

应用小麦-黑麦代换系间杂交培育小麦新品种探讨

丁海燕¹, 张利敏², 郑茂波³, 李集临⁴

(1. 大庆师范学院, 黑龙江 大庆 163712; 2. 佳木斯大学, 黑龙江 佳木斯 154002; 3. 哈尔滨学院, 黑龙江 哈尔滨 150086; 4. 哈尔滨师范大学, 黑龙江 哈尔滨 150025)

摘要:为了创制新类型的有经济价值的高产小麦新品种, 利用两个不同的小麦-黑麦代换系杂交, 在杂种后代中选择具有大穗、多小穗等优良性状植株, 按性状继代选择直至稳定为止, 选出 09-4、09-5、09-7、09-8、09-9、09-10、09-11 共 7 个品系, 并对这些品系进行了田间观察和细胞学分析, 结果表明: 这些品系田间表现遗传稳定、具有大穗、多小穗、多分蘖等优良性状; 是有经济价值和利用价值的遗传材料。

关键词:小麦; 黑麦; 代换系; 杂交

中图分类号: S512

文献标识码: A

文章编号: 1002-2767(2011)04-0004-02

代换系对小麦的遗传改良有重要作用^[1], 代换是一个种的一对染色体被近缘种、属的一对部分同源染色体所代替, 代换染色体间功能补偿。小麦-黑麦代换系遗传稳定, 育性正常, 在生产上可以直接利用^[2]。利用代换系间杂交创造易位系^[3], 也是代换系利用的一条途径。Sears 研究发现处于单价状态的染色体在减数分裂时, 染色体会发生错分裂、错融合, 从而导致了易位的产生^[4]。

黑麦是禾本科小麦族植物, 也是小麦的近缘属植物, 是改良小麦的种质资源^[5]。黑麦基因资源中, 除目前已经鉴定并利用的白粉病、锈病等抗性基因外^[6-7], 还有多花、抗旱、生长势强、耐贫瘠等丰富的对小麦遗传改良有用的基因^[8]; 研究人员已成功地将黑麦用于小麦的品种改良^[9]。1998 年 Robinovich 等人调查发现全世界大约有 330 多个小麦推广品种是小麦-黑麦易位系或代换系^[8], 如著名的小黑麦 Armadillo 是 2D/2R 代换系^[10]。因此, 为进一步发掘黑麦优良基因资源, 加强对黑麦的遗传及其应用研究, 利用两个不同的小麦-黑麦代换系 5R/5A 与 6R/6A 杂交和选择, 以创制出经济性状好和利用价值高的小麦-黑麦遗传材料。

1 材料与方法

1.1 材料

小麦-黑麦代换系 5R/5A (2n=42), 具毛茎、

大穗、长芒, 由哈尔滨师范大学遗传实验室提供并鉴定^[2], 小麦-黑麦代换系 6R/6A (2n=42), 抗白粉病、密穗、短芒, 由哈尔滨师范大学遗传实验室提供并鉴定^[2]。

黑麦 (*Secale cereale*), 普通小麦 (*Triticum aestivum* L.) 品种大穗麦, 由哈尔滨师范大学遗传实验室提供。

1.2 方法

2002 年 4 月在哈尔滨师范大学试验田, 以 5R/5A 代换系为母本, 6R/6A 代换系为父本, 按常规方法杂交, 开花前进行套袋、去雄、授粉。2003 年获得 F₂, 2004~2006 年田间继代选择, 选择表现大穗、多小穗、综合性状好的个体, 2007~2009 年对选出的品系田间稳定性观察。2009 年对选育出的 09-4、09-5、09-7、09-8、09-9、09-10、09-11 及对照黑麦和大穗麦的苗期和成熟期的主要农艺性状特点进行了鉴定。田间随机取 30 株, 对穗长、小穗数、穗粒数、穗粒重、有效穗数、叶色和株高等性状进行测定与分析。

对根尖细胞染色体数目和花粉母细胞减数分裂中期 I 染色体构型分析。根尖细胞染色体数目鉴定为哈尔滨师范大学实验室改良的方法^[11]。花粉母细胞减数分裂染色体构型分析: 在 7:00~8:00 时田间取材, 取花粉母细胞处于减数分裂中期的花药, 卡诺固定液固定, 室温下盐酸解离, 改良的卡宝品红染色, 压片, 镜检, 计数。

1.3 数据处理

测定结果采用 SAS 软件进行统计分析。

2 结果与分析

2.1 细胞学分析

表 1 结果表明, 7 个品系根尖细胞染色体数目

收稿日期: 2011-01-07

基金项目: 黑龙江省自然科学基金资助项目 (C200826)

第一作者简介: 丁海燕 (1973-), 女, 黑龙江省拜泉县人, 博士, 讲师, 从事遗传学教学和研究。E-mail: dinghaiyan2004@126.com。

