

文章编号: 1001-411X(2000)03-0001-04

粳型光温敏核不育基因的等位性研究

廖亦龙¹, 万邦惠²

(1 广东省农科院水稻研究所, 广东 广州 510640; 2 华南农业大学农学系, 广东 广州 510642)

摘要: 将 4 种不同种质的 7 个粳型光温敏核不育水稻在可育期内相互杂交, 将其杂交组合的 F_1 、 F_2 代在广州长日高温条件下种植, 观察其育性表现, 并进行等位性测验。结果表明, N12S 与 N18S 的不育基因完全等位, W7415S 与 5460S 之间, 安农 S-1 与 W7415S、N12S(N18S) 之间光温敏不育基因部分等位, 即它们两两之间存在 1 对位点相同的不育基因。W6154S 与所有其他 6 个不育系, 衡农-1S 与所有其他 6 个不育系, 5460S 与 W7415S 之外的其他 5 个不育系, 不育基因均完全不等位。文章还对不育基因等位性划分标准以及光温敏不育系的转育利用问题进行了探讨。

关键词: 粳稻; 光温敏雄性核不育系 (PTGMS); 育性分离; 等位性

中图分类号: S511.210.2

文献标识码: A

目前对农垦 58S 及其衍生不育系之间不育基因的等位性研究较多, 结果认为: 1) 农垦 58S 及其衍生的粳型不育系之间不育基因彼此等位^[1]; 2) 农垦 58S 及其衍生的粳型不育系之间, 不育基因等位或不等位^[2-4]; 3) 不同来源的粳型不育系之间, 不育主基因不等位^[5-7]。那么, 4 种不同种质的粳型光温敏核不育基因之间的相互关系如何? 迄今为止, 报道极少。而且, 前人的研究多数停留在对不育系间互交 F_1 代的育性表现上, F_1 代不育则两不育系间不育基因彼此等位。反之, 则不等位。其实, 光温敏核不育基因的遗传规律较为复杂, 且具有多样性^[1]。因此, 笔者于 1993~1995 年研究了 4 种不同来源的粳型光温敏核不育系互交 F_1 、 F_2 代的育性表现, 旨在进一步探明不同来源不育系间不育基因的等位关系, 为两用核不育系的转育利用提供參考。

1 材料与方法

1.1 试验材料

农垦 58S 衍生粳型不育系 W6154S、W7415S、N12S、N18S (其中 N12S、N18S 由华南农业大学育成并提供), 和 3 个不同来源的温敏核不育系 5460S、安农 S-1、衡农-1S。其中 W6154S、W7415S、N12S、N18S 和 5460S 的育性由核内隐性双基因控制, 安农 S-1、衡农-1S 由核内隐性单基因控制^[8,9]。

1.2 试验方法

1993 和 1994 年秋季在广州、1994 年春季在海南用 7 个粳型光温敏不育系进行互交。所有互交组合于 1995 年 3 月 8 日播种, 抽穗期考察其花粉育性及自

交结实率。1995 年秋季高温条件下观察其育性表现。

育性鉴定以花粉育性为主, 并结合单株目测和套袋自交结实率进行。当单株主穗抽出 1/3~2/3 时, 取 3~6 朵颖花用 FAA 液固定, 镜检时混合压片, 然后用 $\varphi=1\%$ 的 I_2-KI 染色, 10×10 倍显微镜下观察 3 个视野, 记录花粉可育率, 统计求平均。将花粉粒圆形、大小正常、染色均匀者计为可育花粉, 其余各类均计为不育。将花粉可染率按 0~5、10~15、15~20、20~30、30~40、40~50、50~60、60~70、70~80、80~100 等 11 个区分组, 统计落入该区的次数, 并换算成频数, 以频数为纵坐标, 花粉可染率为横坐标, 使用 Lotus 1-2-3 作图, 按峰与峰之间的低谷划线, 区分育性类型。单株目测以株型、包颈程度、花药形态等为观察指标。凡株型紧凑、包颈明显、花药色白瘦小且不开裂或无孔裂者均计为不育, 其余计为可育。结实率调查, 凡子房膨大伸长并有淀粉粒累积者均计为实粒。以同期开花的不育系的育性作对照, 区分杂种的育性类型。用经连续性矫正的 χ^2 值进行遗传适合性检验。

