

水稻杂种 F₁ 结实率与亲本程氏指数差异和同工酶遗传距离的关系及其预测研究

段中岗^{1,2} 王亚琴^{1,3} 梁承邨^{1*}

(1. 中国科学院华南植物园, 广东 广州 510650; 2. 惠州学院, 广东 惠州 516015;
3. 华南理工大学食品与生物工程学院, 广东 广州 510640)

摘要:以 4 个籼粳测验种做母本按 NCII(4×90)设计配置的 360 个杂交 F₁ 组合为材料, 研究亲本的程氏指数差异(ID)、同工酶遗传距离(GD)与杂种 F₁ 结实率的关系。结果显示: ID、GD 与杂种 F₁ 结实率呈极显著负相关($r = -0.540, p < 0.01$; $r = -0.316, p < 0.01$), 但决定系数不高, 分别是 0.2916、0.0999。ID、GD 与 F₁ 结实率的相关性受父本和母本影响, 其中对非广亲和品种测交 F₁ 结实率的预测效果较好, 对广亲和品种及南京 11 的测交 F₁ 的预测则无效。因此, 在利用 ID 和 GD 对水稻杂种 F₁ 结实率进行预测时, 宜在一定的亲本类型之间进行, ID 比 GD 的预测效果更好。

关键词: 杂交水稻; 结实率预测; 程氏指数; 遗传距离

中图分类号: S511.035.1

文献标识码: A

文章编号: 1005-3395(2004)04-0337-04

The Relationship of the Fertility of F₁ Hybrid Rice with Cheng's Index Difference and Isozyme Genetic Distance

DUAN Zhong-gang^{1,2} WANG Ya-qing^{1,3} LIANG Cheng-ye^{1*}

(1. South China Botanical Garden, the Chinese Academy of Sciences, Guangzhou 510650, China; 2. Huizhou University, Huizhou 516015, China; 3. College of Food and Bioengineering, South China University of Technology, Guangzhou 510640, China)

Abstract: Three hundred and sixty hybrid F₁s from 4 *indica* (IR36 and Nanjing 11) and *japonica* (Balila and Akihikara) rice as female parents crossed with the rest male parents were used to study the spikelet fertility in relation to Cheng's index difference (ID) and to isozyme genetic distance (GD). The results showed that ID and GD significantly negatively correlated with F₁ spikelet fertility ($r = -0.540, p < 0.01$; $r = -0.316, p < 0.01$), but the determinative coefficient was low, which was 0.2916, 0.0999, respectively. The correlation between F₁ spikelet fertility and ID or GD were influenced by both male and female parents. ID and GD were useful for predicting F₁ spikelet fertility in varieties of non-wide compatibility, but were not effective for fertility prediction in wide compatible varieties and in Nanjing 11. Therefore, ID and GD used for prediction of F₁ spikelet fertility are effective only in certain types of rice materials, and ID is more efficient than GD.

Key words: Hybrid rice; Spikelet fertility prediction; Cheng's index; Genetic distance

杂种结实率是影响 F₁ 产量的主要因素之一, 由于存在亚种间不育障碍而无法直接利用水稻亚种间的巨大杂种优势。随着分子标记技术的发展, 一些研究者利用简单重复序列标记(SSR)、限制性片段长度多态性(RFLP)标记对水稻亲本分子标记多

态性、亲本遗传分化程度与 F₁ 结实率的关系进行了探讨, 李任华等^[1]和毛传澡^[2]认为亲本遗传分化程度在一定的范围内, F₁ 结实率会出现一个峰值, Zhang 等^[3]则认为全部组合的分子标记多样性和 F₁ 结实率呈显著负相关。但是对亲本形态指数差异、同工酶

收稿日期: 2003-06-04 接受日期: 2003-09-17

基金项目: 广东省科技项目(2001A2010105); 中国科学院院长基金(2000-3269)项目资助

* 通讯作者 Corresponding author

遗传差异与杂种 F_1 结实率关系及其预测的研究尚未见报道。本文利用程氏指数和同工酶标记技术,以 4 个籼粳测验种为母本,按不完全双列杂交 NCII (4×90)设计配置的 360 个杂交 F_1 组合为材料,对亲本程氏指数差异(ID)、同工酶遗传距离(GD)与杂种 F_1 结实率的关系进行研究,以期对亚种间杂种亲本选配和预测杂种 F_1 结实率提供理论依据。

