

籼粳稻 F_1 花粉不育性等位基因的 基因型和分化度*

刘桂富 卢永根 张桂权

(华南农业大学农学系, 广州, 510642)

摘要 以台中 65 及其等基因 F_1 不育系为遗传测验种, 测定了栽培稻 (*Oryza sativa* L.) 4 个籼型品种和 10 个粳型品种在 $S-E_2$ 和 $S-E_5$ 基因座上的 F_1 花粉不育基因型和分化度。结果表明, 在这两个基因座上, 籼型品种和粳型品种分别带有高频率、高分化度的 S^i 和 S^j 基因。试验结果支持了单基因座孢子体——配子体互作模式对杂种不育性的解释, 并为栽培稻籼粳亚种的分类提供了新的依据。

关键词 籼粳杂种; 花粉不育性等位基因; 基因型和分化度

中图分类号 Q321.8

栽培稻杂种 F_1 花粉不育性的遗传基础是复杂的, 至今已发现了至少 3 个基因座的 F_1 花粉不育基因(张桂权等, 1989)。在这些基因座上, 存在着一系列不同分化度的 S^i 和 S^j 基因, S^i/S^j 杂合体的不育性取决于 S^i 和 S^j 基因分化度的大小(张桂权等, 1993b)。因此, 了解栽培稻品种本身所携带的 F_1 花粉不育基因型和分化度, 不仅可以对栽培稻杂种的不育性作出合理的解释, 并可反过来为品种的分类提供新的依据。本研究以台中 65 及其等基因 F_1 不育系为遗传测验种, 测定了 14 个栽培稻品种在已知的两个基因座上的 F_1 花粉不育基因型和分化度。

1 材料和方法

1.1 材料

1.1.1 遗传测验种 粳型品种台中 65(编号 E_1) 及其 3 个等基因 F_1 不育系(编号 E_2 , E_5 和 E_{25})。在 $S-E_2$ 和 $S-E_5$ 基因座上, E_1 基因型为 S^i/S^j , 而 E_2 , E_5 和 E_{25} 除了分别在 $S-E_2$, $S-E_5$ 和 $S-E_2$ 及 $S-E_5$ 基因座上, 基因型为 S^i/S^i 外, 其余均与 E_1 相同(张桂权等, 1989)。

1.1.2 供试品种 4 个籼型品种(编号 H), 10 个粳型品种(编号 K)。它们均原产于我国, 名称和编号见表 1。

1.2 方法

试验于 1992 年在广州本校教学实验场进行。以遗传测验种为母本分别与各供试品种杂交。在光学显微镜下观察这些杂种 F_1 的花粉育性(张桂权等, 1989)

1.3 基因模式

1.3.1 单基因座孢子体——配子体互作模式(张桂权等, 1993a) 杂合体 (S^i/S^j) 由于等位基因互作使携带 S^j 基因的雄配子部分败育而产生不育性, 纯合体 (S^i/S^i 或 S^j/S^j) 则育性正常。

1994-03-08 收稿

* 本文为第一作者硕士论文的一部分, 指导教师为卢永根教授

1.3.2 基因分化度(张桂权等,1993b) 基因分化度(d)按下式计算:

$$d = (f_1 - f_2) / f_2 \quad (f_1 \geq f_2) \tag{1}$$

(1)式中, f_1 和 f_2 分别表示某品种与在某基因座上分别携带 S^i/S^i 和 S^j/S^j 基因型的两个等基因系杂交的 F_1 可育花粉率。

2 结果和分析

2.1 籼粳品种的基因型

观察了遗传测验种与各籼粳品种杂交的 F_1 花粉育性(表1)。

表1 遗传测验种与各品种杂交 F_1 的可育花粉率⁽¹⁾(%±sin⁻¹√%)