2 结果与分析

2.1 不育系间互交 F_1 代育性表现

以同期开花的亲本不育系作对照, 考察了 25 个不育系间互交 F_1 代花粉育性及套袋自交结实率, 结果列于表 1。由表 1 可以看出: 1) 同一对亲本不育系间正、反交 F_1 代育性差异不显著, 说明其育性由核基因控制, 与细胞质无关。2) 4 种不同种质的光温敏不育系间互交 F_1 均表现可育, 表明不同种质光温敏

核不育主基因互不等位, 但育性因组合不同而有较大差异. 如安农 S—1 与 N12S、W7415S 配组的 F₁ 代, 自交结实率分别为 (77. 16 ± 7. 127) %、(67. 08 ± 2. 068) %, 初步认为他们两两之间不育基因部分等位. 3) N12S 与 N18S 互交 F₁ 代在同期抽穗的亲本不育系表现稳定不育时, 也都表现不育, 认为 N12S 与 N18S 的不育基因彼此等位. 但 F₁ 代也存在一定程度的花粉可染率和自交结实率. 这种现象在前人的研究中

均有报道, 普遍认为由微效修饰基因所致; W7415S 与 N12S 正、反交 F₁ 花粉可染率分别为 42. 30 %、44. 56 %, 结实率分别为 69. 22 %、56. 11 %. W7415S 与 N18S 正、反交 F₁ 花粉育性分别为 58. 37 %、79. 72 %, 结实率分别为 63. 89 %、68. 66 %. 初步认为 W7415S 与 N12S、N18S 均部分等位. 即它们彼此之间存在 1 对位点相同的不育基因; W6154S 与其他 3 个农垦 58S 衍生不育系的不育基因完全不等位.

表 1 各不育系互交 F₁ 代育性表现¹⁾

(广州 1995)

Tab. 1 Fertility performance of F₁ generations from crosses among PTGMS

(Guangzhou)

组合 combinations	观察时期(月-日) surveying date(M-D)	花粉可染率 stained pollen rate/%	自交结实率 self seed-setting rate/%
N18S/W7415S	07-06	63. 21 (16)	68. 66 (5)
W7415S/N18S	06-29	58. 37 (15)	63. 81 (6)
安农 S—1 AnnongS—1/W7415S	07-03	88. 49 (10)	77. 16 (10)
W7415S/W6154S	07-05	86. 14 (20)	81. 30 (4)
N12S/W6154S	06-28	85. 67 (13)	80. 58 (9)
N18S/W6154S	06-29	87. 04 (9)	85. 28 (6)
安农 S—1 AnnongS—1/W6154S	06-29	82. 54 (8)	76. 70 (11)
W6154S/ 安农 S—1 AnnongS—1	06-29	75. 30 (10)	
衡农—1S Hengnong—1S/W6154S	06-28	84. 58 (14)	76. 40 (6)
W6154S/ 衡农—1S Hengnong—1S	06-28	78. 36 (9)	75. 09 (8)
5460S/W6154S	07-04	94. 10 (8)	84. 94 (6)
W6154S/ 5460S	06-27	88. 45 (6)	85. 40 (9)
W7415S/N12S	06-27	42. 38 (8)	44. 56 (8)
N18S/N12S	07-04	8. 42 (13)	6. 27 (8)
安农 S—1 AnnongS—1/N12S	07-27	83. 00 (8)	67. 08 (6)
N12S/ 安农 S—1 AnnongS—1	07-05	86. 10 (17)	
衡农—1S Hengnong—1S/N12S	07-02	93. 19 (6)	
5460S/N12S	06-29	89. 92 (8)	84. 25 (5)
N12S/ 5460S	07-02	89. 45 (12)	87. 78 (5)
安农 S—1 AnnongS—1/N18S	06-26	93. 31 (8)	90. 13 (7)
衡农—1S Hengnong—1S/N18S	07-04	92. 76 (10)	
N18S/ 衡农—1S Hengnong—1S	06-28	91. 38 (6)	90. 30 (5)
5460S/ 安农 S—1 AnnongS—1	06-29	90. 11 (11)	82. 98 (6)
N18S/ 5460S	07-02	91. 87 (6)	85. 99 (5)
衡农—1S Hengnong—1S/ 5460S	07-02	92. 67 (7)	89. 98 (7)

