

# 甘蓝型油菜细胞质雄性不育恢复基因的遗传研究

张书芬<sup>1</sup>, 王建平<sup>1</sup>, 朱家成<sup>1</sup>, 田保明<sup>1</sup>, 文雁成<sup>1</sup>, 刘建明<sup>1</sup>, 任乐建<sup>2</sup>

(<sup>①</sup>河南省农业科学院棉花油料作物研究所, 河南 郑州 450002; <sup>②</sup>商丘市睢阳区农业科学研究所, 河南睢阳 476100)

**摘要:** 通过多年大量的筛选, 在不同来源甘蓝型油菜中发现了一批恢复系, 并利用筛选的恢复系中的恢复基因, 转育出一批恢复性能良好、品质优良、配合力高的恢复系。对这些恢复系的遗传研究结果表明, 这些不同来源的恢复基因为一对主效基因, 但这些不同来源的恢复基因的等位性不同。

**关键词:** 甘蓝型油菜; 细胞质雄性不育; 恢复基因; 遗传

中图分类号: S565. 4035. 1 文献标识码: A 文章编号: 1000- 7091(2001)01- 0023- 04

油菜利用杂种优势的途径有多种, 但细胞质雄性不育系统是目前国际上公认的应用最多和最具有实用价值的育种系统。自傅廷栋 1972 年在欧洲甘蓝型春油菜品种中发现波里马细胞质雄性不育以来, 各国学者对恢复基因的筛选和遗传做了大量工作。湖南省农科院作物所杂优协作组<sup>[1]</sup>首次在意大利甘蓝型油菜中发现波里马细胞质雄性不育的恢复基因。大量研究表明, 甘蓝型油菜波里马细胞质雄性不育的恢复基因为 1~ 2 对主效基因<sup>[2~ 5, 6, 8~ 10]</sup>。目前世界上用于育种的恢复源主要是“意大利油菜”。我国许多育种单位利用该系统选育出一系列甘蓝型“三系”优质油菜杂交种, 如华杂 3 号、华杂 4 号、豫油 4 号、豫油 5 号等。虽然这些杂种比常规品种表现出较强的杂种优势, 但其增产幅度还不够理想, 同时这些杂种在抗性方面也有一定的不足, 要达到较大幅度提高细胞质雄性不育杂种的产量和抗病、抗虫能力, 最为重要的是扩大恢复源、提高恢复系在产量和抗性方面的配合力, 拓宽恢复系与不育系之间的遗传距离。本研究在筛选恢复源转育新的恢复系的同时, 并对恢复基因进行遗传分析, 为选育新的恢复系和杂交种提供材料和依据。

## 1 材料和方法

甘蓝型油菜恢复基因的筛选以河南省农业科学院棉花油料作物研究所选育的双低不育系 252A、217A、384A、22A 等作母本进行测交, 大部分测交用的材料为河南省农业科学院棉花油料作物研究所选育, 另外, 中国农科院油料作物所、华中农业大学、四川省农科院、贵州省农科院、上海市农科院、江苏淮阴地区农科所、陕西省农科院、陕西宝鸡市农科所等单位也提供

了材料。用筛选到的恢复基因选育出了一批恢复性能良好、品质优良、配合力高的恢复系 R3、R4、R220、R4×R5900、R220×R5900、R5900×R220、R215×R4、R5900×R7、R4×R7 和 R5900×R6 等。

恢复基因的遗传试验: 利用上述双低不育系和恢复系配置杂种一代,  $F_1$  自交得到  $F_2$ , 同时以  $F_1$  为父本和母本, 分别与不育系和保持系回交, 得到  $BC_{1a}(A \times F_1)$ 、 $BC_{1b}(F_1 \times B)$ , 形成  $F_1$ 、 $F_2$ 、 $BC_{1a}$ 、 $BC_{1b}$  4 个世代。花期调查各世代植株的育性级别, 进行统计分析, 确定育性恢复基因的遗传模式。利用恢复系间杂种一代( $R_1 \times R_2$ ) 与不育系杂交(三交种), 花期调查三交种植株的育性表现, 根据三交种有无育性分离现象, 确定不同恢复系间恢复基因的等位性。

本研究育性调查采用综合性状作为育性分级标准, 包括雌雄蕊相对长度、花粉量、花药、花瓣大小和形态等<sup>[7]</sup>。田间试验在河南省农科院试验田(郑州)进行。

