-D1b*(Previously *Rht2*) by using STS markers(NH-BF.2/WR1.2, NH-BF.2/MR1, DF/WR2.4 and DF/MR2) at two loci *Rht-B1* and *Rht-D1*. The results indicated that the percentages of cultivars with gene *Rht-B1a*(Wildtype), *Rht-B1b*(Mutation), *Rht-D1a*(Wildtype), *Rht-D1b*(Mutation) are 63.3%, 36.7%, 42.2%, 57.8%, respectively. And allelic variation *Rht-B1a* and *Rht-D1b* are main type at *Rht-B1* and *Rht-D1* loci in Xinjiang spring wheat germplasm resources. the number of cultivars(Lines) with one dwarfing gene(*Rht-B1b* or *Rht-D1b*) is 233 and its percentage is 86.3%, the number of cultivars with two dwarfing genes is 11 and its percentage is 4.1%, the number of cultivars neither *Rht-B1b* gene nor *Rht-D1b* gene is 26 and its percentage is 9.6%. The percentages of dwarfing gene *Rht-B1b* and *Rht-D1b* are obviously different in Xinjiang landraces, local cultivars and introduced cultivars, its is 20.4%, 87.8%, 72.7%,

收稿日期: 2013-10-21

基金项目: 新疆生产建设兵团科技攻关计划项目(2011BA002); 新疆农垦科学院青年科学基金项目(YQJ2009-09)

作者简介: 王 亮(1982-), 男, 新疆阜康人, 助理研究员, 硕士, 主要从事春小麦育种研究。

通讯作者: 徐红军(1969-), 男, 新疆阿克苏人, 副研究员, 主要从事小麦育种和栽培技术研究。

李卫华(1968-), 女, 新疆石河子人, 教授, 博士生导师, 主要从事小麦育种和品质生理研究。

24.7% 22.9% 65.3% respectively. In summary cultivars with dwarfing genotype *Rht-B1b* should be mainly selected for the improvement of plant height in Xinjiang spring wheat. The functional markers of two dwarfing gene (*Rht-B1b* and *Rht-D1b*) can be directly used for promoting the breeding efficiency.

Key words: Xinjiang; Spring wheat; Germplasm resources; Dwarfing gene; Allelic variation; STS marker

降低株高和提高抗倒伏性是我国小麦育种的主要目标之一。研究表明,小麦株高是与产量相关的重要性状^[1],它既受主效基因的控制,又受修饰基因的影响^[2]。矮秆是株高性状的一种特殊类型,矮秆基因或矮源则是小麦矮化育种的重要物质基础^[3]。矮秆基因(特别是 *Rht-B1b*、*Rht-D1b*、*Rht8* 和 *Rht9*) 在世界范围内的推广和应用,推动了小麦矮化育种进程,使植株在高水肥条件下的抗倒伏能力增强,收获指数增加,从而使小麦单产不断提高。在现有高产的基础上进一步提高单产,是小麦育种的主攻目标,也是小麦生产发展的必由之路。

自 1891 年 Farrer 发现小麦矮秆植株以来,目前已鉴定出并命名的主效矮秆基因有 25 个^[4],其中来自农林 10 号的 *Rht-B1b*、*Rht-D1b* 和来自赤小麦的 *Rht8*、*Rht9* 的应用最为广泛,研究也最为深入^[5]。据贾继增等^[3] 研究分析表明,我国生产上推广的多数矮秆或半矮秆小麦品种的矮秆基因多数也来自这 2 个矮源。Allan 等^[6] 根据小麦矮秆基因对外源赤霉酸的不同反应,把矮秆基因分为对赤霉酸反应敏感型和不敏感型两大类,其中 *Rht-B1b*、*Rht-B1c*、*Rht-B1d*、*Rht-B1e*、*Rht-D1b*、*Rht-D1c*、*Rht-D1d* 和 *Rht-B1f* 等 8 个基因属于对外源赤霉酸反应不敏感类型,其他主效矮秆基因对外源赤霉酸反应敏感^[7]。

