

网络出版时间:2013-08-26 17:30

网络出版地址: <http://www.cnki.net/kcms/detail/61.1390.S.20130826.1730.006.html>

# K 型温敏雄性不育小麦的遗传模式分析

钱焕焕, 张玲丽, 杜万里, 庞玉辉, 王亮明, 胡 甘, 宋喜悦

(西北农林科技大学 农学院, 陕西 杨凌 712100)

【摘 要】 【目的】明确 K 型温敏雄性不育小麦的配子传递方式及遗传模式。【方法】以 K 型 1B/1R 小麦雄性不育系 K3314A, K 型非 1B/1R 雄性不育系 A731 和 A116, 保持系 116B、731B 及恢复系 KR783、桑榆 3 号和 WM5-5 为材料, 构建了 4 个群体 K3314A//KR783/731B、A731//KR783/731B、A116//A116/桑榆 3 号和 A116//116B/WM5-5, 分别调查其亲本及后代的自交结实率和单倍体发生的频率, 结合植物数量性状主基因+多基因混合遗传模型进行遗传分析。【结果】1BS 染色体片段替换了 1RS 染色体片段后, 非 1B/1R 类型不育系及其后代不产生单倍体; 不育系核内基因主要由雌配子传递, 属配子体不育类型; 育性受 2 对加性-显性-上位性主基因+加性-显性-上位性多基因共同控制, 且 2 对主基因控制育性的作用相当, 在 B<sub>2</sub> 群体中主基因的遗传率最高。【结论】杂合 1B/1R 核型要比纯合 1B/1R 核型产生的单倍体频率高; 在 K 型不育系育性相关基因定位的群体选择中, 只有组配不育系//保持系/恢复系的后代, 才会出现不育和可育的分离; 该类型小麦温敏雄性不育系中有 2 个主效基因的存在, 同时受多基因的修饰作用。

【关键词】 K 型温敏雄性不育; 配子体不育; 遗传模型

【中图分类号】 S512.103.3

【文献标志码】 A

【文章编号】 1671-9387(2013)09-0049-06

## Genetic analysis on thermo-sensitive cytoplasmic male sterile wheat lines with *Aegilops kotschy*

QIAN Huan-huan, ZHANG Ling-li, DU Wan-li, PANG Yu-hui,

WANG Liang-ming, HU Gan, SONG Xi-yue

(College of Agronomy, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi 712100, China)

**Abstract:** 【Objective】 This study aimed to clarify gamete transfer mode and inheriting model of K-type TCMS wheat. 【Method】 Four groups, K3314A//KR783/731B, A731//KR783/731B, A116//A116/Sangyu 3# and A116//116B/WM5-5 were built. The frequencies of haploid and the self-setting rates of parents and progenies were investigated. Genetic analysis was carried out with mixed inheritance model of quantitative trait gene+polygenes. 【Result】 The sterile line and its progenies could not produce haploids when 1RS chromosome segment was substituted by 1BS chromosome segment. It was a gametophytic type due to its nuclear gene mainly passing through female gamete and its fertility was determined by two pairs of genes, namely additive-dominance-epistasis major genes+additive-dominance-epistasis polygenes, and they had the equal effects on fertility controlling. B<sub>2</sub> group had the highest major gene heritability. 【Conclusion】 The heterozygous 1B/1R karyotype had a higher frequency of haploid than pure 1B/1R karyotype. Group selection for fertility-related genes of K-type TCMS should only consider the combination of sterile line//main-

【收稿日期】 2012-11-21

【基金项目】 国家自然科学基金项目(31271792); 陕西省自然科学基金项目(2011JM3007)

【作者简介】 钱焕焕(1988—), 女, 甘肃庆阳人, 在读硕士, 主要从事小麦雄性不育和分子生物学研究。

E-mail: huanhuan2006\_10@163.com

【通信作者】 宋喜悦(1968—), 男, 内蒙古赤峰人, 副教授, 主要从事小麦雄性不育和杂种优势利用研究。

E-mail: songxiyue@126.com

tenance line/restorer line. There were two major genes in this TCMS wheat line and they were modified by polygenes.

