

Rh8、Rh10和 Rh12 矮秆基因对产量构成因子的影响

李杏普¹, 兰素缺¹, 张京慧¹, 冯延茹¹, 刘书娥¹, 张业伦¹, Gale M D², Worland T J²

(1. 河北省农林科学院 粮油作物研究所, 河北 石家庄 050031)

2. Innes Centre, Norwich Research Park, Colney Norwich NR4 7UH, United Kingdom)

摘要: 利用携带不同矮秆基因的近等基因系, 通过两年、两地的试验研究证明, Rh8 半矮秆基因虽然其总小穗数显著低于其他系, 但其籽粒产量、小花结实率较 Rh10 和 Rh12 显著高。Rh10 的降秆作用最强, 千粒重显著高于 Rh8, 但其分蘖成穗率、结实率及小区籽粒产量显著低于其他, 表现对环境条件特敏感。Rh12 矮秆基因的降秆程度显著高于 Rh8, 但由于生物产量太低、成熟太晚, 造成籽粒产量显著降低, 在小麦育种中单独利用价值较低。

关键词: 冬小麦; 矮秆基因; 近等基因系; 产量构成因子

中图分类号: S512.03 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-7091(2009)增刊-0072-04

Effects of Rh8, Rh10 and Rh12 Semi dwarfing and Dwarfing Genes on Yield Components in Wheat

LIXingpu¹, LANSuque¹, ZHANG Jinghui¹, FENG Yanyu¹, LIU Shue¹,

ZHANG Yelun¹, Gale M D², Worland T J²

(1. Institute of Cereal and Oil Crops, Hebei Academy of Agriculture and Forestry Sciences,

Shijiazhuang 050031, China; 2. Innes Centre, Norwich Research Park, Colney

Norwich NR4 7UH, United Kingdom)

Abstract: The studies by using 5 near isogenic lines carrying different dwarfing and semi dwarfing genes through two years experiments in two different environments have proved that the line carrying Rh8 semi dwarf gene had significantly higher grain yield and kernel number per spike than Rh10 and Rh12 gene lines although its total spikelets was significantly lower than others. The line carrying with Rh10 dwarfing gene had the shortest plant height among all the Rht lines. Its 1000 grain weight was significantly higher than Rh8 line. But it had significantly negative effects on kernel number per spike, spike number per m² and grain yield and was special sensitive to environments. The line with Dwarf gene Rh12 had significantly negative effect on plant height comparing with Rh8 and had very lower above ground biomass with late maturity resulting in a significant reduction in grain yield. Therefore its breeding value is lower used solely.

Key words: Winter wheat (*Triticum aestivum*); Dwarfing gene; Near isogenic line (NILs); Yield components

日本的赤小麦 Akagomugi 及其衍生系 Maru Sa-
v¹等品种, 属天然变异系, 携带 Rh8 半矮秆基因, 在
生产上广泛应用。Rh8 半矮秆基因位于 2D 染色
上^[1,2], 为隐性。陕西西安的矮秆早小麦品种的天然
变异系矮变 1 号, 携带 Rh10 矮秆基因, 位于 4DS
染色体上^[3,4], 为不完全显性。Rh12 矮秆基因来源

于 Karcag522 辐射突变体, 位于 5A 染色体上^[5-7],
为显性, 对 GA3 不敏感。目前世界上诸多学者对
Rh1、Rh2 和 Rh3 矮秆或半矮秆基因研究较多, 在
小麦育种中的利用价值也比较明确^[8-12], 对 Rh12
等矮秆基因研究的较少。因此, 本试验利用以 MER
为背景分别携带 5 个不同矮秆基因的 5 个近等基因

收稿日期: 2009-10-21

基金项目: 河北省基金 (C200500637); 国家支撑子项目 (2006BAD13B02-08); 河北省支撑项目 (20071148001)