1) 表中括号内数据表示调查株数.

2.2 不育系间杂交 F₂ 代育性分离及等位性分析

表 2 列出了 17 个组合 F₂ 代在广州自然长日高温条件下的育性分离状况. 结果表明: 1) 两不育系正、反交其 F₂ 代分离模式相同, 符合相同的遗传比例. 如 W6154S 与 W7415S、W6154S 与 5460S 正、反交均符合 1 : 3 的育性分离比例. 进一步表明育性的遗传由核基因所控制, 不存在细胞质效应. 2) 单基因不育系与双基因不育系杂交后, F₂ 代育性分离较为复

杂, 分离模式具有多样性. 如安农 S—1/N12S F₂ 育性分离符合 1 : 1 的遗传比例; 安农 S—1/N18S F₂ 符合 1 : 2 的遗传比例; 安农 S—1/W6154S、衡农—1S/N12S F₂ 代育性符合 1 : 3 的分离比例, 但群体可育与不育的实际比例大于 3 : 1, 表现为可育株偏多; 衡农—1S 与 W6154S 正、反交 F₂ 群体不育与可育之比分别为 1 : 6. 9149、1 : 8. 1538, 不符合任何遗传模式, 具有非典型性; 5460S/ 安农 S—1 F₂、N18S/ 衡农—1S F₂

表 2 各不育系互交 F₂ 代育性分离模式

Tab. 2 Fertility segregation pattern of F₂ population from crosses among PTGMS

组合 combination	总株数 total plants	不育株 sterile plants	可育株 fertile plants	实际比例 actual ratio	期望比例 expected ratio	χ^2 ¹⁾	P/ %
W6154S/ W7415S	415	8	407	1∶50.875	1∶63	0.1616	50~75
W7415S/ W6154S	74	1	73	1∶73.000	1∶63	0.1038	50~75
N12S/ W7415S	86	24	62	1∶2.583	1∶3	0.2481	50~75
N18S/ W7415S	149	35	114	1∶3.257	1∶3	0.1096	50~75
5460S/ W7415S	286	78	208	1∶2.667	1∶3	0.6713	25~50
N18S/ W6154S	219	12	207	1∶17.250	1∶15	0.9513	25~50
安农 S-1 AnnongS-1/ W6154S	117	23	94	1∶4.087	1∶3	1.5671	10~25
衡农-1S Hengnong-1S/ W6154S	372	47	325	1∶6.915			
W6154S/ 衡农-1S Hengnong-1S	238	26	212	1∶8.154			
5460S/ W6154S	392	7	385	1∶55.000	1∶63	0.0233	75~90
W6154S/ 5460S	208	4	204	1∶51.000	1∶63	0.0195	>90
安农 S-1 AnnongS-1/ N12S	183	78	105	1∶1.346	1∶1	3.6940 [*]	5~10
5460S/ N12S	412	8	404	1∶50.500	1∶63	0.1781	50~75
安农 S-1 AnnongS-1/ N18S	310	112	198	1∶1.768	1∶2	0.9681	25~50
5460S/ 安农 S-1 AnnongS-1	71	3	68	1∶22.670	1∶15	0.2113	50~75
N18S/ 衡农-1S Hengnong-1S	347	22	325	1∶14.773	1∶15	0.0017	>90
衡农-1S Hengnong-1S/ 5460S	342	81	261	1∶3.222	1∶3	0.2495	50~75

