

纤毛鹅观草与本田鹅观草的生物系统学研究*

孙根楼 刘芳 颜济 杨俊良

(四川农业大学小麦研究所, 都江堰市 611830)

Q949-714-2

本文通过对鹅观草属的两个种: 本田鹅观草 (*Roegneria hondai* Kitagawa) 和纤毛鹅观草 (*R. ciliaris* (Trin) Nevski) 及其种间杂种的形态变异、染色体配对行为和同工酶电泳酶谱的分析, 研究了这两个种间的亲缘关系, 杂种 F_1 减数分裂染色体配对数很高, F_1 自然条件下具有低的结实率。 *R. ciliaris* 根部和幼叶的酯酶、过氧化物酯同工酶谱与 *R. hondai* 的酶谱间存在差异。上述结果表明, *R. ciliaris* 和 *R. hondai* 亲缘关系很近, 享有两个共同的基本染色体组, 可拟定 *R. hondai* 的染色体组为 S^1Y^1 。 *R. ciliaris* 同 *R. hondai* 间的亲缘关系较 *R. ciliaris* 同 *R. pendulina* 和 *R. pendulina* 同 *R. hondai* 间更近。

关键词 鹅观草属; 纤毛鹅观草; 本田鹅观草; 染色体组分析; 同工酶分析 生物系统学;

纤毛鹅观草 (*Roegneria ciliaris* (Trin) Nevski) 和本田鹅观草 (*R. hondai* Kitagawa) 均为四倍体种 ($2n=28$)。纤毛鹅观草是小麦族野生植物在我国分布最为广泛的种之一, 苏联远东地区及日本、朝鲜也有分布。本田鹅观草分布于我国华北、西北、东北、四川省西北部、日本及苏联远东地区。根据 Dewey^[0] 的研究, 证明 *R. ciliaris* 含有 SY 两个基本染色体组。卢宝荣等^[1] 以它为 SY 染色体组的标准染色体组型, 测定出 *R. japonensis*^[1] 和 *R. pendulina*^[2] 的染色体组分别为 SY 和 $S^P Y^P$ 。孙根楼等^[3] 对 *R. hondai* 和 *R. pendulina* 的细胞遗传学研究资料表明, *R. hondai* 的染色体组与 *R. pendulina* 的 $S^P Y^P$ 染色体组基本相同仅稍有差异, 亦应属 SY 染色体组。至于 *R. hondai* 和具有标准 SY 染色体组的 *R. ciliaris* 这两个种间的亲缘关系如何, 未见报道。本文通过形态学比较, 染色体组分析和以分子水平的标记——同工酶分析来探讨这两种植物的生物系统学关系。

材料和方 法

供试材料产地见表 1, 并引种栽培于四川农业大学小麦研究所。

对本田鹅观草进行人工去雄, 取纤毛鹅观草花粉给其授粉, 进行种间杂交, 统计杂交结实率。收获杂种干燥保存。播期将杂种在培养皿内于 25℃ 的恒温下发芽, 统计杂种发芽率, 并移栽于盆内。杂种及亲本孕穗期取处于减数分裂盛期的幼穗固定, 醋酸洋红染色压片、观察统计杂种 F_1 及亲本花粉母细胞减数分裂中期 I, 染色体配对行为。对杂种 F_1 和双亲 13 个形态特征进行了比较, 统计杂种 F_1 自然状态下结实情况。

选用的同工酶标记为酯酶和过氧化物酶。取幼叶、幼根 0.5g, 按样品: 蒸馏水为 1:3 (g/ml) 的比例加入蒸馏水。冰浴研磨, 离心 15 分钟 (3500 转/分)。置冰箱中待用。样本量每槽点样 60ml, 点样后上面覆盖一层 40% 蔗糖液。

采用聚丙烯酰胺凝胶垂直板电泳技术。电泳过程参照胡能书等^[6] 所介绍的方法。凝胶

*本研究由国家自然科学基金会与 FAO 的 IBPGR 资助

缓冲系统为Tris-HCl缓冲液, pH8.9, 分离胶浓度为7.5%, 浓缩胶浓度为4%, 电极缓冲系统为Tris-甘氨酸, pH8.3。酯酶电泳胶染色根据胡能书等^[6]略有改动, 过氧化物酶采用醋酸联苯胺法染色。染色后制成干板, 让其自然风干用于分析。

