

水稻杂种直链淀粉含量的遗传分析*

黄超武 李 锐**

(作物遗传育种研究室)

提 要

本试验在单粒测定直链淀粉含量的条件下,对水稻杂种 F_1 、 F_2 、 F_3 种子进行直链淀粉含量遗传模式的探讨。结果表明:基因剂量效应仅存在部分组合。在高、中直链淀粉含量籼稻/低直链淀粉含量籼稻正反交组合中,高、中直链淀粉含量对低直链淀粉含量表现为完全显性, F_2 为3:1分离,受一对基因控制。部分超亲分离表明可能还受修饰基因的影响。

关键词 水稻;直链淀粉含量;遗传分析

引 言

稻米品质概念中的蒸煮、食用品质是由淀粉的理化性质决定^{[2][5][9][14]}。国际上通常以直链淀粉含量作为鉴定稻米品质的主要指标^{[4][13][15][22][23][25]}。

稻米直链淀粉含量是胚乳性状。胚乳是由母本胚囊中的两个极核和父本的一个精核结合而发育成三倍体,具有3N的染色体组成,性状表达受3N遗传控制^[10]。在杂交种子上会产生胚乳直感现象^[8]。鉴于这一性状的复杂遗传行为,国际上认为对 F_2 种子进行直链淀粉含量的单粒测定,以确定其遗传模式^{[3][9][14-16][18-21][33][34]},关于水稻直链淀粉含量的遗传模式有三种结论:1、一对基因和部分修饰基因:Seetharman^[35]、Kahlon^[24]、Bollich等^[14]、Ghosh等^[18]、Somrith^[36]、Chauhan等^[17]、Chang等^[16]、Hsieh^[20]、Mckenzie^{[28][39]}、Kumar等^[27]、Heda^[19]。2、二对显性或互补基因:Stansel^[87]、Mckenzie^[28]。3、数量性状的多基因: Bollich等^[14]、Puri等^{[82][83]}、Mckenzie^[28]、谢顺景和郭益全^[12]。

我国关于水稻直链淀粉含量的研究工作在80年代才开始^{[7][11]},遗传研究除台湾省学者^[13]外尚未见报道。作者等在解决了水稻单粒直链淀粉含量测定方法^[6]的基础上,进行水稻杂种直链淀粉含量的遗传分析,探索直链淀粉含量的遗传规律,对育种目标所要求的直链淀粉含量的品质育种提供科学依据。

*农业部资助项目。本研究在实验过程中得到华南农业大学伍时照副教授、顾信媛讲师、林映淑同志的帮助,广东省农科院柯苇副研究员在南繁用地和工作的支持,在此表示衷心的感谢。

**现在广东省农科院水稻所工作。

1989年6月6日收稿

材 料 和 方 法

1. 供试品种 选用籼稻品种红突选、光辉、四喜占、红阳矮4号、零五占、桂朝2号、双桂36和糯稻品种华香糯为研究材料。

2. 田间设计

1987年早造: 在华南农业大学育种试验地种植8个品种, 用温汤杀雄法按表1的组合进行正反交配, 每组合收获种子100粒以上。

1987年晚造: 种植8个品种, 同样按表1的组合进行正反交配, 每组合收获种子100粒以上。并将早造杂交种子按组合种植。在 F_1 植株上按株每穗收取种子。並收一定数量的8个亲本种子。

1987年冬至1988年春南繁: 在海南陵水县病虫测报站种植8个亲本品种, F_1 、 F_2 植株, 全部单本插植。同时按表1的组合进行正反交配。田间管理与大田相同。把在同一条条件下收获的亲本、 F_1 、 F_2 、 F_3 种子进行单粒直链淀粉含量分析。

3. 分析方法 应用作者等的水稻单粒直链淀粉含量测定方法^[1]对样品单粒进行测定。

4. 样品分析数量

(1) 亲本: 每品种测定单粒糙米10粒, 其平均数为该品种直链淀粉含量。(2) F_1 : 每杂交组合测定10粒种子的直链淀粉含量, 其平均数为该组合 F_1 的直链淀粉含量。(3) F_2 : 每组合测定3穗全部单粒种子糙米直链淀粉含量。分别测定343~400粒糙米单粒种子。(4) F_3 : 每组合测定120单株以上, 每单株测5粒糙米作为该株直链淀粉含量指标。

