

甘蓝型油菜细胞质雄性不育性的基因分析*

田保明 宋文光 张书芬 文雁成
任乐建 王建平 刘建明

(河南省农业科学院经济作物研究所, 郑州 450002)

摘 要 通过对 384A、217A 两个甘蓝型双低油菜细胞质不育系及其保持系、恢复系、杂种 F_k F_2 及 aBC_1 (不育系 \times 杂种 F_1)、 bBC_1 (杂种 F_1 \times 保持系)等群体中植株的育性观察和分析,初步查明 384A、217A 均属孢子体不育。雄性不育性是由细胞质中的不育基因和细胞核中的隐性基因相互作用的结果。384A 具有一对隐性不育核基因, 217A 具有两对隐性不育核基因, 且 384A 的一对隐性核不育基因与 217A 的任何一对隐性不育核基因不存在等位关系。384A 的基因型为 $S(r_1r_1)$, 217A 的基因型为 $S(r_2r_2r_3r_3)$ 。

关键词 甘蓝型油菜 细胞质雄性不育性 基因分析

植物杂种优势的利用使得近代农作物产量得以大幅度提高,而培育可资利用的雄性不育系是实现商业性植物杂种优势利用的主要途径。因此,研究雄性不育性的遗传规律,有效地指导雄性不育系的育种是杂种优势利用的重要基础。

自 1972 年中国^[1](傅廷栋)首次在甘蓝型油菜中发现细胞质雄性不育系 $Polin A$ 以来,油菜育种家在不同时间、不同地点和不同材料中,又相继发现了 $TCMS$ (Thompson, K. F., 1972)、 $SCMS$ (Shiga T., 1973)、 $陕 2A$ (李殿荣, 1980)、 $32A$ (宋文光, 1986)等细胞质雄性不育系。有关细胞质雄性不育系的选育及其遗传规律的研究成为甘蓝型油菜杂种优势利用中最活跃的领域之一。杨光圣^[4]报道了 $polCMS$ $oguCMS$ $napCMS$ $canpCMS$ 等具有显著不同的恢保关系。多数学者认为甘蓝型油菜细胞质雄性不育性是由不育细胞质和一对隐性核不育基因共同控制遗传的^[2-3],而有关双低油菜雄性不育系遗传规律的研究尚未见报道。育性鉴定的方法一般以 6 级分类的指标体系为主^[4],也有应用 4 级标准^[6]和育性指数^[7]标准的。

本研究把雄性育性划分为不育、微粉、半不育和可育 4 种类型,对不同细胞质来源的两个甘蓝型双低油菜雄性不育系的质核互作雄性不育性进行基因分析,旨在对双低油菜杂种优势利用提供理论依据。

1 材料和方法

1996-08-08 收稿。
* 河南省自然科学基金资助项目。

1 1 材料

供试材料为不同细胞质来源的 2个双低雄性不育系,即 384A 和 217A, 以及它们相应的保持系 384B 217B和相应的恢复系 CP 015 CP020 还有用于测定两个不育系恢保性的另外 7 个自交系 (L₁ L₂ L₃ L₄ L₅ L₆ L₇) 全部供试材料均由河南省农科院经济作物所提供。

1 2 方法

1993年配制胞质不育杂交种 F₁和测交组合 (A× L)F₁ 1994年调查 F₁育性表现并组建 F₂ aBC₁(不育系× 杂交种 F₁) bBC₁(杂交种 F× 保持系)群体 1995年盛花期进行以上群体的育性鉴定 全部试验均在河南省农科院油菜试验地完成

- 育性鉴定采用如下标准:
- I 不育 雄蕊败育彻底,退化至雌蕊基部, $\uparrow \hat{P} < 0.5$ 花药微小呈乳白色三角楔状,无花粉或高温下无花粉。花瓣小而皱缩,分离
 - II 微粉 雄蕊败育较彻底,退化至雌蕊基部, $\uparrow \hat{P} < 0.5$ 花药小呈三角型,花药顶端开裂产生微量可育花粉。花瓣小而皱缩,分离
 - III半不育 雄蕊出现明显败育, $0.5 < \uparrow \hat{P} < 1$ 花药变细,花粉量减少。花瓣一般分离,变窄
 - IV可育 雄蕊无败育现象 $\uparrow \hat{P} > 1$ 花药大而粗壮,可产生大量花粉 花瓣宽大,平展,相互重叠
- 上述I、II属不育株(S); III、IV为可育株(F)。

2 结果与分析

2 1 F₂ 育性的表现

为了明确 384A、217A 的不育性遗传,分别用对应的恢复系 CP015 CP020杂交 F₁育性全部恢复正常,然后从每个组合的 F₁中选 3株自交后得 6个 F₂株系 F₂育性发生分离 调查结果列入表 1

