

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2009.00290

# 普通小麦与鹅观草属间杂种 $F_1$ 及 $BC_1$ 的分子细胞遗传学、育性和赤霉病抗性研究

杨艳萍, 陈佩度

南京农业大学作物遗传育种与种质创新国家重点实验室, 南京 210095

**摘要:** 通过胚拯救, 成功获得鹅观草 *Roegneria kamoji* ( $2n=6x=42$ , SSHHY) 和普通小麦中国春 *Triticum aestivum* ( $2n=6x=42$ , AABBDD) 的正反交属间杂种  $F_1$ , 并对这些杂种  $F_1$  及其  $BC_1$  的形态学、减数分裂配对行为、育性和赤霉病抗性进行研究。结果表明, (鹅观草 $\times$ 中国春) $F_1$  和(中国春 $\times$ 鹅观草) $F_1$  的形态介于双亲之间。杂种  $F_1$  花粉母细胞减数分裂中期 I 染色体构型分别为  $40.33I + 0.78II + 0.03III$  和  $40.40I + 0.79II$ 。杂种  $F_1$  高度雄性不育, 用中国春花粉与其回交可获得  $BC_1$  代种子。(鹅观草 $\times$ 中国春) $F_1$  $\times$ 中国春  $BC_1$  植株的染色体数目主要分布在 55~63 之间, 单价体较多, 植株高度不育; (中国春 $\times$ 鹅观草) $F_1$  $\times$ 中国春  $BC_1$  植株染色体数目也主要分布在 55~63 之间, 但其中部分植株拥有整套小麦染色体且能正常配对、分离, 可形成部分可育花粉粒, 能收到少量自交结实种子。在 (鹅观草 $\times$ 中国春) $F_1$  中有 1 株穗型趋向中国春, 其染色体数目为  $2n=63$ , 经染色体分子原位杂交 (GISH) 检测, 含有 42 条小麦染色体和 21 条鹅观草染色体。该杂种  $F_1$  在减数分裂中期 I 平均每个花粉母细胞有  $26.40I + 18.30II$ , 但植株高度雄性不育, 用中国春花粉回交能收到  $BC_1$  种子。(鹅观草 $\times$ 中国春) $F_1$  ( $2n=63$ ) $\times$ 中国春  $BC_1$  的染色体数目主要分布在 40~59 之间, 其中的外源染色体已经逐渐减少, 虽然该  $BC_1$  的穗型已接近中国春, 但仍然高度不育。赤霉病抗性鉴定结果显示, 所有杂种  $F_1$  及大部分  $BC_1$  对赤霉病均表现出较好的抗性。

**关键词:** 普通小麦; 鹅观草; 远缘杂交; 基因组原位杂交 (GISH); 赤霉病抗性

## Molecular cytogenetics, fertility, and scab resistance of the intergeneric hybrid $F_1$ and $BC_1$ between *Triticum aestivum* and *Roegneria kamoji*

YANG Yan-Ping, CHEN Pei-Du

National Key Laboratory of Crop Genetics and Germplasm Enhancement, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China

**Abstract:** The reciprocal intergeneric hybrids between common wheat and *Roegneria kamoji* were successfully obtained by means of embryo culture. Morphology, chromosome pairing behavior at meiosis, fertility, and resistance to scab of the hybrid  $F_1$  and  $BC_1$  were studied. The results showed that the morphology of the reciprocal intergeneric hybrids  $F_1$  between *R. kamoji* and *T. aestivum* cv. Chinese Spring were intermediate type between the two parental species. The chromosome configuration at metaphase I (MI) of pollen mother cell (PMC) in reciprocal  $F_1$  was  $40.33I + 0.78II + 0.03III$  and  $40.40I + 0.79II$ , respectively. All of the  $F_1$  plants showed complete male sterility, and the seeds of  $BC_1$  were obtained by back-crossing with Chinese Spring pollen. The somatic chromosome numbers in  $BC_1$  plants of (*R. kamoji*  $\times$  Chinese Spring)  $F_1$   $\times$

