王春语,王平,丛玲,等.矮化基因*dw1*、*dw2*和*dw3*对高粱株高的贡献效应分析[J].山西农业大学学报(自然科学版),2025,45(6):23-30.
Wang C Y, Wang P, Cong L, et al. Contribution effect of dwarf genes *dw1*, *dw2* and *dw3* on plant heights in sorghum[J]. Journal of Shanxi Agricultural University(Natural Science Edition), 2025,45(6):23-30.
doi: 10.13842/j.cnki.issn1671-8151.202411024

矮化基因*dw1*、*dw2*和*dw3*对高粱株高的贡献效应分析

王春语[1],王平[2],丛玲[1],李金红[1],白春明[1],张丽霞[1*]

(1.辽宁省农业科学院 高粱研究所,辽宁 沈阳 110161;2.辽宁省农业科学院 植物保护研究所,辽宁 沈阳 110161)

摘　要:[目的]本研究旨在初步探究已克隆矮化基因*dw1*、*dw2*和*dw3*单基因或者多个矮化基因聚合对降低高粱株高的贡献效应。[方法]本研究依据*Dw1*、*Dw2*和*Dw3*已知变异位点开发分子标记。利用分子标记鉴定14份自然群体材料以及8R252(*Dw1Dw2Dw3*)和8R387(*dw1dw2dw3*)构建的F_2群体中*Dw1*、*Dw2*和*Dw3*不同等位基因型,结合株高表型数据,探究3个株高矮化基因以及不同等位基因型组合对株高的影响。[结果]基于*Dw1*、*Dw2*和*Dw3*基因编码区序列的突变、插入和缺失,开发了实用的分子标记。自然群体材料中,即使3个*Dw*等位基因型相同,株高变异仍然较大。但是聚合越多的矮化基因,株高逐渐降低。通过分析8R252(*Dw1Dw2Dw3*)和8R387(*dw1dw2dw3*) F_2群体中含有8种不同等位基因型组合个体的株高时,发现如下规律:当1个基因突变时,株高降幅*Dw1Dw2dw3*>*dw1Dw2Dw3*>*Dw1dw2Dw3*;当2个基因突变时,株高降幅*dw1Dw2dw3*>*Dw1dw2dw3*>*dw1dw2Dw3*;当3个基因同时突变时,株高最矮。[结论]高粱3个已克隆矮化基因对降低株高的贡献率不同,株高降低幅度*dw3*>*dw1*>*dw2*

关键词:高粱;株高;矮化基因;分子标记
中图分类号:S514　　**文献标识码**:A　　**文章编号**:1671-8151(2025)06-0023-08

Analysis of the contribution effects of dwarf genes *dw1*, *dw2* and *dw3* on sorghum plant heights

Wang Chunyu[1], Wang Ping[2], Cong Ling[1], Li Jinhong[1], Bai Chunming[1], Zhang Lixia[1*]

(*1.Sorghum Research Institute, Liaoning Academy of Agricultural Sciences, Shenyang 110161, China; 2.Institute of Plant Protection, Liaoning Academy of Agricultural Sciences, Shenyang 110161, China*)

Abstract:[Objective]This study aimed to investigate the contribution of single gene or combined dwarfing genes *dw1*, *dw2* and *dw3* to reducing sorghum plant height. [Methods]Molecular markers were developed based on known variation sites in the *Dw1*, *Dw2* and *Dw3* alleles. Plant heights and *Dw* alleles were analyzed in 14 sorghum accessions and F2 population derived from a cross between 8R252 (*Dw1Dw2Dw3*)and 8R387 (*dw1dw2dw3*) to assess the influence of the three dwarfing genes and their allelic combinations on plant heights. [Results]Practical molecular markers were developed based on mutations, insertions, and deletions in the coding regions of the *Dw1*, *Dw2* and *Dw3* genes. In the natural sorghum population, plant-height varied significantly even when the *Dw1*, *Dw2* and *Dw3* alleles were identical. However, the plant heights gradually decreased with the accumulation of more dwarfing alleles. Analysis of the F_2 population, which contained eight different allelic combinations, revealed the following patterns: when one gene was mutated, the reduction in plant height followed the order *Dw1Dw2dw3*>*dw1Dw2Dw3*>*Dw1dw2Dw3*; When two gene were mutated, the reduction followed *dw1Dw2dw3*>*Dw1dw2dw3*>*dw1dw2Dw3*; and when all three genes were mutated, plant height was the shortest. [Conclusion]The three cloned dwarfing genes in sorghum contribute differently to plant height reduction, with the magnitude of reduction following the order of *dw3*>

收稿日期:2024-11-14　　**修回日期**:2025-01-07
基金项目:辽宁省"种质创新藏粮于技"重大专项(2023JH1/10200009);国家现代农业产业技术体系项目(CARS-06-14.5-A3);辽宁省农业科学院院长基金项目(2025XKJS8504)
作者简介:王春语(ORCID:0009-0002-1287-3346),助理研究员,硕士,研究方向:高粱分子育种技术应用,E-mail:wangchunyu88899@126.com
*通信作者:张丽霞(ORCID:0009-0007-3841-7396),副研究员,E-mail:39533597@qq.com

dw1>*dw2*.