**Key words:** thermo-sensitive male sterility; gamete transmitting; inheriting model

自 20 世纪 50 年代,育种家们已先后发现 20 多种近亲植物细胞质的小麦雄性不育系,创造了一批质核互作雄性不育系。Tusnewaki 等<sup>[1]</sup>报道,将普通小麦野生变种斯卑尔脱(*Triticum spelte* L.)核基因型导入粘果山羊草(*Aegilops kotschy*)细胞质,可育成雄性不育系(以下简称 K 型不育系)。何蓓如等<sup>[2]</sup>根据 Tusnewaki 等的育种方案,在 1983 年育成了恢复性广、种子不皱缩的 K 型不育系,并且实现了三系配套,之后在生产实践中为解决 K 型不育系易产生单倍体、穗易发芽<sup>[3]</sup>等问题,该课题组利用“选育非 1B/1R 类型 K 型不育系染色体转移的方法”<sup>[4]</sup>技术选育出 K 型不育系 KTSP3314A,其在中国黄淮麦区具有较好的应用前景。在育种过程中发现,该雄性不育系具有温敏特性,反季节播种可以通过自交保持其雄性不育性,在小麦传统生产季节表现完全雄性不育,可用于杂交种生产,在杂种优势利用中有着重要地位。然而由于温度敏感特性是一种典型的对环境敏感的遗传现象,遗传行为除受内部基因控制外,还受外部温度等环境因子的调节,遗传机制非常复杂,且由于育性划分方式及研究者主观认识的不同,其育性的遗传模式一直未能得到相对一致的见解<sup>[5-8]</sup>。

本研究以 K 型 1B/1R 小麦雄性不育系 K3314A, K 型非 1B/1R 小麦雄性不育系 A731 和 A116, 保持系 116B、731B 及恢复系桑榆 3 号、KR783 和 WM5-5 为材料,配制 K3314A//KR783/731B、A731//KR783/731B、A116//A116/桑榆 3 号和 A116//116B/WM5-5 4 个组合,采用盖钧镒等<sup>[9]</sup>提供的主基因+多基因混合遗传模型进行遗传分析,研究该类型小麦温敏不育系的单倍体发生频率、配子传递方式和遗传模型,以期为温敏不育系的选育鉴定、进一步明确其遗传机制以及合理研究群体的构建提供重要的理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

本试验涉及 3 个 K 型细胞质小麦雄性不育系 K3314A、A116 和 A731。其中 K3314A 具有粘果山羊草(*Ae. kotschy*)细胞质及普通小麦品系 3314 核基因组的 1B/1R 雄性不育系; A116、A731 具有粘果

山羊草(*Ae. kotschy*)细胞质及斯卑尔脱(*T. spelta* L.)1BS 染色体核型的非 1B/1R 雄性不育系,具有温度敏感特性,现已用于两系杂交小麦生产。本试验中涉及的材料还有 A116 的同型保持系 116B, A731 的同型保持系 731B, 3 个恢复系桑榆 3 号、WM5-5 及 KR783。其中桑榆 3 号、WM5-5 为普通小麦细胞质, KR783 为粘果山羊草细胞质。以上材料均由西北农林科技大学 K 型两系杂交小麦课题组选育和提供。

### 1.2 方法

田间试验于 2009—2012 年在陕西杨凌西北农林科技大学试验农场进行。

1.2.1 遗传分析群体的构建 2009-06, 收获 A116 剪穗再生分蘖自交种子(生产方法参见何蓓如等<sup>[10]</sup>的方法), 当年秋播表现完全雄性不育; 2010-05, 分别配制组合 A116/WM5-5 和 116B/WM5-5 10 穗; 2011-05, 分别配制组合 B<sub>1</sub> (A116//116B/WM5-5) 和 B<sub>2</sub> (A116/WM5-5//WM5-5), 得到 B<sub>1</sub>、B<sub>2</sub> 种子, (A116/WM5-5)F<sub>1</sub> 自交得到 F<sub>2</sub> 种子; 2011-10, 秋播 P<sub>1</sub> (A116)、P<sub>2</sub> (WM5-5)、B<sub>1</sub>、B<sub>2</sub> 和 F<sub>2</sub> 种子各 300 粒。2011-05, 调查 F<sub>1</sub> 代的套袋自交结实率; 2012-03, 将 4 个群体的 P<sub>1</sub>、P<sub>2</sub>、B<sub>1</sub>、B<sub>2</sub> 和 F<sub>2</sub> 分单株编号, 于开花前分别套袋, 调查自交结实情况。自交结实率=有效小穗基部 2 朵小花的结实数/(有效小穗数×2)×100%。