表1 供试材料
Table 1. The experimental materials

种名 Species name	编号 No.	来源 Origin
<i>Roegneria ciliaris</i> (Trin) Nevski	Y83005	Sichuan
<i>R. hondai</i> Kitagawa	Y362	Nanping, Sichuan

结果与讨论

一、种间杂交结果

以人工去雄, 填药授粉方式进行本田鹅观草和纤毛鹅观草间杂交, 它们间杂交亲和性较好, 结实率为20.45%。播期将杂种种子在培养皿内于25℃恒温下发芽。发芽率很高, 达100% (表2)。杂种 F_1 生长良好, 所有发芽的杂种都生长发育为健壮的植株。

表2 种间杂交结果
Table 2. Results of interspecific crosses

杂交组合 Crosses combination	授粉小花数 No. of polli- nated florets	结实率		发芽率 Ratio of (%) germed seeds
		No.	%	
<i>R. hondai</i> × <i>R. ciliaris</i>	44	9	20.45	100

二、杂种 F_1 的形态特征及与亲本的比较

杂种 F_1 及双亲的穗部形态特征 (见图1: 1—3) 13个性状观测统计的平均值见表3。 F_1 植株第一颖和第二颖长度超过双亲, 每穗小穗数低于双亲, 小穗长、下部两个小穗间距离长、小花数、内稃长和第一外稃等长表现为双亲的中间型, 外稃长同 *R. ciliaris* 相似。从形态上看, *R. ciliaris* 和 *R. hondai* 间明显地差异在于 *R. hondai* 的小穗小花数明显地少于 *R. ciliaris* 的小花数, *R. hondai* 外稃边缘无毛, 基盘被毛 (图1: 3), *R. ciliaris* 外稃密被柔毛, 基盘无毛, 杂种 F_1 则表现为外稃边缘及基盘均无毛 (图1: 3)。形态学比较看出, 本田鹅观草和纤毛鹅观草两个种是非常接近的。

三、杂种及亲本花粉母细胞减数分裂行为

亲本及杂种 F_1 花粉母细胞减数分裂中期I, 染色体配对行为及图像见表4和图1: 4—9。

双亲花粉母细胞减数分裂过程中期I, 染色体配对频率极高, 主要以环形二价体形式出现。*R. ciliaris* 的环形二价体数为12.38, *R. hondai* 出现的环形二价体数为8.65。偶尔在*R.*

表3 双亲及杂种 F₁ 穗部特征
Table 3 Mean spike characteristics of parents and their F₁ hybrid

亲本及 F ₁ parent and F ₁	<i>R. hondai</i>	<i>R. ciliaris</i>	<i>R. hondai</i> × <i>R. ciliaris</i>
穗长 Spike length (cm)	23.36±4.53	24.5±4.22	21.87±3.06
每穗小穗数 Spikelet/spike	18.84±3.64	19.56±2.81	14.64±2.29
每小穗小花数 Florets/spikelet	6.4±1.05	11.57±0.9	11.14±1.5
小穗长 Spikelet length (cm)	1.61±0.27	2.50±0.18	2.18±0.199
第一颖长 Lower glume length (cm)	0.65±0.05	0.71±0.09	0.76±0.11
第二颖长 Upper glume length (cm)	0.73±0.06	0.74±0.07	0.86±0.09
下部两小穗间距离 Length between lower two spikelets (cm)	1.98±0.38	2.97±0.49	2.09±0.58
外稃长 Lemma body length (cm)	0.81±0.07	0.86±0.07	0.86±0.05
内稃长 Palea body length (cm)	0.59±0.04	0.65±0.05	0.63±0.05
外稃芒长 Awn length on lemma (cm)	1.72±0.35	2.01±0.26	1.92±0.47
顶部两小穗间距离 Length between top two spikelets (cm)	1.01±0.15	0.98±0.18	1.31±0.17
外稃上毛 Hair on lemma	-	+	-
基盘上毛 Hair on basal placenta	+	-	-