近年来,分子标记技术的迅速发展为基因的鉴定和筛选提供了极大的方便,特别是当一个重要功能基因被克隆后,依据基因的特异序列所设计的引物可以称之为精准标记或功能标记,利用功能标记进行的标记辅助选择则更为有效。自 2002 年 Ellis 等^[8] 设计出 *Rht-B1b* 和 *Rht-D1b* 的精准分子标记之后,我国的一些学者也对该分子标记进行了大量的验证与应用, Zhang 等^[9] 和杨松杰等^[10] 应用该标记对我国八大主要麦区的小麦主栽品种和苗头品系中 *Rht-B1b*、*Rht-D1b* 和 *Rht8* 基因组成进行了检测与分析,明确了这 3 个重要矮秆基因在我国小麦品种中的分布特点和规律。慕美财等^[11] 和马东钦等^[12] 分别对山东小麦品种及黄淮海区部分小麦种质资源中矮秆基因的分布进行了分子鉴定。魏凌基等^[13] 对 38 个新疆春小麦品种(系)中 *Rht-B1b* 和 *Rht-D1b* 基因进行了鉴定,但是目前新疆更多的春小麦种质资

源中这 2 个矮秆基因及其等位变异的分布仍不清楚。因此,本研究利用 STS 标记对 270 份新疆春小麦品种资源中 *Rht-B1b* 和 *Rht-D1b* 基因等位变异的组成进行分子检测,旨在明确这些品种(系)中矮秆基因 *Rht-B1b* 和 *Rht-D1b* 的分布特点和规律,为新疆春小麦矮化、超高产育种提供理论依据和标记辅助选择的方法。

1 材料和方法

1.1 试验材料

参试春小麦品种(系)共 270 份,根据品种的不同来源,将它们分为 3 种类型:新疆地方品种 49 份;新疆自育品种(系) 77 份;新疆引进国内外品种(系) 144 份。这些材料覆盖了新疆南北疆春小麦主要种植区各个时期种植和使用的春小麦品种,具有较好的代表性。试验品种(系)于 2011 年 4 月种植在新疆农垦科学院作物研究所农业科研试验站内,顺序排列 2 行区,行长 1.8 m,行距 0.25 m,人工开沟点播,栽培管理措施同大田,7 月初适期收获,收获籽粒用于分子标记检测。

选用已知矮秆基因组成的春小麦品种新春 6 号(*Rht-B1bRht-D1a*)和宁春 16 号(*Rht-B1aRht-D1b*)作为对照品种^[9-10]。

1.2 试验方法

1.2.1 基因组 DNA 提取 每个小麦品种选取 1 粒有代表性的种子,用锤子砸碎后放入 2 mL 离心管中,然后按照王亮等^[14]的方法提取籽粒基因组 DNA。DNA 提取液含 288 mmol/L NaCl, 200 mmol/L Tris-HCl(pH=8.0), 25 mmol/L EDTA 和 0.5% SDS。

1.2.2 引物序列的合成 PCR 引物按照 Ellis 等^[8]提供的序列,均由北京六合华大基因科技股份有限公司合成。在 *Rht-B1* 基因位点,标记 1(NH-BF.2/WR1.2)用于检测 *Rht-B1a* 基因,标记 2(NH-BF.2/MR1)用于检测 *Rht-B1b* 基因;在 *Rht-D1* 基因位点,标记 3(DF/WR2.4)用于检测 *Rht-D1a* 基因,标记 4(DF/MR2)用于检测 *Rht-D1b* 基因,这 4 个分子标记均属于显性 STS 标记,基因标记(引物)名称、序列及其扩增片段大小列于表 1。