1.2.2 配子传递频率分析群体的构建 2009-06, 收获 A731 剪穗再生分蘖自交种子(生产方法参见何蓓如等<sup>[10]</sup>的方法)和 K3314A 的回交种子, 当年秋播表现完全雄性不育; 同时配制杂交组合 KR783/731B 和 A116/桑榆 3 号。2011-05, 配制 A731//KR783/731B、K3314A//KR783/731B 和 A116//A116/桑榆 3 号杂交组合, 待成熟后调查群体各株育性, 并结合 A116//116B/WM5-5 组合的育性变化, 进行 K 型细胞质背景条件下的雌雄配子传递频率分析。

1.2.3 单倍体发生频率的调查 单倍体发生频率=单倍体株数/总株数×100%。

### 1.3 数据分析

采用盖钧镒等<sup>[9]</sup>的“六世代数量性状分离分析方法”(sin. exe)进行遗传模型分析, 选择最优遗传

模型,然后估计一阶遗传参数和二阶遗传参数;采用 Excel 和 SAS 统计分析软件进行数据处理。

2 结果与分析

2.1 2 种类型 K 型小麦雄性不育系后代的单倍体发生频率

由表 1 可以看出,1B/1R 类型 K 型小麦雄性不

育系杂交组合后代单倍体发生频率为 27.9%,而非 1B/1R 类型 K 型小麦雄性不育系杂交组合后代单倍体发生频率均为 0,说明随着繁殖世代的增加,1RS 诱导单倍体的频率增大,而斯卑尔脱小麦的 1BS 染色体片段代换了 1RS 染色体片段后,该类型不育系的后代不产生单倍体。

表 1 2 种类型 K 型小麦雄性不育系后代的单倍体发生频率

Table 1 Haploid frequencies of generations on K-type 1B/1R and K-type no-1B/1R male sterile lines

| 组合名称<br>Combinations                     | 不育系类型<br>Type of sterile line | 总株数<br>No. of plants | 单倍体株数<br>No. of haploid | 单倍体发生频率/%<br>Frequency of haploid |
|------------------------------------------|-------------------------------|----------------------|-------------------------|-----------------------------------|
| K3314A//KR783/731B                       | 1B/1R                         | 204                  | 57                      | 27.9                              |
| A731//KR783/731B                         | No-1B/1R                      | 198                  | 0                       | 0                                 |
| A116//A116/桑榆 3 号<br>A116//A116/Sangyu3# | No-1B/1R                      | 200                  | 0                       | 0                                 |
| A116//116B/WM5-5                         | No-1B/1R                      | 198                  | 0                       | 0                                 |

2.2 K 型雄性不育小麦核内隐性恢复基因的传递方式和频率

表 2 列出了 4 个组合的育性分离结果及 K 型雄性不育小麦核内隐性恢复基因的频率。已知 K3314A、A731、A116 均为 K 型小麦雄性不育系,116B、731B 为保持系,不育系和保持系核内均含有隐性恢复基因 *rfv1rfv1*,而 KR783 拥有 K 型细胞质,且核内含有显性恢复基因 *Rfv1Rfv1*,其配制的组合 KR783/731B 的细胞质为 K 型细胞质,核内为杂合基因型 *Rfv1rfv1*,以该组合 F<sub>1</sub> 作为花粉供体,其测交后代的不育株数即可间接反映隐性基因

*rfv1* 的传递频率及 K 型雄性不育小麦的不育类型。从表 2 可见,组合 A116//116B/WM5-5 中的不育株数为 45,不育株出现的频率为 22.73%,经  $\chi^2$  检验 ( $\chi^2=0.545\ 5<\chi^2_{0.05,1}$ ),符合由 2 对基因控制的分离比例。而 K3314A//KR783/731B、A731//KR783/731B 和 A116//A116/桑榆 3 号组合的不育株分别仅有 2 株、1 株和 2 株,不育株率分别为 0.98%,0.51%和 1.00%,说明在 K 型细胞质背景下携带隐性恢复基因的雄配子几乎不能传递,而在普通小麦细胞质背景下的 116B 中能正常传递,表明 K 型细胞质不育系属于配子体不育。

表 2 K 型雄性不育小麦核内隐性恢复基因的传递及其后代群体中不育株的频率

Table 2 Transmitting frequencies of K-type recessive restorer gene and percentages of male sterile plants

| 组合<br>Combinations                       | 不育系类型<br>Type of sterile lines | 总株数<br>No. of plants | 不育株数(≤5%)<br>No. of sterile plants | 不育株率/%<br>Frequency of sterile plants |
|------------------------------------------|--------------------------------|----------------------|------------------------------------|---------------------------------------|
| K3314A//KR783/731B                       | 1B/1R                          | 204                  | 2                                  | 0.98                                  |
| A731//KR783/731B                         | No-1B/1R                       | 198                  | 1                                  | 0.51                                  |
| A116//A116/桑榆 3 号<br>A116//A116/Sangyu3# | No-1B/1R                       | 200                  | 2                                  | 1.00                                  |
| A116//116B/WM5-5                         | No-1B/1R                       | 198                  | 45                                 | 22.73                                 |