## 2 结果与分析

### 2.1 恢复基因的遗传表现

根据张洁夫等<sup>[7]</sup>研究, 将 1~3 级植株归入不育株, 仅 4 级植株为可育株。  
本试验对 8 个组合的  $F_1$ 、 $F_2$ 、 $BC_{1a}$ 、 $BC_{1b}$  4 个世代的育性分离比例进行了调查和适合性检验(见表 1)。结果表明,  $F_1$  为全可育株, 无育性分离现象;  $F_2$  可育株与不育株符合 3:1 的分离比例, 而组合 217A×R220 可育株与不育株符合 3:1 的比例的概率较小, 为 0.05~0.025;  $BC_{1a}$  和  $BC_{1b}$  的分离比例符合 1:1。由于  $BC_1$  的分离比例反映了基因型间的分离结果, 而  $F_2$  只是表现型的分离表现, 因此, 从总体上看, 本试验所用的育性恢复基因符合一对显性基因控制的遗传模式。

表 1 不育系与恢复系杂交后代的育性分离情况

组合	世代	可育株	不育株	可育: 不育	期望值	$\chi^2_c$	P
217A×R4	$F_1$	113	0	1:0	1:0		
	$F_2$	104	30	3.47:1	3:1	0.428	0.5~0.75
	$BC_{1a}$	34	35	0.97:1	1:1	0	>0.95
	$BC_{1b}$	63	61	1.03:1	1:1	0.065	0.75~0.9
384A×R4	$F_1$	86	0	1:0	1:0		
	$F_2$	97	32	3.03:1	3:1	0.0025	>0.95
	$BC_{1a}$	59	43	1.37:1	1:1	2.206	0.1~0.25
	$BC_{1b}$	72	66	1.09:1	1:1	0.182	0.5~0.75
217A×R220	$F_1$	102	0	1:0	1:0		
	$F_2$	108	21	5.14:1	3:1	4.774	0.025~0.05
	$BC_{1a}$	45	40	1.12:1	1:1	0.188	0.5~0.75
	$BC_{1b}$	59	54	1.09:1	1:1	0.230	0.5~0.75
384A×R220	$F_1$	98	0	1:0	1:0		
	$F_2$	102	33	3.09:1	3:1	0.0025	0.95~0.995
	$BC_{1a}$	74	60	1.23:1	1:1	1.262	0.25~0.05
	$BC_{1b}$	41	43	1.03:1	1:1	0.0119	0.75~0.9
217A×R3	$F_1$	65	0	1:0	1:0		
	$F_2$	107	32	3.34:1	3:1	0.195	0.5~0.75
	$BC_{1a}$	40	52	0.77:1	1:1	1.315	0.25~0.75
	$BC_{1b}$	/	/				

(续表)

组合	世代	可育株	不育株	可育: 不育	期望值	$\chi^2_c$	P
384A×R <sub>3</sub>	F <sub>1</sub>	120	0	1: 0	1: 0		
	F <sub>2</sub>	96	30	3: 2: 1	3: 1	0. 053	0. 9~ 0. 75
	BC <sub>1a</sub>	/	/				
	BC <sub>1b</sub>	37	28	1: 32: 1	1: 1	1. 259	0. 5~ 0. 25
384A×R <sub>5</sub>	F <sub>1</sub>	49	0	1: 0	1: 0		
	F <sub>2</sub>	106	30	3: 51: 1	3: 1	0. 48	0. 5~ 0. 25
	BC <sub>1a</sub>	39	34	1: 14: 1	1: 1	0. 357	0. 75~ 0. 5
	BC <sub>1b</sub>	29	37	0. 78: 1	1: 1	0. 742	0. 5~ 0. 25
217A×R227	F <sub>1</sub>	54	0	1: 0	1: 0		
	F <sub>2</sub>	68	21	3: 24: 1	3: 1	0. 0084	0. 9~ 0. 995
	BC <sub>1a</sub>	49	40	1: 22: 1	1: 1	0. 719	0. 5~ 0. 25
	BC <sub>1b</sub>	/	/				

注:  $\chi^2_c = \sum (O - E)^2 / E$  (df= 1), P: 概率。

2. 2 恢复基因的等位性

从上述分析结果可知, 以上所用的 5 个恢复系的育性恢复基因为一对显性基因控制, 但它们的育性恢复基因是否处于同一位点, 则应通过等位性测定来确定。即以恢复系间杂种一代(R<sub>1</sub>×R<sub>2</sub>)与不育系杂交(三交种), 花期调查三交种植株的育性表现, 根据三交种有无育性分离现象, 确定不同恢复系间恢复基因的等位性。若分离出不育株, 则表明这两个恢复系的恢复基因不等位。反之, 若无不育株产生, 则表明这两个恢复系的恢复基因等位。