收稿日期: 2008-07-29; 修回日期: 2008-11-13

基金项目: 江苏省科技攻关项目(编号: BG2005310)资助

作者简介: 杨艳萍(1982-), 女, 硕士研究生, 研究方向: 分子细胞遗传学。E-mail: yangyanping1983@163.com

通讯作者: 陈佩度(1944-), 男, 教授, 博士生导师, 研究方向: 作物遗传育种。E-mail: pdchen@njau.edu.cn

Chinese Spring ranged from 55 to 63. Many univalents were observed at MI of PMC, which resulted in the sterility of  $BC_1$  plants. Similarly, the chromosome numbers in  $BC_1$  plants of (Chinese Spring  $\times R. kamoji$ )  $F_1 \times$  Chinese Spring also ranged from 55 to 63; however, many bivalents at MI of PMC and fertile pollen were observed resulting in partial fruitfulness in some  $BC_1$  plants by self-crossing. A plant ( $2n=63$ ) with 42 wheat chromosomes and 21 *R. kamoji* chromosomes was obtained from *R. kamoji*  $\times$  Chinese Spring cross, which had a chromosome configuration at MI of 26.40I + 18.30II. Because many univalents existed, this plant showed complete male sterility, and  $BC_1$  plants were obtained by back-crossing with Chinese Spring as the pollen parent. The chromosome numbers of  $BC_1$  ranged from 40 to 59, which contained less alien chromosomes. Although the morphology of the spike in  $BC_1$  plants was similar to that of Chinese Spring, these  $BC_1$  plants were still sterile. All  $F_1$  and most of the  $BC_1$  plants showed high resistance to *Fusarium graminearum*, which indicated that the resistance to scab from *R. kamoji* can be transferred into wheat.

**Keywords:** *Triticum aestivum*; *Roegneria kamoji*; intergeneric hybridization; genomic *in situ* hybridization (GISH); scab resistance

小麦族内各属、种间的杂交, 已成为麦类植物育种者获得新种质, 以及从近缘植物中转移有益基因的重要手段。鹅观草(*Roegneria kamoji*)系小麦族鹅观草属*Roegneria*的六倍体多年生物种( $2n=6x=42$ ), 染色体组为SSHYY<sup>[1-3]</sup>, 广泛分布于中国、日本和朝鲜, 对潮湿气候具有很强的适应性。研究表明, 鹅观草对麦类的赤霉病高抗<sup>[4, 5]</sup>。南京农业大学细胞遗传所自20世纪80年代就开始将鹅观草有益基因导入小麦的研究, 获得了普通小麦与鹅观草正反交属间杂种, 并从回交、自交后代中选育出了多个添加系。但迄今为止, 只获得1个赤霉病抗性较好的添加系1Rk<sup>[5-9]</sup>。一般认为普通小麦的赤霉病抗性遗传受多对主效基因控制, 1Rk染色体上携带有抗赤霉病基因, 但添加系1Rk的抗性仍不如鹅观草, 推测鹅观草可能与普通小麦有着相同的赤霉病抗性机制, 尚有数条携带有赤霉病抗性的鹅观草染色体等待分离、鉴定和研究。但在以往的研究过程中, 这些材料在多次回交、自交后, 其中的一些鹅观草染色体因未能及时检测出来而已经丢失, 因此未能从中选育出一整套鹅观草添加系。随着许多鉴定外源染色质新方法和新技术的出现和发展, 外源染色体身份的鉴定和识别变得更为快捷。为选育出一套普通小麦-鹅观草异附加系并更好地利用鹅观草的赤霉病抗性等优良基因, 我们重新进行普通小麦与鹅观草的远缘杂交。

## 1 材料和方法

### 1.1 材料

鹅观草(*Roegneria kamoji*,  $2n=6x=42$ , SSYYHH),

采自南京农业大学江浦农场田边; 普通小麦中国春(*Triticum aestivum* cv. Chinese Spring,  $2n=6x=42$ , AABBDD), 由南京农业大学细胞遗传研究所保存。

### 1.2 方法

#### 1.2.1 远缘杂交和幼胚拯救

2006年分别以普通小麦中国春和鹅观草作母本与鹅观草和中国春做杂交。穗刚抽出旗叶时去雄套袋, 1~2 d后授粉。授粉12~18 d后(种皮褪绿杂种胚开始退化)取下杂交穗, 统计结实率。将杂交种子用70%酒精表面消毒1 min, 再用0.1%升汞处理7~8 min或用20%次氯酸钠处理15 min后, 用灭菌水洗净, 在超净台下的解剖镜下取出杂种胚, 盾片朝上, 接种在斜面试管培养基上。当试管苗长到3叶时, 进行壮苗培养, 并在壮苗培养基上越冬。幼胚培养的培养基组成: (1)直接成苗培养基: MS + 0.5-1 mg/L KT + 3%蔗糖 + 8 g/L 琼脂; (2)壮苗培养基: 1/2MS + 0.5 mg/L 矮壮素 + 0.5 mg/L IAA + 3%蔗糖 + 8 g/L 琼脂。