试 验 结 果

(一) 基因剂量效应

亲本品种及6个杂交组合的正反交的直链淀粉含量: 四喜占/零五占、四喜占/红阳矮4号、光辉/双桂36、桂朝2号/红突选、桂朝2号/华香糯、红突选/华香糯的正反交 F_1 直链淀粉含量列于表1, 从6个组合的正反交 F_1 种子的直链淀粉含量可以看到: 桂朝2号/红突选、桂朝2号/华香糯两个组合的正反交 F_1 种子直链淀粉含量平均值分别相差6.12%和9.19%, 经t测验呈极显著差异, 这表明由于杂交种子胚乳中Wx基因剂量不同而造成显著差异, 体现基因剂量效应。另外四个组合正反交剂量效应均不显著, 几乎一个高直链淀粉含量亲本的基因效应就足以产生接近高值亲本的直链淀粉含量。

(二) 杂种后代的遗传模式

F_2 种子是 F_1 植株穗上的谷粒, 其基因型已产生分离, 用单粒种子测定其直链淀粉含量可分析其遗传模式。 F_3 种子是 F_2 植株穗上的谷粒。 F_2 谷粒长出来的植株是一个基因型。因

此, 纯合基因型的植株其穗上谷粒呈纯合状态, 不产生分离, 而杂合基因型植株穗上籽粒仍产生基因型分离。作者等在 F_1 采用每植株随机选10粒籽粒, 选取透明的、腹白小的及有垭白的一系列的籽粒5粒进行分析, 以判别其基因型类型。从 F_1 验证 F_2 遗传模式的结果。

表1 亲本品种及 F_1 的直链淀粉含量平均值

杂交组合	直链淀粉含量(%)			
	P_1	F_1 (P_1/P_2)	F_1 (P_2/P_1)	P_2
光辉/双桂36	12.42	24.55	22.08	26.32
桂朝2号/红突选	27.01	24.52**	18.40**	11.75
四喜占/红阳矮4号	15.10	22.11	23.61	24.21
四喜占/零五占	15.10	24.06	24.92	22.20
桂朝2号/华香糯	27.01	26.25**	17.06**	0.32
红突选/华香糯	11.75	2.33	2.19	0.32

稻米直链淀粉含量, 根据国际水稻研究所分级: 高 $>25\%$, 中 $20.1\sim25\%$, 低 $9.1\sim20\%$, 极低 $2.1\sim9.0\%$, 糯性 $<2\%$ 的标准, 本研究直链淀粉含量遗传分离分界点以此为标准, 结合两峰的低谷处分界。

根据华南籼稻“优质软米”育种的需要, 本研究对低直链淀粉含量/高、中直链淀粉含量遗传进行报道。

1. 低直链淀粉含量籼稻/高直链淀粉含量籼稻的遗传。用低直链淀粉含量品种光辉(12.42%)与高直链淀粉含量品种双桂36(26.32%)正反交, F_1 种子直链淀粉含量表现中等直链淀粉水平。正交 F_2 种子直链淀粉含量在 $8\sim18\%$ 的有94粒种子, $19\sim32\%$ 的有294粒种子。经 χ^2 测定, 符合 $1:3$ 分离, F_2 符合 $1:2:1$ 的分离。反交 F_2 种子直链淀粉含量在 $8\sim18\%$ 的有108粒种子, $19\sim33\%$ 的有235粒种子。经 χ^2 测定, 符合 $1:3$ 的分离。 F_2 的种子直链淀粉含量测定亦符合 $1:2:1$ 的分离。 F_2 正反交均表现有超亲个体(表2)。

另一组合高直链淀粉含量品种桂朝2号(27.01%)与低直链淀粉含量品种红突选(11.75%)杂交, 正反交 F_1 中的直链淀粉含量不同, 正交为24.52%, 反交为18.40%, 存在基因剂量效应。正交 F_2 种子直链淀粉含量在 $8\sim20\%$ 的有97粒种子, $21\sim34\%$ 的有248粒种子。反交在 $8\sim20\%$ 的有115粒种子, $21\sim31\%$ 的有285粒种子, 经 χ^2 测定, 均符合 $1:3$ 的分离。正反交 F_2 亦符合 $1:2:1$ 的分离模式。正反交 F_2 均有超亲个体(表3)。