作者简介: 李杏普 (1957-) 女, 河北辛集人, 研究员, 主要从事小麦遗传资源研究。

系,来排除其他基因的干扰,在石家庄和沧州两地进行了2年的田间随机区组设计试验。试图探讨这些矮秆基因对小麦产量构成因子的影响,分析其在水麦育种中的利用价值,为育种和水麦遗传等研究提供理论依据。

1 材料和方法:

试验材料:以冬麦品种 MER(rh1)为背景,经英国剑桥大学 Worland T 等进行多年回交转育,并进行 GA3生化鉴定、遗传鉴定和幼苗鉴定证实的 1套 (5个)近等基因系。这些基因系分别含有 Rh1(B) (为 BejtaYa矮秆等位基因)、Rh1(S) (为 Sairma等位基因)、Rh8、Rh10、Rh12 5种不同的基因类型。

1997—1998年,分别在石家庄和沧州,种植上述 5个基因系。条播种植,每个种一小区,重复 3次,随机排列,每小区 4行,行长 1.20 m行距 15~20 cm每平方米 330株。在水麦生育期间浇水 4~5次并及时施肥除病虫。植株生长期或成熟后,每小区取有代表性的 10株,调查株高、单株成穗、单株粒数、单株粒重、每穗总小穗数、无效小穗数、有效小穗数、亩穗数或每平方米穗数、小区产量、穗粒数、

穗粒重和千粒重等农艺性状。进行不同基因、不同性状间的差异显著性测验和 SSR比较。

2 结果与分析

2.1 Rh基因对产量性状的作用

每平方米籽粒产量:两年两地试验结果证明,携带 Rh8半矮秆基因的产量显著高于其他 4个近等基因系,其他各基因系之间的差异均达到显著水平。其籽粒产量大小顺序为 Rh8>Rh1(S)>Rh1(B)>Rh12>Rh10。Rh10基因系的产量最低(表 1)。

亩穗数:在石家庄 2年结果证明,Rh1(S)、Rh1(B)和 Rh8基因系显著高于 Rh10和 Rh12。1997年 Rh1(S)基因系显著高于 Rh1(B),Rh12基因系显著高于 Rh10。1998年 Rh8显著高于 Rh1(B),Rh1(B)和 Rh1(S)之间或 Rh12和 Rh10之间差异不显著。在沧州 2年结果证明,Rh1(S)显著高于 Rh1(B)、Rh10和 Rh12。Rh10显著高于 Rh12和 Rh1(B)。1997年 Rh8和 Rh1(S)或 Rh1(B)和 Rh12之间差异不显著。1998年 Rh8和 Rh10之间差异不显著。两者显差大于 Rh1(B)和 Rh12(表 1)。

表 1 不同的近等基因系在两年、两地的产量性状表现
Tab 1 Performance of yield components of different near isogenic lines in two places over two years

基因 Genotypes	收获指数 /% Harvest index		亩穗数 /万 Spikes per 667m ²				籽粒小区产量 /(g/m ²) Grain yield per plot			
	沧州 Cangzhou		石家庄 Shijiazhuang		沧州 Cangzhou		石家庄 Shijiazhuang		沧州 Cangzhou	
	1997	1998	1997	1998	1997	1998	1997	1998	1997	1998
Rh1(B) > B)	14.6	29.1	34.15	32.8	12.84	13.07	425.3	381.1	105.5	151.0
Rh1(B) > S)	26.4	24.2	38.89	34.9	24.84	26.47	546.9	431.3	159.8	219.4
Rh8	36.7	27.5	36.67	36.7	24.17	19.47	654.5	480.3	317.5	372.9
Rh10	3.79	35.7	15.30	9.1	16.84	17.20	69.5	63.0	16.5	34.7
Rh12	10.4	16.4	20.22	10.3	10.70	10.80	131.5	92.6	48.5	44.2
	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**

注: *、**,分别为该性状的该套近等基因系之间达到显著水平 P<0.01或 P<0.05。下同。
Note: * and **, Significant at P=0.05 and P=0.01 respectively. The same followed.

