

水稻诱变获得隐性高秆基因

吴世弼 张琦华

(泉州市农科所)

提 要

利用30千伦⁶⁰Co γ 射线辐照早籼品种“桂朝二号”诱发突变获得一个高秆突变体“Mh-1”。研究结果表明：“Mh-1”株高是由一对隐性基因控制的，属简单遗传，同时也受微效基因影响。本文还讨论了隐性高秆基因の利用前景。

实践证明，诱发突变是创造新种质的有效方法，可以创造水稻新类型，选育新品种。随着水稻杂种优势利用的普及，国外有些科学家已注意到水稻隐性高秆基因的诱变研究⁽¹⁾⁽²⁾。Okuno和Kawat(1978)观察到长秆突变体LM-1和亲本杂交，F₂代出现3(矮秆):1(高秆)的简单遗传比例。Mallick等从栽培品种IR8诱发突变得到一个显性矮秆突变体，亦属简单遗传。上述两种突变的秆高都和不良的农艺性状连锁在一起，因而变得不理想。

J. N. Rutger和H. L. Carnahan(1981)得到一个隐性高秆基因，遗传测定结果，亦属简单遗传。Hajra, N. G.等通过诱变得到一个Lsm6/1突变体，较迟熟，植株较高，穗较长和较多的结实粒数。茎秆高度和迟熟性各为一对独立的隐性基因所控制，但国内尚未见报道。本文介绍作者诱发水稻突变得到一个隐性高秆基因研究的初步结果。

材 料 与 方 法

1980年晚季利用福建物质结构研究所⁶⁰Co γ 辐射源，辐照籼稻品种“桂朝2号”，照射量为10、20、30、40、50、60、70千伦，以未加辐照为对照，共9种处理。M₁代于照射后15天按不同照射量分别播种，移栽时采用丛插，单穗收获作为次年用种。M₂代于1981年晚季，以穗行播种移栽，每个穗行种植21株。

抽穗扬花至成熟阶段进行鉴定筛选，从照射量为30千伦的第甲2—243穗行中得到三个高秆突变株，代号为“Mh-1”、“Mh-2”、“Mh-3”。1982年“Mh-1”盆栽80个单株，均表现高秆，未发现高矮前分离现象。随机留取20株于1983年早季种成株系，每系80个单株，抽穗扬花时鉴定，仍未发现株高分离。同时选定突变体“Mh-1”的亲本“桂朝2号”和另一个普通矮秆品种“青包矮”分别和“Mh-1”进行正反交。F₁于1983年倒种观察，1984年早季和1985年早季以株行播插，分别观察F₂代和F₃代群体分离情况。F₂观察结果发

现“桂朝2号×Mh-1”组合有一定比例株系不发生分离，其农艺性状和母本桂朝2号无异，说明其F₁混有母本种子，因此，本组合的F₁考种材料未予录用。

结 果 与 分 析

一、高秆突变体“Mh-1”的农艺性状

测定高秆突变体“Mh-1”和亲本“桂朝2号”的株高（平均秆长）、节间长度。结果表明，高秆突变体“Mh-1”的株高比“桂朝2号”增高50.43厘米，增高48.96%，而这种增高是由植株各节间长度同时增长的结果（表1）。这和Okuno与Kawat（1978）、J.N.

表1 “Mh-1”和“桂朝二号”的株高和节间长度比较（厘米）

品 种	株 高	节 间 长 度					
		第一节	第二节	第三节	第四节	第五节	
Mh-1	153.42	50.83	39.61	26.63	10.81	3.29	
桂 朝 2 号	101.99	33.78	22.19	16.20	7.95	1.57	
“Mh-1”和“桂朝2号” 比 较	增 高	50.43	17.05	17.42	10.43	2.86	—
	%	48.96	50.47	43.97	64.38	35.97	—

Rutger和H. L. Carnahan（1981）所得到的高秆突变体的增长原因不同，前者是由植株的低节位节间的增长所造成的，后者是顶端节间的增长所造成的，而和Hajra, N. G.等所得到的突变体增高的情况相似。突变体“Mh-1”的穗长和剑叶长度亦相对地增加。穗长早季测定的结果增加13.67%，晚季测定结果增加9.1%。生育期近似亲本，有效穗数、千粒重和结实率均不亚于亲本。其剑叶虽长，但持直立状态，是一个比较理想的高秆突变体。“Mh-1”除株高等性状有显著的变异外，开花习性也和亲本绝然不同，表现为抽穗后3~4天才扬花，而亲本一般是当天抽穗次日扬花。

突变体“Mh-1”在营养生长阶段和亲本“桂朝2号”难以区分，在抽穗期间由于茎秆突然增高才和亲本显出明显区别。茎秆的迅速增高几乎和抽穗同时进行。

二、高秆突变体“Mh-1”的遗传表现

“Mh-1”和亲本“桂朝2号”以及普通矮秆品种“青包矮”正交和反交，其后代的遗传表现分述如下：

（一）F₁代 高秆突变体“Mh-1”无论和亲本“桂朝2号”或“青包矮”的正反交结果，F₁代均表现矮秆。但杂种F₁和双亲的株高（平均秆长）差异是显著的，而杂种F₁代株高更接近于矮秆亲本；“Mh-1×青包矮”正交的株高和穗长分别和反交的株高和穗长相似，差异不显著（表2）。初步表明高秆性状是隐性的，细胞质并不支配“Mh-1”株高的遗传，是属于核遗传。

