

野生二粒小麦与二倍体野燕麦远缘杂交后代的核型分析及进化关系

郑会敏, 冯海嫣, 周海鹏, 张素勤*, 张庆勤

(贵州大学 农学院, 贵州 贵阳 550025)

摘要:对野生二粒小麦与二倍体野燕麦远缘杂交后代进行染色体核型分析。结果表明:杂交后代 084 株系的核型公式为 $2n=6x=42=36m(4SAT)+6sm$, 核型为 1A, 为极对称核型, 属于原始类型;野生二粒小麦、二倍体野燕麦及 084 株系的进化指数分别为 1、4 和 1, 表明 084 株系的进化程度与野生二粒小麦一致, 低于二倍体野燕麦;084 株系的染色体相对长度较亲本大, 且其平均臂比、核型不对称系数及臂比大于 1.7 的染色体比例均在野生二粒小麦与二倍体野燕麦之间, 说明远缘杂交在一定程度上对加速小麦属的进化有重要意义;084 株系染色体臂比与母本的相近, 且存在 4 对染色体与父本的相对长度和臂比极为相近, 核型分析结果从一定程度上证明了野生二粒小麦与二倍体野燕麦杂交后代的真实性。

关键词:野生二粒小麦;二倍体野燕麦;远缘杂交;核型;进化

中图分类号: S512.1⁺9 文献标志码: A 文章编号: 1007-1032(2011)06-0598-05

Karyotype of the progeny of a wide cross between *Triticum dicoccoides* and diploid wild oat and their evolutionary relationship

ZHENG Hui-min, FENG Hai-yan, ZHOU Hai-peng, ZHANG Su-qin*, ZHANG Qing-qin

(College of Agronomy, Guizhou University, Guiyang 550025, China)

Abstract: The karyotype of the progeny of a wide cross between *Triticum dicoccoides* and diploid wild oat was analyzed. The result showed that the karyotype formula of the hybrid progeny line 084 was $2n=6x=42=36m(4SAT)+6sm$. The karyotype belonged to type 1A, which is an original and extremely symmetrical type. The evolution index of the *Triticum dicoccoides*, the diploid wild oat and the line 084 were 1, 4 and 1, respectively, indicating the degree of the evolution of the line 084 was consistent with the *Triticum dicoccoides*, and lower than the diploid wild oat. The chromosome length ratio of the line 084 was larger than the parents. And the average arm ratio, the asymmetry ratio, and the quantity ratio of the chromosomes with arm ratio >1.7 were all between corresponding ratios of *Triticum dicoccoides* and the diploid wild oat, suggesting that wide cross had certain significance in accelerating wheat evolution. The chromosome arm ratios between the progeny and the *Triticum dicoccoides* were very similar, and the lengths and arm ratios of four pairs of chromosomes of the line 084 were very similar to those in the diploid wild oat, indicating that the line 084 was true intergeneric hybrid.

Key words: *Triticum dicoccoides*; diploid wild oat; wide cross; karyotype; evolution

野生二粒小麦(*Triticum dicoccoides*, AABB, $2n=28$)具有籽粒大、籽粒蛋白质含量高^[1]、抗锈病和白粉病等优良性状^[2-3]。燕麦是小麦近缘属中最

抗全蚀病的物种, 含有抗全蚀病的物质燕麦素^[4]。利用远缘杂交技术, 使不同属间的遗传物质进行交流或结合, 将多个属经过长期进化积累的有益特性

收稿日期: 2011-09-26

基金项目: 国家自然科学基金项目(31160224); 贵州省农业攻关项目(黔科合 NY 字[2008]3017, 黔科合带帽字[2009]5002)

作者简介: 郑会敏(1987—), 女, 山东平邑人, 硕士研究生, 主要从事小麦遗传育种研究, zhenghuimin13@163.com; *通信作者, zsqin2002@163.com