收获指数:2年试验差异显著。1997年各基因系之间差异显著,其大小顺序为 Rh8>Rh1(S)>Rh1(B)>Rh12>Rh10。1998年 Rh10显著大于其他 4个基因系。Rh1(B)和 Rh8之间差异不显著,两者显著大于 Rh1(S)和 Rh12。Rh1(S)又显著大于 Rh12(表 1)。

穗粒数:2年两地试验结果证明,Rh1(B)、Rh1(S)和 Rh8三个近等基因系显著多于 Rh10。石家庄 2年 Rh12显著多于 Rh10,Rh1(B)显著大于 Rh8,Rh1(B)和 Rh1(S)之间无显著差异。1998年 Rh8显著大于其他,Rh1(B)和 Rh1(S)两者之间差异不显著。沧州 2年试验结果吻合,各基因系之间差异均达显著水平。其粒数多少顺序均为 Rh8基

因系>Rh1(B)>Rh1(S)>Rh12>Rh10(表 2)。

穗粒重:两年两地试验结果证明,Rh8和 Rh1(B)基因系显著高于其他 3个近等基因系。Rh1(S)显著高于 Rh10和 Rh12,Rh12显著高于 Rh10。其大小顺序均为 Rh8>Rh1(B)>Rh1(S)>Rh12>Rh10(表 2)。

千粒重:石家庄 2年 Rh8、Rh1(B)显著高于 Rh1(S)和 Rh12,后两者之间差异不显著。1997年 Rh10系大于 Rh1(S)和 Rh12系,后两者之间差异不显著,Rh8显著大于其他 4个基因系。1998年 Rh8和 Rh1(B)显著大于 Rh1(S)、Rh10和 Rh12,后三者之间差异不显著。沧州 2年试验结果吻合,其大小顺序均为 Rh10>Rh1(B)>Rh8>Rh1(S)

> Rh_{t2} (表 2)。

表 2 不同近等基因系在两年、两地的籽粒产量平均表现

Tab 2 Performance of grain yield of different near isogenic lines in two places over two years

	千粒重 / g 1 000-grain weight				穗粒重 / g Grain weight per spike				穗粒数 / 个 Kernels per spike			
	石家庄 Shijiazhuang		沧州 Cangzhou		石家庄 Shijiazhuang		沧州 Cangzhou		石家庄 Shijiazhuang		沧州 Cangzhou	
	1997	1998	1997	1998	1997	1998	1997	1998	1997	1998	1997	1998
Rht-B (B)	29.9	25.2	28.3	27.9	1.361	0.77	0.8	0.747	45.6	30.5	28.4	26.8
Rht-B (S)	23.8	17.5	22.9	22.7	1.025	0.505	0.58	0.536	43.1	28.9	25.4	23.9
Rh ₈	34.1	25.0	26.4	25.6	1.391	1.125	0.93	0.836	40.8	45.1	35.2	32.7
Rht ₀	28.8	15.3	34.9	33.9	0.396	0.118	0.12	0.106	13.6	7.9	3.5	3.2
Rht ₂	22.8	17.7	11.4	15.4	0.843	0.425	0.192	0.207	37.0	25.4	16.9	13.7
	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**	**

每穗总小穗数:除了石家庄 2 年 Rht (S)显著高于 Rh₈ 外,其他各基因系之间差异不显著,沧州 2 年试验各基因系之间差异不显著 (表 3)。

每穗有效小穗数:两年两地试验结果: Rh₈、Rht (B)和 Rht (S)3 个基因系结实小穗数基本上显著高于 Rh₀和 Rht₂。前三者之间差异不显著。

Rht₂ 显著高于 Rh₀。石家庄 1997 年 Rht₂ 和 Rht (B)、Rht (S)及 Rh₈ 之间差异不显著。

每穗无效小穗数:两年两地试验 Rht₀ 显著高于其他 4 个基因系。 Rht (B)、Rht (S)和 Rh₈ 之间差异不显著,且显著低于 Rht₂。

表 3 不同近等基因系在两年、两地的小穗数表现

Tab 3 Performance of spikelets of different near isogenic lines in two places over two years