品种名 (♂)	编号	测 验 种 (♀)			品种名 (♂)	编号	测 验 种 (♀)		
		E ₁	E ₂	E ₃			E ₁	E ₂	E ₃
新特青	H ₁	24.0±2.5	28.5±1.6	38.3±0.8	秀水 04	K ₄	46.0±2.8	5.8±2.9	73.7±2.8
三熟早	H ₂	24.8±0.7	34.5±2.5	40.6±1.3	寒 丰	K ₅	71.4±3.4	5.9±6.3	75.0±4.6
新秀 299	H ₃	39.2±1.1	42.8±2.0	67.8±0.9	64115	K ₆	57.0±3.4	53.3±2.4	51.7±2.1
胜 优	H ₄	34.2±2.2	33.0±4.0	39.6±2.6	宁恢 32	K ₇	57.9±3.0	11.8±2.5	82.5±2.5
沪选 19	K ₁	71.0±3.4	16.8±1.6	24.6±2.5	皖恢 31	K ₈	74.4±3.6	39.1±2.5	81.6±3.7
农虎 6号	K ₂	31.6±3.4	6.6±2.2	37.5±1.8	优抗 2131	K ₉	58.1±2.5	2.6±9.3	22.9±1.0
秀水 620	K ₃	20.2±0.6	1.4±2.5	10.6±1.6	湘虎 115	K ₁₀	54.1±4.6	22.8±2.1	64.1±0.3

(1) 为 20 个单株的平均数

各杂种 F_1 的花粉育性多数均较低,且每个品种与 E_2 或 E_3 的杂种 F_1 较之与 E_1 的杂种 F_1 ,多数花粉育性虽不同但差异不很大。表明这些杂种 F_1 的花粉育性是由多个基因座的杂合基因(S^i/S^j)所控制,且每对杂合基因对花粉育性的作用是微小的。

比较各品种与 E_1 杂交的 F_1 花粉育性同它们与 E_2 和 E_3 杂交的 F_1 花粉育性的大小,根据某个基因座上纯合体(S^i/S^i 或 S^j/S^j)的花粉育性必高于杂合体(S^i/S^j)的原则(张桂权等,1989;1993a),确定了各籼粳品种在 $S-E_2$ 和 $S-E_3$ 基因座上的基因型(表2)。

表2 各品种在 $S-E_2$ 和 $S-E_3$ 基因座上的基因型及分化度⁽¹⁾

品 种	$S-E_2$	$S-E_3$	品 种	$S-E_2$	$S-E_3$
H ₁	+0.16	+0.38	K ₄	-0.87	+0.38
H ₂	+0.28	+0.39	K ₅	-0.92	+0.05
H ₃	+0.08	+0.42	K ₆	-0.06	-0.09
H ₄	-0.04	+0.14	K ₇	-0.80	+0.30
K ₁	-0.85	-0.65	K ₈	-0.47	+0.09
K ₂	-0.79	+0.16	K ₉	-0.46	-0.61
K ₃	-0.93	-0.48	K ₁₀	-0.58	+0.16

(1) + 表示 S^i/S^i 基因型, - 表示 S^j/S^j 基因型, 数字表示基因分化度

不同的品种带有不同的基因型。一些品种带有 S^i/S^i 基因型,另一些则带有 S^j/S^j 。表明这些品种在分化方向上存在着差异。

不同类型的品种具有不同的 S^i 和 S^j 基因的频率(表 3)。籼型品种 S^i 基因的频率较高, S^j 基因的频率较低; 梗型品种则 S^i 基因的频率较低, S^j 基因的频率较高。表明这些品种在 $S-E_2$ 和 $S-E_5$ 基因座上的基因型与品种类型的分化有着内在的联系。

表 3 不同类型品种在 $S-E_2$ 和 $S-E_5$ 基因座上等位基因的频率 (f) 和平均分化度 ($\bar{d}$)