#### 1.2.2 基因组荧光原位杂交

参照Gill等<sup>[10]</sup>、Jiang等<sup>[11]</sup>和Zhang等<sup>[12]</sup>的方法。利用缺刻平移法对鹅观草基因组DNA进行荧光标记(Fluorescent-12-dUTP), 中国春基因组DNA作封阻, 杂交信号在Olympus荧光显微镜下观察, 鹅观草染色体呈绿色, 小麦染色体呈红色。用SPOT CCD(SPOT cooled color digital camera)照相机摄取图像。

#### 1.2.3 PCR反应

采用SDS法分别提取鹅观草、中国春和杂种 $F_1$ 植株的基因组DNA。PCR反应体系: 10  $\mu$ L中含约

10~20 ng模板DNA, 1×buffer, 1.5 mmol/L MgCl<sub>2</sub>, 200 mmol/L dNTP, 左右引物终浓度各为 0.2 μmol/L, 0.5 U *Taq* DNA聚合酶(以上试剂均购自Promega公司)。PCR反应程序: 参照Bryan等<sup>[13]</sup>的方法。94 变性 3 min; 然后 94 30 s, 55 40 s, 72 1 min, 共 33 个循环; 最后 72 延伸 10 min。4 保存。扩增产物在 8%的非变性连续聚丙烯酰胺胶(Acr:bis=39:1)上电泳分离, 电泳 2 h左右, 银染, 照相。

#### 1.2.4 赤霉病抗性鉴定

采用单花滴注法进行人工接种鉴定。用禾谷镰刀菌(*Fusarium graminearum*)3种强毒菌株F4、F15和F34的分生孢子混合液, 接种正在开花的中部小穗的基部小花, 每朵花滴 20 μL 菌液, 做好标记, 接种后 5 d 内每天喷雾保湿, 20 d 后调查病情, 统计病小穗率。

## 2 结果与分析

### 2.1 属间杂种 F<sub>1</sub> 的产生

2006 年分别做了中国春(CS)×鹅观草(RK)与鹅观草(RK)×中国春(CS)两个杂交组合, 通过幼胚培养分别获得了 25 株中国春×鹅观草杂种 F<sub>1</sub> 植株和 25 株鹅观草×中国春杂种 F<sub>1</sub> 植株, 并对这两个组合的杂交结果进行统计(表 1)。

从表 1 中可以看出, 以鹅观草作母本中国春作父本比以中国春作母本鹅观草作父本的结实率高。

但在杂种胚的培养过程中, 发现鹅观草×中国春所得胚大多数较小且发育不良, 在培养过程中经常不萌动、不分化或生长异常(只长根或芽), 绝大部分不能发育成正常的植株。相比之下, 中国春×鹅观草的胚发育较好, 容易进行培养, 成苗率也较高。

普通小麦与鹅观草正、反交属间杂种 F<sub>1</sub> 植株均较高、分蘖旺盛且形态非常相似。从总体上看, 杂种 F<sub>1</sub> 的形态介于中国春与鹅观草之间(图 1)。此外, 在鹅观草×中国春中还发现了一株穗型不同于其他杂种 F<sub>1</sub> 的植株。该植株小穗较大, 芒较短等形态特征倾向于父本中国春。

### 2.2 杂种 F<sub>1</sub> 分子细胞学鉴定

中国春×鹅观草与鹅观草×中国春的属间杂种 F<sub>1</sub> 根尖有丝分裂中期染色体计数表明正反交杂种 F<sub>1</sub> 具有预期的染色体数, 2n=21+21=42。

对中国春×鹅观草与鹅观草×中国春的属间杂种 F<sub>1</sub> 花粉母细胞减数分裂中期 I 染色体配对情况进行观察统计, 结果见表 2。由表 2 可以看出, 鹅观草与中国春正反交杂种 F<sub>1</sub>(2n=42)的染色体配对频率没有明显差异, 绝大部分染色体以单价体存在, 偶尔还出现鹅观草之间、小麦之间或鹅观草与小麦染色体之间配成棒状二价体。通过染色体荧光原位杂交(图 2: A, B), 统计了正反交杂种 F<sub>1</sub>(2n=42)中小麦染色体之间、鹅观草染色体之间以及小麦与鹅观草染色体之间配成的二价体的频率(表 3)

表 1 鹅观草与普通小麦中国春的杂交结果

组合	授粉小花数	结实数	结实率(%)	胚培养数	成苗数	成苗率(%)
RK×CS	2 238	171	7.6	105	25	26.1
CS×RK	437	3	0.7	3	2	66.7