Keywords: Sorghum, Plant height, Dwarfing gene, Molecular marker

高粱[*Sorghum bicolor*(L.)Moench]抗旱、耐高温、耐贫瘠、耐涝、耐盐碱、适应性强,作为光合效率高的C4作物,具有较高的生物产量[1]。高粱不仅是世界近5亿人口的口粮,同时也是动物饲料、酿酒、制造工业乙醇和其它化工材料的重要来源,在保障我国乃至世界粮食安全方面都具有非常重要的地位[2-4]。

通过矮化育种,促使高粱经历了高秆、中秆、中矮秆和矮秆品种的大变革,是高粱育种历史上的"绿色革命"[5]。为了探究高粱株高调控分子机理,通过遗传连锁图谱、遗传群体和关联分析等手段鉴定到多个与高粱株高性状相关的数量性状基因座(quantitative trait locus, QTL)[6-7],以及与株高显著相关的基因*SbPH11*、*Sobic. 003G119600*和*Sobic. 010G085400*[8-9]。截止到目前已经克隆了3个调控高粱株高的基因,分别为*Dw1*、*Dw2*和*Dw3*。*Dw1*(*Sobic. 009G229800*)编码一个参与油菜素内酯信号转导、调节节间细胞增殖的膜蛋白[10-12],*Dw2*(*Sobic. 006G067700*)编码一种KIPK蛋白激酶[13],*Dw3*(*Sobic. 007G163800*)编码ATP结合盒B1型(ABCB1)生长素转运蛋白[14-15]。由于编码区序列变异、插入和缺失导致蛋白功能缺失,突变为隐性矮化基因型*dw1*、*dw2*和*dw3*,任何一个基因突变都会导致株高降低,但是每个基因对株高的贡献率不同,株高降低的幅度也不同。3个*Dw*基因不同等位基因型组合对降低高粱株高的作用亦不同。

高粱用途不同,对高粱品种株高的要求也不同,甜高粱、饲草高粱和生物质高粱由于需要较大的生物量,因此需要选育生物量大的高秆品种。而粒用高粱追求高产、适宜机械化生产、防止倒伏,选育矮秆品种是实现育种目标的有效途径。根据不同的高粱用途,选育具有适宜株高的品种,可促使高粱生产不断向高产、优质、高效和专用的方向发展。

为了探究不同*Dw*基因型组合对株高的影响,我们选择同时含有*Dw1Dw1Dw2Dw2Dw3Dw3*显性基因型和*dw1dw1dw2dw2dw3dw3*隐性基因型的2个材料,通过杂交、自交构建F_2群体,统计和鉴定121份F_2群体中每份材料的株高以及对应的*Dw*基因型,探究3个*Dw*基因不同等位基因型组合对株高的影响。

1 材料与方法

1.1 试材及种植

1.1.1 供试材料

本研究14份供试材料包括高粱微核心种质资源7份、中国农家种2份、中国栽培种4份和美国栽培种1份,均由辽宁省农业科学院高粱研究所提供和保存。选择含有*Dw1Dw1Dw2Dw2Dw3Dw3*(简写为*Dw1Dw2Dw3*)等位基因型的中国农家种8R252[黑老婆翻白眼(邓县),株高286.4 cm]和含有*dw1dw1dw2dw2dw3dw3*(简写为*dw1dw2dw3*)等位基因型的高粱微核心种质资源8R387[TAM. 2566(red seed),株高60.0 cm]杂交后自交获得F_2代植株。

1.1.2 试材种植

供试材料种植于辽宁省农业科学院沈阳试验基地(41.8°N, 123.4°E)。14份高粱材料种植标准为:行长3 m、行距0.6 m、株距20 cm,每份材料种植3行,中间1行随机选择5株测定株高和鉴定*Dw*等位基因型。F_2群体种植标准为:行长6 m,行距0.6 m,株距20 cm,去除每行两端最外侧的2株,测定其它个体的株高和*Dw*等位基因型。

1.2 测定指标与方法

1.2.1 株高测定

蜡熟期,测量14份高粱材料和F_2群体中单株的株高,具体方法为用卷尺测量植株从地表至穗顶的高度,测量单位为厘米(cm),保留一位小数。

1.2.2 基因组DNA提取

0.3 g高粱叶片于液氮中速冻、在磨样机中迅速磨碎后,加入500 μL 2% CTAB(cetyltrimethylammonium bromide)溶液,65 ℃金属浴中放置30 min,期间每隔5 min颠倒混匀一次。随后室温冷却,加入等体积的氯仿,颠倒数次使得溶液充分混匀,12 000 r/min离心10 min,取上清液300 μL,然后加入2.5倍体积的无水乙醇,轻柔颠倒数次混匀后室温沉淀10 min后12 000 r/min离心10 min,弃上清溶液,室温干燥使乙醇全部挥发后加入100 μL灭菌的双蒸水,充分溶解后