结合起来,再经过染色体组天然加倍和自然选择,可培育生命力更强的优良新种质资源。张庆勤等^[5]已通过远缘杂交技术,成功获得了野生二粒小麦与野燕麦的杂交后代,并且该后代表现出遗传稳定、杂种优势强、综合性状优良等优异特性。对野生二粒小麦与野燕麦的杂交后代进行研究分析是充分、有效利用这一宝贵资源的前提,而染色体核型分析是研究新种质物种进化、分类以及染色体结构、形态及功能关系的重要手段。

目前,国内外关于野生二粒小麦和二倍体野燕麦远缘杂交后代的核型分析尚少见报道。笔者对野生二粒小麦与二倍体野燕麦远缘杂交后代的染色体进行核型分析,探索亲本及其杂交后代的核型特点和进化趋势,旨在为该杂交后代的深入研究及进一步开发利用提供细胞学依据。

1 材料与方法

1.1 材料

供试材料为野生二粒小麦和二倍体野燕麦远缘杂交获得的 F₄ 代株系 084,由贵州大学农学院张庆勤教授提供。

1.2 主要仪器与设备

培养皿;恒温恒湿箱(上海恒一科技);超纯水仪(MINIPORE);FCD-365HA 海尔电冰柜(青岛海尔特种电冰柜有限公司);OLYMPUS BX60 相差显微镜及数码成像系统(奥林巴斯)。

1.3 试验设计

选取籽粒饱满的 084 株系种子置于洁净的垫有已灭菌滤纸的培养皿中,加少量水,于 25 °C 恒温

箱中培养。待种子胚部微微露白时,置于 4 °C 冰箱中过夜,第 2 天再放入 25 °C 温箱中 5~6 h,连续 3 d 重复操作。待从胚部长出约 1 mm 的根时,放入 25 °C 温箱中发芽 24 h,然后剪取根尖,放入 0~4 °C 冰水中处理 27 h。将根尖置于卡诺氏固定液(无水乙醇与冰乙酸的体积比为 3:1)中,37 °C 下固定 7 d,取出根尖用滤纸吸干后,再用 1% 的醋酸洋红染色 2 h,进行常规压片。制好的切片在 OLMPUS BX40 显微镜下观察,选择分裂相好的切片用数码成像系统拍照。选择 50 个染色体分散较好的有丝分裂中期细胞进行染色体计数,核型分析时取其中 5 个细胞的平均值。

1.4 测定项目与方法

染色体分类按文献[6]中的命名法进行;核型分析按文献[7]中的标准进行;核型分类按文献[8]中的方法进行;核型模式图按文献[9]中的方法进行绘制;染色体重要性状编码数值赋值参照文献[10~12]中的方法进行;进化指数按文献[13]中的方法进行计算。

2 结果与分析

2.1 杂交后代 084 株系的核型分析

笔者观察了 50 个可以进行染色体计数的有丝分裂中期细胞。图 1 为 084 株系根尖细胞的染色体和核型模式。084 株系的染色体数目为 42 条。从核型模式图可以看出,在第 6 和第 10 号染色体短臂的末端有小且呈圆柱形的随体,不存在 B 染色体和非整倍体。