表 1 基因引物序列及其扩增片段大小

Tab. 1 Primer sequences and amplification fragment sizes of the targeted genes

位点 Locus	基因型 Genotype	引物(标记) 名称 Name of primers	上下游引物序列(5'-3') Sequence of forward and reverse primers	扩增片段大小/bp Size of fragment
<i>Rht-B1</i>	<i>Rht-B1a</i>	NH-BF. 2/WR1. 2	TCTCCTCCCTCCCCACCCCAAC CCATGGCCATCTCGAGCTGC	400
	<i>Rht-B1b</i>	NH-BF. 2/MR1	TCTCCTCCCTCCCCACCCCAAC CATCCCCATGGCCATCTCGAGCTA	400
<i>Rht-D1</i>	<i>Rht-D1a</i>	DF/WR2. 4	CGCGCAATTATTGGCCAGAGATAG CCATGGCCATCTCGAGCTGCAC	264
	<i>Rht-D1b</i>	DF/MR2	CGCGCAATTATTGGCCAGAGATAG CCCCATGGCCATCTCGAGCTGCTA	254

1. 2. 3 PCR 扩增和凝胶电泳条件 PCR 反应体系的总体积为 20 μL, 含 10 × PCR Buffer 2 μL, dNTP (A、T、C、G) 200 μmo/L, 每条引物用量 10 pmol, Gol-dstar 聚合酶 2 U 或 1. 5 U, 模板 DNA 用量为 100 ng。标记 1 和标记 2 的 PCR 扩增条件为 95 ℃ 预变性 15 min, 94 ℃ 变性 30 s, 63 ℃ 退火 30 s, 72 ℃ 延伸 30 s, 38 个循环, 最后 72 ℃ 延伸 5 min, 4 ℃ 保存; 标记 3 和标记 4 的 PCR 扩增条件为 95 ℃ 预变性 10 min, 94 ℃ 变性 30 s, 63 ℃ 退火 30 s, 72 ℃ 延伸 30 s, 35 个循环, 最后 72 ℃ 延伸 5 min, 4 ℃ 保存。

PCR 扩增在 PTC-400 型扩增仪上完成, 将 PCR 扩增产物中加入 2 μL 溴酚蓝指示剂之后在 1. 0% 的琼脂糖(西班牙) 凝胶上进行电泳分离, 采用 1 × TAE 缓冲溶液, 120 V 电压电泳 20 min, 溴化乙锭 (EB) 染色, 用 ChemiDoc XR System 型凝胶成像仪 (BIO-RAD) 扫描成像并存入计算机。

1. 3 统计分析

用 Excel 进行基本统计量分析。

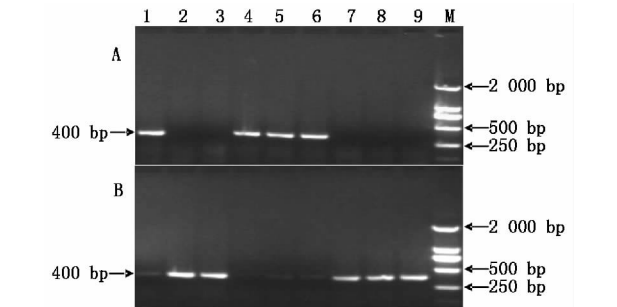
2 结果与分析

2. 1 *Rht-B1* 位点等位变异的检测

利用分子标记 1 和标记 2 检测新疆春小麦品种资源 *Rht-B1* 位点基因等位变异的分布情况。其中, 在携带 *Rht-B1a* 等位变异的品种(系) 中, 用 NH-BF. 2 与 WR1. 2 引物可以扩增出一条 400 bp 的片段, 而在携带 *Rht-B1b* 等位变异的品种(系) 中, 用 NH-BF. 2 与 MR1 引物可以扩增出一条 400 bp 的片段, 即这 2 对引物在品种检测中 PCR 产物互补出现, 可以相互验证。