表 1 F₂田间育性调查结果

组 合	世 代	株系号	可育株数	不育株数	总株数	期望值	χ^2	P
384A× CP015	F ₁	F ₁₀₁	75	0	75	1: 0		
	F ₂	F ₂₀₁	32	13	45	3: 1	0.185	0.50~ 0.75
		F ₂₀₂	28	11	39	3: 1	0.077	0.75~ 0.90
		F ₂₀₃	35	14	49	3: 1	0.171	0.50~ 0.75
217A× CP020	F ₁	F ₁₀₂	78	0	78	1: 0		
	F ₂	F ₂₀₄	43	3	46	15: 1	0.052	0.25~ 0.50
		F ₂₀₅	39	2	41	15: 1	0.002	0.90~ 0.95
		F ₂₀₆	47	3	50	15: 1	0.048	0.75~ 0.90

从表 1中可以得出如下结论: (1)F₂株系育性发生分离,表明 384A、217A 均不属配子体不育类型,而属孢子体不育类型。 (2)384A、217A 育性核基因不同,384A 不育性符合 3: 1的

分离规律,表现为一对隐性不育基因的遗传; 217A 则符合 15∶ 1的理论分离比例,表现为两对隐性不育基因的遗传。

2 2 回交世代的育性表现

为了进一步验证对 F₂ 育性分离结果的理论推测,又分别调查了两个回交世代的育性表现,即 aBC₁: 384A× (384A× CP015)F₁和 217A× (217A× CP020)F₁; bBC₁: (384A× CP015)F₁× 384B和 (217A× CP020)F₁× 217B(表 2)。

从表 2的统计测验结果可以看出: (1) 384A 的雄性不育性就核基因来讲,完全符合一对隐性基因的遗传, aBC₁、 bBC₁均符合 1∶ 1的分离,进一步验证了对 F₂ 分离结果的遗传推测。 (2) 217A 雄性不育性就核基因来讲,完全符合两对隐性基因的遗传, aBC₁、 bBC₁均符合 3∶ 1的分离比例,证实了对 F₂ 分离结果的遗传推测。

表 2 回交世代的育性调查结果

不育系	世 代	株系号	可育株数	不育株数	总株数	期望值	χ ²	P
384A	aBC ₁	1	22	32	54	1∶ 1	1. 500	0. 10~ 0. 25
		2	26	30	56	1∶ 1	0. 160	0. 50~ 0. 75
	bBC ₁	1	33	32	65	1∶ 1	0. 000	0. 90~ 0. 95
		2	34	24	58	1∶ 1	1. 397	0. 10~ 0. 25
217A	aBC ₁	1	30	8	38	3∶ 1	0. 140	0. 50~ 0. 75
		2	46	16	62	3∶ 1	0. 000	0. 90~ 0. 93
	bBC ₁	1	22	10	32	3∶ 1	0. 375	0. 50~ 0. 75
		2	22	9	31	3∶ 1	0. 097	0. 75~ 0. 90

2 3 两个雄性不育系不育基因的等位性测验

1993年以 7个双低自交系 L₁、 L₂、 L₃、 L₄、 L₅、 L₆和 L₇分别与两个不育系杂交,测交组合 F₁ 的育性表现列入表 3。

表 3 7个自交系对两个不育系恢保性测交结果

自交系	384A						217A					
	测验株数	I	II	III	IV	恢保性	测验株数	I	II	III	IV	恢保性
L ₁	34	4	29	1	0	S	36	4	9	23	0	F
L ₂	37	23	6	8	0	S	36	10	14	7	5	S
L ₃	36	0	33	3	0	S	36	0	33	1	2	S
L ₄	37	0	7	6	24	F	37	8	21	8	0	S
L ₅	35	29	3	3	0	S	34	27	6	1	0	S
L ₆	36	0	3	9	24	F	35	27	5	3	0	S
L ₇	36	2	30	4	0	S	37	7	27	1	2	S

从表 3的对比分析中可以看出,自交系对两个不育系的恢、保性存在明显差异 (L₁、 L₄、 L₆),而自交系 L₃、 L₅、 L₇对两个不育系的恢保性又具有相似性。

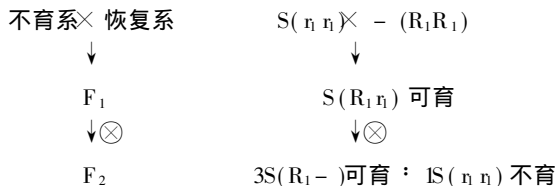
假若 384A 的一对隐性核不育基因与 217A 的两对隐性核不育基因中的任何一对存在等位关系,则对 217A 保持的自交系,必然对 384A 也保持。同时,对 384A 恢复的自交系,对 217A 也必然制恢。而从实际育性调查结果可以明确地看出,对 217A 保持的自交系 L₂~ 7对

384A 并不都能保持 (L_4 L_6) 同时,对 384A 恢复的自交系 (L_4 L_6)也不能对 217A 制恢。由此看来,实际调查结果与 384A、217A 存在等位不育基因的假设不符,也即 384A 和 217A 的不育基因间不存在等位关系。