1) $\chi^2_{(0.05)}=3.84$; “*”表示差异达 5% 的显著水平

代群体育性分离符合 1∶15 的遗传比例。由于恢复基因的不完全显性及剂量效应^[8]等原因的存在, 因此认为 F₂ 群体中可育与不育实际比例小于 3∶1 的组合中, 两不育系的不育基因部分等位, 即彼此之间存在 1 对位点相同的不育基因。进一步证实, 安农 S-1 与 N12S、N18S 部分等位。而 W6154S 与安农 S-1、衡农-1S 之间, 5460S 与安农 S-1、衡农-1S 之间, N18S 与衡农-1S 之间, 不育基因完全不等位(图 1)。3) 双基因不育系间杂交 F₂ 代育性分离模式同样具有多样性, 如以 N12S、N18S、5460S 为母本与 W7415S 杂交 F₂ 代育性分离符合 1∶3 遗传比例; N18S/W6154S F₂ 群体育性符合 1∶15 的分离比例, 但不育与可育之实际比例为 1∶17.25, 小于 1∶15。W6154S 与 W7415S 正、反交 F₂, W6154S 与 5460S 正、反交 F₂, 以及 5460S/N12S F₂ 代育性均符合 1∶63 的遗传比例。同样由于恢复基因的不完全显性及剂量效应的存在, 认为 F₂ 群体中可育与不育的实际比例小于 15∶1 的组合中, 不育基因部分等位。从而进一步证实 N12S、N18S、5460S 均与 W7415S 部分等位, 而 N12S 与 5460S, W6154S 与 5460S、N18S、W7415S 之间, 不育基因完全不等位(图 1)。

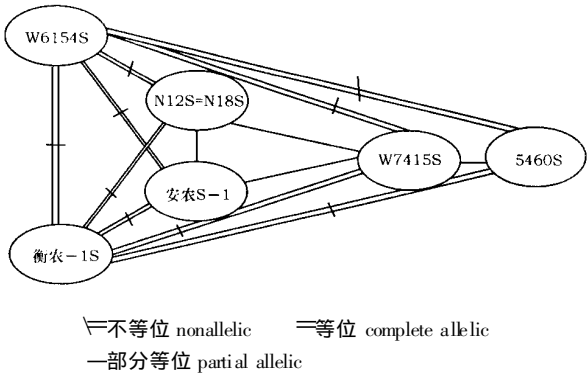


图 1 不育基因等位关系简图

Fig. 1 Allelism among different sterile lines

3 结论与讨论

3.1 光温敏不育基因的等位性问题

关于光温敏不育基因的等位性, 前人的研究结果普遍认为, 不育基因之间要么等位, 要么不等位。本研究认为, 不育基因之间的相互关系还存在部分等位现象。具体表述如下: 1) 如果单基因不育系与双基因不育系部分等位, 即彼此之间存在 1 对位点相同的不育基因(s₁s₁), 那么它们的基因型可以分别假定为 s₁s₁、s₁s₁s₂s₂, 两不育系间只有 1 对育性基因的差异。在其互交后代中 s₁ 位点始终处于纯合隐性状态不参加育性分离。而单基因不育系中则存在与

不育基因 s_2 位点相同的显性恢复基因 S_2 , 杂合子 S_2s_2 在其 F_2 代则以 3:1 的比例进行分离. 因此, 我们可以把 3:1 这一遗传比例作为划分单基因不育系与双基因不育系部分等位的阈值. 2) 如果 2 个双基因不育系部分等位, 那么他们的基因型可以假定为 $s_1s_1s_2s_2$ 、 $s_1s_1s_3s_3$. 同样, 在两不育系杂交后代中 s_1 始终处于纯合隐性状态而不参加育性分离, 而 s_2 、 s_3 则在 F_2 后代中以 15 可育:1 不育的比例分离. 因此, 可以把 15:1 这一遗传比例作为划分 2 个双基因不育系彼此部分等位的阈值. 事实上, 由于显性恢复基因的不完全显性及剂量效应的存在^[8], 群体中基因型 $Ssss$ 个体在长日高温条件下表现不育. 张廷壁也曾报道过从杂种后代中选择而来的不育株依然会发生育性分离的现象^[10]. 因此, 为准确起见, 应按可育与不育之实际比例小于 15:1 作为划分他们部分等位的阈值. 部分等位的划分能很好地解释 2 个单基因