表 2 表明, 不同的三交种的表现不一致, 恢复系 R5900×R220 正反交与两个不育系配置的三交种均无育性分离现象; 恢复系 R4×R215 与两个不育系配置的三交种也无不育株产生, 说明 R4、R220、R215 这 3 个恢复系的恢复基因处于同一位点, 即这 3 个恢复系的恢复基因是等位的。R4×R5900、R5900×R6、R4×R7、R5900×R7 与两个不育系配置的三交种均有育性分离现象, 出现了不育株, 说明 R4、R5900、R6、R7 这 4 个恢复系的恢复基因不在同一位点上, 即不等位。

表 2 三交种育性分离情况调查

父本	母本			
	384A		217A	
	可育	不育	可育	不育
R4×R5900	48	26	40	38
R220×R5900	90	0	89	0
R5900×R220	60	0	71	0
R215×R4	45	0	48	0
R5900×R7	39	28	34	27
R4×R7	40	21	/	/
R5900×R6	48	33	51	42

3 讨论

恢复基因的等位性问题: 杨光圣等<sup>[3]</sup>认为, 存在于甘蓝型油菜、白菜型油菜、芥菜型油菜中的恢复基因均位于同一位点, 说明这些恢复基因可能在起源上是一致的。但据 Brown<sup>[11]</sup>报

道,波里马细胞质雄性不育存在两对显性重叠恢复基因,说明在甘蓝型油菜中还存在另一位点的恢复基因。本研究证明在甘蓝型油菜中确实存在着另一位点的恢复基因,这些不同位点的恢复基因是否为同一起源,有待于进一步研究。

#### 参考文献:

- [1] 湖南省油菜杂优协作组. 甘蓝型油菜雄性不育系湘——型及其恢复系的选育[J]. 湖南农业科技, 1976, (5): 15– 19.
- [2] 崔德忻, 邓锡兴. 甘蓝型杂交油菜的研究利用[J]. 中国油料, 1979, (2): 15– 20.
- [3] 杨光圣, 傅廷栋, 杨小牛, 等. 甘蓝型油菜波里马细胞质雄性不育新恢复基因的筛选及其遗传鉴定[J]. 中国农业科学, 1996, 29(4): 17– 22.
- [4] 傅廷栋. 论油菜的起源进化与雄性不育三系选育[J]. 中国油料, 1989, (1): 7– 10.
- [5] 杨光圣. 甘蓝型油菜细胞质雄性不育性的研究[J]. 遗传, 1988, 10(5): 8– 11.
- [6] 杨光圣, 傅廷栋. 油菜细胞质雄性不育恢保关系的初步研究[J]. 作物学报, 1990, 17(2): 151– 156.
- [7] 张洁夫, 傅寿仲, 盖钧镒. 甘蓝型油菜 MI CMS 系统的育性归类[J]. 中国油料作物学报, 1999, 21(4): 4– 7.
- [8] 张洁夫, 傅寿仲, 盖钧镒. 甘蓝型油菜 MI CMS 系统育性的遗传研究[J]. 中国油料作物学报, 2000, 22(1): 15– 20.
- [9] Yang G S, Fu T D. The inheritance of polima cytoplasmic male sterility in *Brassica napus* L[J]. Plant Breeding, 1990, 104: 121– 124.
- [10] Fang G H, McVetty E. Inheritance of male fertility restoration for the polima CMS system in *Brassica napus* L[A]. Proc. 7th International Rapeseed Congress[C], Poland, 1987. 76– 78.
- [11] Brown G G. Nuclear mitochondrial interactions affecting cytoplasmic male sterility in *Brassica* [A]. Abstract of Crucifer Genetics Workshop[M], Canada: 1993. 14.

## Genetic Studies of Restoring Genes for Cytoplasmic Male Sterility in *Brassica napus* L.

ZHANG Shu-fen<sup>1</sup>, WANG Jian-ping<sup>1</sup>, ZHU Jia-cheng<sup>1</sup>,

TIAN Bao-ming<sup>1</sup>, WEN Yan-cheng<sup>1</sup>, LIU Jian-ming<sup>1</sup>, REN Le-jian<sup>2</sup>

(1 Cotton and Oil Crops Institute, Henan Academy of Agricultural Sciences, Zhengzhou 450002, China;

2 Suiyang Agricultural Research Institute of Shangqiu, Shangqiu, 476100, China)

**Abstract:** A set of restorers were found among different original *B. napus* L. Some new restorers good quality high restoring and combining ability were developed by using screened restorers. The genetic analysis showed that these restorers all have one pair of major dominance gene, some of them were allelic, the others are not.

**Key words:** Genetic studies; Restoring gene; Cytoplasmic male sterility; *Brassica napus* L