2.3 非 1B/1R 类型 K 型小麦温敏不育基因的遗传

图 1 为小麦温敏不育系 A116//116B/WM5-5 回交群体的育性分布情况。由图 1 可见,自交结实率在 0~96.6%变动,育性分离表现出典型的双峰曲线,育性在一定范围内呈连续性分布,说明其育性由 2 对主效基因控制,同时还受一定微效基因的作用。

采用盖钧镒等<sup>[9]</sup>的主基因+多基因混合遗传模型对组合 A116/WM5-5 的 6 个家系世代群体的育性进行联合分析,获得各模型的极大似然值(MXL)、AIC 值和 BIC 值(表 3)。由表 3 可见,根据熵最大原理,E-1-0、E-1-1 模型的 AIC 值最小,分别为 4 985.822 3 和 5 020.917 0;初步选取这 2 个模

型为育性遗传的适合模型,根据 BIC 值信息准则,选择 E-1-0 为最适遗传模型。

根据由 sin. exe 得到的成分分布参数和各个群体的表型方差,计算出 E-1-0 模型的一阶遗传参数和二阶遗传参数,结果见表 4。由表 4 可以看出,控制温敏不育小麦育性的 2 对主基因中,其加性效应相等,均为 28.495 9;2 对主基因都呈正向部分显性,显性效应值分别为 10.731 4 和 10.730 8;该组合的 2 对基因间互作效应明显,加性×加性效应(*i*)为-32.003 0,显性×显性效应 *l* 为-51.494 1,第 1 对主基因的加性效应×第 2 对主基因的显性互作效应(*j<sub>ab</sub>*)为-12.537 4,而第 2 对主基因加性×第 1

对主基因的显性互作效应( $j_{ba}$ )为-12.538 2,二者相差不大,可见 2 对主基因控制育性作用相当。A116/WM5-5 育性的主基因遗传率以  $B_2$  最高,为 96.858 0%, $B_1$ 、 $F_2$  的主基因遗传率分别为 64.911 4%和 87.316 1%;多基因遗传率以  $B_1$  最高,达 28.337 5%, $B_2$  的多基因遗传率仅为

0.310 2%, $F_2$  的多基因遗传率为7.925 0%。综合上述遗传模型的分析可以看出:A116 的雄性育性受 2 对加性-显性-上位性主基因+加性-显性-上位性多基因共同控制,且 2 对主基因控制育性的作用相当,在  $B_2$  群体中主基因的遗传率最高。