品种类型	$S-E_2$		$S-E_5$		平 均	
	S^i	S^j	S^i	S^j	S^i	S^j
籼型品种 $\frac{f}{d}$	0.75	0.25	1.00	0	0.88	0.12
	0.17	0.04	0.33	0	0.26	0.04
	(3) ⁽¹⁾	(1)	(4)		(7)	(1)
梗型品种 $\frac{f}{d}$	0	1.00	0.60	0.40	0.30	0.70
	0	0.72	0.19	0.46	0.19	0.65
		(10)	(6)	(4)	(6)	(14)
总 计 $\frac{f}{d}$	0.21	0.79	0.71	0.29	0.46	0.54
	0.17	0.66	0.25	0.46	0.23	0.61
	(3)	(11)	(10)	(4)	(13)	(15)

(1) 括号内数字为基因数

根据表 1, 利用(1)式估算了各籼梗品种在 $S-E_2$ 和 $S-E_5$ 基因座上的 S^i 或 S^j 基因的分化度(表 2)。

不同的品种具有不同的 S^i 或 S^j 基因的分化度, 分布在 0 至 1 之间。表明这些品种在分化程度上存在着差异。

不同类型的品种具有不同的 S^i 和 S^j 基因平均分化度(表 3)。籼型品种的 S^i 基因平均分化度较大, S^j 基因平均分化度较小; 梗型品种则 S^i 基因平均分化度较小, S^j 基因平均分化度较大。表明这些品种在 $S-E_2$ 和 $S-E_5$ 基因座上的 S^i 和 S^j 基因的分化度也与品种类型的分化有着内在的联系。

2.3 遗传测验种 E_{25} 种子结实率的佐证

比较了各遗传测验种分别与品种 H_2 、 K_4 和 K_6 杂交的 F_1 花粉育性及其杂合基因座数(表 4)。

各 F_1 杂种在 $S-E_2$ 和 $S-E_5$ 基因座上的杂合基因座数越多, 花粉育性则越低; 且 $E_1 \times A$ (A 为任一品种) 与 $E_{25} \times A$ 组合的 F_1 花粉育性的乘积, 近似等于 $E_2 \times A$ 与 $E_5 \times A$ 组合的 F_1 花粉育性的乘积。结果符合 n 个基因座杂合的杂种, 其花粉育性等于这 n 个基因座分别单一杂合时杂种的花粉育性相乘积的原则(张桂权等, 1989; 1993a)。

观察了各杂种 F_1 的种子结实率(表 5)。与表 1 比较, 同父本的各杂种 F_1 的种子结实率与花粉育

表 4 遗传测验种与品种 H_2 、 K_4 和 K_6 杂交 F_1 的可育花粉率 ($\% \pm \sin^{-1} \sqrt{\%}$)⁽¹⁾

品种 (δ)	测 验 种 (φ)			
	E_1	E_2	E_5	E_{25}
H_2	24.8 ± 0.7	34.5 ± 2.5	40.6 ± 1.3	56.9 ± 2.2
	(2)	(1)	(1)	(0)
K_4	46.0 ± 2.8	5.8 ± 2.9	73.7 ± 2.8	8.6 ± 1.2
	(1)	(2)	(0)	(1)
K_6	57.0 ± 3.4	53.3 ± 2.4	51.7 ± 2.1	47.8 ± 2.5
	(0)	(1)	(1)	(2)

(1) 括号内数字为在 $S-E_2$ 和 $S-E_5$ 基因座上的杂合基因对数

性绝大多数呈大小一致的变化趋势。结果符合杂种的种子结实率与可育花粉率有显著的正相关的原则(张桂权等,1987;1989)。

表5 遗传测验种与各品种杂交的F₁种子结实率⁽¹⁾ %

品种♂	测验种(♀)			品种♂	测验种(♀)		
	E ₁	E ₂	E ₃		E ₁	E ₂	E ₃
H ₁	46.0	49.1	51.8	K ₄	91.1	40.8	95.5
H ₂	55.3	58.8	79.7	K ₅	95.3	9.7	91.0
H ₃	55.5	57.2	63.3	K ₆	62.1	61.8	48.6
H ₄	71.9	71.3	73.2	K ₇	92.7	9.1	96.0
K ₁	94.1	59.5	85.1	K ₈	96.8	74.8	97.4
K ₂	96.9	23.0	97.3	K ₉	95.9	11.9	27.8
K ₃	55.6	0	22.5	K ₁₀	90.4	51.8	93.7

