

水稻苗期根系性状的数量遗传分析

陈明明 董伟 胡中立^{*} 章志宏

(武汉大学生命科学学院 武汉 430072)

QUANTITATIVE GENETIC ANALYSIS OF SEEDLING ROOT CHARACTERS IN RICE

Chen Mingming Dong Wei Hu Zhongli Zhang Zihong

(College of Life Sciences, Wuhan University Wuhan 430072)

关键词 水稻, 加倍单倍体群体, 根系性状, 遗传力, 基因互作

Key words *Oryza sativa* L., Doubled haploid population, Root characters, Heritability, Genic interaction

中图分类号: Q 348 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-470X (2000) 05-0431-04

根系不仅是水稻吸水吸肥和支持地上部的重要器官, 同时也是许多重要生理活性物质的合成器官, 发达的根系是水稻生长发育和产量形成的基础^[1,2]。在我国水稻生产中具有重要地位的杂交水稻之所以高产稳产, 其生理基础之一就是其根系发达, 吸肥吸水能力强, 生理代谢旺盛^[3,4]。由于对根系的观测很烦琐, 因此在过去的育种实践中很少将其列入育种计划。今天, 随着分子标记技术的发展, 分子标记辅助选择(marker-assisted selection, MAS)使得育种学家能较简便地对根系性状进行有针对性的选择和改良^[5,6]。因此, 有必要进一步加强对水稻根系性状遗传基础的研究。

已有研究表明, 水稻根系性状, 如根长、根粗、根干重等是受多基因控制的数量性状^[7]。利用加倍单倍体(doubled haploid, DH)群体研究数量性状的遗传, 较通常的 F₂ 和回交(BC)等群体具有多方面的优越性, 用DH群体数据估测三级(偏度)和四级(峰度)统计量, 不仅可检测到基因互作, 而且还可确定其互作的方式^[8]。本研究采用籼、粳亚种间杂种 F₁ 花药培养获得的DH群体进行水稻幼苗的发根性能等性状的遗传分析, 旨在为当前的水稻超高产育种和杂种优势的利用提供理论依据。

1 材料与方法

实验材料为主 630(籼稻)与 02428(粳型广亲和品种)籼、粳亚种间杂种 F₁ 花药培养获得的含有 81 个家系的DH群体(由四川农业大学李平教授和四川省农科院向跃武先生提供)。实验于 1999 年在武汉大学试验农场进行。5月 11 日播种, 随后分两期进行。第 1 期(试验 I)每家系取 35 d 秧龄的中等幼苗各 5 株, 洗净, 小心剪去全部根系后, 将幼苗回栽到水田中, 7 d 后将秧苗小心挖起, 洗净, 检测单株新发根干重(mg)、地上部干重(mg), 并计算新发根率(%) (= 新发根干重/地上部干重 × 100)。第 2 期(试验 II)

收稿日: 2000-04-04, 修回日: 2000-06-01。第一作者: 女, 1978 年 5 月生, 在读硕士, 从事遗传学研究。

* 通讯联系人。

将35 d秧龄的幼苗移栽到水田中,待绝大多数长出1个以上分蘖后,每家系各取5株中等苗,分别观测单株苗高(cm)、单株分蘖数后,再剪根,回裁到水田中,3 d后(此间因秧苗大、气温高,所以发根较快)将秧苗挖起、洗净,检测单株新发根数、新发根干重(mg)、地上部干重(mg),计算新发根率(%)。

采用单因子方差分析、多元回归分析及Choo等^[9]提出的方法估计各性状的遗传力(h^2)、基因对数(k)、偏度(g_1)和峰度系数(g_2)等有关的遗传参数,并检测多基因间是否存在上位性及分析基因互作方式。