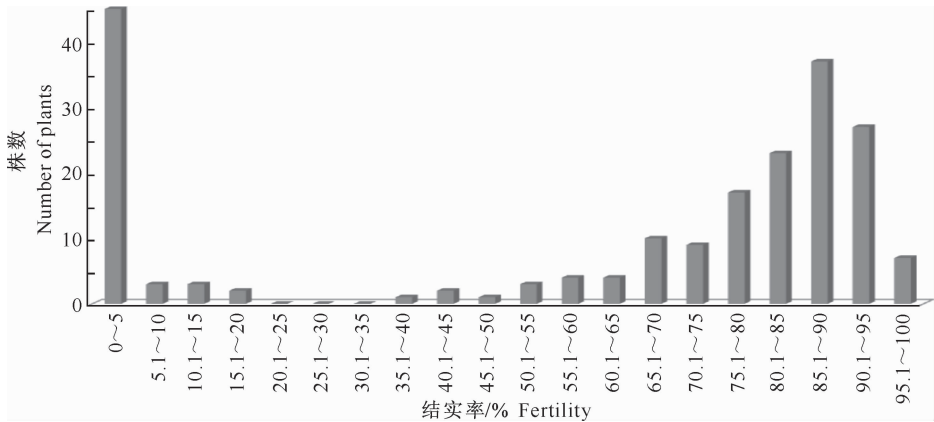


图 1 A116//116B/WM5-5 回交群体的育性分布

Fig. 1 Distribution of the fertility rate in the population of A116//116B/WM5-5

表 3 A116/WM5-5 组合育性分析遗传模型的极大似然值(MXL)、AIC 值和 BIC 值

| 模型<br>Models | MXL 值<br>MXL values | AIC 值<br>AIC values | BIC 值<br>BIC values |
|--------------|---------------------|---------------------|---------------------|
| A-1          | -2 569.631 8        | 5 147.263 7         | 2 572.994 6         |
| B-1-1        | -2 516.551 8        | 5 053.103 5         | 2 524.958 7         |
| B-1-4        | -2 761.010 7        | 5 528.021 5         | -2 763.532 7        |
| C-0          | -2 704.428 0        | 5 428.856 0         | -2 712.835 0        |
| D-0          | -2 549.302 0        | 5 122.604 0         | -2 559.390 4        |
| D-3          | -2 694.004 4        | 5 404.008 8         | -2 700.730 0        |
| E-1-0        | -2 474.911 1        | 4 985.822 3         | -2 490.043 5        |
| E-1-1        | -2 495.458 4        | 5 020.917 0         | -2 508.068 9        |
| E-1-2        | -2 547.824 0        | 5 117.647 9         | -2 557.071 6        |
| E-1-3        | -2 522.473 1        | 5 062.946 3         | -2 530.039 3        |
| E-1-4        | -2 737.043 5        | 5 490.086 9         | -2 743.769 0        |
| E-1-5        | -2 597.058 8        | 5 212.117 7         | -2 604.625 0        |

表 4 A116/WM5-5 组合育性遗传参数的估计

| Table 4    Estimated genetic parameters of genes controlling fertility in A116/WM5-5 combination |                        |                                           |                     |                |                |
|--------------------------------------------------------------------------------------------------|------------------------|-------------------------------------------|---------------------|----------------|----------------|
| 一阶遗传参数<br>First order genetic parameters                                                         | 估计值<br>Estimate values | 二阶遗传参数<br>Second order genetic parameters | 估计值 Estimate values |                |                |
|                                                                                                  |                        |                                           | B <sub>1</sub>      | B <sub>2</sub> | F <sub>2</sub> |
| <i>d<sub>a</sub></i>                                                                             | 28.495 9               | $\sigma_p^2$                              | 571.365 9           | 1 362.180 0    | 810.551 8      |
| <i>d<sub>b</sub></i>                                                                             | 28.495 9               | $\sigma_{mg}^2$                           | 370.881 6           | 1 319.380 9    | 707.742 2      |
| <i>h<sub>a</sub></i>                                                                             | 10.731 4               | $\sigma_{pg}^2$                           | 161.910 7           | 4.225 5        | 64.236 0       |
| <i>h<sub>b</sub></i>                                                                             | 10.730 8               | $\sigma^2$                                | 38.573 6            | 38.573 6       | 38.573 6       |
| <i>i</i>                                                                                         | −32.003 0              | <i>h</i> <sub>mg</sub> <sup>2</sup> / %   | 64.911 4            | 96.858 0       | 87.316 1       |
| <i>j<sub>ab</sub></i>                                                                            | −12.537 4              | <i>h</i> <sub>pg</sub> <sup>2</sup> / %   | 28.337 5            | 0.310 2        | 7.925 0        |
| <i>j<sub>ba</sub></i>                                                                            | −12.538 2              | <i>l</i>                                  | −51.494 1           |                |                |

注: $d_a$ 、 $d_b$ . 加性效应; $h_a$ 、 $h_b$ . 显性效应; $i$ . 加性×加性互作; $j_{ab}$ 、 $j_{ba}$ . 显性×加性互作; $\sigma_p^2$ . 表型方差; $\sigma_{mg}^2$ . 主基因方差; $\sigma_{pg}^2$ . 多基因方差; $\sigma^2$ . 环境方差; $h_{mg}^2$ . 主基因遗传率; $h_{pg}^2$ . 多基因遗传率; $l$ . 显性×显性互作。  
Note: $d_a$ 、 $d_b$ . Additive effect; $h_a$ 、 $h_b$ . Dominant effect; $i$ . Additive×additive interaction; $j_{ab}$ 、 $j_{ba}$ . Dominant×additive interaction; $\sigma_p^2$ . Phenotypic variance; $\sigma_{mg}^2$ . Variance of majorgene; $\sigma_{pg}^2$ . Variance of polygenes; $\sigma^2$ . Variance of the environment; $h_{mg}^2$ . Heritability of majorgene; $h_{pg}^2$ . Heritability of polygenes; $l$ . Dominant×dominant interaction.