1 材料和方法

材料和处理 供试材料由 50 份常规品种和 44 份籼粳交 DH(双单倍体, doubled haploid)株系组

成,由中国科学院华南植物园和国际水稻研究所提供(表 1)。2001 年在广州中国科学院华南植物园试验农场以鉴定广亲和品种的 4 个籼粳标准测验种(籼稻品种 IR36、南京 11; 粳稻品种巴里拉、秋光)做母本,其余材料做父本,按不完全双列杂交 NCII(4×90)设计组配 360 个杂交组合。2002 年早季进行亲本和杂种 F_1 播种,每组合播 30 株,单本植,种植密度 15 cm×18 cm,田间管理按常规栽培法。成熟期每组合随机取 10 株,每株取主茎穗和两个低位大分蘖穗考察小穗结实率。

亲本程氏指数差异(ID) 按照“863”计划水

表 1 供试材料的类型、名称和来源
Table 1 The types, varieties and source of rice

类型 Type	数量 No. of varieties	品种名称(来源) Varieties and source
籼稻 <i>Indica</i>	12	IR36(a), IR58(a), 培矮 64(a), 明恢 63(a), SMR(a), N422(a), 南京 11(a), C211(a), 特青(a), 青黑 S(a), PSBRC4(b), PSBRC28(b)
粳稻 <i>Japonica</i>	10	巴里拉(a), 秋光(a), 台中 65(a), 02428(a), 测 03(a), 沈农 265(a), 广 09(a), GC154(a), TACHI-KI-KOKOKU(b), PLOVDIV(b)
中间型 Intermediate type	28	S26(a), 红 C311(a), 培 C311(a), S15(a), S14(a), S6(a), S18(a), ARC10563(b), T984(a), 广亲 1 号(a), 测 64(a), 零轮(a), DULAR(a), R2(b), MZ/6355-EBR(b), AUS PADDY(b), AUS1(b), AUS3(b), AUS5(b), AUS9(b), GUNDIL GENDJAH(b), SADA AUS(b), AUS 78-78(b), BULU GENDJAH(b), BULU GENDJAH2(a), BULU RUSA(b), BULU KEWAL(b), PADI-BUHA-BULU(b)
DH	44	亲本有广亲和性: 02428/ 培矮 64DH 系(a) 15 份, 培矮 64/02428DH 系(a) 11 份 亲本无广亲和性: 窄叶青 8 号 / 京系 17DH (a) 14 份, 台中 65/ 特青 DH 系(a) 4 份

a: 中国科学院华南植物园; b: 国际水稻研究所。a 和 b in parentheses are source from South China Botanical Garden, the Chinese Academy of Sciences and International Rice Research Institute, respectively.

稻广亲和材料选育课题组的程氏指数法^{*}对供试亲本进行程氏指数积分,再计算父本和母本的程氏指数差异的绝对值作为亲本程氏指数差异(Cheng's index difference, ID)。

同工酶检测方法 电泳分析酯酶(EST)、氨基肽酶(AMP)、天冬氨酸转氨酶(AAT)、过氧化氢酶(CAT)、苹果酸酶(MAL)、酸性磷酸酶(AC^+)、磷酸葡萄糖异构酶(PGI)、6-磷酸葡萄糖脱氢酶(PGD)、超氧化物歧化酶(SOD)和过氧化物酶(POX) 10 种同工酶。EST 的负带和 PGI 参照王中仁的方法¹⁰采用水平淀粉凝胶电泳检测,其余各种同工酶包括 EST 的正带都采用孙新立¹¹的垂直板聚丙烯酰胺凝胶电泳(PAGE)检测。

同工酶遗传距离(GD) 选用多态性较好的 EST-1、EST-2、EST-3、EST-4、EST-9、ACP-1、ACP-2、PGI-1、PGI-2、MAL-1、CAT-1、AMP-2、AMP-3、PGD-1 和 POX-1 共 15 个位点,用 Nei¹²遗传距离法计算