不育系杂交 F_2 代、单基因不育系与双基因不育系杂交 F_2 代均按 1:3(4:12)分离的现象; 以及单基因不育系与双基因不育系杂交 F_2 代、两个双基因不育系杂交 F_2 代均按 1:15 分离的现象.

在本研究中, 由于 W7415S、W6154S、衡农—1S 彼此不等位, 可以设定它们的基因型分别为 $s_1s_1s_2s_2$ 、 $s_3s_3s_4s_4$ 、 s_5s_5 . N12S 与 N18S 不育基因完全等位, 且均与 W7415S、安农 S—1 部分等位, 具有位点相同的 1 对不育基因(设定为 s_1), 而 N12S(N18S)与 W6154S、衡农—1S 彼此不等位. 则 N12S(N18S)、安农 S—1 的基因型可以设定为 $s_1s_1s_6s_6$ 、 s_1s_1 . 5460S 除与 W7415S 部分等位之外, 与其余所有不育系均不等位, 则其基因型可以设定为 $s_2s_2s_7s_7$. 因此, 各不育系的等位关系可以表示如下(表 3). 从表 3 可知, 安农 S—1 与衡农—1S 不等位, 与陈顺辉^[7]等人的研究结果一致.

表 3 不育系之间不育基因的等位关系
Tab. 3 Allelism among sterile lines

不育系 sterile line	不育系 sterile lines					
	W7415S ($s_1s_1s_2s_2$)	W6154S ($s_3s_3s_4s_4$)	N12S ($s_1s_1s_6s_6$)	N18S ($s_1s_1s_6s_6$)	安农 S—1 Annongs—1 (s_1s_1)	衡农—1S Hengnong—1S (s_5s_5)
W6154S($s_3s_3s_4s_4$)	不等位					
N12S($s_1s_1s_6s_6$)	部分等位	不等位				
N18S($s_1s_1s_6s_6$)	部分等位	不等位	等位			
安农 S—1 Annongs—1(s_1s_1)	部分等位	不等位	部分等位	部分等位		
衡农—1S Hengnong—1S(s_5s_5)	不等位	不等位	不等位	不等位	不等位	
5460S($s_2s_2s_7s_7$)	部分等位	不等位	不等位	不等位	不等位	不等位

3.2 粳型光温敏核不育系的利用问题

实践证明, 随着不育系繁殖世代的增加, 多数不育系的花粉不育率难以达到规定的标准, 不育起点温度也会发生漂移, 影响杂种纯度及一些优良组合的推广应用. 因此, 改良核不育系的育性特点及降低不育起点温度成为当前两系杂交稻育种的重点之一. 本研究结果启示我们, 采用不育基因等位或部分等位的不育系杂交, 会产生大批育性各不相同的不育群体, 从而扩大有效选择的群体数量, 有可能选择到育性稳定、不育起点温度低的不育系. 用不育基因彼此不等位、综合性状优良的不育系杂交, 由于基因的重组, 也可望获得新型的光温敏核不育基因, 育成符合生产要求的新型不育系.

参考文献:

[1] 孙宗修, 程式华. 杂交水稻育种——从三系、两系到一系 [M]. 北京: 中国农业科技出版社, 1994. 150—169
[2] 朱英国, 扬代常. 光周期敏感核不育水稻的研究利用