于-80 ℃冰箱中保存备用。

1.2.3　*Dw*等位基因型分子标记开发

*Dw1*基因仅有1种等位变异类型*dw1*,即基因序列第1350位A突变为T[10-12]。*Dw2*基因也仅有1种等位变异类型*dw2*,基因序列第549位和第550位2个碱基GA缺失[13]。*Dw3*基因变异丰富,截止到目前共鉴定到5种等位变异类型。为了鉴定不同高粱材料中*Dw1*、*Dw2*和*Dw3*不同等位基因型,设计了包含每个基因变异位点的引物(表1),依据序列差异及电泳片段大小判断不同等位基因型,PCR片段由北京擎科生物科技有限公司测序。

1.2.4　*Dw*等位基因型检测

为了初步探究高粱已克隆3个株高相关基因*Dw1*、*Dw2*和*Dw3*与株高之间的关系,我们随机选择了14份株高不同的高粱材料,检测了*Dw1*、*Dw2*和*Dw3*不同等位基因型。为了进一步探究3个株高基因不同等位基因型组合对株高的影响,我们选择含有3个显性基因型*Dw1Dw2Dw3*材料8R252和3个隐性基因型*dw1dw2dw3*材料8R387,通过杂交、自交构建了F_2群体。通过对121份F_2群体中每份材料的株高以及相应*Dw*基因型进行统计和鉴定分析,探究3个*Dw*基因不同等位基因型组合对株高的影响。

1.3　数据处理

使用Excel 2020完成株高数据统计及数据分析;DNA序列通过DNAstar SeqMan(Version 7.1.0)软件完成序列比对分析;使用GraphPad Prism 5.01和Adobe Photoshop 8.0.1完成作图。

2　结果与分析

2.1　*Dw*不同等位基因型鉴定及分子标记开发

*Dw1*基因由于单碱基变异导致*dw1*编码蛋白提前终止失去功能[10-12]。*Dw2*基因由于GA缺失,编码序列发生移码、蛋白序列缩短促使dw2蛋白功能缺失[13]。*Dw3*基因变异丰富,突变类型包括*dw3-ref*、*dw3-sd2*、*dw3-sd3*、*dw3-sd4*和*dw3-sd5*[16-17]。*dw3-ref*基因序列第6203～6204位之间插入串联重复序列882 bp,*dw3-sd2*基因序列第6110～6115位之间6 bp(CAGCGG)缺失,*dw3-sd3*基因序列第5485～5566位之间82 bp缺失(GCGCACCATCCGCGTGTTCATGGTGCTCATGGTGTCCGCCAACGGCGCCGCCGAGACGCTGACGCTGGCGCCGGACTTTGTC),*dw3-sd4*基因序列第5819～5820位之间插入6 bp(CGCTGG),*dw3-sd5*基因序列第5997～6011位之间15 bp(GAGGTGGTGGAGGCG)缺失(图1)。*dw3*五种等位变异类型均发生在第5外显子,编码序列发生非同义突变、碱基插入和缺失导致蛋白序列改变、功能缺失。

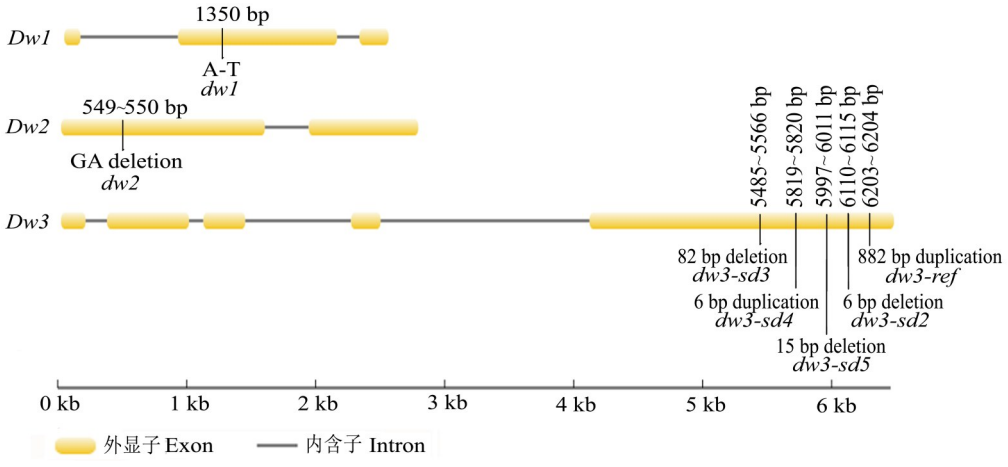


图1　*Dw1*、*Dw2*和*Dw3*不同等位基因型的基因结构

Fig.1　Gene Structures of different allelic genotypes of *Dw1*, *Dw2* and *Dw3*

为了鉴定不同高粱材料已知3个株高基因*Dw1*、*Dw2*和*Dw3*的不同等位基因型,我们开发了相应分子标记(表1)。通过引物Dw1-2F/Dw1-2R和Dw2-1F/Dw2-1R分别对*Dw1*和*Dw2*两个基因包含变异位点的片段进行扩增,PCR产物送去北京擎科生物科技有限公司测序,随后通过