表 2 杂种 F<sub>1</sub> 花粉母细胞减数分裂中期 I 染色体构型

材料名称	2n	观察细胞数			
(中国春×鹅观草)F <sub>1</sub>	42	75	40.40 (36~42)	0.79 (0~3)	
(鹅观草×中国春)F <sub>1</sub>	42	94	40.33 (35~42)	0.78 (0~3)	0.03 (0~1)
(鹅观草×中国春)F <sub>1</sub>	63	80	26.40 (15~37)	18.30 (13~24)	

表 3 杂种 F<sub>1</sub> 的花粉母细胞减数分裂中期 I 配对染色体的组成

材料名称	观察花粉母细胞数	二价体数	w-w 配对数及百分比(%)	R.kamoji-R.kamoji 配对数及百分比(%)	w-R.kamoji 配对数及百分比(%)
(中国春×鹅观草)F <sub>1</sub>	20	10	6 (60.0%)	1 (10.0%)	3 (30.0%)
(鹅观草×中国春)F <sub>1</sub>	40	31	19 (61.3%)	6 (19.4%)	6 (19.4%)



图1 鹅观草、中国春及其  $F_1$  的穗形(A)及小穗形态(B)

a: 鹅观草; b~c: (鹅观草 $\times$ 中国春) $F_1$ ; d: (中国春 $\times$ 鹅观草) $F_1$ ; e: 中国春; f: 鹅观草; g: (鹅观草 $\times$ 中国春) $F_1$ ; h: (中国春 $\times$ 鹅观草) $F_1$ ; i: 中国春。

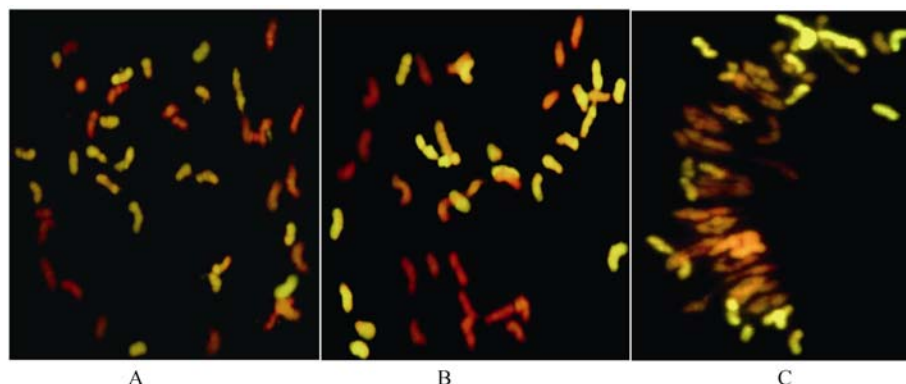


图2  $F_1$  花粉母细胞减数分裂中期 I 染色体的 FISH

A: (鹅观草 $\times$ 中国春) $F_1$  ( $2n=21^{RK}+21^W=42$ ); B: (中国春 $\times$ 鹅观草) $F_1$  ( $2n=21^W+21^{RK}=42$ ); 小麦和鹅观草染色体基本上以单价体方式存在。C: (鹅观草 $\times$ 中国春) $F_1$  ( $2n=42^W+21^{RK}=63$ )。小麦染色体绝大多数配呈二价体, 鹅观草染色体大多呈单价体。鹅观草基因组 DNA 用绿色荧光素标记, 鹅观草染色体呈绿色, 小麦染色体呈红色。

从统计的结果可以看出, 杂种  $F_1$  花粉母细胞减数分裂中期 I 的棒状二价体主要发生在小麦染色体之间, 而鹅观草染色体之间或鹅观草与小麦染色体之间发生配对的几率较小, 说明小麦与鹅观草之间的亲缘关系较远。

在(鹅观草 $\times$ 中国春) $F_1$  中, 有一株穗型偏向于中国春, 经花粉母细胞减数分裂中期 I 的荧光原位杂交检测, 发现它有 42 条小麦染色体和 21 条鹅观草染色体 ( $2n=42^W+21^{RK}=63$ ), 其花粉母细胞在减数分裂中期 I, 42 条小麦染色体基本上配成二价体(图 2C)。表明该杂种  $F_1$  植株中的小麦染色体发生了加倍。

选用小麦第一部分同源群的 EST-STS 引物 BE443531 在亲本与各个杂种  $F_1$  植株间进行 PCR 扩

增, 引物 BE443531 在鹅观草和中国春之间有特异扩增带, 杂种  $F_1$  拥有双亲的带型(图 3), 此结果从 DNA 分子水平上进一步证实了这些杂种  $F_1$  为中国春与鹅观草的真杂种。