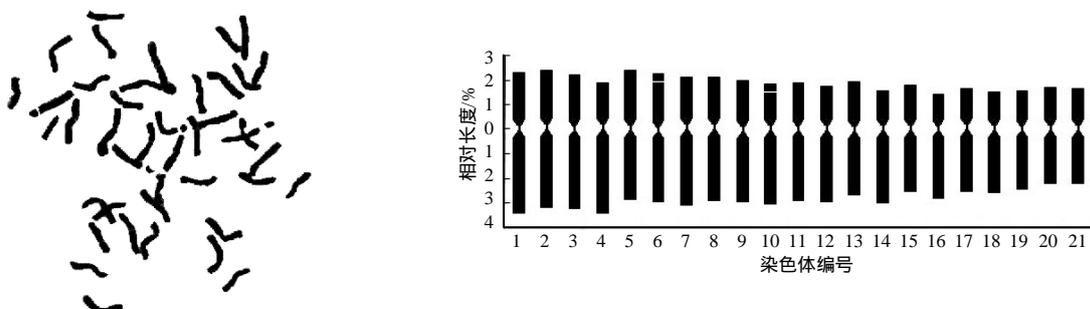


图 1 084 株系根尖细胞的染色体(左)及核型模式(右)
Fig. 1 Chromosomes(L) and idiogram(R) of root tip of the line 084

对 084 株系染色体进行测量和统计分析(表 1)可知, 084 株系的全套染色体相对长度为 3.86%~5.73%, 最长与最短染色体的相对长度之比为 1.48; 21 对染色体中, 中着丝粒染色体(m)有 18 对, 其他 3 对均为近中着丝粒染色体(sm); 084 株系的核型公式为 $2n=6x=42=36m(4SAT)+6sm$, 染色体组型为 1A 类型(表 2), 为极对称核型, 属于原始类型。

2.2 野生二粒小麦、二倍体野燕麦与 084 株系的进化关系

从表 2 可知, 野生二粒小麦、二倍体野燕麦及 084 株系的进化指数分别为 1、4 和 1, 表明 084 株系的进化程度与野生二粒小麦一致, 但低于二倍体野燕麦; 084 株系的染色体相对长度比值较亲本大, 且平均臂比、核型不对称系数及臂比大于 1.7 的染色体比例均在野生二粒小麦与二倍体野燕麦之间, 这从一定程度上表明远缘杂交在加速小麦属的进化方面有重要意义。

表 1 084 株系染色体核型分析参数

染色体 编号	相对长度/%			臂比	类型
	长臂	短臂	染色体		
1	3.39	2.34	5.73	1.45	m
2	3.17	2.42	5.59	1.31	m
3	3.21	2.21	5.42	1.45	m
4	3.41	1.89	5.30	1.80	sm
5	2.83	2.43	5.26	1.17	m
6	2.96	2.27	5.22	1.31	m*
7	3.07	2.13	5.20	1.44	m
8	2.90	2.14	5.04	1.36	m
9	2.97	2.00	4.96	1.49	m
10	3.02	1.85	4.87	1.64	m*
11	2.91	1.92	4.83	1.52	m
12	2.95	1.75	4.70	1.69	m
13	2.65	1.94	4.58	1.37	m
14	2.99	1.57	4.56	1.91	sm
15	2.55	1.82	4.37	1.40	m
16	2.79	1.46	4.25	1.91	sm
17	2.55	1.65	4.20	1.54	m
18	2.58	1.55	4.13	1.67	m
19	2.46	1.56	4.01	1.58	m
20	2.20	1.70	3.90	1.30	m
21	2.21	1.65	3.86	1.34	m

*示染色体随体, 染色体随体不计长度。

表 2 亲本及 084 株系的染色体组重要性状及其赋值

Table 2 Important characteristics and encrypted data of genomes of the materials used

材 料	核型公式	A	B	C	D	赋值				进化 指数	类型
						A	B	C	D		
野生二粒小麦	$2n=4x=28=18m(4SAT)+10sm$	1.39	1.37	57.38	0.00	1	0	0	0	1	1A
二倍体野燕麦	$2n=2x=14=10m(4SAT)+4sm$	1.18	1.74	61.82	0.29	1	1	1	1	4	2A
084 株系	$2n=6x=42=36m(4SAT)+6sm$	1.48	1.51	59.78	0.14	1	0	0	0	1	1A