性状	总小穗数 / 个 Total Spikelets Per Spike				无效小穗数 / 个 Invalidated Spikelets Per Spike				有效小穗数 / 个 Net Spikelets Per spike			
	石家庄 Shijiazhuang		沧州 Cangzhou		石家庄 Shijiazhuang		沧州 Cangzhou		石家庄 Shijiazhuang		沧州 Cangzhou	
	1997	1998	1997	1998	1997	1998	1997	1998	1997	1998	1997	1998
Rht-B (B)	21.8	23.3	21.4	21.3	1.67	4.07	5.75	6.15	20.1	19.2	15.6	15.1
Rht-B (S)	23.1	24.5	20.4	20.4	1.83	4.6	4.5	5.8	21.2	19.9	15.9	14.6
Rh ₈	21.1	21.7	19.7	19.8	1.83	2.97	3.3	4.5	19.2	18.7	16.4	15.3
Rht ₀	23.9	24.0	20.4	20.3	14.1	16.2	18.2	18.2	7.1	7.8	2.2	2.1
Rht ₂	23.7	23.3	19.4	19.5	3.27	10.57	9	11.5	20.2	12.8	10.4	8.1
	*	*			**	**	**	**	**	**	**	**

2.2 在不同生态类型区 Rh 基因的遗传差异

两地试验不同基因系各性状之间差异均达显著水平。在石家庄试验的总小穗数、有效小穗数、穗粒数、穗粒重、籽粒产量均显著高于沧州。而无效小穗数均显著低于沧州的数值。

在石家庄, Rh₀ 的千粒重和亩穗数显著低于沧州。而 Rh₈ 和 Rh₂ 的千粒重和亩穗数显著高于沧州。从总体结果来看,在石家庄各个矮秆基因均比在沧州表现出有利于产量性状的形成和发展。总的看不同基因在两地对性状影响的大小趋势基本一致。但不同基因影响的程度不同。就籽粒产量而言, Rh₈ 矮秆基因在沧州虽然产量也和其他基因系一样有所降低,但其籽粒产量降低得程度 (39%) 远远小于其他系 (Rht (B) 68%, Rht (S) 63%, Rh₀ 62%, Rh₂ 59%)。因此,说明 Rh₈ 在沧州的应用前景看好。

3 结论与讨论

Rh₈ 半矮秆基因对小麦的矮化作用虽然不及其他矮秆、半矮秆基因强,总小穗数亦少于携带其他基因的系。但由于其生育时期较早、较接近目前推广种的生育时期。因此,籽粒结实率较高,加之具有显著高的生物产量,穗粒数和千粒重同步提高,使得其收获指数提高,籽粒产量显著高于其他。

Rht₀ 和 Rh₂ 矮秆基因其降秆能力明显高于其他基因。但由于地上部生物产量明显降低。使籽粒形成时提供营养的“源”太少,加之由于成熟较晚受小麦生长后期干热风的影响,籽粒成熟不正常。分蘖成穗和结实率太低,穗粒数明显减少,致使籽粒产量显著低于其他。 Rh₀ 的千粒重虽然很高 (在沧州点),但由于千粒重增高的程度不能补偿由于结实率降低造成穗粒数减少的损失,使其籽粒产量受严重影响。