(1) 为20个单株的平均数

3 讨论

栽培稻杂种不育性遗传基础的研究,往往因其本身的复杂性,以及不同遗传背景对杂种不育性的影响,而难以找到有效的研究方法(张桂权等,1987)。本研究采用台中65及其等基因系为遗传测验种,在相同的遗传背景下把多基因座控制的杂种不育性分解为单基因座控制的杂种不育性,而逐一揭示出来的方法,简单有效,为杂种不育性遗传基础的研究提供了新的研究途径。

栽培稻杂种不育性的原因,修改后的单基因座孢子体——配子体互作模式(张桂权等,1993a)认为主要取决于两方面,即F₁花粉不育基因的杂合座数和相对基因各自分化度的大小。本研究结果表明,不同的品种在S-E₂和S-E₃基因座上带有不同类型和分化度的Sⁱ和S^j基因,因而不同品种杂交的F₁杂种表现出不同程度的不育性;籼型品种和粳型品种在S-E₂和S-E₃基因座上分别带有高频率、高分化度的Sⁱ和S^j基因,因而籼型品种与粳型品种间杂交的F₁杂种往往表现出更低的花粉育性。试验结果支持了单基因座孢子体——配子体互作模式对杂种不育性的解释。

栽培稻杂种的不育性一直是品种分类的依据,但只限于从不育性的表现上分析它们间的关系(程侃声等,1984)。本研究结果表明,在S-E₂和S-E₃基因座上,高频率的Sⁱ或S^j基因,将使品种向着籼型或粳型方向分化,而Sⁱ或S^j基因的分化度越高,则使品种的籼性或粳性程度越强。所揭示的品种分化方向和分化程度是一致的。试验结果从杂种不育性的基因型上分析了它们间的关系,为籼、粳亚种的分类提供了定量分析的基础。

参 考 文 献

张桂权,卢永根. 1987. 栽培稻杂种不育性的遗传基础. 华南农业大学学报, 8(3):52~62
张桂权,卢永根. 1989. 栽培稻杂种不育性的遗传研究. I. 等基因F₁不育系杂种不育性的双列分析. 中国水稻科学, 3(3):97~101
张桂权,卢永根. 1993a. 栽培稻杂种不育性的遗传研究. II. F₁花粉不育性的基因模式. 遗传学报, 20(3): 222~228

张桂权, 卢永根, 刘桂富, 等. 1993b. 栽培稻杂种不育性的遗传研究. III. 不同类型品种 F_1 花粉不育性的等位基因分化. 遗传学报, 20(6): 541 ~ 551

程侃声, 周季维, 卢义宣, 等. 1984. 云南稻种资源的综合研究与利用. II. 亚洲栽培稻分类的再认识. 作物学报, 10(4): 271 ~ 280

GENOTYPE AND DIFFERENTIATION DEGREE OF F_1 POLLEN STERILE ALLELES BETWEEN HSIEN(INDICA) AND KENG (JAPANICA) VARIETIES IN RICE

Liu Guifu Lu Yonggen Zhang Guiquan

(Dept. of Agronomy, South China Agr. Univ., Guangzhou, 510642)

Abstract

Used Taichung 65 and its isogenic F_1 -sterile lines as maternal genetic testers, the genotype and differentiation degree of F_1 pollen sterile alleles at $S-E_2$ and $S-E_5$ loci sets among 4 hsien and 10 keng varieties of cultivated rice (*Oryza sativa* L.) were tested. The results showed that hsien and keng varieties had respectively high frequency and differentiation degree of S^i and S^j genes at the two loci sets. The results supported the hypothesis of "one locus sporo-gametophytic interaction model" about the hybrid sterility, and provided new base for the classification of varieties between subsp. hsien and subsp. keng in cultivated rice.

Key words hybrid between hsien and keng varieties; pollen sterile allele; genotype and differentiation degree