DNAstar SeqMan(version 7.1.0)软件进行比对分析,序列比对结果显示测序峰图单一、特异好(图2A和图2B)。*Dw3*基因变异丰富,设计包含5种等位基因型变异位点的PCR扩增引物Dw3-1388F/Dw3-CGR,扩增后1.5%琼脂糖凝胶电泳分析,扩增片段为2165 bp时判断为*dw3-ref*(图2C)。扩增片段大小为1283 bp或者类似1283 bp的样品,利用Dw3-1388F/Dw3-CGR引物双向测序,依据图1的变异类型判断*dw3-sd2*、*dw3-sd3*、*dw3-sd4*和*dw3-sd5*不同等位基因型。

表1 引物序列及用途

Table 1 Primer sequences and uses

引物名称 Primer	序列(5'-3') Sequence	片段大小/bp Fragment size	用途 Use
Dw1-2F Dw1-2R	TCTTCCCACAACACAATGA GAGTTACTGAAGCTGGTGAG	757	ATG起始的DNA序列第1350位测序为A时判断为*Dw1*,测序为T时判断为*dw1*
Dw2-1F Dw2-1R	GTGATGCCGGTTCTTGAC CAACTCCCTCTGATGACTTG	788	ATG起始的DNA序列第549和550位测序为GA时判断为*Dw2*,GA缺失时判断为*dw2*
Dw3-1388F Dw3-CGR	CCGTCATCGTCCAGAACTCG CTTGAGCAGGTGCGAGTGCGA	1283或2165	由于*Dw3*基因第5外显子插入重复序列882 bp,电泳检测PCR扩增片段为2165 bp时判断为*dw3-ref*;当PCR片段约为1283 bp时,利用双向引物测序,序列比对鉴定*dw3-sd2*、*dw3-sd3*、*dw3-sd4*和*dw3-sd5*

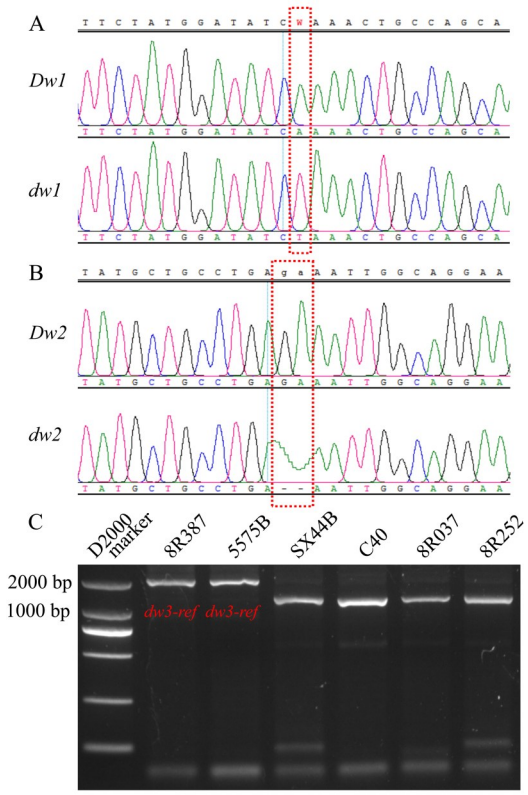


图2 *Dw1*、*Dw2*和*Dw3*不同等位基因型分子标记开发

Fig.2 Development of molecular markers for different *Dw1*, *Dw2* and *Dw3* allelic genotypes

2.2 自然群体中*Dw*不同等位基因型组合与株高的关系

测定了14份高粱自然群体材料株高及*Dw1*、*Dw2*和*Dw3*不同等位基因型,如表2所示,含有*Dw1Dw2Dw3*显性基因型的4份材料中,3份高粱材料株高均在237 cm以上,但其中1份高粱材料(8R037)株高仅为150 cm,推测可能其它未知株高基因发生突变。4份高粱材料均含有*Dw1Dw2dw3*基因型,株高变异较大为138~275 cm。当3个基因中2个基因同时发生突变时,株高显著降低;当3个基因同时突变时,株高最低(表2)。由此可见,即使含有相同*Dw*等位基因型时,株高差异仍然较大;但是同时含有2~3个隐性基因型时,一般株高较矮。但是根据3个株高*Dw*基因的不同基因型组合无法较为准确地判断出不同高粱材料的株高范围,而且也无法比较3个已克隆矮化基因*dw1*、*dw2*和*dw3*在降低高粱株高中的作用大小。