2.4 基因分析

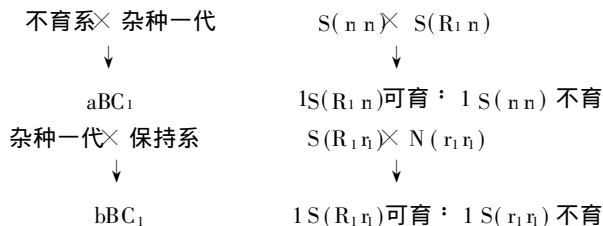
综合以上的分析结果,可以用下列假设予以说明:

(1) 384A 的不育核基因为 $r_1 r_1$,不育细胞质为 S ,其基因型为 $S(r_1 r_1)$ 相对应的保持系基因型应为 $N(r_1 r_1)$, N 为可育细胞质。而其恢复系基因型则为 $N(R_1 R_1)$ 或 $S(R_1 R_1)$ 。 R_1 对 r_1 表现完全显性。不育系与恢复系杂交,获杂种一代,通过自交后,基因型表现如下分离:



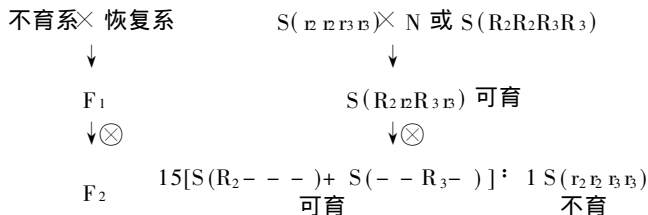
配子体不育的特点, F_1 花粉育性基因发生分离,也就是 R_1 、 r_1 型小孢子各占一半。 r_1 型小孢子发育过程中败育,而只有 R_1 型小孢子发育成正常花粉粒参与授精作用,结果 F_2 为全可育,不出现不育株;但本研究 ($384A \times CP015$) F_2 育性鉴定中出现 38 株不育株,出现可育 : 不育 = 3 : 1 的育性分离,均有别于配子体不育,证明 384A 应属孢子体不育。

为了证实不育系的基因型是 $S(r_1 r_1)$,保持系为 $N(r_1 r_1)$,恢复系为 N 或 $S(R_1 R_1)$,本研究采用了不育系 × 杂种一代,杂种一代 × 保持系两种杂交试验,其遗传图式如下:



从遗传方式获知,育性分离比均应为 1 : 1 与实际测定结果 (表 2) 相同。因此可以推断,上述对 384A 不育系、保持系及恢复系基因型的假设是成立的。

(2) 217A 的不育核基因为 $r_2 r_2 r_3 r_3$,不育细胞质为 S ,基因型为 $S(r_2 r_2 r_3 r_3)$,其保持系的基因型应为 $N(r_2 r_2 r_3 r_3)$;而其恢复系的基因型则为 N 或 $S(R_2 R_2 R_3 R_3)$, R_3 、 R_3 对 r_3 、 r_3 表现完全显性。不育系与恢复系杂交,获得完全可育杂种一代,通过自交后, F_2 基因型表现如下分离:



F_2 出现育性分离,出现了 8 株不育,也说明 217A 不属配子体不育,而应属孢子体不育。为了证明对 217A、217B CP020 基因型的假设,分别采用了不育系 × 杂种一代,杂种一代 × 保持系的杂交试验,其基因图式如下:

参 考 文 献

- 1 傅廷栋. 华中农业大学学报, 1989, 8(3): 201~ 207
- 2 杨光圣, 傅廷栋, 杨小牛. 华中农业大学学报, 1990, 9(2): 141~ 147
- 3 李殿荣. 杂交油菜秦油 2号论文集. 北京: 农业出版社, 1993
- 4 杨光圣, 傅廷栋. 作物学报, 1991, 17(2): 151~ 156
- 5 傅寿仲. 作物学报, 1989, 15(4): 305~ 309
- 6 黄继英. 全国油菜攻关 (八五) 资料汇编, 1993
- 7 傅廷栋. 中国油料, 1983, (4): 79~ 85

A Genetic Analysis on the Fertility of Cytoplasmic Male Sterility in *Brassica napus* L

Tian Baoming Song Wenguang Zhang Shufen

Wen Yancheng Ren Luojian Wang Jianping Liu Jianming

(Institute of Industrial Crops Henan Academy of Agricultural Sciences Zhengzhou 450002)

Abstract In the study the characters of the A, B and C lines and hybrids F_1 , F_2 , aBC_1 , (male sterile line \times hybrid F_1), bBC_1 (hybrid $F_1 \times$ maintainer line) of the two double-low cytoplasmic male sterile line in *Brassica napus* L. were observed and analysed. It has been found that the male sterility of 384A and 217A belongs to the sporophytic sterile type, and their male sterility is derived from the interaction of a cytoplasmic sterile gene with recessive nucleus genes. It has also been found that 384A has a pair of recessive nucleus genes, and 217A has two pairs of recessive nucleus genes. There were no equipotent genes between the two CMS lines. The genotypes of the two CMS lines are $S(r_1r_1)$ for the 384A male sterile line, $S(r_2r_2R_3R_3)$ for the 217A male sterile line.

Key words *Brassica napus* L.; Cytoplasmic male sterile; Genetic analysis