A、B、C、D 分别示染色体相对长度比、平均臂比、不对称系数、臂比大于 1.7 的比例。

张庆勤等^[14]、刘利青^[15]已分别对野生二粒小麦与二倍体野燕麦进行了核型分析。笔者将亲本与 084 株系的核型参数进行了比较(由于父本染色体数目少, 仅为 084 株系的 1/3, 为了便于比较, 把父本染色体的相对长度统一缩小为原数据的 1/3。由于母本染色体数少于后代, 且前人的测量方式与本研究不同, 所以, 笔者直接比较染色体的臂比。父本第 1 号染色体与 084 株系的第 1、2、3 号相对应, 父本第 2 号染色体与 084 株系的第 4、5、6 号相对应; 以此类推)。由表 3 可知, 084 株系的染色体臂比为 1.17~1.91, 母本的为 1.01~1.74, 二者的染色体臂比相近, 其中母本第 2 号染色体与 084 株

系第 6 号染色体的臂比不仅极为相近, 且都含有随体。084 株系中的第 4、14 和 16 号染色体的臂比分别为 1.80、1.91 和 1.91, 大于母本的最大染色体臂比, 而在父本的染色体臂比范围(1.00~2.97)内, 这些染色体可能是由于其父本遗传物质渗入而形成的。084 株系中存在 4 对染色体(第 3、5、9 和 13 号染色体)与父本(第 1、2、3 和 5 号染色体)的相对长度和臂比极为相近, 其中, 父本的第 5 号染色体有随体, 但 084 株系中与父本极为相近的第 13 号染色体没有随体, 分析其原因, 可能是在母本与父本远缘杂交的过程中, 由于两亲本染色体之间的遗传差异大, 造成了染色体片段的丢失。

表 3 084 株系与其亲本染色体的相对长度及臂比

Table 3 Similar chromosome comparisons between the line 084 and its parents

母本染色体 编号	染色体 相对长度/%	臂比	父本染色体 编号	染色体 相对长度/%	臂比	084 株系 染色体编号	染色体 相对长度/%	臂比
1*	15.85	1.07	1	5.21	1.66	1	5.73	1.45
2*	15.10	1.27	2	5.16	1.00	2	5.59	1.31
3	14.01	1.74	3	4.83	1.69	3	5.42	1.45
4	13.91	1.70	4	4.76	2.07	4	5.30	1.80
5	13.82	1.70	5*	4.51	1.31	5	5.26	1.17
6	13.80	1.50	6	4.43	2.97	6*	5.22	1.31
7	11.42	1.64	7*	4.40	1.51	7	5.20	1.44
8	15.85	1.08				8	5.04	1.36
9	15.65	1.20				9	4.96	1.49
10	15.22	1.40				10*	4.87	1.64
11	13.28	1.01				11	4.83	1.52
12	13.20	1.13				12	4.70	1.69
13	12.74	1.39				13	4.58	1.37
14	11.91	1.38				14	4.56	1.91
						15	4.37	1.40
						16	4.25	1.91
						17	4.20	1.54
						18	4.13	1.67
						19	4.01	1.58
						20	3.90	1.30
						21	3.86	1.34

“*”示染色体随体。染色体随体不计长度。

3 小 结

根据野生二粒小麦^[14]、二倍体野燕麦^[15]及其杂交后代的染色体形态、核型参数可以看出, 3 个材料的染色体都只有中着丝粒染色体和近中着丝粒染色体; 084 株系的第 3、5、9、13 号染色体与父本第 1、2、3、5 号染色体的相对长度和臂比极为相近; 084 株系有 3 对染色体的臂比大于其母本的最大染色体臂比, 且其臂比分布在父本的染色体臂比范围之内。这些染色体可能是由于其父本遗传物质渗入而形成的。084 株系的染色体臂比与其母本的相近, 且母本第 2 号染色体与 084 株系第 6 号染色体的臂比不仅极为相近, 而且都含有随体, 这证实了野生二粒小麦和二倍体野燕麦远缘杂交后代