2.3 F_2群体中*Dw*不同等位基因型组合与株高的关系

为了进一步探究3个株高基因不同等位基因型组合对株高的影响,测定了F_2群体中每份材料的株高以及相应*Dw*基因型。121份F_2群体单株株高变异范围较大,但是低于160 cm和高于190 cm的单株较少,比亲本8R387更矮的个体未检测到,比亲本8R252更高的个体仅有4份(表3和图3)。

8R252(*Dw1Dw2Dw3*)和8R387(*dw1dw2dw3*)杂交、自交获得的F_2群体中存在*Dw1dw1*、*Dw2dw2*和*Dw3dw3*杂合型个体,由于*Dw1*、*Dw2*

表2　14份高粱材料株高及*Dw*基因型统计

Table 2　Statistic analysis of plant heights and *Dw* alleles in 14 sorghum accessions

名称 Name	*Dw1*等位基因型 *Dw1* allele	*Dw2*等位基因型 *Dw2* allele	*Dw3*等位基因型 *Dw3* allele	株高/cm Plant height	来源 Origin
8R037	*Dw1*	*Dw2*	*Dw3*	150.0±2.3	微核心种质
哈恢77号(00000232)	*Dw1*	*Dw2*	*Dw3*	259.0±5.1	中国栽培种
离石黄(离石)－8R276	*Dw1*	*Dw2*	*Dw3*	236.6±6.6	中国农家种
黑老婆翻白眼(邓县)－8R252	*Dw1*	*Dw2*	*Dw3*	286.4±7.9	中国农家种
8R052	*Dw1*	*Dw2*	*dw3*	138.0±3.2	微核心种质
8R197	*Dw1*	*Dw2*	*dw3*	164.3±5.7	微核心种质
8R087	*Dw1*	*Dw2*	*dw3*	242.0±3.5	微核心种质
Drougt 7	*Dw1*	*Dw2*	*dw3*	274.6±6.3	微核心种质
ES－230	*dw1*	*Dw2*	*dw3*	106.6±4.2	微核心种质
7501B	*dw1*	*Dw2*	*dw3*	134.1±7.3	中国栽培种
C40	*dw1*	*dw2*	*Dw3*	78.2±6.4	美国栽培种
SX44B	*dw1*	*dw2*	*Dw3*	85.4±3.7	中国栽培种
5575B	*dw1*	*dw2*	*dw3*	67.6±2.8	中国栽培种
TAM.2566(red seed)－8R387	*dw1*	*dw2*	*dw3*	60.0±3.5	微核心种质

表3　F_2群体株高变异

Table 3　Plant height variation in F_2 population

材料 Material	Parent 1－8R387	Parent 2－8R252	F_2群体株高平均值 Average height of F_2 population	F_2群体株高变异范围 Range of F_2 population
株高 Plant height	60±3.5 cm	286.4±7.9 cm	178.9±52.8 cm	62.2～291.7 cm