Rht (B) 和 Rht (S) 两个来源不同的半矮秆基因的降秆作用、亩穗数、结实率均介于 Rh8 和 Rh10 或 Rh12 之间。虽然穗长较大, 但其平均小花结实率低, 穗粒数低于 Rh8, 千粒重亦较低, 造成平均收获指数和籽粒产量显著低于 Rh8。来源于 Bejostaya 的 Rht 半矮秆基因 Rht (B) 与来源于 Sojama 的 Rht 半矮秆基因 Rht (S) 比较, 其降秆作用、总小穗数、无效小穗数、有效小穗数均较接近, 无本质上的差异。但 Rht (B) 的亩穗数和籽粒产量显著低于 Rht (S), 其千粒重显著高于 Rht (S)。可见 Rht (B) 与 Rht (S) 比较主要靠较高的分蘖成穗率和较高的千粒重来提高籽粒产量。

不同生态类型区 Rh 矮秆基因对农艺性状的影响程度有所不同。Rh10 矮秆基因系在沧州的千粒重显著高于石家庄, 且显著高于其他系。但其穗粒数较石家庄显著降低, 且显著低于其他系。而且年度之间差异显著。说明 Rh10 矮秆基因对环境特别敏感。不同基因系的籽粒性状表现在石家庄均优于沧州, 说明各 Rh 矮秆基因均或多或少受盐碱地的影响。造成植株性状一系列的改变, 一致影响籽粒产量。相比之下 Rh8 矮秆基因虽然籽粒产量也不不同程度的受影响, 但籽粒产量降低的程度远小于其他基因系。因此, Rh8 半矮秆基因在沧州的利用价值较大。

参考文献:

- [1] Worland A J, Korzun V, Röder M S et al. Genetic analysis of the dwarfing gene Rh8 in wheat. Part II. The distribution and adaptive significance of allelic variants at the Rh8 locus of wheat as revealed by microsatellite screening. J. TAG 1998(96): 1110—1120
- [2] Worland A J, Sayers E J, Korzun V. Allelic variation at the dwarfing gene Rh8 locus and its significance in international breeding programs. J. Euphytica 2001(119): 155—159
- [3] 傅大雄, 阮仁武, 戴秀梅, 等. 小麦显性矮秆基因 Rh10 “微突变”的发现[J]. 作物学报, 2001 27(4): 500—505
- [4] 刘秉华, 杨 丽, 丁表珍. 小麦显性矮秆基因 Rh10 与着丝点间遗传距离的测定[J]. 科学通报, 1993 38(12): 1128—1130
- [5] Korzun V, Röder M S, Worland A J et al. Intrachromosomal mapping of genes for dwarfing (Rh12) and verbalization response (Vmy) in wheat by using RFLP and microsatellite markers. J. Plant Breeding 1997(116): 227—232
- [6] Suca J. Chromosomal location of dwarfing gene Rh12 in wheat. J. Euphytica 1987 36(2): 521—523
- [7] Worland A J, Sayers E J, Bomer A. The genetics and breeding potential of Rh12 a dominant dwarfing gene in wheat. J. Plant Breeding 1994 113(3): 187—196
- [8] Law C N, Worland A J. An effect of temperature on the fertility of wheat containing the dwarfing the dwarfing genes Rh1, Rh2 and Rh3. J. Annual Rep Plant Breeding Institute 1984 (24): 69—71.
- [9] 李杏普, 庞春明, 武金铭, 等. 不同矮秆基因在小麦育种中的利弊分析[J]. 华北农学报, 1999 14(3): 10—14
- [10] Li Xing pu. Effects of different RhtBy b RhtDy b and RhtBy c dwarfing genes on agronomic characteristics in wheat. J. Cereal Research Communication 2006(34): 2—3
- [11] Snape JW, Parker B B. The effect of the Norinjo dwarfing gene Rh2 on yield biomass relationship in wheat [M] // Semidwarf Cereal Mutants and their Use in Crossing Breeding II. IAEA-TEC/C 307. Proc Res Coordination Mtg Joint FAO/ IAEA Division Davis California IAEA Vienna Austria 1984 71—77.
- [12] Vilhjáral R L, Rajaram S, Toro E. Yield and agronomic traits of Norin 10-derived spring wheat to Northwestern Mexico. J. Agronomy and Crop Science 1992(168): 289—297