的真实性, 也进一步说明了通过小麦近缘属间的远缘杂交不仅可以创造出新的小麦种质资源, 而且丰富了小麦的遗传背景。因而, 有效利用远缘杂交技术是加快小麦育种进程的有效手段。

按照 Stebbins^[8]提出的核型进化理论(即核型进化是由对称向不对称方向发展的)进行判断, 野生二粒小麦、二倍体野燕麦及 084 株系的核型类型分别为 1A、2A、1A, 表明 084 株系的核型不对称程度与其母本一致, 较父本的不对称程度低; 野生二粒小麦、二倍体野燕麦及 084 株系的进化指数分别为 1、4 和 1, 084 株系的进化程度与其母本一致, 低于父本。以上研究表明, 核型的不对称程度与进化程度的趋势比较一致。084 株系的染色体相对长度比值较亲本大, 且其平均臂比、核型不对称系数及

臂比大于 1.7 的染色体比例均在野生二粒小麦与二倍体野燕麦之间, 这从一定程度上表明远缘杂交在加速小麦属的进化方面有着重要的意义。

参考文献:

- [1] Avivi L . High protein content in wild tetraploid *Triticum dicoccoides* Körn[C]//Ramanujam S (ed) Proceedings 5th international wheat genet symposium .New Delhi :Indian Soc Genet and Plant Breed , 1978 , 372-380 .
- [2] Grama A ,Gerechter -Amitai Z K ,Blum A . Wild emmer as donor of genes for resistance to stripe rust and for high protein content[C]//Sakamoto S ,ed .Proc of the 6th Inter Wheat Genet Symp . Kyoto : Japan , Kyoto University, 1983 : 178-192 .
- [3] Nevo E , Beiles A . Patterns of resistance of Israel wild emmer wheat to pathogens I . Predictive method by ecology and allozyme genotypes for powdery mildew and leaf rust[J] . Genetica , 1985 , 67(3) : 209-222 .
- [4] 张庆勤 . 小麦远缘杂交中兼抗育种方法研究[J] . 西南农业学报 , 1999 , 12(1) : 32-38 .
- [5] 张庆勤 , 陈庆富 , 肖建富 . 野生二粒小麦与野生燕麦远缘杂交研究[J] . 种子 , 1991(2) : 2-4 .
- [6] Levan A . Nomenclature for centromere position in chromosome[J] . Hereditas , 1964 , 52(2) : 201-220 .
- [7] 李懋学 , 陈瑞阳 . 关于植物核型分析的标准化问题[J]. 武汉植物学研究 , 1985 , 3(4) : 297-302 .
- [8] Stebbins G L . Chromosome evolution in high plants[M]. London : Edward Arnold LTD , 1971 .
- [9] 乔永刚 , 宋芸 . 利用Excel制作核型模式图[J] . 农业网络信息 , 2006(10) : 97-98 .
- [10] Wiley J . Phylogenetics : The theory and practice of phylogenetic systematics[M] . New York : WILEY , 1981 .
- [11] 徐克学 . 数量分类学[M] . 2版 . 北京 : 科学出版社 , 1994 .
- [12] Arano H . Cytological studies in subfamily *Carduoideae* (Compositae) of Japan IX : The karyotype analysis and phylogenetic considerations on *Pertya* and *Ainsliaea*[J]. Botanical Magazine , 1963 , 76 : 32-39 .
- [13] 林小虎 , 李兴锋 , 王黎明 , 等 . 禾本科小麦族三个物种的核型及进化关系分析[J] . 中国草地 , 2005 , 27(2) : 22-26 .
- [14] 张庆勤 , 肖建富 , 于懋群 . 野生二粒小麦与野燕麦杂种核型研究[J] . 种子 , 1993(3) : 1-5 .
- [15] 刘利青 . 小麦与野燕麦远缘杂交后代外源遗传物质的检测[D] . 贵阳 : 贵州大学农学院 , 2011 .

责任编辑: 杨盛强