### 2.3 $BC_1$ 的获得

杂种  $F_1$  因父、母本亲缘关系较远, 绝大多数染色体呈单价体, 所有杂种  $F_1$  自交完全不育, 用中国春花粉回交可获得  $BC_1$  代种子, 回交结果见表 4。

由表 4 可知, 两个组合( $2n=42$ )在回交一代的结实率没有明显差异, 只有 8% 左右。 $BC_1$  的种子不饱满, 其大小介于双亲之间, 在外观上则更趋近于鹅观草。而(鹅观草 $\times$ 中国春) $F_1$  ( $2n=63$ )与中国春的回交结实

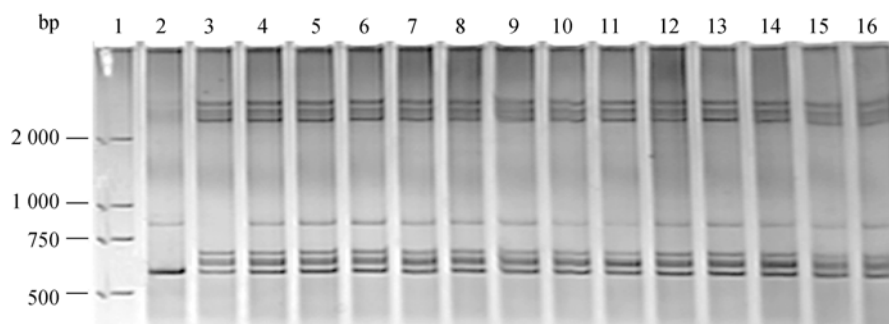


图 3 引物 BE443531 对鹅观草、中国春以及杂种  $F_1$  基因组 DNA 的 PCR 扩增产物电泳图

1: DL2000 Marker; 2: 鹅观草; 3: 中国春; 4, 5: (中国春×鹅观草) $F_1$  ( $2n=42$ ); 6~15: (鹅观草×中国春)  $F_1$  ( $2n=42$ ); 16: (鹅观草×中国春) $F_1$  ( $2n=63$ )。杂种  $F_1$  拥有双亲的扩增带。

表 4 杂种  $F_1$  用中国春回交结实情况

组合	授粉小花总数	结实粒数	回交结实率(%)
(中国春×鹅观草) $F_1$ ( $2n=42$ )	1 124	99	8.8
(鹅观草×中国春) $F_1$ ( $2n=42$ )	3 398	287	8.4
(鹅观草×中国春) $F_1$ ( $2n=63$ )	532	147	27.6

率为 27.6%，明显高于鹅观草×中国春或中国春×鹅观草典型的  $2n=42$  杂种  $F_1$  的回交结实率，但其  $BC_1$  的种子饱满度较差。

## 2.4 $BC_1$ 的细胞学鉴定

在中国春与鹅观草正反交组合的典型的  $2n=42$  杂种  $F_1$  与中国春回交所获得的  $BC_1$  后代中，植株形态出现明显分离，有的高大且分蘖旺盛、麦穗较长、小穗数和小花数较多；而有的匍匐生长，茎秆较细且植株矮小；另外，也有的植株穗短而密。 $BC_1$  植株根尖细胞中期染色体数目的统计结果表明大部分  $BC_1$  植株染色体数目分布在 50~63 之间(图 4A)。而在(鹅观草×中国春) $F_1$  ( $2n=63$ )与中国春的回交  $BC_1$  中，植株顶小穗不发育、穗轴短以及无芒等形态更趋近中国春，染色体数目主要分布在 40~59 之间(图 4B)。

对部分  $BC_1$  植株的花粉母细胞减数分裂中期 I 染色体配对构型进行统计表明，虽然(鹅观草×中国春) $F_1$  ( $2n=42$ )×中国春  $BC_1$  和(中国春×鹅观草) $F_1$  ( $2n=42$ )×中国春  $BC_1$  减数分裂中期 I 染色体二价体配对频率比上一代的配对频率有所提高，但仍然存在较多的单价体，且在减数分裂过程中能观察到染色体的异常行为， $BC_1$  植株仍然高度不育。(鹅观草×中国春) $F_1$  ( $2n=63$ )×中国春  $BC_1$  在减数分裂中期 I 可观察到较多二价体，但仍有不少鹅观草染色体和小

