

小麦新种质241主要特异性状的遗传性*

Heredity of Special Properties of Wheat Germplasm 241

谢晓玲 邓自发
Xie Xiaoling Deng Zifa

解俊峰
Xie Junfeng

(南通师范学院生命科学与
技术系 江苏南通 226007)
(Dept. of Life Sci. and Tech. of
Nantong Normal College,
Nantong, Jiangsu 226007)

(中国科学院西北高原生物
研究所 青海西宁 810001)
(Northwest Plateau Institute of
Bio., Chinese Academy of
Sci., Xining, Qinghai, 810001)

摘要 为了探求小麦新种质241巨穗、粒大、结实率高等优良性状的遗传机理,应用单体分析和双端体分析方法对241材料进行遗传学研究。结果表明,小麦新种质材料241的3A、5A、2B、1D和6D染色体上具有控制穗长的基因,其中2B染色体上的基因表现为强效,3A、5A、1D和6D染色体上的基因表现为弱效。控制穗长的基因定位在3AL、5AL、1DL和6DL染色体臂上,其中6DL染色体臂上可能具有控制241穗长的1个新基因。

关键词 小麦 穗长 单体分析 双端体分析 基因定位

中图法分类号 Q756

Abstract The genes which control the spike length of the new wheat germplasm 241 located on chromosome and chromosome arms are studied by using "Chinese spring" monosomic series and ditelosomic series as testing lines in order to probe into the heredity of its favor characters such as giant spikes, big grains and high bearing. It is indicated that the spike length of the germplasm 241 is controlled by five pairs of genes which are located on the chromosomes 3A, 5A, 2B, 1D and 6D respectively, with the gene on 2B being more strong than others. The genes controlling the spike length are located on chromosome arms 3AL, 5AL, 1DL and 6DL. Comparing to previous studies, it is speculated that the genes on 6DL of the germplasm 241 governing the spike length is a new gene. There is a linkage relationship between the genes controlling spike length and grain weight.

Key words wheat, spike length, monosomic analysis, ditelosomic analysis, gene location

2001-12-28 收稿。

* 国家自然科学基金资助项目(项目编号39470446);南通师范学院课题资助。

穗长是小麦育种的重要目标性状之一。关于它的染色体效应前人报道甚多^[1-4]，不同研究者所报道的控制穗长的染色体效应差异较大，先后已分别涉及到除7B、4D和6D以外所有的染色体。巨穗小麦新种质材料是以高原2D单体为基础，通过染色体工程和标志性状追踪选择引入外源基因，利用顶生小花变小穗的变异增加小穗数，应用F₂优株重复复合杂交法综合、固定和累加多种(属)、多品种的优良性状培育成的^[6]，其同时具备茎秆粗壮、叶片短宽直立、大穗、大粒、高结实率等诸多优良性状。巨穗是其最突出的特异性状，因此，通过对该材料穗长的遗传学研究，可以探求其遗传机理，找出控制该性状的基因在染色体上的位点，从而为巨穗小麦种质用做杂交育种的亲本提供理论基础，同时又可缩短育种周期，增加育种研究的预见性和可操作性。

1 材料和方法

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。

9月将241、中国春单体系及双端体系播于温室，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株单体为母本，用父本241杂交，同时也与中国春二体系杂作作为对照。以中国春双端体系为母本分别与241杂交。第2年春播241、中国春、(中国春×241)F₁、(中国春单体系×241)F₁、(中国春双端体系×241)F₁于大田，每个材料种2行，行长1.6 m，行距30 cm，每行10株。取分蘖期根尖0~4℃低温处理24 h，再用卡诺氏固定液固定24 h，在60℃1N盐酸中水解10~13 min，卡宝品红染色，压片镜检观察染色体数并摄影。每系检测出5~7株单体和至少1株二体。根据鉴定结果于大田挂牌标记。F₁自交得到F₂。成熟时每株收5~8穗考察穗长。当年8月再播241、中国春、(中国春×241)F₂、(中国春单体系×241)F₂于温室，按随机区组排列，3次重复，单行区，行长90 cm，行距25 cm，每行定位播8粒。全试验管理栽培一致。第3年春按成熟期分批收获，每株收5~8穗考查穗长。