从电泳图(图 1-A) 中可以看出, 宁春 16 号(1 泳道)、昌春 3 号(4 泳道)、新春 35 号(5 泳道) 和蒙麦 1 号(6 泳道) 4 个品种在相应位置扩增出 400 bp 的条带, 而从电泳图(图 1-B) 中看出, 这 4 个品种无 PCR 扩增产物, 两图结果正好吻合, 表明这类品种携带 *Rht-B1a* 等位基因; 新春 6 号(2 泳道)、木铍棒

(3 泳道)、大头郎(7 泳道)、新春 11 号(8 泳道) 和银春 8 号(9 泳道) 5 个品种在相应位置扩增出 400 bp 的条带(图 1-B), 而从电泳图(图 1-A) 中看出, 这 5 个品种无 PCR 扩增产物, 表明这类品种携带矮秆等位基因 *Rht-B1b*。



A. 利用 NH-BF. 2 与 WR1. 2 引物检测携带 *Rht-B1a* 基因品种(系) ; B. 利用 NH-BF. 2 与 MR1 引物检测携带 *Rht-B1b* 基因品种(系) ; 1. 宁春 16 号; 2. 新春 6 号; 3. 木铍棒; 4. 昌春 3 号; 5. 新春 35 号; 6. 蒙麦 1 号; 7. 大头郎; 8. 新春 11 号; 9. 银春 8 号; M. DNA Ladder 2000。
A. The *Rht-B1a* gene test by using primer NH-BF. 2 and WR1. 2; B. The *Rht-B1b* gene test by using primer NH-BF. 2 and MR1; 1. Ningchun 16; 2. Xinchun 6; 3. Muxianbang; 4. Changchun 3; 5. Xinchun 35; 6. Mengmai 1; 7. Datoulang; 8. Xinchun 11; 9. Yinchun 8; M. DNA Ladder 2000.

图 1 部分新疆春小麦品种 *Rht-B1* 位点基因等位变异的琼脂糖凝胶电泳检测

Fig. 1 Identification of allelic variation in *Rht-B1* locus by using STS marker in partial tested Xinjiang spring wheat cultivars

2. 2 *Rht-D1* 位点等位变异的检测

利用分子标记 3 和标记 4 检测新疆春小麦品种资源 *Rht-D1* 位点基因等位变异的分布情况。其中, 在携带 *Rht-D1a* 等位变异的品种(系) 中, 用 DF 与 WR2. 4 引物可以扩增出一条 264 bp 的片段, 而在携带 *Rht-D1b* 等位变异的品种(系) 中, 用 DF 与 MR2 引物可以扩增出一条 254 bp 的片段, 即这 2 对引物在品种检测中 PCR 产物互补出现, 可以相互验证。

从电泳图(图 2-A) 中可以看出, 新春 6 号(1 泳道)、红春麦(2 泳道)、龙麦 26 号(5 泳道)、阿克牙孜干(6 泳道)、巴春 6 号(7 泳道)、新春 22 号(8 泳道) 和野猫(9 泳道) 7 个品种在相应位置扩增出 264

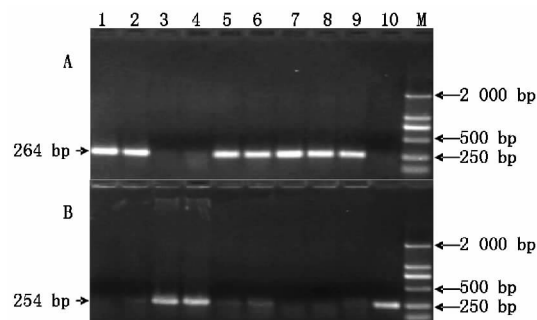
bp 的条带,而从电泳图(图 2-B)中看出,这 7 个品种无 PCR 扩增产物,两图结果正好吻合,表明这类品种携带 *Rht-D1a* 等位基因;宁春 16 号(3 泳道)、墨巴 65(4 泳道)和新春 34 号(10 泳道)3 个品种在相应位置扩增出 254 bp 的条带(图 2-B),而从电泳图(图 2-A)中看出,这 3 个品种无 PCR 扩增产物,表明这类品种携带矮秆等位基因 *Rht-D1b*。