[M]. 武汉: 武汉大学出版社, 1992. 57—96
[3] 梅明华, 李泽炳, 谢国生. 农垦 58S 及其转育的光(温)敏核不育系的等位性测验[J]. 湖北农业科学, 1992 (1): 3—6
[4] 梅明华, 李泽炳. 粳型光(温)敏核不育系的不育基因等位性研究[J]. 华中农业大学学报, 1993, 12(5): 407—413.
[5] 黄群策, 向茂成. 三类水稻两用雄性核不育基因的等位性研究[J]. 湖南农业科学, 1992 (4): 9—10.
[6] 李新奇. 四个水稻核不育材料育性转换特征的遗传分析[J]. 杂交水稻, 1990 (1): 10—13.
[7] 陈顺辉, 卢浩然. 粳型温敏核不育基因的等位性研究[J]. 中国农业科学, 1996, 29(1): 27—33.
[8] 廖亦龙, 万邦惠. 粳型光温敏核不育水稻不育性的遗传研究[J]. 华南农业大学学报, 1999 (4): 38—43.
[9] 廖亦龙, 万邦惠. 四种温敏核不育水稻不育性的遗传分析[J]. 福建稻麦科技, 1998 16(3): 1—4
[10] 张廷壁. 湖北光敏感核不育水稻的遗传研究[J]. 中国水稻科学, 1988, 2(3): 123—128

(下转第 16 页)

protein in seedling[J] . Plant Physiol, 1979, (59): 315—318 [7] MILLER G W. The effects of fluoride on higher plants[J] .
[6] CHANCE B. MAEHLY A C. Assay of catalase and peroxidase Fluoride, 1993, 26(1): 3—22
[J] . Methods Enzymol, 1955, (2): 764—775.

Some Effects of Fluoride Pollution and Fruit Bagging on Fruit Developmental
Physiology in Mango (*Mangifera indica* L.)

WANG Ju-fang¹, WU Ding-yao²

(1 College of Food and Bioengineering, South China University of Technology, Guangzhou 510641, China;

2 Dept. of Horticulture, South China Agric. Univ., Guangzhou 510642, China)

Abstract: Contents of MDA in mango peel went up continuously under fluoride pollution, and it's SOD, CAT, POX enzyme activities increased in initiative developmental stage and reached a climax in 33 days after flower shedding and descended rapidly later. As a result, black tip symptoms were appeared. Fruit bagging was a physical measure to isolate fluoride pollution and early bagging pulled the enzyme activities back to normal level so mango fruit could developed normally; However, fruit bagged in late period, enzyme activities were disordered and black tip symptoms appeared. Harmful ethylene in mango fruit was excreted in 33 days after flower shedding and fruit black tip symptoms appeared heavy when fruit exposed under fluoride pollution. Black tip symptoms can be reduced effectively by decreasing the contents of harmful ethylene via fruit bagging before 33 days after flower shedding.

Key words: mango (*Mangifera indica* L., Zihua); fluoride pollution; fruit bagging; fruit developmental physiology

【责任编辑 柴 焰】

(上接第 4 页)

The Allelism of Photo-Thermo-Sensitive Genic Male Sterile Genes of Indica Rice

LIAO Yi-long¹, WAN Bang-hui²

(1 Rice Research Institute, Guangdong Academy of Agric. Sci., Guangzhou 510640, China;

2 Dept. of Agromomy, South China Agric. Univ., Guangzhou 510642, China)

Abstract: Fertility of F₁ and F₂ generation of the crosses among seven indica photo-thermo-sensitive genic male sterile (PTGMs) lines of four different sources was analyzed in the season of high temperature with long daylight in Guangzhou from 1993 to 1995. Results indicated that sterile lines N12S and N18S possessed two pairs of recessive alleles for male sterility . W7415S and 5460S, AnnongS-1, W7415S and N12S (N18S) were partially allelic , meaning that they possessed one pair of allelomorphs. But the sterile genes of W6154S, Hengnong-1S were nonallelic to that of the other six of PTGMs , 5460S was nonallelic to the other five PTGMs except W7415S. Meanwhile, the differentiation from partial allelism to complete allelism, and the utilization of the photo-thermo-sensitive genic male sterile gemplasm in hybrid rice breeding were also discussed in this paper.

Key words: rice; photo-thermo-sensitive genic male sterile lines ; fertility segregation; allelism

【责任编辑 周志红】