资料统计分析以单株为单位。F₁、F₂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。

2 结果与分析

2.1 单体分析

F₁单体分析结果(表1)表明，3A、5A、1B、2B、1D和6D单体系显著($P < 0.05$)或极显著($P < 0.01$)大于二体对照系，其中5A和2B的染色体效应较强，其穗长分别比二体系高2.73 cm和6.55 cm，3A、1B、1D和6D单体系分别比二体系长2.5 cm、1.71 cm、1.71 cm和2.66 cm。说明控制241穗长的基因可能位于3A、5A、1B、2B、1D和6D染色体上，其中5A和2B染色体上可能存在强效基因，其余染色体上存在弱效基因。

F₂的分析结果(表1)是3A、5A、2B、1D和6D单体群体均比F₂二体群体的穗长显著或极显著偏大，其余16个单体群体与二体群体的穗长无显著差异。F₂结果与F₁分析结果相似，2B染色体效应相对较大，而3A、5A、1D和6D染色体效应较小。在F₁单体分析中1B单体系穗长显著大于二体系(差值为1.71cm)，但F₂的结果表明1B单体系仅比二体系高0.87cm，差异不显著。这一结果差异可能是F₁单体系样本容量相对较小造成的。

F_1 、 F_2 单体分析结果说明了241中控制穗长的基因主要位于3A、5A、2B、1D和6D染色体上,其中2B上的基因表现为强效,其余表现为弱效。这一结论与Bozzini和Giorgi(1971)^[1]及郑有良等(1992)^[4]的研究结果基本一致。

2.2 端体分析

双端体分析结果见表2。中国春双端体(3AS×241)、(6DS×241)的 F_1 穗长显著高于(中国春×241)二体系。结合单体分析,可以确定控制241穗长的基因分别位于3AL、5AL、1DL和6DL染色体臂上。由于双端体2B采用的材料是 t^{1111} -2B,故无法确定其染色体臂位点。

3 讨论

F_1 单体分析检测出控制241穗长具有明显 * $P < 0.05$ 。

效应的染色体中除1B外3A、5A、2B、1D和6D在 F_2 单体分析中都得到了进一步验证。由此可以认为,控制巨穗小麦新种质材料241穗长的基因分布在3A、5A、2B、1D和6D上,其中2B染色体上存在强效基因,3A、5A、1D和6D上存在弱效基因。

本项研究结合单体分析和双端体分析,可将控制241穗长的基因定位于3AL、5AL、1DL和6DL染色体臂上,因2B系为 t^{1111} -2B,故从本实验无法确定其基因位点,有待于用其它2B端体材料进行分析。

本项研究的结果与以前报道的控制小麦穗长的基因位点基本一致,但本研究发现的6DL染色体臂上存在控制穗长的基因前人未曾提及。这可能是实验材料的遗传背景不同所致,在不同的实验材料中控制同一性状的基因可能位于不同的染色体上;也可能是241在培育的过程中引入了大量的外源基因,导致6DL上可能存在控制241穗长的1个新基因。同时,穗长为多基因控制的数量性状,准确可靠的测定,需要有一定的群体数量,这有待于扩大种植株数,作进一步的研究。

表1 穗长的单体分析结果

品种	穗长		品种	穗长	
	F_1	F_2		F_1	F_2
1A	9.83±0.20	10.87	6B	9.43±0.21	11.12
2A	10.79±0.41	10.94	7B	12.07±0.33	11.57
3A	13.38*±0.49	13.11*	1D	12.59*±0.23	12.67*
4A	12.00±0.22	12.07	2D	10.86±0.44	11.10
5A	13.61**±0.67	13.07*	3D	10.28±0.37	10.87
6A	10.03±0.34	11.36	4D	10.43±0.55	11.37
7A	12.04±0.19	12.10	5D	9.62±0.15	10.814
1B	12.59±0.40	11.86	6D	13.54**±0.28	12.98*
2B	17.43**±0.53	16.26**	7D	11.08±0.21	10.69
3B	9.85±0.37	11.05	CS 双体	7.84±0.31	
4B	10.62±0.40	11.03	241 双体	17.35±0.43	
5B	10.06±0.35	10.91	CS×241 双	10.88±0.21	10.99