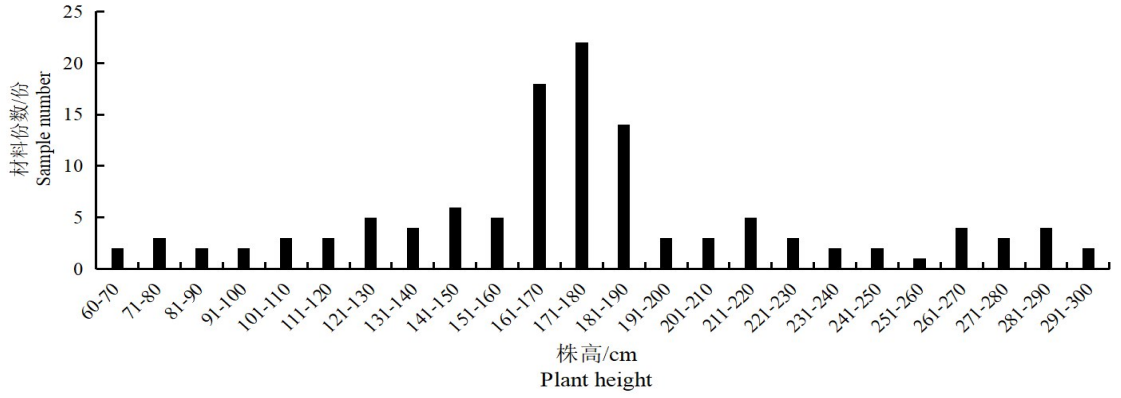


图3　F_2群体株高分布

Fig.3　Distribution of plant height in F_2 population

和*Dw3*对*dw1*、*dw2*和*dw3*是显性基因型，*Dw1dw1*、*Dw2dw2*、*Dw3dw3*与*Dw1Dw1*、*Dw2Dw2*、*Dw3Dw3*基因型相比对株高的影响基本相同，在本研究中*Dw1Dw1*和*Dw1dw1*、*Dw2Dw2*和*Dw2dw2*和*Dw3Dw3*和*Dw3dw3*都记录为*Dw1*、*Dw2*和*Dw3*，隐性纯合基因型记录为*dw1*、*dw2*和*dw3*。因此，8R252(*Dw1Dw2Dw3*)和8R387(*dw1dw2dw3*)杂交、自交获得的F_2个体基因型组合共有8种，121份F_2群体中每种等位基因型组合分别为*Dw1Dw2Dw3*(17份)、*Dw1Dw2dw3*(37份)、*Dwldw2Dw3*(6份)、*Dwldw2dw3*(10份)、*dwlDw2Dw3*(20份)、*dw1Dw2dw3*(14份)、*dw1dw2Dw3*(17份)和*dwldw2dw3*(0份)(图4A)。对8种等位基因型组合的株高进行了比较分析，含有*Dw1Dw2Dw3*显性基因型的个体株高较高，当仅有1个基因发生突变时对株高的影响差异较大。当只有*dw2*发生突变时，株高略有降低；当*dw1*或*dw3*发生突变时，

株高显著降低,*dw3*突变比*dw1*突变株高降低的幅度更大。当2个基因同时发生突变时,*dw1Dw2dw3*组合株高降低的幅度要远远大于*dw1dw2Dw3*和*Dw1dw2dw3*基因型组合,且*Dw1dw2dw3*比*dw1dw2Dw3*株高略低,再次说明*dw3*和*dw1*对株高降低的贡献更大且*dw3*比*dw1*作用更大(图4B)。121份F_2群体中株高最低的为62.2 cm,所测个体中未检测到比亲本8R387更低的单株,可能与未检测到含有*dw1dw2dw3*基因型的个体有关。在121份F_2群体中比亲本8R252更高的单株仅有4份,基因型均为*Dw1Dw2Dw3*(表3和图3)。

A

基因型 Genotype	材料份数/份 Sample number
Dw1Dw2Dw3	17
Dw1Dw2dw3	37
Dw1dw2Dw3	6
Dw1dw2dw3	10
dw1Dw2Dw3	20
dw1Dw2dw3	14
dw1dw2Dw3	17
dw1dw2dw3	0

B

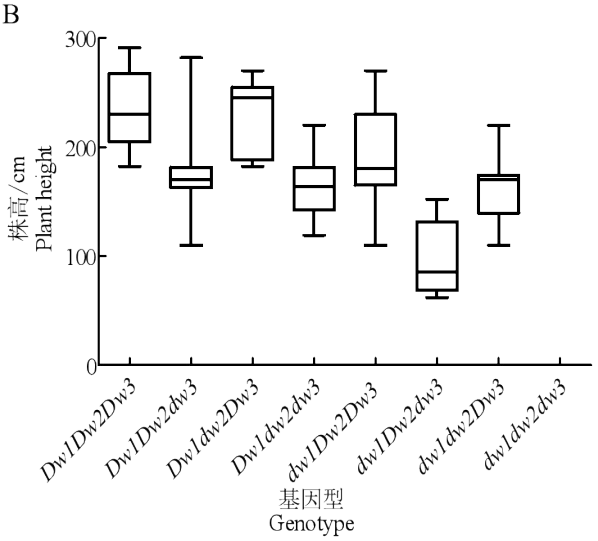


图4 F_2群体株高及*Dw*基因型分析

Fig.4 Analysis of plant heights and *Dw* alleles in F_2 population

3 讨论

作物株型改良中株高矮化进步显著,对作物提高水分利用、养分利用、抗倒伏、收获指数和机械化收获起着重要作用。水稻和小麦主要由于"绿色革命"基因*SD1*和*Rht-1*(*Reduced height-1*)、*Rht-2*(*Reduced height-2*)的克隆和广泛应用。水稻*SD1*基因(*OsCA20ox2*)是一种参与赤霉素(GA)生物合成的GA20氧化酶。矮化等位基因型*sd1*是由于编码区383 bp缺失发生移码突变促使蛋白编码提前终止,最终导致蛋白功能缺失[18-20]。小麦半显性矮化基因型*rht-1*和*rht-2*是由于编码区碱基变异发生在DELLA结构域中,导致蛋白提前终止,含有这些等位基因型的小麦对GA不敏感[21-22]。高粱矮化对育种工作至关重要,据报道高粱共存在4个主要的株高相关基因,分别为*Dw1*、*Dw2*、*Dw3*和*Dw4*[23-24],*Dw1*~*Dw3*已经被克隆,*Dw4*仍未知。推测*Dw4*基因初定位于6号染色体约6.6 Mb范围内,截止到目前基因仍未确定[25]。虽然*Dw4*基因尚未克隆,但相关学者研究表明,几内亚族和卡佛尔族的籽粒高粱*Dw4*基因型属于*dw4*隐性基因型[11, 25]。高粱株高显著降低主要是由于矮化基因*dw1*、*dw2*和*dw3*在育种中的广泛应用,但这些*dw*基因与水稻和小麦株高基因不同。*Dw1*主要影响节间细胞数量,基因突变为*dw1*时表现为节间细胞显著减少、节间变短[10-12],*dw2*基因可能对株型有显著影响,*Dw2*和*Dw3*突变为*dw2*和*dw3*时均表现为节间长度缩短[13-15],*dw1*和*dw3*两个基因同时突变时表现为协同作用降低节间长度[11]。