+ : 示有毛

- : 示无毛

+ : hair

- : hairless

ciliaris 花粉母细胞中观察至 1—2 条单价体,出现的频率仅为 0.04。在双亲中未发现多价体。杂种 F₁ 体细胞数为 28, 花粉母细胞减数分裂中期 I, 出现 1.55 个单价体, 13.09 个二价体, 0.04 个三价体和 0.02 个四价体。每个细胞单价体变化范围为 0—10, 二价体为 9—14, 三价体和四价体均为 0—1。每个细胞平均交叉频率为 21.93。观察的 53 个 PMCs 中期 I 细胞中, 有 21 个细胞染色体完全配对 (图 1: 8) 占观察总数的 39.62%。减数分裂后期 II, 10.87% 的细胞出现 1—2 个落后染色体 (图 8)。杂种 F₁ 自然情况下结实率为 8.96%。表明纤毛鹅观草和本田鹅观草染色体组同源程度很高, 存在着不完全生殖隔离。杂种 F₁ 自然状



图 1

Fig. 1

1. 亲本和杂种F₁穗部形态：（左：本田鹤观草，中：杂种F₁，右：纤毛鹤观草）
2. 亲本和杂种F₁小穗形态：（左：本田鹤观草，中：杂种F₁，右：纤毛鹤观草）
3. 亲本和杂种F₁外稃和基盘特征：（左：本田鹤观草，中：杂种F₁，右：纤毛鹤观草）
- 4、5. 亲本花粉母细胞减数分裂中期I染色体配对行为：（4. 纤毛鹤观草 5. 本田鹤观草）
- 6、8和9. 杂种F₁花粉母细胞减数分裂中期I染色体配对行为：〔6. 2 I + 4 II（棒）+ 9 II（环），8. 2 II（棒）+ 10 II（环）+ 1 IV，9. 8 I + 11 II〕 7. 后期II落后染色体
1. Spikes of parents and their F₁ hybrid (Left: *R. hondai*, Middle: F₁, Right: *R. cilicris*)
2. Spikelets of parents and their F₁ hybrid. (Left: *R. hondai*, Middle: F₁, Right: *R. cilicris*)
3. Characteristics of Lemma and basal plaoenta of parents and their F₁ hybrid (Left: *R. hondai*; Middle: F₁, Right: *R. Ciliaris*) 4,5 Chromosome pairing of two parents at MI in PMCs (4. *R. cilicris*; 5. *R. hondai*) 6,8. MI in PMC meiosis of F₁ (6. 2I + 4 II rods + 9 II rings, 8. 2 II rods + 10 II rings + 4 IV). 9. MI in PMC meiosis of F₁; 6I + 11II 7. Laggard chromosomes at A II