2 结果与分析

2.1 亲本及其DH群体的性状表现

由表1可知,新发根率等6个性状在两亲本之间的差异或大或小,但在DH群体数据中,这6个性状的变幅均大大地超出了双亲值的范围,表明控制这类性状的增效和减效基因在双亲中呈分散分布,通过基因重组可产生正向和负向两个方向的超亲家系。进一步的比较可见,新发根率、新发根干重两个性状在双亲及DH群体中均值的大小顺序在试验I、II中是相同的,表明控制这两个性状的基因体系在不同的发育时期具有大致相同的遗传效应;双亲的地上部干重的均值在试验I、II中的大小顺序一致,但DH群体的均值在试验I、II中的大小顺序不相同,即在试验II中DH群体的分离变幅更偏向于取小值,负向超亲的趋向大于正向超亲,表明控制该性状的基因体系在不同的发育时期具有不同的遗传表现。

表1 亲本DH群体的性状表现及各性状遗传参数的估计

Table 1 Performance of the characters studied for the parents and the DH population, Estimates of heritability (h^2), number of genetic factors (k) involved in the characters, and the coefficients of skewness (g_1) and kurtosis (g_2) in the distribution of the DH population

试验 Test	性状 Characters	亲本 Parents		DH群体 DH population		遗传力 h^2	基因数目 k	偏度系数 g_1	峰度系数 g_2
		圭630 Gu630	02428	均值 Means	变幅 Range				
	新发根率 Percentage of new ly-developed roots	9.35	11.41	6.83	1.71~18.54		11.4	1.3408**	2.0367**
I	新发根干重 Dry weight of new ly-developed roots	2.22	2.52	1.86	0.22~5.26		11.6	0.9736**	0.2587
	地上部干重 Dry weight of plant part above the ground	23.73	22.08	25.71	11.57~46.15		7.7	0.6062**	0.5645
	新发根率 Percentage of new ly-developed roots	2.37	3.09	2.22	0.32~6.18		12.5	1.1678**	1.9440**
II	新发根干重 Dry weight of new ly-developed roots	4.70	5.20	3.60	0.77~12.07		13.5	1.5039**	2.4305**
	地上部干重 Dry weight of plant part above the ground	198.46	168.31	160.81	43.07~285.04		6.4	0.0476	0.0353
	新发根数 No. of new ly-developed roots	25.3	23.4	14.41	6~39	0.66	8.4	0.8975**	0.2836
	苗高 Plant height	71.1	82.9	73.96	54.2~98.6	0.33	10.8	-0.0692	0.2071
	单株分蘖数 No. of tillers per plant	2.60	1.00	1.13	0~3	0.45	6.7	0.2902	-0.5625

注: *、** 分别表示达到5%、1%的显著水平。

Note: *, ** denote significant at 5%, 1% level, respectively.

2.2 性状间的相关与回归分析

这里将新发根率作为反映根系生长活力的综合指标(记为Y),对试验I可求出Y(记为 Y_I)与新发根干重、地上部干重的简单相关系数分别为0.9268**、0.4166**;对试验II求出Y(Y_{II})与新发根干重、地上部干重、新发根数、苗高、单株分蘖数的简单相关系数分别为0.8287**、0.0167、0.6310**、-0.1839、0.3549**。

对于试验Ⅰ、Ⅱ, 新发根率 Y 与其它性状 X_i 的多元回归分析结果见表2。尤其从试验Ⅱ的数据所求出的4个回归方程, 可以看出: 其一, 当新发根干重 X_1 和发根数 X_3 都作为自变量分析时, X_3 的系数就基本取0值; 而当分析中不包括 X_1 时, X_3 的系数就为显著的正数。说明新发根干重较发根数具有更好的代表性, 这一点从 R^2 值的相对大小也可看出。其二, 尽管在简单相关分析中, 新发根率 Y 与单株分蘖数 X_5 相关极显著(+0.3549), 但在两种多元回归分析中, 新发根率 Y 与苗高和单株分蘖数相关均不显著, 暗示出苗高和单株分蘖数性状的遗传基础(基因体系)与新发根率等性状的不同。再者, 虽然在试验Ⅰ、Ⅱ的数据中, Y 与地上部干重的简单相关系数均为正值(试验Ⅰ中为极显著的正值, 试验Ⅱ未达到显著的很小正值), 但多元回归分析中地上部干重 X_2 的偏回归系数都取负值(均未达到显著水平)。