2. 低直链淀粉含量籼稻/中直链淀粉含量籼稻的遗传。用低直链淀粉含量品种四喜占(15.10%)与中等直链淀粉含量的红阳矮4号(24.21%)杂交, 正反交 F_1 种子的直链淀粉含量是中等直链淀粉含量的水平。正交 F_2 种子的直链淀粉含量在 $10\sim20\%$ 的有87粒种子, $21\sim34\%$ 的有268粒种子。反交在 $8\sim19\%$ 的有110粒种子, $20\sim32\%$ 的有257粒种子, 经 χ^2 测定, 正反交均符合 $1:3$ 分离。 F_2 亦符合 $1:2:1$ 的分离。正反交 F_2 均有超亲个体出现(表4)。

表2 光辉/双桂36组合正反交直链淀粉含量的次数分布

群 体	直 链 淀 粉 含 量 (%)		
	平 均	范 围	
光 辉 (P ₁)	12.42	11.95~13.80	
双 桂 36 (P ₂)	26.32	24.75~26.81	
F ₁ (P ₁ /P ₂)	24.55	20.05~25.29	
F ₁ (P ₂ /P ₁)	22.08	19.47~23.32	

群 体	直链淀粉含量 等级(%)	观察次数	1 : 3	$\chi^2_{0.05}$
F ₂ (P ₁ /P ₂)	8—18	94	0.085	<3.841
	19—32	294		
F ₂ (P ₂ /P ₁)	8—18	108	1.252	<3.841
	19—33	235		

群 体	直 链 淀 粉 含 量					1 : 2 : 1	$\chi^2_{0.05}$
	超低亲	低亲	中值	高亲	超高亲		
F ₂ (P ₁ /P ₂)	2	43	83	38	0	0.35	<5.99
P ₂ (P ₂ /P ₁)	1	47	98	51	0	0.17	<5.99

表3 桂朝2号/红突选组合正反交直链淀粉含量的次数分布

群 体	直 链 淀 粉 含 量 (%)	
	平 均	范 围
桂朝2号 (P ₁)	27.01	26.52~27.15
红 突 选 (P ₂)	11.75	11.20~13.11
F ₁ (P ₁ /P ₂)	24.52	20.87~25.04
F ₁ (P ₂ /P ₁)	18.40	17.22~20.17

群 体	直链淀粉含量 等级(%)	观察次数	1 : 3	$\chi^2_{0.05}$
F ₂ (P ₁ /P ₂)	8—20	97	1.624	<3.841
	21—34	248		
F ₂ (P ₂ /P ₁)	8—20	115	2.150	<3.841
	21—31	285		

群 体	直 链 淀 粉 含 量					1 : 2 : 1	$\chi^2_{0.05}$
	超低亲	低亲	中值	高亲	超高亲		
F ₂ (P ₁ /P ₂)	1	45	100	48	0	0.03	<5.99
F ₂ (P ₂ /P ₁)	0	29	64	33	0	0.28	<5.99

表 4 四喜占/红阳矮 4 号组合正反交直链淀粉含量的次数分布

群 体	直 链 淀 粉 含 量 (%)	
	平 均	范 围
四 喜 占 (P ₁)	15.10	14.42~16.15
红阳矮 4 号 (P ₂)	24.21	23.21~25.47
F ₁ (P ₁ /P ₂)	22.11	19.74~23.11
F ₁ (P ₂ /P ₁)	23.61	19.03~23.75

群 体	直链淀粉含量等级(%)	观 察 次 数	1 : 3	$\chi^2_{0.05}$
F ₂ (P ₁ /P ₂)	10~20	87	0.023	<3.841
	21~34	268		
F ₂ (P ₂ /P ₁)	8~19	110	3.190	<3.841
	20~32	257		

群 体	直 链 淀 粉 含 量					1 : 2 : 1	$\chi^2_{0.05}$
	超低亲	低亲	中值	高亲	超高亲		
F ₃ (P ₁ /P ₂)	1	46	82	43	0	0.39	<5.99
F ₃ (P ₂ /P ₁)	0	41	77	38	1	0.16	<5.99