麦染色体呈单价体状态存在(图 5)。

## 2.5 $BC_1$ 育性

总的来说，在(鹅观草×中国春) $F_1$  ( $2n=42$ )×中国春  $BC_1$  和(鹅观草×中国春) $F_1$  ( $2n=63$ )×中国春  $BC_1$  中大多数植株自交不结实，需要用中国春作父本进行回交获得  $BC_2$  代种子；但在(中国春×鹅观草) $F_1$  ( $2n=42$ )×中国春  $BC_1$  的部分植株中，发现部分花药能开裂和正常散粉。对(中国春×鹅观草)  $F_1$  ( $2n=42$ )×中国春  $BC_1$  部分植株的花粉粒用  $I_2$ -KI 进行染色，并统计了花粉粒的育性和  $BC_1$  植株自交结实率(表 5)。

从表 5 可看出，该组合部分植株能产生可育的花粉粒，不同植株的花粉育性差异较大，有的植株花粉粒育性达到了 80%，而有的仅为 30%左右。由于(中国春×鹅观草) $F_1$ ×中国春  $BC_1$  植株可产生部分可育的雄配子，这些植株套袋自交能部分自交结实。同时，我们还发现虽然 1 号株中的花粉可育率比 2 号株的要高，但自交结实率却明显低于 2 号株。这可能与 1 号株的雌配子育性不如 2 号株的雌配子育性高有关，说明在  $BC_1$  中雌配子的育性仍然较低，且在不同植株之间存在差异。(鹅观草×中国春) $F_1$  ( $2n=63$ )×中国春  $BC_1$  植株减数分裂中期 I 虽然也有较多二价体，但其自交结实率很低，这也许与它们是鹅观草的细胞质有关。

## 2.6 赤霉病抗性鉴定

2007 年，对正反交的杂种  $F_1$  进行了赤霉病抗性

鉴定。由表 6 可知, 所有鉴定的杂种 F<sub>1</sub> 中只有接种

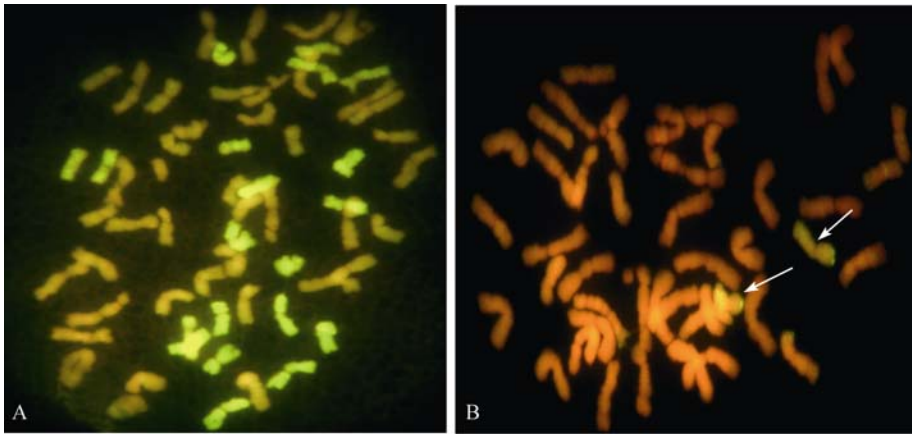


图 4 BC<sub>1</sub> 根尖细胞有丝分裂中期染色体的 FISH  
A: (鹅观草×中国春)F<sub>1</sub>×中国春 BC<sub>1</sub> (2n=42<sup>w</sup>+20<sup>Rk</sup>=62); B: (鹅观草×中国春)F<sub>1</sub>(2n=63)×中国春 BC<sub>1</sub>(2n=42<sup>w</sup>+2<sup>Rk</sup>=44)。鹅观草基因组 DNA 用绿色荧光素标记, 鹅观草染色体呈绿色, 小麦染色体呈红色, 箭头所指为鹅观草染色体。