* $P < 0.05$; ** $P < 0.01$ 。

表2 穗长的端体分析结果

品种	F_1 穗长	品种	F_1 穗长
1AL	11.32±0.55	6BL	10.75±0.53
2AS	11.86±0.27	7BL	11.08±0.34
3AS	13.23*±0.49	1DL	11.75±0.27
4AL	11.46±0.33	2DS	11.83±0.69
5AL	11.57±0.61	3DL	10.89±0.36
6AL	10.63±0.23	4DS	11.71±0.22
7AS	11.17±0.28	5DL	10.94±0.18
1BL	10.13±0.15	6DS	12.66*±0.25
t^{1111} -2B	11.23±0.52	7DS	11.78±0.53
3BL	11.15±0.42	CS 双体	7.84±0.31
4BL	10.62±0.40	241 双体	17.35±0.43
5BL	10.59±0.22	CS×241 双	10.88±0.21

* $P < 0.05$ 。

(下转第83页)

2.5 不同温度对茶薪菇产量的影响

表5结果表明,温度为18~24℃时,茶薪菇出菇早,商品朵数多,单袋产量高,而高于25℃或低于12℃时,出菇迟,单袋商品朵数少,产量低。说明茶薪菇在出菇阶段适宜生长的温度为18~24℃,范围比较窄。

表5 不同培养温度对产量的影响

温度(℃)	菇蕾形成天数(d)	产量*(g)	商品朵数(朵)	菌柄长度(cm)
15	23	74.1	23	9.3
18	14	138.3	35	10.6
20	12	141.5	37	11.5
24	10	145.5	38	12.6
26	18	76.5	24	9.1

*为60袋鲜菇产量的平均数。

3 结语

本次试验结果表明,培养料的养分组成与茶薪菇菌丝生长及产量都有密切关系,以棉籽壳、阔叶树木屑为原料的培养料比较适合茶薪菇生长,产量也比较高。

茶薪菇菌丝在5~35℃范围内均能生长,比较适宜的温度为18~28℃,因此,在发菌阶段控制适宜菌丝生长温度是非常必要的。茶薪菇子实体生长的适宜温度为18~24℃,在此温度范围内,只要菌丝体达到生理成熟,就会有大量原基形成,并分化成子实体。

总之,茶薪菇栽培技术工艺简单,生产周期短,适应性强,产量较高,经济性状好,极有开发前景。

参考文献

- 1 张甫安,朱宏发,李明焱等.珍稀菌菇实用栽培技术.香港:香港教科文出版有限公司,2000.39~44.
- 2 王玉华,苏贵平.茶薪菇栽培技术.闽东农业科技,2000,(3):36~37.
- 3 廖英明.菇类中的许不了——樟芝.农业世界杂志,1998,(4):76~79.
- 4 杨庆尧.食用菌生物学基础.上海:上海科学技术出版社,1981.48~140.
- 5 黄年来.中国食用菌百科.北京:农业出版社,1993.50~113.
- 6 洪震,卯晓岚.食药菌实验技术及发酵生产.北京:中国农业科技出版社,1997.19~36.

(责任编辑:邓大玉)

(上接第79页)

结合以前的研究发现在3AL、2B和6DL上除存在控制穗长的基因外,还分布有控制241千粒重的基因^[6]。在巨穗小麦新种质材料中普遍存在巨穗、大粒的特点,故推测控制241穗长与粒重的基因可能有一定的连锁关系。

参考文献

- 1 Bozzini A, Giorgi B. Genetic analysis of tetraploid and hexaploid wheat by utilisation of monomixoploid hybrids. Theor Appl Genet, 1971, 41: 57~74.
- 2 Shnaider T, Dorokhove T. Monosomic analysis of some quantitative characters in bread wheat. Biologia, 1979, 28: 250~259.
- 3 Goud J V, Sridevi O. Cytogenetic investigations of some quantitative characters in hexaploid wheat using F₂ monosomic analysis. Proc 7th Int Wheat Genet Symp, Cambridge, 1988, 521~525.
- 4 郑有良.普通小麦穗长基因定位研究.四川农业大学学报,1992,10(4):570~573.
- 5 谢晓玲,解俊峰.小麦新种质241穗粒数的基因定位.高原生物学集刊,北京:科学出版社,1999,14:165~167.
- 6 谢晓玲,解俊峰.小麦新种质241千粒重的基因定位.生物学杂志,2001,3:54~56.

(责任编辑:邓大玉)