表 5 四喜占/零五占组合正反交直链淀粉含量的次数分布

群 体	直 链 淀 粉 含 量 (%)		
	平 均	范 围	
四 喜 占 (P ₁)	15.10	14.42~16.15	
零 五 占 (P ₂)	22.20	21.70~22.95	
F ₁ (P ₁ /P ₂)	24.06	21.35~24.51	
F ₁ (P ₂ /P ₁)	24.92	21.05~25.05	

群 体	直链淀粉含量等级%	观 察 次 数	1 : 3	$\chi^2_{0.05}$
F ₂ (P ₁ /P ₂)	9~20	97	0.001	<3.841
	21~32	288		
F ₂ (P ₂ /P ₁)	9~19	115	4.630	>3.841
	20~32	252		

群 体	直 链 淀 粉 含 量					1 : 2 : 1	$\chi^2_{0.05}$
	超低亲	低亲	中值	高亲	超高亲		
F ₃ (P ₁ /P ₂)	1	33	72	45	2	2.17	<5.99
F ₃ (P ₂ /P ₁)	0	34	80	46	0	1.80	<5.99

另一组合为四喜占 (15.10%) 与中等直链淀粉含量品种零五占 (22.20%) 杂交, 正

反交 F_1 种子均表现中等直链淀粉含量分别为24.06%和24.92%,其含量均超过双亲。正交 F_2 种子直链淀粉含量在9~20%的有97粒种子,21~32%的有288粒种子,经 χ^2 测定,符合1:3分离。 F_3 符合1:2:1的分离。反交 F_2 在9~19%的有115粒种子,在20~32%的有252粒种子, χ^2 测定不符合1:3分离,但 F_3 结果经 χ^2 的测定符合1:2:1的分离。正反交 F_2 均表现有超亲的个体(表5)。

总结上述低直链淀粉含量籼稻/高、中直链淀粉含量籼稻正反交, F_2 种子直链淀粉含量与 F_3 种子直链淀粉含量均符合1:3的遗传模式,从而可以认为直链淀粉含量是受一对基因控制,其超亲个体是修饰基因作用的结果。

讨 论

对水稻杂种直链淀粉含量遗传模式的研究,早期多用集团分析^{[1][9][27][38][35]}。因为 F_2 种子基因型已产生分离。遗传成份不一致,集团分析用整体混合样代替已产生分离个体值,会造成误差^[20]。作者等用单粒直链淀粉含量测定方法^[9]分析 F_2 种子,能直接反映这一性状的遗传表现,并用 F_3 种子直链淀粉含量的分离模式加以印证,使试验结果能反映客观实际。

本试验表明基因剂量效应只产生在桂朝2号/红突选和桂朝2号/华香糯组合正反交 F_1 种子中,而不是所有高直链淀粉与低直链淀粉含量品种的杂交组合 F_1 均会出现,基因剂量效应仅存在部分组合(表1)。这个结果与Kumar等、Okuno认为水稻高直链淀粉含量(包括糯稻)品种的杂交组合中均存在明显基因剂量效应^{[9][27][30][31]}似有相异之处。

本研究得出关于籼型水稻杂种直链淀粉含量这一胚乳性状是由一对基因控制并有部分修饰基因作用的遗传模式的结论,与Seetharaman^[35]、Kahlon^[24]、Ghosh等^[18]、Somrith^[38]、Chauban等^[17]、Chang等^[10]等、Hsieh^[20]、Kumar等^[27]等人的研究结果相一致。低直链淀粉含量是由隐性单基因控制,因此进行“优质软米”育种时,应有一个低直链淀粉含量的品种作亲本。至于根据相关性状对低直链淀粉含量植株的选择,作者等将另文报道。