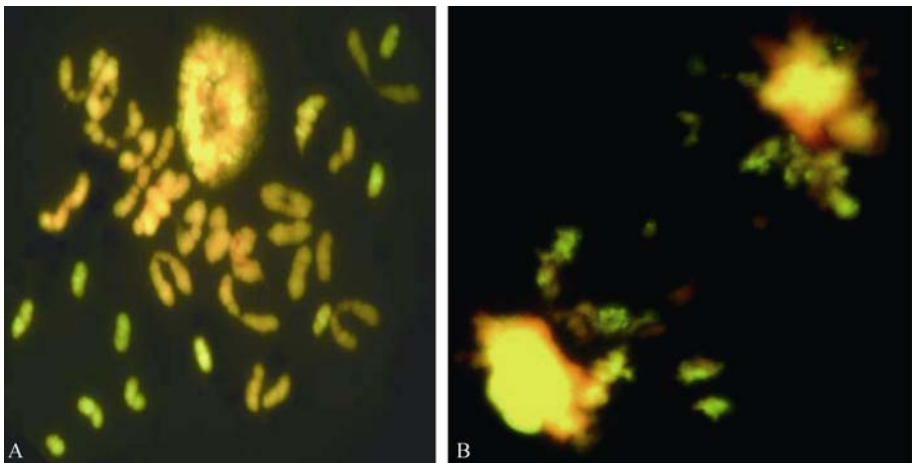


图 5 BC<sub>1</sub> 花粉母细胞细胞减数分裂中期 I 和后期 I 的 FISH  
A: (鹅观草×中国春)F<sub>1</sub>(2n=63)×中国春 BC<sub>1</sub> (2n=42<sup>w</sup>+10<sup>Rk</sup>=52)。用绿色荧光素标记鹅观草基因组 DNA, 鹅观草染色体呈绿色, 小麦染色体呈红色。B: 示后期 I 有落后染色体。

表 5 (中国春×鹅观草)F<sub>1</sub>(2n=42)×中国春 BC<sub>1</sub> 育性统计

植株编号	观察花粉粒总数	可育花粉粒数	花粉粒可育率(%)	自交结实率(%)
1	544	438	80.5	15.1
2	324	233	71.9	31.3
3	475	147	30.9	5.6

小花发病, 平均病小穗率为 1%左右, 低于感病对照 Alondra's, 与抗病对照苏麦 3 号的抗性相当, 对赤霉病表现出较好的抗性。2008 年, 继续对两个组合的 BC<sub>1</sub> 和(鹅观草×中国春)F<sub>1</sub>(2n=63)×中国春 BC<sub>1</sub> 部分植株进行赤霉病抗性鉴定(表 7), 在对照中国春充分感病的条件下, 大部分 BC<sub>1</sub> 植株基本上都只限于接种的小穗发病, 与抗病对照苏麦 3 号的抗性水平相当, 对赤

霉病表现出较高的抗性。说明鹅观草对赤霉病的抗性已经导入小麦中并且可以遗传。BC<sub>1</sub> 赤霉病抗性鉴定结果说明, 虽然经过一次回交, 但后代中外源染色体数目仍然较多, 携带有赤霉病抗性基因的染色体可能没有丢失, 因而 BC<sub>1</sub> 植株仍然表现出较好的抗性。

### 3 讨论

在研究过程中发现, 中国春×鹅观草与鹅观草×中国春的典型的杂种  $F_1$  ( $2n=42$ ) 的形态特征、在减数表 6 普通小麦中国春与鹅观草杂种  $F_1$  赤霉病抗性鉴定结果(2007 年)

材料	接种穗数	病小穗率(%)
苏麦 3 号	5	1.3
鹅观草	10	1.0
Alondra's	5	49.9
(中国春×鹅观草) $F_1$	5	1.0
(鹅观草×中国春) $F_1$ ( $2n=42$ )	10	1.1
(鹅观草×中国春) $F_1$ ( $2n=63$ )	5	1.2

分裂中期 I 的染色体配对频率、育性及赤霉病抗性等方面没有显著差异, 此结果与翁益群<sup>[5]</sup>的结果一致。然而在  $BC_1$  代表现出明显差异: (鹅观草×中国春)  $F_1$  ( $2n=42$ )×中国春  $BC_1$  植株高度不育; 而在(中国春×鹅观草)  $F_1$  ( $2n=42$ )×中国春  $BC_1$  中部分植株可产生部分可育的雌配子和少量可育花粉粒, 能自交结实。此外, 我们在(鹅观草×中国春)  $F_1$  ( $2n=63$ )×中国春  $BC_1$  的花粉母细胞减数分裂中发现, 有的  $BC_1$  植株即使只有少量外源染色体, 中期 I 有较多二价体, 植株仍然高度不育。从研究结果可以看出, 以鹅观草作母本的两种  $BC_1$  类型的植株均高度不育, 而以中国春作母本的  $BC_1$  代植株自交可部分结实, 这表明鹅观草细胞质对后代育性有不利影响。因此, 在进行小麦与鹅观草的远缘杂交过程中, 尽管以小麦作母本较难获得远缘杂种, 但还是应该尽量以普通小麦作母本, 以克服近缘物种细胞质的不利效应。

表 7  $BC_1$  赤霉病抗性鉴定结果(2008 年)