表2 新发根率(Y)与其它性状的多元回归分析

Table 2 Multiple regression analysis between percentage of new ly-developed root dry weight (Y) and other characters

自变量 X	Y_1	Y_{II} (分析中包括 X_1) (Including X_1)		Y_{II} (分析中不包括 X_1) (Not including X_1)	
		一般回归 General regression	逐步回归 Stepwise regression	一般回归 General regression	逐步回归 Stepwise regression
常量 Invariant	0.0554	0.0248	0.0437	0.0187	0.0155
X_1	3.5847(7.8403 ^t)	0.5581(5.73 ^t)	0.5521(989.85 ^F)	—	—
X_2	-0.2087(2.8375 ^t)	-0.0127(2.64 ^t)	-0.0133(258.65 ^F)	-0.0071(2.06 ^t)	-0.0084(15.88 ^F)
X_3		0.0000(0.06 ^t)		0.0012(7.02 ^t)	0.0012(75.66 ^F)
X_4		0.0000(0.08 ^t)		-0.0001(0.37 ^t)	
X_5		-0.0010(0.32 ^t)		-0.0018(0.80 ^t)	
F	955.53	194.57	190.11	18.75	18.42
R^2	0.9620	0.9310		0.5068	

注: 表中 X_1, X_2, X_3, X_4, X_5 分别代表性状新发根干重、地上部干重、新发根数、苗高、单株分蘖数, 括号内上标有 t 的数值为 t 值, 上标有 F 的数值为 F 值。

Note: X_1, X_2, X_3, X_4, X_5 in the above table denote dry weight of new ly-developed roots, dry weight of plant part above the ground, no. of new ly-developed roots, plant height and no. of tillers per plant, respectively. The figures marked with t or F in the brackets are t or F values in t or F tests.

2.3 遗传参数的估计及基因间互作方式的分析

发根数、苗高、单株分蘖数3个性状的狭义遗传力(h^2)分别为0.66、0.33、0.45(由于数据结构的限制, 这里未能给出其它几个性状的遗传力估计值), 表明这3个性状, 尤其是后2个性状受环境影响较大。新发根率、新发根干重、地上部干重3个性状在试验Ⅰ、Ⅱ所作的基因对数(k)的估计结果基本一致, 控制新发根率、新发根干重的基因数多达11.4~13.5对, 而控制地上部干重的基因数较少, 为6.4~7.7对。控制苗高和单株分蘖数的基因估计数分别为10.8和6.7对。

根据Choo分析原理, 由表1中各性状 g_1, g_2 的正负号及其相对大小可知, 控制新发根率、新发根干重、地上部干重3个性状的多基因间存在显著的互补作用, 且试验Ⅰ、Ⅱ的分析结果非常一致; 控制发根数的多基因间也存在显著的互补作用, 而控制苗高和单株分蘖数的多基因间无互补作用。

过去对水稻根系性状的生理、代谢特性方面的研究较多, 而对其遗传基础研究很少。本研究结果表明, 控制新发根率、新发根干重的基因数(k)多达11.4~13.5对, 是受多基因控制的数量性状, 而且多基因间存在有显著的互补作用。根据Choo等^[8]的观点, 如果基因间存在互作, 为了使互作基因间有更多重组的机会, 在育种选择的早期不宜太严格。单株分蘖数是反映水稻品种分蘖能力的重要指标之一, 其受控基因数相对较少(6.7对), 且多基因间无互补作用, 因此, 在育种的早期阶段可进行较严格的选择; 但由于其遗传力较低, 其估计值为0.45, 说明该性状表现受环境条件的影响较大, 所以, 育种选择中应加强栽培条件的控制。