稳定在 $2n=42$,花粉母细胞减数分裂中期I(PMC MI)均能形成 21 个二价体,染色体构型为 $2n=21$ II,表明这些品系的细胞遗传学已稳定。

表 1 7 个品系 PMC MI 染色体构型

品系	统计细胞数	染色体数	I (单价体)	II _{rog}	II _{ring}	II _{total}
09-4	67	42	0	0.80	20.20	21.00
09-5	54	42	0	0.91	20.09	21.00
09-7	50	42	0.02	0.96	20.03	20.99
09-8	60	42	0.05	1.09	19.88	20.97
09-9	55	42	0.02	1.08	19.91	20.99
09-10	54	42	0	0.90	20.10	21.00
09-11	57	42	0.06	0.89	20.08	20.97

2.2 小麦-黑麦代换系间杂交的表现

2002 年以代换系 1R/1D、1R/1A、5R/5A、6R/6A 作为亲本组配了多个杂交组合,其中用代换系 5R/5A 与 6R/6A 杂交,由于母本 5R/5A 表现大穗、有芒,父本 6R/6A 表现多小穗、无芒, F_1 植株表现大穗无芒,小穗数变动在 21~24 个, F_2 分离

较复杂,出现大量大穗、多小穗、综合性状好的植株,是品种间或远缘杂交间很难看到的。 $F_2 \sim F_6$ 继代选择大穗、多小花、抗旱、抗病(主要抗白粉病、黄矮病、叶锈病)的植株, F_6 代选出 09-4、09-5、09-7、09-8、09-9、09-10、09-11 共 7 个稳定的品系。

2.3 农艺性状分析

从表 2 看出,在穗长性状上,7 个品系都超过了 13 cm,并且均极显著长于对照的普通小麦品种大穗麦;品系 09-4、09-9、09-10、09-11 的穗长显著或极显著长于高亲,其中 09-10 品系的穗长达到 15.8 cm。

在小穗数性状上,7 个品系均超过了 24 个,极显著多于对照的普通小麦品种大穗麦;7 个品系小穗数均极显著多于高亲。

在主穗粒数性状上,7 个品系的主穗粒数均极显著多于对照的普通小麦品种大穗麦和高亲。7 个品系的千粒重均与对照普通小麦大穗麦差异不显著。

表 2 2009 年成熟期农艺性状方差分析

品系	穗长/cm	小穗数/个	主穗粒数/粒	千粒重/g
黑麦	14.5cdBC	31.0aA	42.0gG	26abA
大穗麦	9.8gF	18.9iH	50.1fF	32abA
5R/5A	14.6cdBC	22.8hG	40.4hH	30abA
6R/6A	11.6fE	24.8fgEF	50.5fF	29abA
09-4	15.5abAB	27.9bB	60.7dD	31abA
09-5	14.2cdCD	26.2cdeCD	62.9bB	28abA
09-7	14.0dCD	25.7defCDEF	62.2bcBC	30abA
09-8	14.4cdBC	25.3efgDEF	60.9dCD	31abA
09-9	14.7bcdABC	26.0cdeCDE	54.3eE	23bA
09-10	15.8aA	26.8cBC	70.6aA	26abA
09-11	14.9bcABC	26.5cdCD	62.4bcB	36aA

3 结论与讨论

选育小麦-黑麦代换系,并利用这些代换系作为桥梁选育易位系,这是利用黑麦优良基因资源的途径之一^[12-13]。利用 2 个不同的小麦-黑麦代换系 5R/5A 与 6R/6A 杂交,选出的品系有的兼具双亲的一些优良性状,具有 5R/5A 亲本的穗较长的性状,又具有 6R/6A 亲本的生长势强、小穗数多、抗病性特征。因而选出的品系农艺性状较好,7 个品系的穗长、小穗数、穗粒数与对照的普通小麦和高亲比,都达到了显著或极显著水平的差异。尤其小穗数、穗粒数表现显著多于高亲或对照。这些品系在遗传研究和育种实践中都具有重要的利用价值。

目前在对这批新品系进行施肥水平、产量等因素试验,以便进一步鉴定,育成新品种投入生产应用。

参考文献:

[1] 王洪刚,李丹丹,刘树兵,等. 抗白粉病小麦异代换系的细

胞学和 RAPD 鉴定[J]. 西北植物学报,2003,23(2): 280-284.
[2] 李集临,王宁,郭东林,等. 小麦—黑麦染色体代换的研究[J]. 植物研究,2002,22(2):220-224.
[3] 李义文,唐顺学,赵铁汉,等. 利用两个小麦异源二倍体代换系杂交创造易位系[J]. 科学通报,1999,44(10): 1052-1055.
[4] Sears E R. Chromosome engineering in wheat[J]. Stadler-Cenet. Symp. 1972,4:23-38.
[5] 张文俊,瞿绍洪,王献平,等. 黑麦 6 号抗白粉病基因向小麦的渗入与鉴定[J]. 遗传学报,1999,26(5):563-570.
[6] 毛龙,胡含,朱立煌,等. 应用 RAPD 分析 1 个抗条锈病的小麦-黑麦易位系[J]. 科学通报,1994,39(22):2088-2090.
[7] 符书兰,唐宗祥,张怀琼,等. 含有抗白粉病基因的黑麦染色体小片段向小麦的转移[J]. 遗传,2006,28(11): 1396-1400.
[8] 尚海英,郑有良,魏育明,等. 黑麦属基因资源研究进展[J]. 麦类作物学报,2003,23(1):86-89.
[9] 张文俊,胡含. 小麦-黑麦易位系的创制和利用[J]. 遗传,1995,17(增刊):1-5.
[10] 吴金华,吉万全,李凤珍. 黑麦在小麦改良中的应用研究进展[J]. 麦类作物学报,2005,25(1):115-119.