2.3 矮秆基因等位变异及其组合在新疆春小麦品种资源中的分布

从表 2 中可以看出,在 270 份新疆春小麦品种资源中,携带 *Rht-B1b* 矮秆基因(突变型)的品种有 99 份,占 36.7%,携带 *Rht-B1a* 高秆基因(野生型)的品种有 171 份,占 63.3%,携带 *Rht-D1b* 矮秆基因(突变型)的品种有 156 份,占 57.8%,携带 *Rht-D1a* 高秆基因(野生型)的品种有 114 份,占 42.2%,这说明在 *Rht-B1* 位点,新疆春小麦品种资源以 *Rht-B1a* 等位变异类型为主,在 *Rht-D1* 位点,以 *Rht-D1b* 等位变异类型为主。

Rht-B1 和 *Rht-D1* 位点 2 个主效基因共同影响小麦品种的株高,选择 2 个矮秆等位基因的组合(*Rht-B1b/Rht-D1b*)才更能有效地降低小麦株高。由表 2 得知,新疆春小麦品种资源中存在 4 种矮秆基因等

位变异组合,分别是 *Rht-B1a/Rht-D1a*、*Rht-B1a/Rht-D1b*、*Rht-B1b/Rht-D1a* 和 *Rht-B1b/Rht-D1b*,其分布比例也存在明显差异,依次为 9.6%、53.7%、32.6%、4.1%,以 *Rht-B1a/Rht-D1b* 组合(半矮秆)为主。



A. 利用 DF 与 WR2.4 引物检测携带 *Rht-D1a* 基因品种(系); B. 利用 DF 与 MR2 引物检测携带 *Rht-D1b* 基因品种(系); 1. 新春 6 号; 2. 红春麦; 3. 宁春 16 号; 4. 墨巴 65; 5. 龙麦 26 号; 6. 阿克牙孜干; 7. 巴春 6 号; 8. 新春 22 号; 9. 野猫; 10. 新春 34 号; M. DNA Ladder 2000。

A. The *Rht-D1a* gene test by using primer DF and WR2.4; B. The *Rht-D1b* gene test by using primer DF and MR2; 1. Xinchun 6; 2. Hongchunmai; 3. Ningchun 16; 4. Moba 65; 5. Longmai 26; 6. Akeyazigan; 7. Bachun 6; 8. Xinchun 22; 9. Yemao; 10. Xinchun 34; M. DNA Ladder 2000.

图 2 部分新疆春小麦品种 *Rht-D1* 位点基因等位变异的琼脂糖凝胶电泳检测

Fig. 2 Identification of allelic variation in *Rht-D1* locus by using STS marker in partial tested Xinjiang spring wheat cultivars

表 2 矮秆基因等位变异及其组合在新疆春小麦品种资源中的分布

Tab. 2 Distribution of allelic variation of *Rht* gene and their combination in Xinjiang spring wheat germplasm resources

表现型 Phenotype	基因型 Genotype	扩增片段大小/bp Size of fragment	品种总数 No. of cultivars	总比例/% Percentage
野生型 Wildtype	<i>Rht-B1a</i>	400	171	63.3
突变型 Mutation	<i>Rht-B1b</i>	400	99	36.7
野生型 Wildtype	<i>Rht-D1a</i>	264	114	42.2
突变型 Mutation	<i>Rht-D1b</i>	254	156	57.8
野生型 Wildtype	<i>Rht-B1a/Rht-D1a</i>	400/264	26	9.6
突变型 Mutation	<i>Rht-B1b/Rht-D1b</i>	400/254	11	4.1
野生型/突变型 Wildtype/Mutation	<i>Rht-B1a/Rht-D1b</i>	400/254	145	53.7
突变型/野生型 Mutation/Wildtype	<i>Rht-B1b/Rht-D1a</i>	400/264	88	32.6
总计 Total			270	100