### 3 结论与讨论

#### 3.1 1B/1R 和非 1B/1R K 型小麦雄性不育系的单倍体发生频率

宋喜悦等<sup>[11]</sup>报道,1B/1R 类型小麦 K 型雄性不育系产生极少的单倍体(0.33%),而本研究中组合 K3314A//KR783/731B 的后代中单倍体发生频率高达 27.9%,这可能是由于该材料在繁殖过程中,1RS 染色体的遗传效应增大,从而导致控制单倍体的基因过量表达所致;或者由于采用杂交组合调查的单倍体发生频率比纯合基因型高,推测杂合 1B/1R 核型较纯合 1B/1R 核型产生较高频率的单倍体,这与孙文鑫<sup>[12]</sup>的结论一致。其他 3 个组合的后代中未出现单倍体,已解决在实际生产过程中种子不纯的问题,因此非 1B/1R K 型小麦雄性不育系在生产中具有重要的应用价值,这与张正斌<sup>[13]</sup>的观点一致。

#### 3.2 K 型温敏小麦雄性不育的类型

Mukai 等<sup>[14]</sup>用 K 型不育系与“中国春”的 F<sub>2</sub> 研究了 K 型不育系的育性恢复机理,得到了可育与不育 3:1 的数量分离比例;赵凤梧等<sup>[8]</sup>报道,LT-1-3A 的不育性是隐性核不育遗传,细胞质不影响育性表达,属于孢子体遗传行为。刘保申等<sup>[15]</sup>对小麦雄性不育系 K149A 的育性恢复性进行了研究,认为 K 型小麦雄性不育系属配子体不育;詹克慧等<sup>[16]</sup>对小麦 K 型不育系育性恢复基因进行了遗传分析,认为在 K 型细胞质背景下,不携带恢复基因的雄配子的传递率很低,而雌配子传递正常,小麦 K 型不育系属于配子体不育,这与本试验的结论一致;根据本研究结果,在进行 K 型不育系育性相关基因定位的群体选择时,只有组配不育系//保持系/恢复系后代才会出现不育和可育的分离比,而在 F<sub>2</sub> 群体中,携带有不育基因的雄配子传递率很低,后代群体的不育株率低,不会出现可育株和不育株的分离,因此是不可行的。

#### 3.3 K 型温敏小麦雄性不育的遗传分析

前人对小麦育性的遗传研究,主要是人为划分育性标准,如 Guo 等<sup>[5]</sup>将 5% 作为划分不育和可育的标准;张萃等<sup>[17]</sup>以 0 作为育性划分标准,基因数目的判断也多利用  $\chi^2$  测验,根据育性分离比例进行;赵凤梧等<sup>[8]</sup>研究表明,冬小麦温敏型雄性不育系 LT-1-3A 的不育性受 1 对隐性基因控制;曹双河等<sup>[6]</sup>对农大 3338 (湖南 ES210) 进行了研究,认为其育性遗传由 2 对隐性基因控制;Guo 等<sup>[18]</sup>调查了

7 个普通小麦品种与 337S 杂交的 F<sub>1</sub>、F<sub>2</sub>、BC<sub>1</sub> 代的结实率,认为在短日/高温条件下,其育性受 2 对隐性不育基因控制;宋喜悦等<sup>[7]</sup>运用  $\chi^2$  测验的遗传研究表明,YS 型温敏不育系的雄性不育性除受细胞质基因控制外,还受 2 对隐性核基因的控制,且呈独立遗传,但尚未确定 2 对基因的效应及其互作方式。这些研究都受组间界限模糊及研究者的主观性影响,而盖钧镒等<sup>[9]</sup>提出的植物数量性状单个世代和多个世代混合遗传模型分析方法,通过统计分析的手段进行分离分析,育性划分相对更为客观。刘小芳等<sup>[19]</sup>利用混合遗传模型对 AL 型小麦不育系进行分析后发现,育性恢复基因由 2 对主效基因和多对微效基因控制;侯北伟等<sup>[20]</sup>采用混合遗传模型对雌性不育系 XND126 和普通小麦杂交的组合进行分析发现,小麦雌性育性受 2 对主效基因十多基因联合控制,2 对主效基因之间存在互作效应;张立平等<sup>[21]</sup>应用该混合遗传模型分析了光温敏核雄性不育系 BS210 与恢复系(BY149 和 0201)配制的杂交组合的育性遗传效应,表明育性由 2 对加性-显性-上位性主基因和加性-显性多基因共同控制;徐达文等<sup>[22]</sup>对光温敏雄性不育小麦套袋自交结实率的遗传模型进行判别和遗传参数估计后发现,小麦光温敏雄性不育系 BS366 的自交结实率受 2 对主基因控制且主基因遗传率比较高。本研究通过对 K 型温敏小麦雄性不育系的遗传模式进行分析发现,控制温敏不育小麦育性的 2 对主基因的加性效应相等,2 对基因间互作效应明显,育性的主基因遗传率以 B<sub>2</sub> 最高,多基因遗传率以 B<sub>1</sub> 最高。该类型小麦温敏雄性不育系中有 2 个主效基因的存在,同时受多基因的修饰作用,可以认为该类型温敏雄性不育系的育性主要是由主基因和多基因共同控制的。K 型温敏不育系育性模式的揭示是进一步研究该温敏不育小麦育性遗传机制的基础,为基因定位时群体的合理构建提供了依据。