亲本间的遗传距离(genetic distance, GD)。使用软件为 POPGENE version 1.31¹³。

数据分析 相关分析和显著性检验在 SPSS 10.0 for Windows 上进行。

2 结果和分析

2.1 ID 和 GD 与杂种 F_1 结实率的相关性

按照 Pearson 直线相关法进行分析, ID 与全部杂种 F_1 结实率之间呈负相关,相关系数(r)为 -0.540 ($p < 0.01$), 决定系数(r^2)为 0.2916(表 2), 表明利用亲本间的 ID 差异预测 F_1 结实率可能有一定的效果。而 GD 与全部杂种 F_1 结实率的相关系数(r)为 -0.316 ($p < 0.01$), 决定系数(r^2)只有 0.0999, 表明不能由亲本间的 GD 轻易推出 F_1 结实率的高低。由于本试验采用的母本是广亲和鉴定的标准测验种,因此可以根据各品种的 4 个测交 F_1 育性将父本分为非广亲和

*“863”计划水稻广亲和材料选育课题组。¹⁰ 稻广亲和材料亲和性鉴定技术规程(修订初稿), 1998. 1-4.

品种(籼稻和粳稻,共 36 份)和广亲和品种(共 54 份)两种类型。若按类型分别计算其 ID、GD 与非广亲和品种、广亲和品种的杂交 F₁ 结实率的相关性,发现 ID、GD 与非广亲和品种的杂交 F₁ 结实率的相关系数和决定系数(分别为 $r = -0.699^{**}$, $r^2 = 0.4886$; $r = -0.414^{**}$, $r^2 = 0.1714$)均明显升高,表明 ID 对非广亲和品种的杂交 F₁ 结实率具有较好的预测效果, GD 对非广亲和品种的杂交 F₁ 结实率也具有一定

的预测效果;虽然 ID、GD 与广亲和品种的杂交 F₁ 结实率的相关性达到极显著或显著水平,但相关系数和决定系数均很低,无法对 F₁ 结实率进行有效的预测。以上分析表明 ID 和 GD 对杂种 F₁ 结实率的预测有一定效果,但由于广亲和品种的存在,它们对杂种 F₁ 结实率的相关性降低了。就预测效果而言, ID 比 GD 更好。

表 2 程氏指数差异(ID)和同工酶遗传距离(GD)与杂种 F₁ 结实率的相关性

Table 2 Correlation of Cheng's index difference (ID) and isozyme genetic distance (GD) with F₁ spikelet fertility

F ₁	ID		GD	
	相关系数(r)	决定系数(r ²)	相关系数(r)	决定系数(r ²)
	Correlation coefficient	Determination coefficient	Correlation coefficient	Determination coefficient
全部 F ₁ Total F ₁	-0.540**	0.2916	-0.316**	0.0999
非广亲和品种 Non- WCV F ₁	-0.699**	0.4886	-0.414**	0.1714
广亲和品种 WCV F ₁	-0.298**	0.0888	-0.155*	0.024

WCV=Wide-compatible variety; * 和 ** 分别表示在 0.05 和 0.01 水平上差异显著。* and **, Significant at 5% and 1% levels, respectively.

2.2 利用 ID 和 GD 对非广亲和品种杂种 F₁ 结实率的预测

ID 和 GD 对不同母本与非广亲和品种组合的 F₁ 结实率的相关性及预测 F₁ 结实率见表 3。ID 和 GD 与 IR36、巴里拉、秋光的杂种 F₁ 结实率的相关性较高,与南京 11 的杂种 F₁ 结实率的相关性较低,其中 GD 与南京 11 的测交 F₁ 结实率不显著相关,其它的均达极显著水平,表明 ID 和 GD 对 F₁ 结实率的相关性受不同母本的影响。以 F₁ 结实率达 70% 以上为可育,根据 ID 和 GD 与各杂种 F₁ 结实率的直线回归方程,可以计算出 IR36、南京 11、巴里拉和秋光的杂种 F₁ 结实率超过 70% 的 ID 差异值分别为低于 11.1、14.5、11.05 和 9.12, IR36、巴里拉和秋光的杂种 F₁ 结实率超过 70% 的 GD 差异值分别为