引 用 文 献

- [1] 田少华.国外农学—水稻,1985,(6):14—19
- [2] 朱利安诺.稻米品质及其理化分析.中国水稻研究所,1985:183—192
- [3] 朱利安诺.稻米品质及其理化分析.中国水稻研究所,1985:257—264
- [4] 闵绍楷编译.国外农学—水稻,1981,(3):113—123
- [5] 闵绍楷,熊振民.水稻遗传与品种改良.浙江:科学技术出版社,1984
- [6] 李锐,黄超武.广东农业科学,1988,(5):7—9
- [7] 赵式英,申宗坦.浙江农业科学,1983,(3):37—41
- [8] 浙江农业大学主编.遗传学.农业出版社,1987:27
- [9] 库希,古玛,(潘国华译)中国水稻研究所丛刊之五,1987:134—145
- [10] 莫惠栋.遗传学报,1989:16(2):111—117
- [11] 龚育西,汪莲爱.湖北农业科学,1986,(6):3—7

- [12] 谢顺景, 郭益全. 1982; (伍时照译. 农业生态系统. 华南农业大学出版, 1986:88)
- [13] 詹宁斯, 柯夫曼, 考夫曼. 水稻改良. IRRI, 浙江: 科技出版社, 1981
- [14] Bollich, CN and Webb, BD, 1973: *Cereal chem.* 50:631-636
- [15] Chang, TT and Somrith, B, 1979; Proc. of the workshop on chem. aspects rice grain quality, IRRI. 49-57
- [16] Chang, WL and Li, WL, 1981: RA. 1982:5 (7):1262
- [17] Chauham, JS and Nanda, JS, 1981: Thesis Abstr. 7(1):76-77
- [18] Ghosk, AK and Govindaswamy, SG, 1972: *Riso* 21:123-132
- [19] Heda, GD, 1986: *Genetic Agr.* 40(1):435-476
- [20] Hsieh, SG, 1981: RA. 1983;(6):2341
- [21] Juliano, BO, 1971: *Cereal Sci. Today*, 16(10):334-340
- [22] Juliano, BO, 1979: Proc. of the workshop on chem. aspects of rice grain quality, IRRI. 251-260
- [23] Juliano, BO, 1979a: Proc. of the workshop on chem. aspects of rice grain quality, IRRI. 69-90
- [24] Kahlon, PS, 1965: Diss. Abstr. 25:5512-5513
- [25] Khush, GS, Paule, CM and Delacruz, NM, 1979: Proc. of the workshop on chem. aspects of rice grain quality, IRRI. 21-23
- [26] Kumar, I and Khush, GS, 1985: *Rice Genetic. Newslett* 2:67-68
- [27] Kumar, I, Khush, GS and Juliano, BO, 1987: TAG. (37-74):481-488.
- [28] McKenzie, KS, 1981: RA. 1982;5:447
- [29] McKenzie, KS and Rutger, JN, 1983: *Crop Sci.* 23(2):306-313
- [30] Okuno, K, 1978: *Japan J. Genetics*, 53(3):219-222
- [31] Okuno, K and Yano, M, 1984: *JARQ*, 13(2): 73-78
- [32] Puri, RP and Siddiq, EA, 1980a: *Genetic Agr.* 34(1-2): 1-14
- [33] Puri, RP and Siddiq, EA, 1980b: *Genetic Agr.* 34(1-2): 15-34
- [34] Sano, Y, Katsumata, M and Okuno, K, 1983: *Euphytica*, 35(1): 1-9
- [35] Seetharamen, R, 1959: Diss. Abstr. 20:856-857
- [36] Somrith, B, 1974: Ph. D thesis, Indian Agr. Res. Inst. 139
- [37] Stansel, JW, 1975: Diss. Abstr. 27:48

THE GENETIC ANALYSIS OF AMYLOSE CONTENT OF RICE
(*ORYZA SATIVA* L)

Huang Chaowu (Wong Chiumoo) Li Rui

(Crop Research Laboratory of Genetics and Breeding)

ABSTRACT

Based on amylose content determination done on single grain of rice, the present experiment aimed at elucidating the mode of inheritance of amylose content of rice crosses and their reciprocal including F_1 , F_2 , F_3 generations. The results indicated that the gene dosage effect only existed in parts of the crosses and their reciprocal, in the crosses of high/low and middle/low amylose content *hs.en* (*indica*) rice variety, a single major gene in association with modifying genes governed the inheritance of amylose content, high and middle amylose content was completely dominant over low amylose.

Key words: Rice; Amylose content; Genetic analysis