材料	接种穗数	病小穗率(%)
苏麦 3 号	10	5.8
鹅观草	10	4.0
中国春	10	70.6
(中国春×鹅观草) $F_1$ ×中国春	10	4.4
(鹅观草×中国春) $F_1$ ( $2n=42$ ) ×中国春	10	5.0
(鹅观草×中国春) $F_1$ ( $2n=63$ ) ×中国春	10	4.1

前人研究表明, 在小麦及其亲缘物种中, 赤霉病抗性由多基因控制。我们实验室在鹅观草与普通小麦杂种后代的赤霉病抗性鉴定中, 发现小麦与鹅观草杂种  $F_1$  和  $BC_1$ 、 $BC_2$ (低代)赤霉病抗性较高, 随着回交和自交代数增加而总体上呈下降趋势, 这可能与外源染

色体逐步丢失, 每个植株(系)中只保留各别染色体有关, 表明鹅观草中也存在类似于普通小麦中赤霉病抗性由多基因(位点)控制的抗性机制。因此, 很有必要选育整套小麦-鹅观草附加系, 对赤霉病抗性基因进行染色体定位和聚合。鹅观草是异源六倍体( $2n=6x=42$ , SSYYHH), 染色体数较多, 要获得一套完整的鹅观草附加系是一项艰巨的工作, 但从我们对  $BC_1$  的研究结果可知, 大部分外源染色体存在于这些后代材料中。随着新的外源染色质鉴定技术和方法如 GISH、特异分子标记的发展, 结合应用花药培养或玉米诱导单倍体等技术, 可望较快地在这些后代材料中选育出涉及鹅观草不同染色体的附加系。

### 参考文献(References):

- [1] Sakamoto S. Cytogenetic studies in the tribe *Triticeae*. I. A polyploid plant of *Agropyron tsukushiense* var. *transiens* Ohwi found in a state of nature. *Jpn J Genet*, 1964, 39: 393–400. [\[DOI\]](#)
- [2] 卢宝荣, 颜济, 杨俊良. 鹅观草属三个种的染色体组分析与同工酶分析. 云南植物研究, 1988, 10(3): 261–270.
- [3] 周永红, 伍碧华, 傅体华, 郑有良. 鹅观草和簇毛麦属间杂种的形态学和细胞学遗传学研究. 植物分类学报, 1999, 37(2): 125–130.
- [4] 周永红, 万永芳. 鹅观草、大麦及其属间杂种赤霉病抗性研究初报. 四川农业大学学报, 1994, 12(1): 34–36.
- [5] 翁益群, 刘大钧. 鹅观草与普通小麦属间杂种  $F_1$  的形态、赤霉病抗性和细胞遗传学研究. 中国农业科学, 1989, 22(5): 1–7.
- [6] 汪杏芬, 吴丽芳, 陈佩度, 刘大钧. 普通小麦-鹅观草异附加系的选育与鉴定初报. 植物学报, 1995, 37(11): 878–84.
- [7] Wang SL, Qi LL, Chen PD, Liu DJ, Friebe B, Gill BS. Molecular cytogenetic identification of wheat-*Elymus tsukushiense* introgression lines. *Euphytica*, 1999, 107: 217–224. [\[DOI\]](#)
- [8] 吴丽芳, 汪杏芬, 翁益群, 陈佩度, 刘大钧. 普通小麦与鹅观草杂种回交后代的赤霉病抗性及其细胞遗传学研究. 安徽农业科学, 1997, 25(1): 7–10.
- [9] 万平, 王苏玲, 陈佩度, 马正强, 刘大钧. 利用 RFLP 分子标记确定导入小麦的鹅观草(*R. kamoji*)染色体的部分同源群归属. 遗传学报, 2002, 29(2): 153–160.
- [10] Gill BS, Friebe B, Endo TR. Standard karyotype and nomenclature system for description of chromosome bands and structural aberrations in wheat (*Triticum aestivum*). *Genome*, 1991, 34(5): 830–839.
- [11] Jang JM, Gill BS. Sequential chromosome banding and *in situ* hybridization analysis. *Genome*, 1993, 36(4): 792–795. [\[DOI\]](#)
- [12] Zhang P, Li WL, Fellers J, Friebe B, Gill BS. BAC-FISH in wheat identifies chromosome landmarks consisting of

different types of transposable elements. *Chromosoma*, 2004, 112(6): 288–299. [\[DOI\]](#)

- [13] Bryan GJ, Collins AJ, Stephenson P, Orry A, Smith JB, Gale MD. Isolation and characterization of microsatellites from hexaploid bread wheat. *Theor Appl Genet*, 1997, 94: 557–563. [\[DOI\]](#)