研究表明,单个*dw*基因突变可以将植株高度降低多达50 cm,虽然*dw1*、*dw2*和*dw3*的作用是累加的,但随着多个矮化基因的聚合,株高降低的程度会减少[24]。在本研究中,8R252(*Dw1Dw2Dw3*)和8R387(*dw1dw2dw3*)杂交、自交获得的F_2群体中,含有显性基因型的个体株高平均值约为234 cm,当其中1个基因发生突变时,含有*dw1Dw2Dw3*、*Dw1dw2Dw3*和*Dw1Dw2dw3*基因型的个体株高平均值分别降低约40 cm、4 cm和60 cm,这与前人的研究结果一致。当2个基因同时突变时,含有

dw1dw2Dw3、*dw1Dw2dw3*和*Dw1dw2dw3*基因型的个体株高平均值分别降低约73 cm、137 cm和80 cm。2个*dw*突变基因聚合后,株高降低的幅度远大于2个基因单独突变的和,这一研究结果与前人的略有不同。根据*dw*单基因突变可以初步得出,株高降低幅度*Dw1Dw2dw3*>*dw1Dw2Dw3*>*Dw1dw2Dw3*,2个*dw*突变基因聚合后,株高降低幅度*dw1Dw2dw3*>*Dw1dw2dw3*>*dw1dw2Dw3*。要想准确判断每个矮化基因在株高降低中的作用,需要构建单基因突变、不同组合2个基因同时突变以及3个基因同时突变的近等基因系来详细比较株高降低的幅度。

高粱育种中,由于对骨干亲本材料*Dw1*、*Dw2*和*Dw3*等位基因型不明确,通常会导致相同株高的亲本组配出来的杂交种株高差异较大。Wang等[26]测定了中国籽粒高粱育种中常用的38份不育系和57份恢复系蜡熟期株高、穗长、穗柄长、茎高(株高减去穗长的高度)、旗叶下植株高度以及*Dw1*~*Dw4*基因型,发现含有"three-dwarf"到"two-dwarf"再到"one-dwarf"矮化基因的亲本系材料,平均株高逐渐增高,但是穗柄长度逐渐缩短。因此,推测旗叶下植株高度的降低是导致高粱材料矮化的主要原因。另外,含有"two-dwarf"基因型的高粱材料,矮化基因*dw3*在降低旗叶下植株高度中起主要作用。含有"three-dwarf"基因型的高粱材料,含有*Dw1*或*Dw3*显性基因型的材料旗叶下植株的高度远高于含有*Dw2*显性基因型的材料。因此,矮化基因*dw1*和*dw3*在降低旗叶下植株高度起主要作用,这与本研究结果类似。Graham和Lessman[27]的研究提出,株高基因突变后显著降低茎高度、穗长和粒重,但叶片数并没有减少。由于*Dw1*、*Dw2*和*Dw3*株高主效基因主要影响节间的长度,因此,育种者不仅要关注主效基因,还应探索调节穗柄长度和节间数减少的基因,更好地培育具有理想株型的高粱新品种。

4　结论

本研究利用开发的分子标记鉴定了14份自然群体材料以及8R252(*Dw1Dw2Dw3*)和8R387(*dw1dw2dw3*)构建的F_2群体中*Dw1*、*Dw2*和*Dw3*不同等位基因型结合株高表型数据,得出3个已克隆株高矮化基因株高降幅*dw3*>*dw1*>*dw2*。

参　考　文　献

[1]邹剑秋,王艳秋,柯福来. 高粱产业发展现状及前景展望[J]. 山西农业大学学报(自然科学版),2020,40(3):2-8.
Zou J Q,Wang Y Q,Ke F L. Development status and prospect of *Sorghum* industry in China [J]. Journal of Shanxi Agricultural University (Natural Science Edition),2020,40(3):2-8.

[2]唐三元,谢旗. 高粱——小作物大用途[J]. 生物技术通报,2019,35(5):1.
Tang S Y,Xie Q. *Sorghum*-a small crop with great use[J]. Biotechnology Bulletin,2019,35(5):1.

[3]Duodu K G. Assaying sorghum nutritional quality[J]. Methods in Molecular Biology, 2019, 1931:87-108.

[4]Xie Q,Xu Z H. Sustainable agriculture:from sweet *sorghum* planting and ensiling to ruminant feeding[J]. Molecular Plant, 2019,12(5):603-606.

[5]朱振兴, 张丽霞, 李金红, 等. 高粱生物育种进展与展望[J]. 中国基础科学, 2022, 24(4): 42-52.
Zhu Z X, Zhang L X, Li J H, et al. Progress and prospect of bio-breeding of sorghum[J]. China Basic Science, 2022, 24(4): 42-52.