2.4 不同类型春小麦品种中矮秆基因等位变异分布比例的比较

从表 3 中可以看出,在新疆地方品种、引进品种

和新疆自育品种(系)中 4 种等位变异 *Rht-B1a*、*Rht-B1b*、*Rht-D1a* 和 *Rht-D1b* 的分布比例(数目)存在明显差异,其依次为 79.6%(39)、20.4%(10)、12.2%

表 3 不同类型春小麦品种中矮秆基因等位变异分布比例

Tab. 3 Percentage of allelic variation of *Rht* gene in Xinjiang landraces introduced and local cultivars

基因型 Genotype	新疆地方品种 Xinjiang landraces		引进品种 Introduced cultivars		新疆自育品种 Xinjiang local cultivars	
	品种数 No. of cultivars	比例/% Percentage	品种数 No. of cultivars	比例/% Percentage	品种数 No. of cultivars	比例/% Percentage
<i>Rht-B1a</i>	39	79.6	111	77.1	21	27.3
<i>Rht-B1b</i>	10	20.4	33	22.9	56	72.7
<i>Rht-D1a</i>	6	12.2	50	34.7	58	75.3
<i>Rht-D1b</i>	43	87.8	94	65.3	19	24.7
总计 Total	49	100	144	100	77	100

(6) ,87.8% (43); 77.1% (111) ,22.9% (33) ,34.7% (50) ,65.3% (94); 27.3% (21) ,72.7% (56) ,75.3% (58) 24.7% (19) ,其中,新疆地方品种和引进品种均以 *Rht-B1a* 和 *Rht-D1b* 等位变异为主,而新疆自育品种以 *Rht-B1b* 和 *Rht-D1a* 等位变异为主,随着外来种质资源的不断引进和利用,新疆自育品种中主效矮秆基因 *Rht-B1b* 的比例呈现出显著增加趋势。

3 结论与讨论

3.1 矮秆基因来源分析

贾继增等^[3]采用系谱分析和外源赤霉酸(GA_3)反应相结合的方法,对我国小麦品种的主要矮源和矮秆亲本进行了深入研究,认为我国小麦育成品种的矮源主要有4个:①朝鲜的水源86和日本的农林10号,均含有对 GA_3 不敏感的矮秆基因 *Rht-B1b* 和 *Rht-D1b*,这2个基因最初来源于日本的 Daruma; ②意大利的 St2422/464,含与 Saitama27 一样对 GA_3 有弱的不敏感矮秆基因 *Rht-B1d*; ③辉县红和蚰包,均具有1对赤霉酸不敏感矮秆基因,位于4D染色体上,与矮秆基因 *Rht-D1b* 位点相同或相近; ④外引的阿夫、南大2419、中农28和矮粒多等品种,其含有日本赤小麦的血统,而赤小麦中含有 *Rht8* 和 *Rht9* 这2个赤霉酸敏感矮秆基因。

新疆春小麦品种新春2号是用⁶⁰Co γ 射线辐照西特-赛洛斯(Penjam 62 Sib(Norin10)/Gabo 55)/奇春4号 F_0 干种后选育出来的^[15],其亲本之一西特-赛洛斯(Siete Cerros)来自 Penjam 62 和 Gabo 55 的组合,而 Penjam 62 又具有农林10号的血统,因此可以推测,新春2号及其衍生后代新春6号(中7906 \times 改良新春2号)和新春26号(新春9号 \times 新春6号)的 *Rht-B1b* 基因来源于农林10号。至于其他新疆自育春小麦品种中矮秆基因的来源还有待于进一步研究和分析。