基于 PCR 技术检测肠球菌 *esp* 基因的引物选择及其初步应用

韦玉梅¹, 何晓青¹, 程 钢², 李佳素²

(1. 北京林业大学 生物科学与技术学院, 北京 100083; 2. 中南民族大学 生命科学学院, 湖北武汉 430074)

摘要: 现今全球水域环境受到人类活动的影响, 粪便污染日趋严重, 因此确定水环境是否存在粪便污染对公众健康、环境治理等方面具有重要意义。以人类肠道致病病原体肠球菌中的 *esp* 基因作为检测水体中人类粪便污染的分子标记, 从 3 对具有代表性的引物中选择最佳引物, 建立 PCR 检测方法, 得到了较佳的 PCR 反应条件, 并初步应用于湖北武汉地区南湖水中的肠球菌检测。结果表明: 利用引物对 2 可扩增出 *esp* 基因片段, 其最佳退火温度为 52℃。同时在南湖水样中能够检测到阳性结果, 证明了引物对 2 扩增 *esp* 基因的可靠性。

关键词: MST; 水环境; 肠球菌; *esp* 基因 PCR

中图分类号: R515

文献标识码: A

文章编号: 1002-2767(2011)04-0006-04

收稿日期: 2011-01-29

基金项目: 国家水体污染控制与治理科技重大专项资助项目(2009ZX07527-005); 国家“863”资助项目(2008AA062501), 中国科学院生态环境研究中心环境水质学国家重点实验室开放基金资助项目(2009-001)

第一作者简介: 韦玉梅(1988-), 女, 广西壮族自治区南宁市人, 硕士, 从事水环境中病原微生物的检测资助项目研究。E-mail: weiyumei.beijing@gmail.com。

通讯作者: 何晓青(1977-), 女, 湖北随州人, 副教授, 从事水环境中病原微生物的定性和定量分析及健康风险研究。E-mail: lenahe@bjfu.edu.cn。

现今全球水域环境——湖泊、河流、海岸等周围人类活动日益频繁, 随之引发的粪便污染日益严重^[1-2]。20 世纪 90 年代初期, 欧美国家地区兴起一种新型的识别粪便污染源的技术——微生物源示踪 (Microbial Source Tracking, MST)。MST 是一种利用宿主生化特性、遗传多样性及其特异性代谢产物来确定粪便污染来源的新方法。它的出现弥补了传统检测技术的不足, 不仅可以正确识别粪便污染来源, 又可以评价单一污染源

- [11] 丁海燕, 郑茂波, 徐英博, 等. 一个大穗型小麦-黑麦异代换系的细胞学和 SSR 鉴定[J]. 麦类作物学报, 2008, 28(2): 202-205.
- [12] 苑泽宁, 徐香玲, 李集临. 小麦-黑麦代换系间杂交后代染色

体易位的研究[J]. 植物研究, 2004, 24(2): 224-226.

- [13] 张利国, 张楠楠, 李集临. 利用小麦-黑麦代换系间杂交创制易位系的研究[J]. 哈尔滨师范大学自然科学学报, 2006, 22(1): 86-88.

Study on Breeding High Yield Wheat by the Hybridization of Two Different Wheat-Rye Substitution Lines

DING Hai-yan¹, ZHANG Li-min², ZHENG Mao-bo³, LI Ji-lin⁴

(1. Daqing Normal University, Daqing, Heilongjiang 163712; 2. Jiamusi University, Jiamusi, Heilongjiang 154007; 3. Harbin University, Harbin, Heilongjiang 150086; 4. Harbin Normal University, Harbin, Heilongjiang 150025)

Abstract: In order to create high yield wheat with big ears which have very important value in wheat breeding and production, the lines with big ears and multispikelets in the crossing between wheat-rye substitution line 5A/5R and 6A/6R were selected. 7 lines were obtained: 09-4, 09-5, 09-7, 09-8, 09-9, 09-10, 09-11. By field observation and cytological analysis, these lines were useful for the genetic stability and fertility and dry and disease resistance and they had multispikelets with more number of grains per ear, higher grain weight, more ears per plant as well as other good characters. The results showed that these lines had very important value in production and wheat breeding.

Key words: wheat; rye; substitution line; hybridization