#### [参考文献]

- [1] Tusnewaki K, Mukai Y, Endo T R. On the descent of the cytoplasm of poloid species in *Triticum* and *Aegilops* [C]//International Wheat Genetics Symposium. New Delhi: Proceedings of the 5th, 1978: 261-272.
- [2] 何蓓如, 宁毓华, 刘曙东, 等. 1B/1R 类型的 K 型小麦雄性不育体系初步研究 [J]. 西北农业大学学报, 1987, 15(3): 107-109.
- He B R, Ning Y H, Liu S D, et al. A preliminary study on the male sterile system of 1B/1R wheat varieties with *Ae. kotschy* cytoplasm [J]. Journal of Northwest Sci-Tech University of

- Agriculture and Forestry, 1987, 15(3): 107-109. (in Chinese)
- [3] 马翎健, 胡银岗, 宋喜悦, 等. 1B/1R 与非 1B/1R 小麦 K 型雄性不育系比较研究 [J]. 华北农学报, 2006, 21(4): 5-8.  
Ma L J, Hu Y G, Song X Y, et al. The comparative investigation of 1B/1R and non 1B/1R K type wheat male sterile lines [J]. Acta Agriculturae Boreali-Sinica, 2006, 21(4): 5-8. (in Chinese)
- [4] He B H, Li H B, Ma L J. Breeding of non-1B/1R K type male sterile wheat lines by means of chromosome transfer [C]//Hybrid wheat: A new crop going to the farmer. Beijing: China Agricultural University Press, 1998: 58-63.
- [5] Guo R X, Sun D F, Tan Z B, et al. Two recessive genes controlling thermophotoperiod-sensitive male sterility in wheat [J]. Theor Appl Genet, 2006, 112: 1271-1276.
- [6] 曹双河, 郭小丽, 刘冬成, 等. 小麦光温敏核雄性不育基因的初步定位 [J]. 遗传学报, 2004, 31(3): 293-298.  
Cao S H, Guo X L, Liu D C, et al. Preliminary gene-mapping of photoperiod-temperature sensitive genic male sterility in wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. Acta Genetica Sinica, 2004, 31(3): 293-298. (in Chinese)
- [7] 宋喜悦, 何蓓如, 马翎健, 等. 小麦温敏不育系 A3314 温敏不育性的遗传研究 [J]. 中国农业科学, 2005, 38(6): 1095-1099.  
Song X Y, He B R, Ma L J, et al. Genetic study of thermo-sensitive male sterility on thermo-sensitive male sterile wheat line A3314 [J]. Scientia Agricultura Sinica, 2005, 38(6): 1095-1099. (in Chinese)
- [8] 赵凤梧, 李慧敏, 李爱国. 冬小麦温敏型雄性不育系 LT-1-3A 选育及育性转换与遗传研究 [J]. 核农学报, 2001, 15(2): 65-69.  
Zhao F W, Li H M, Li A G. Development, fertility transition and fertility inheritance of a thermo-sensitive male sterile line of winter wheat-LT-1-3A [J]. Acta Agriculturae Nucleatae Sinica, 2001, 15(2): 65-69. (in Chinese)
- [9] 盖钧镒, 章元明, 王建康. 植物数量性状遗传体系 [M]. 北京: 北京科技出版社, 2003.  
Gai J Y, Zhang Y M, Wang J K. Genetic system of quantitative traits in plants [M]. Beijing: Beijing Science Press, 2003. (in Chinese)
- [10] 何蓓如, 董普辉, 宋喜悦, 等. 小麦温度敏感不育系 A3314 温敏特性研究 [J]. 麦类作物学报, 2003, 23(1): 1-6.  
He B R, Dong P H, Song X Y, et al. Study on the thermo-sensitivity of thermo-sensitive male-sterile wheat line A3314 [J]. Journal of Triticeae Crops, 2003, 23(1): 1-6. (in Chinese)
- [11] 宋喜悦, 方 鹏, 马翎健, 等. 非 1B/1R 类型和 1B/1R 类型小麦 K 型雄性不育系比较研究 [J]. 西北农林科技大学学报: 自然科学版, 2002, 30(1): 1-4.  