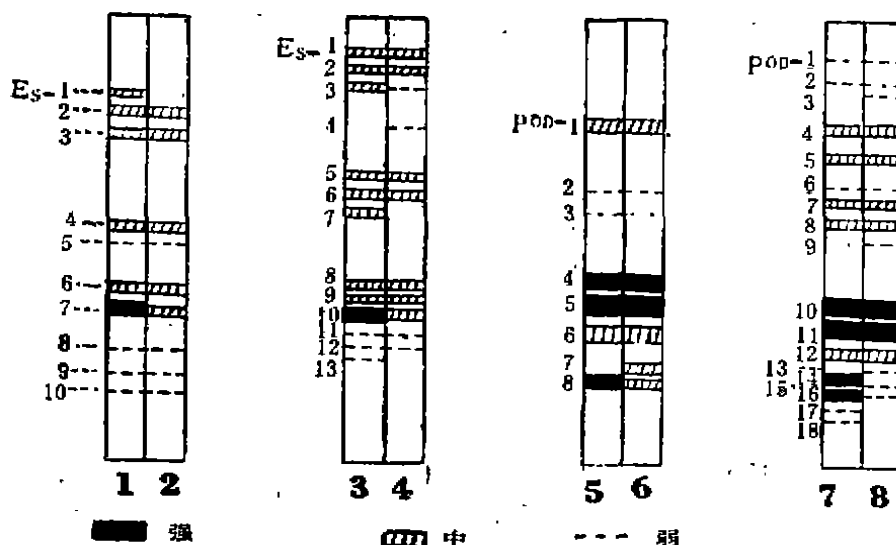


图 2 两个种的酯酶和过氧化物酶酶谱模式图

- 1—4、酯酶: 1、纤毛鹅观草幼叶部酯酶 2、本田鹅观草幼叶部酯酶
 3、纤毛鹅观草根部分酯酶 4、本田鹅观草根部分酯酶
 5—8、过氧化物酶: 5、纤毛鹅观草幼叶部 6、本田鹅观草幼叶部
 7、纤毛鹅观草根部分 8、本田鹅观草根部分

Fig. 2 Zymogram patterns of esterase and peroxidase in two species

- 1—4. esterase 1. *R. ciliaris* in young leaves 2. *R. hondai* in young leaves
 3. *R. ciliaris* in young root 4. *R. hondai* in young root
 5—8. Peroxidase 5. *R. ciliaris* in young leaves 6. *R. hondai* in young leaves
 7. *R. ciliaris* in young root 8. *R. hondai* in young root

表 4. 亲本和杂种 F₁ 花粉母细胞减数分裂中期 I 染色体配对行为
 Table 4. Chromosome pairing at MI of PMCs in two parents species and their F₁ hybrid

材料 Straine	观察细胞数		I	I			平均每个细胞交叉频率		
	2n	No. of cells		total	rods	rings*	II	IV	Chiasmata/cell
<i>R. hondai</i>	28	48 A**	—	14.01	5.36	8.65	—	—	22.66
		R	—	14	2-9	5-12	—	—	
<i>R. ciliaris</i>	28	53	0.04	14.06	1.68	12.38	—	—	26.44
			0-2	13-14	0-5	9-14	—	—	
<i>R. hondai</i> × <i>R. ciliaris</i>	28	60	1.55	13.09	4.39	8.70	0.04	0.02	21.93
			0-10	9-14	0-10	2-14	0-1	0-1	12-28

参 考 文 献

- [1] 卢宝荣, 颜 济, 杨俊良, 1988: 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, 10 (3) : 261—270.
- [2] 卢宝荣, 颜 济, 杨俊良, 1990: 小麦族鹅观草 属三种植物的生物系统学研究. 云南植 物研究, 12 (2) : 161—171.
- [3] 孙根楼, 颜 济, 杨俊良, 1991: 本田鹅观草和缘毛鹅观草杂种的细胞遗传学研究. 云南植物研究, 13 (1) : 47—50.
- [4] 李国珍, 梁彦生, 李国风, 江洪如, 1986: 一粒小麦的染色体和同工酶分析. 作物学报, 12 (4) : 249—253.
- [5] 胡能书, 万国贤编, 同工酶技术及其应用. 湖南科技出版社.
- [6] Dewey D. R. Gene, 1984 Manipulation in Plant Improvement 209—279, plenum Publishing Corp. New York.

BIOSYSTEMATIC STUDY BETWEEN ROEGNERIA HONDAI AND R. CILIARIS OF THE TRIBE TRITICEAE

Sun Genlou Liu Fang Yen Chi and Yang Junliang
(Triticeae Research Institute, Sichuan Agricultural
University, Dujiangyan 611830)

Abstract The biosystematic relationships between *Roegneria hondai* Kitagawa and *R. ciliaris* (Trin) Nevski in the tribe Triticeae Dum. were studied by the means of morphology, genome analysis and electropherogram analysis esterase and peroxidase isozymes. The F₁ hybrid showed a comparatively high chromosome pairing in meiosis, and very low seed set in nature. The zymograms of esterase and peroxidase of *R. ciliaris* were different from those of *R. hondai* in young root and young leaves. These results indicate that *R. ciliaris* and *R. hondai* share two same basic genomes (SY) and they are very closely related. The genomes of *R. hondai* could be designated as S¹Y¹. The genomes of *R. ciliaris* and *R. hondai* are more similar to *R. hondai* and *R. pendulina*, and *R. ciliaris* and *R. pendulina*.

Key words: *Roegneria ciliaris*; *Roegneria hondai*; Genome analysis; Isozyme electrophoresis