参 考 文 献

- 1 熊振民、朱旭东、唐建新 水稻高产育种 见: 阎绍楷, 申宗坦, 熊振民著. 水稻育种学. 北京: 中国农业出版社, 1996 292~ 321
- 2 卢向阳、彭丽莎、唐湘如 早稻旱育秧形态、组织结构和生理特性 作物学报, 1997, 23(3): 360~ 368
- 3 武汉大学遗传研究室 几个组合杂交水稻生理特性的研究 武汉大学学报, 1975, 21: 13~ 22
- 4 何芳绿、何之常、龚景武 早籼杂交水稻根系生理特性的研究 植物生理学通讯, 1980(5): 17~ 20
- 5 方萍、吴平、陶勤南 应用分子标记研究水稻根系形态特征数量性状位点 作物学报, 1999, 25(2): 181~ 185
- 6 Paterson A H, Tanksley S D, Sorrells M E DNA markers in plant improvement *Advances Agron*, 1991, 46: 39~ 90
- 7 Chang T T, Amensta-Soto J K. Genetic studies on the components of drought resistance in rice In: IRR Led Rice Genetics-Proceedings of International Rice Genetics Symposium. Manila: Island Publishing House, Inc., 1987. 387 ~ 398
- 8 Choo T M, Reinberge E. Analyses of skewness and kurtosis for detecting gene interaction in a doubled haploid population *Crop Sci*, 1982, 22: 231~ 235
- 9 Choo T M, Reinberge E. Estimation of the number of genes in doubled haploid population of barley. *Can J Genet Cytol*, 1982, 24: 337~ 341

《天然产物研究与开发》征稿 征订启事

《天然产物研究与开发》由中国科学院成都分院、中国科学院成都文献情报中心与中国科学院成都地奥制药公司、国家天然药物工程技术中心合办, 国内统一刊号 CN 51-1335/Q, 国际标准连续出版物号 ISSN 1001-6880。学科横跨生物、化学、生物化学和药学。内容既有基础理论, 又包括应用技术。本刊从1989年创办以来, 已先后被美国化学文摘(CA)、中国生物学文摘、中国药学文摘、中国化学化工数据库、中国农林数据库等收录。据《美国化学文摘(CA)资料来源索引》统计, 《CA》收录的1400多种期刊、专刊、会议录、学位论文中, 1992年中国科技期刊仅有45种入选“CA 千名表”, 本刊居中国期刊第29名。

1 本刊欢迎有关天然产物研究与开发的各方面稿件, 包括植物(重点是天然药物)、动物、微生物、生物高分子等天然产物的资源、鉴定、提取、分析、改性、合成、仿生和利用方面的研究论文、实验报告、综述或报道、开发动向等。

2 来稿要求内容充实、论据可靠、论点明确、文字精炼, 每篇文章不超过5000字。论文应附中、英文摘要与关键词。英文要打字。

3 文中插图应用硫酸描图纸描绘, 描绘一定要用墨汁, 图中文字须打印、植字, 并附上准确的底图, 附表应尽量精简、清晰。

4 所附参考文献须注明作者、出处、年份和卷期号, 外文部分要求打字。

5 来稿文责自负, 本刊有权作文字删改, 如不愿删改者请事先申明。

6 本刊将在接到来稿半年内通知作者是否采用, 未用稿件一律负责退还。

7 本刊按中国科学院有关文件酌情收取发表费并支付稿酬。

8 来稿请寄四川省成都市人民南路4段9号中国科学院成都文献情报中心《天然产物研究与开发》编辑部, 邮政编码: 610041。

9 本刊通过全国邮局公开发行, 邮发代号: 62- 107, 双月刊, 每期96页, 每本定价10.00元, 全年60.00元(含邮费), 欢迎补订。订费可通过邮局直接汇至本刊编辑部, 或通过银行信汇至中国科学院成都文献情报中心。开户行: 成都市交行磨支科分处; 帐号: 0149002028。