低于 1.08、0.66 和 0.93。这说明在水稻杂交育种研究中,欲得到 F₁ 结实率正常可育的杂交组合,则亲本间的 ID 差异应低于 9.12-14.5, GD 差异应低于 0.66-1.08(具体情况与母本品种特性有关)。这一结论可能对以籼粳不育系为母本的三系或两系杂交稻亲本选配起到一定的指导作用。

3 讨论

解决杂种结实率问题或对杂种结实率做出较准确的预测是水稻育种的重要任务。李任华等^[1]和毛传澡^[2]以不育系和 DH 株系的杂交 F₁ 为材料,发现在亲本遗传分化综合指数(TD_j)值为 20-25,或亲本籼粳分化综合指数值(P_j)为 14-16 的范围内, F₁

表 3 ID 和 GD 对非广亲和品种的杂种 F₁ 结实率的相关性

Table 3 Correlation of Cheng's index difference (ID) and isozyme genetic distance (GD) with F₁ spikelet fertility in non-wide compatible varieties

F ₁	ID			GD		
	相关系数 Correlation coefficient	回归方程 Correlation equation	F ₁ 结实率超 70% 的 ID 值 ID value of fertility >70%	相关系数 Correlation coefficient	回归方程 Correlation equation	F ₁ 结实率超 70% 的 GD 值 GD value of fertility >70%
IR36 F ₁	-0.721**	$y = -0.0218(ID) + 0.9417$, $R^2 = 0.5204$	<11.1	-0.572**	$y = -0.1499(GD) + 0.8711$, $R^2 = 0.3275$	<1.08
南京 11 F ₁ Nanjing 11 F ₁	-0.428**	$y = -0.0115(ID) + 0.8669$, $R^2 = 0.1833$	<14.5	-0.263	$y = -0.0697(GD) + 0.8469$, $R^2 = 0.0694$	不能预测
巴里拉 F ₁ Balila F ₁	-0.726**	$y = -0.0228(ID) + 0.9519$, $R^2 = 0.5274$	<11.05	-0.425**	$y = -0.1524(GD) + 0.8007$, $R^2 = 0.1808$	<0.66
秋光 F ₁ Akihikara F ₁	-0.759**	$y = -0.0237(ID) + 0.9161$, $R^2 = 0.5767$	<9.12	-0.514**	$y = -0.1655(GD) + 0.7536$, $R^2 = 0.2645$	<0.93

**0.01 显著水平 Significant at 1% level.

结实率出现一个峰值, 并认为中间型亲本在杂交优势利用中具有重要作用。Zhang 等^[3]发现全部组合的 SSR、RFLP 标记多样性和 F_1 结实率呈显著负相关, 但这种相关性在亚种内和亚种间都很低。他们的研究结果对选配亚种间杂交组合具有较好的参考价值, 但是仍未能对杂种结实率做出较准确的预测。本文采用两种方法对杂种 F_1 的结实率进行预测, 结果表明 ID 与杂种 F_1 结实率呈负相关 ($r = -0.540$, $p < 0.01$), GD 与杂种 F_1 结实率也呈负相关 ($r = -0.316$, $p < 0.01$), 两种相关均达极显著水平, 但决定系数不高, 表明一般而言利用亲本间的 ID 和 GD 对 F_1 结实率的预测效果并不理想。但是杂种结实率的预测研究牵涉到多方面, 其复杂性主要表现在以下几个方面:

(1) 不同方法的预测效果不同。亲本程氏指数差异 (ID) 与 F_1 结实率的相关系数、决定系数比同工酶遗传距离 (GD) 的明显要高, ID 与全部 F_1 和非广亲和性品种的 F_1 结实率的相关系数分别为 -0.540^{**} 、 -0.699^{**} , GD 的则为 -0.316^{**} 、 -0.414^{**} , 对 4 套测交 F_1 的预测结果也是如此。程氏指数虽然只考察反应品种籼粳分化的 6 个形态性状或生理性状, 但这些形态分类性状与 27 个 RFLP 探针位点间有着非常密切的关系^[2], 因而能对品种的籼粳属性做出较准确的判断。而同工酶分析只用了所检测到多态性的 15 个位点, 有些多态位点与籼粳分化并无关系, 这可能是同工酶遗传距离预测杂种结实率效果较差的原因。Zhang 等^[3]以 SSR 和 RFLP 标记计算的距离对亚种内和亚种间的结实率预测也较低。这说明分子标记可能还需有所选择才能用于杂种结实率预测。

(2) 父本亲和性分化类型影响预测效果。广亲和品种与籼粳杂交均可育, 因此用 ID 或 GD 与其 F_1 结实率的相关性很低, 非广亲和性品种 (籼稻和粳稻) 的 F_1 结实率与 ID、GD 的相关性则很高 ($r = -0.699^{**}$; $r = -0.414^{**}$), 决定系数也高, 因此 ID 对非广亲和性品种 F_1 结实率的预测效果很好, GD 也有一定的效果。

(3) 不同母本的预测效果不同。在对 4 个籼粳测验种与非广亲和性品种的 F_1 结实率的预测中, 发现

ID 和 GD 与 IR36、巴里拉、秋光的 F_1 的结实率相关性高, 而与南京 11 F_1 的相关性低, 说明 ID 和 GD 对 F_1 结实率的预测适合大多数母本品种, 但对某些母本无效。根据回归方程对籼粳测验种与非广亲和性品种的 F_1 达到 70% 以上结实率的 ID 和 GD 范围进行预测; 发现不同亲本 ID 差异达 9.12–14.5 或 GD 差异达 0.66–1.08 时 F_1 均可育, 这表明除了通过广亲和品种利用亚种间杂种优势外, 还可在一定范围内直接利用亚种间杂种优势。但是将籼粳测验种换成相应的籼粳不育系, 其结果如何还有待进一步研究。

参考文献

- [1] Li R H (李任华), Xu C G (徐才国), He Y Q (何予卿), et al. Relationship between the extent of genetic differentiation in parental lines and heterosis of *indica-japonica* hybrid rice [J]. Acta Agro Sin (作物学报), 1998, 24(5):564–576. (in Chinese)
- [2] Mao C Z (毛传澡). Differentiation of *indica* and *japonica* in two rice genetic populations and the relationship between parental differentiation and heterosis [D]. Hangzhou: China National Rice Research Institute, the Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2000, 6. (in Chinese)
- [3] Zhang Q F, Liu K D, Yang G P, et al. Molecular marker diversity and hybrid sterility in *indica-japonica* rice crosses [J]. Theor Appl Genet, 1997, 95:112–118.
- [4] Zhou H (周汇), Glaszmann J C, Cheng K S (程侃声), et al. A comparison of methods in classification of cultivated rice [J]. Chin J Rice Sci (中国水稻科学), 1988, 2(1):1–7. (in Chinese)
- [5] Sun X L (孙新立), Cai H W (才宏伟), Wang X K (王象坤). Study on classification rice cultivars (*Oryza sativa* L.) with isozyme quantitated [J]. Acta Agro Sin (作物学报), 1996, 22(6):693–698. (in Chinese)
- [6] Wang Z R (王中仁). Isozyme Analysis in Plant [M]. Beijing: Science Press, 1996. 74–144. (in Chinese)
- [7] Sun X L (孙新立), Cai H W (才宏伟), Wang X K (王象坤). A method for the study on electrophoretic variation of isozymes in rice with polyacrylamide gel [J]. Chin J Rice Sci (中国水稻科学), 1996, 10(1):43–50. (in Chinese)
- [8] Nei M. Genetic distance between populations [J]. Amer Natl, 1972, 106:283–292.
- [9] Francis Y C, Yang R C, Timothy B J, et al. POPGENE, the user-friendly shareware for population genetic analysis [D]. Canada: Molecular Biology and Biotechnology Centre, University of Alberta, 1997.