Song X Y, Fang P, Ma L J, et al. A comparison of wheat CMS lines of *Ae. kotschy* cytoplasm of no 1B/1R type and 1B/1R type [J]. Jour of Northwest Sci-Tech Univ of Agri and For: Nat Sci Ed, 2002, 30(1): 1-4. (in Chinese)
- [12] 孙文鑫. 小麦 K 型细胞质雄性不育育性恢复基因的标记定位和效应分析 [D]. 郑州: 河南农业大学, 2011: 14.
- Sun W X. Mapping with marks and male sterile line with *Ae. kotschy* cytoplasm in wheat [D]. Zhengzhou: Henan Agriculture University, 2011: 14. (in Chinese)
- [13] 张正斌. 小麦遗传学 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2001: 269-270.  
Zhang Z B. Wheat genetics [M]. Beijing: China Agriculture Press, 2001: 269-270. (in Chinese)
- [14] Mukai Y, Tsunewaki K. Basic studies on hybrid wheat breeding: Ⅷ. A new male sterility-fertility restoration system in common wheat utilizing the cytoplasm of *Aegliops kotschy* and *Ae. variabilis* [J]. Theor Appl Genet, 1979, 54: 153-160.
- [15] 刘保申, 孙兰珍, 高庆荣, 等. K 型杂交小麦恢复基因的遗传研究 [J]. 华北农学报, 1999, 14(2): 1-5.  
Liu B S, Sun L Z, Gao Q R, et al. Inheritance of restoring genes for the *Ae kotschy* cytoplasm sterility in wheat (*T. aestivum* L.) [J]. Acta Agriculturae Boreali-Sinica, 1999, 14(2): 1-5. (in Chinese)
- [16] 詹克慧, 程 静, 崔党群, 等. 小麦 K 型不育系育性恢复基因的遗传分析 [J]. 作物学报, 2006, 32(6): 873-877.  
Zhan K H, Cheng J, Cui D Q, et al. Genetic analysis of fertility restoring genes for male sterile line with *Ae. kotschy* cytoplasm in wheat [*Triticum aestivum* (L.) Thell.] [J]. Acta Agronomica Sinica, 2006, 32(6): 873-877. (in Chinese)
- [17] 张 萃, 王宏英, 沈银柱, 等. 用微卫星标记定位小麦 T 型 CMS 的恢复基因 [J]. 遗传学报, 2003, 30(5): 459-464.  
Zhang C, Wang H Y, Shen Y Z, et al. Location of the fertility restorer gene for T-type CMS wheat by microsatellite marker [J]. Acta Genetica Sinica, 2003, 30(5): 459-464. (in Chinese)
- [18] Guo R X, Sun D F, Cheng X D, et al. Inheritance of thermophotoperiod-sensitive male sterility in wheat [J]. Australian Journal of Agricultural Research, 2006, 57: 187-192.
- [19] 刘小芳, 田笑明, 韩新年, 等. AL 型小麦育性恢复主基因 + 多基因混合遗传分析 [J]. 新疆农业科学, 2010, 47(7): 1332-1335.  
Liu X F, Tian X M, Han X N, et al. Genetic analysis on mixed model of major gene plus polygenes inheritance for fertility restoring gene of AL-type hybrid wheat [J]. Xinjiang Agricultural Science, 2010, 47(7): 1332-1335. (in Chinese)
- [20] 侯北伟, 窦秉德, 章元明, 等. 小麦雌性育性的主基因 + 多基因混合遗传分析 [J]. 遗传, 2006, 28(12): 1567-1572.  
Hou B W, Dou B D, Zhang Y M, et al. The mixed major gene plus polygenes inheritance for female fertility in wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. Hereditas, 2006, 28(12): 1567-1572. (in Chinese)
- [21] 张立平, 赵昌平, 单福华, 等. 小麦光温敏雄性不育系 BS210 育性的主基因 + 多基因混合遗传分析 [J]. 作物学报, 2007, 33(9): 1553-1557.  
Zhang L P, Zhao C P, Shan F H, et al. The mixed genetic analysis of photoperiod-temperature sensitive male sterility of BS210 in wheat [J]. Acta Agronomica Sinica, 2007, 33(9): 1553-1557. (in Chinese)