3.2 矮秆基因分子标记有效性验证

从每次PCR扩增与检测的结果来看,本研究选用的2个春小麦对照品种新春6号(*Rht-B1bRht-D1a*)和宁春16号(*Rht-B1aRht-D1b*)的分子鉴定结果始终保持一致,又与实际基因型相符,说明本研究选用的4个特异性STS标记检测结果稳定、可靠、实用性强。

另外,张晶等^[16]采用外源赤霉素反应敏感性方法对39个新疆育成春小麦品种和推广品种是否含有赤霉素反应不敏感的矮秆基因进行初步分析,其研究结果表明,新春4号、新春22号、宁春16号、巴

春6号、永良16号、E28等8个品种对赤霉素反应不敏感,从而推测出这8个春小麦品种可能含有对外源赤霉素不敏感的矮秆基因(*Rht-B1b*、*Rht-D1b*、*Rht3*或*Rht10*)。通过本研究基因型鉴定结果发现,新春4号、新春22号、宁春16号、巴春6号、永良16号等品种确实携带有矮秆基因 *Rht-B1b* 或 *Rht-D1b*,但是利用外源赤霉素反应方法不能准确的鉴定(确定)某一品种的矮秆基因型,这也进一步验证了本研究所选用的4个STS分子标记检测结果的有效性和准确性。

3.3 矮秆基因分布比较

Zhang等^[9]对我国八大麦区220个小麦品种中3个矮秆基因 *Rht-B1b*、*Rht-D1b* 和 *Rht8* 分布进行了研究,结果表明,矮秆基因 *Rht-B1b* 在新疆冬春麦区频率最高,为62.5%,除了东北春麦区之外,新疆冬春麦区 *Rht-D1b* 矮秆基因分布频率最低,为12.5%。本研究结果表明,在新疆春小麦品种中,携带 *Rht-B1b* 矮秆基因的品种占总数的36.7%,携带 *Rht-D1b* 矮秆基因的品种占总数的57.8%,新疆春小麦品种以 *Rht-B1a* 和 *Rht-D1b* 等位变异类型为主,由此可以看出,本研究与前人研究结果相比,有很大的不一致性,主要原因是其选择的新疆小麦品种数较少(只有8个,其中春小麦品种有3个),缺乏广泛的代表性。

另外,本研究结果还表明,新疆春小麦品种中存在4种矮秆基因等位变异组合,其分布比例也存在明显差异,以 *Rht-B1a/Rht-D1b* 组合(半矮秆)为主。在新疆地方品种、引进品种和新疆自育品种中4种矮秆基因等位变异的分布比例(数目)也存在明显差异,其中,新疆地方品种和引进品种以 *Rht-B1a* 和 *Rht-D1b* 等位变异类型为主,而新疆自育品种以 *Rht-B1b* 和 *Rht-D1a* 等位变异类型为主。

小麦是新疆最主要的粮食作物。自20世纪60年代以来,新疆春小麦品种主要经历了5次品种更换,更换追求的主要目标是产量的提高。樊哲儒等^[17]研究认为,随着新疆春小麦品种的更替,株高大幅度地降低,从而增强了植株的耐肥抗倒性和提高了收获指数,进而也提高了品种的适应性和产量,但目前株高已降至85cm左右,再进一步降低株高对增强抗倒性和提高收获指数作用已不大,且伴有透光不良、病害加重以及秸秆产量低等副作用,但针对小麦株高构成指数进行选择,是今后提高品种耐肥抗倒的一个发展方向。张跃强等^[18]研究表明,新疆春小麦品种产量潜力的提高主要得益于株高的降低、主穗粒重和千粒质量的增加、收获指数的提高以

及各性状间较协调发展。综上所述,从分子育种的角度来看,在选育高产、广适春小麦新品种的过程中,除了要综合考虑与重要农艺性状相关的矮秆、春化和光周期基因之外,还应该重点聚合穗粒数、粒重等相关基因于一体。

参考文献:

- [1] 何中虎,张爱民. 中国小麦育种研究进展 [M]. 北京: 中国科学技术出版社, 2002: 369 - 375.
- [2] 张晓科. 中国小麦矮秆基因和春化基因分布及小麦品质相关性状多重 PCR 体系建立 [D]. 北京: 中国农业科学院, 2007.
- [3] 贾继增,丁寿康,李月华,等. 中国小麦的主要矮秆基因及矮源的研究 [J]. 中国农业科学, 1992, 25(1): 1 - 5.
- [4] McIntosh R A, Hart G E, Devos K M, et al. Catalogue of gene symbols for wheat [M] // Slinkard A E (ed) Proc 9th Intern Wheat Genet Symp Volume 5, 1998 August 2 - 7, Saskatoon (Saskatchewan), Canada: University Extension press, University of Saskatchewan (Saskatoon), 1998: 1 - 12.
- [5] 赵和. 小麦矮秆基因研究和利用现状 [J]. 河北农业科学, 2004, 8(4): 96 - 99.
- [6] Allan R E, Vogel O A, Craddock J C. Comparative response to gibberellic acid of dwarf, semi-dwarf and standard short and tall winter wheat varieties [J]. Agronomy Journal, 1959, 51: 737 - 739.
- [7] Li X P, Liu Y P, Lan S Q, et al. The value of different GA insensitive *Rht* dwarfing genes in winter wheat breeding [J]. Scientia Agriculture Sinica, 2004, 37(5): 392 - 394.
- [8] Ellis M H, Spielmeier W, Rebetzke G J, et al. "Perfect" markers for the *Rht-B1b* and *Rht-D1b* dwarfing genes in wheat [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2002, 105: 1038 - 1042.
- [9] Zhang X K, Yang S J, Zhou Y, et al. Distribution of the *Rht-B1b*, *Rht-D1b* and *Rht8* reduced height genes in autumn-sown Chinese wheat detected by molecular markers [J]. Euphytica, 2006, 152: 109 - 116.
- [10] 杨松杰, 张晓科, 何中虎, 等. 用 STS 标记检测矮秆基因 *Rht-B1b* 和 *Rht-D1b* 在中国小麦中的分布 [J]. 中国农业科学, 2006, 39(8): 1680 - 1688.
- [11] 慕美财, 刘勇, 郭小丽, 等. 山东小麦品种中矮秆基因 *Rht-B1b*、*Rht-D1b* 分布的分子鉴定 [J]. 分子植物育种, 2005, 3(4): 473 - 478.
- [12] 马东钦, 王晓伟, 许兰杰, 等. 黄淮麦区部分小麦种质资源中矮秆基因的分布 [J]. 河南农业大学学报, 2009, 43(2): 118 - 125.
- [13] 魏凌基, 张晶, 林海荣, 等. 新疆育成春小麦和推广品种中矮秆基因 *Rht-B1b*、*Rht-D1b* 分布的分子鉴定 [J]. 种子, 2008, 27(5): 80 - 82.
- [14] 王亮, 穆培源, 徐红军, 等. 新疆小麦品种 *Wx* 基因组成及其淀粉糊化特性研究 [J]. 麦类作物学报, 2010, 30(6): 1017 - 1022.
- [15] 庄巧生. 中国小麦品种改良及系谱分析 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2003.
- [16] 张晶, 吕新华, 林海荣, 等. 新疆育成春小麦品种和推广品种对赤霉素反应的研究 [J]. 新疆农业科学, 2007, 44(3): 293 - 297.
- [17] 樊哲儒, 李剑峰, 张跃强, 等. 新疆春小麦主栽品种产量潜力研究初报 [J]. 新疆农业科学, 2008, 45(4): 579 - 583.
- [18] 张跃强, 李剑峰, 王钊英, 等. 新疆主栽和新育成春小麦品种产量潜力及其构成因素对产量的影响 [J]. 新疆农业科学, 2010, 47(7): 1406 - 1411.