[6]Salas Fernandez M G, Becraft P W, Yin Y H, et al. From dwarves to giants? Plant height manipulation for biomass yield [J]. Trends in Plant Science,2009,14(8):454-461.

[7]Ritter K B,Jordan D R,Chapman S C,et al. Identification of QTL for sugar-related traits in a sweet × grain *Sorghum* (*Sorghum bicolor* L. Moench) recombinant inbred population [J]. Molecular Breeding,2008,22(3):367-384.

[8]段国旗, 吕娜, 石颖怡, 等. 高粱株高相关基因*SbPH11*分子标记的开发和应用[J]. 植物遗传资源学报, 2024, 25(1):111-119.
Duan G Q, Lü N, Shi Y Y, et al. Development and application of molecular markers of sorghum plant height related gene *SbPH11*[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2024, 25(1): 111-119.

[9]Enyew M, Feyissa T, Carlsson A S, et al. Genome-wide analyses using multi-locus models revealed marker-trait associations for major agronomic traits in *Sorghum bicolor*[J]. Frontiers in Plant Science, 2022, 13: 999692.

[10]Hilley J, Truong S, Olson S, et al. Identification of *Dw1*, a regulator of sorghum stem internode length[J]. PLoS One, 2016, 11(3): e0151271.

[11]Yamaguchi M, Fujimoto H, Hirano K, et al. Sorghum *Dw1*, an agronomically important gene for lodging resistance, encodes a novel protein involved in cell proliferation [J]. Scientific Reports, 2016, 6: 28366.

[12]Hirano K, Kawamura M, Araki-Nakamura S, et al. Sorghum DW1 positively regulates brassinosteroid signaling by inhibiting the nuclear localization of BRASSINOSTEROID INSENSITIVE 2[J]. Scientific Reports, 2017, 7(1): 126.

[13]Hilley J L, Weers B D, Truong S K, et al. Sorghum *Dw2* encodes a protein kinase regulator of stem internode length[J]. Scientific Reports, 2017, 7(1): 4616.

[14]Multani D S, Briggs S P, Chamberlin M A, et al. Loss of an MDR transporter in compact stalks of maize Br2 and sorghum *dw3* mutants[J]. Science, 2003, 302(5642): 81-84.

[15]Brown P J, Rooney W L, Franks C, et al. Efficient mapping of plant height quantitative trait loci in a sorghum association population with introgressed dwarfing genes [J]. Genetics, 2008, 180(1): 629-637.

[16]Ivan D B F, Bergsma, B R, Johal G, et al. A stable *dw3* allele in sorghum and a molecular marker to facilitate selection [J]. Crop Science, 2012, 52(5): 2063-2069.

[17]Diatta-Holgate E, Bergsma B, Tuinstra M R. Mutations in the *dwarf3* gene confer height stability in *sorghum*[J]. The Plant Genome, 2024, 17(2): e20466.

[18]Monna L, Kitazawa N, Yoshino R, et al. Positional cloning of rice semidwarfing gene, *sd-1*: rice "green revolution gene" encodes a mutant enzyme involved in gibberellin synthesis[J]. DNA Research, 2002, 9(1): 11-17.

[19]Sasaki A, Ashikari M, Ueguchi-Tanaka M, et al. Green revolution: a mutant gibberellin-synthesis gene in rice [J]. Nature, 2002, 416(6882): 701-702.

[20]Spielmeyer W, Ellis M H, Chandler P M. Semidwarf (*sd-1*), "green revolution" rice, contains a defective gibberellin 20-oxidase gene [J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2002, 99(13): 9043-9048.

[21]Ueguchi-Tanaka M, Nakajima M, Katoh E, et al. Molecular interactions of a soluble gibberellin receptor, GID1, with a rice DELLA protein, SLR1, and gibberellin[J]. The Plant Cell, 2007, 19(7): 2140-2155.

[22]Hirano K, Ueguchi-Tanaka M, Matsuoka M. GID1-mediated gibberellin signaling in plants[J]. Trends in Plant Science, 2008, 13(4): 192-199.

[23]Karper R E, Quinby J R. *Sorghum*—Its production, utilization and breeding[J]. Economic Botany, 1947, 1(4): 355-371.

[24]Quinby J R, Karper R E. Inheritance of height in *Sorghum* 1 [J]. Agronomy Journal, 1954, 46(5): 211-216.

[25]Morris G P, Ramu P, Deshpande S P, et al. Population genomic and genome-wide association studies of agroclimatic traits in *Sorghum*[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 2013, 110(2): 453-458.

[26]Wang Y B, Lv N, Yin F, et al. Research on genotype markers for plant height and assisted breeding of key *Sorghum* resources in China[J]. Genes, 2024, 15(1): 83.

[27]Graham D, Lessman K J. Effect of height on yield and yield components of two isogenic lines of *Sorghum* vulgare Pers. 1 [J]. Crop Science, 1966, 6(4): 372-374.

(编辑:吕俊俐)