（二）F₂代 各个杂交组合的F₂代均只分离出高秆和矮秆两大群体。高秆和矮秆的植株比例调查结果列于表3。表3指出：F₂代的分离表现是3（矮秆）：1（高秆），符合孟德尔分离规律。表明“Mh-1”的高秆性状是由一对隐性高秆基因控制的。

表 2 不同杂交组合 F₁ 代株高和穗长的比较* (厘米)

组 合	组 合 名 称	株 高	差异显著性	穗 长	差异显著性
I	桂朝 2 号	83.19 ± 4.80	A	18.73 ± 1.15	A
	Mh-1 × 桂朝 2 号	91.77 ± 4.53	B	19.69 ± 1.26	B
	Mh-1	124.42 ± 7.06	C	21.29 ± 1.87	C
II	青 包 矮	68.13 ± 3.83	A	15.79 ± 1.21	A
	青包矮 × Mh-1	80.74 ± 4.15	B	18.59 ± 0.97	B
	Mh-1 × 青包矮	81.19 ± 3.76	B	18.12 ± 1.28	B
	Mh-1	124.42 ± 7.06	C	21.29 ± 1.87	C

* 用LSD法进行差异显著性测定, 显著水平为0.01。

表 3 不同杂交组合 F₂ 代株高的分离比例

组 合 名 称	总株数	矮秆株数	高秆株数	3:1符合性测验	
				X ²	P
青包矮 × Mh-1	2747	2075	672	0.394	0.750~0.500
Mh-1 × 青包矮	1992	1485	507	0.193	0.750~0.500
桂朝 2 号 × Mh-1	2415	1802	613	0.169	0.750~0.500
Mh-1 × 桂朝 2 号	2027	1510	517	0.250	0.750~0.500

进一步测定高、矮两个群体的植株高度,发现正交组合中的矮秆群体和高秆群体,分别和反交组合中的矮秆群体和高秆群体的平均株高没有显著差异。进一步说明“Mh-1”的株高是核遗传的。同时可以看出F₂代分离出的高秆群体平均株高略矮于高秆亲本,矮秆群体的平均株高均略高于矮秆亲本,差异均极显著。无论是高秆群体或矮秆群体,其标准差均大于双亲(表4)。上述结果表明,无论是高秆或矮秆群体都是一个分离群体。这种株高的微小分离,可能和微效基因或修饰基因重组有关,即“Mh-1”的株高除了由隐性高秆主基因控制外,可能还受微效基因或修饰基因的影响。这种现象尚有待进一步深入探讨。

(三) F₂ 代 为进一步了解F₂分离子的遗传实质,我们从“桂朝2号 × Mh-1”和“青包矮 × Mh-1”两个杂交组合的F₂分离群体中各随机取80株矮株和20株高株分别繁衍成F₃株系并观察其遗传表现。结果表明,无论是“桂朝2号 × Mh-1”组合或“青包矮 × Mh-1”组合,由F₂高株繁衍的F₃株系均未出现分离,高秆性状真实遗传。但是,由F₂矮秆繁衍的F₃株系则有不同表现,其中少数株系未出现分离,矮秆性状真实遗传,而多数株系又出现接近于3(矮):1(高)的分离,显示F₂矮秆分离子中存在着单因子杂合和纯合两类个体。根据分离法则对上述由F₂矮株繁衍的F₃不分分离系和分离株系之间的数量比以及分离株系中矮株和高株之间的数量比进行X²测验,它们分别符合1:2和3:1的理论比(表5及表6)。

以上实验进一步证明本试验所获得的“Mh-1”高秆受一对隐性基因所控制,它是由于

表4 F₂代不同分离群体株高的比较

组别	组合名称	秆高类别	株数	株高平均值(厘米)	标准差
I	Mh-1	高秆亲本	198	130.05	4.632
	Mh-1 × 桂朝2号	高秆群体	157	158.90**	6.300
		矮秆群体	194	113.01**	4.544
	桂朝2号 × Mh-1	矮秆群体	183	113.99**	6.764
		高秆群体	144	159.72**	7.141
	桂朝2号	矮秆亲本	184	108.45	3.715
II	Mh-1	高秆亲本	193	165.05	4.632
	Mh-1 × 青包矮	高秆群体	172	154.78**	5.859
		矮秆群体	200	107.20**	5.513
	青包矮 × Mh-1	矮秆群体	234	106.39**	5.017
		高秆群体	131	154.92**	5.977
	青包矮	矮秆亲本	149	94.03	3.940

注: 1. △△表示与矮秆亲本差异达0.01水平; 2. **表示与高秆亲本差异达0.01水平; 3. 用“T”测验测定差异显著性。

表5 由F₂矮株繁衍的F₃株系的遗传表现

组合	F ₃ 株系总数	不分离的株系数	分离的株系数	X ² (1:2)	P
桂朝2号 × Mh-1	80	25	55	0.162	0.75—0.50
青包矮 × Mh-1	79	20	59	2.262	0.25—0.10

表6 F₃分离株系中矮株与高株的分离比

组合	分离的株系数	植株总数	矮秆株数	高秆株数	X ² (3:1)	P
桂朝2号 × Mh-1	55	1141	861	286	0.129	0.75—0.50
青包矮 × Mh-1	59	1264	960	304	0.608	0.50—0.25

矮秆品种桂朝2号发生单基因隐性突变的结果。桂朝2号矮秆是Mh-1高秆的相对性状,前者对后者显性。这和一般认为水稻高秆性状是由显性高秆基因控制的结果完全相反,而与Hajra等人报道的研究结果相似(2)。

讨 论

水稻杂种优势利用在我国已取得成功,杂交水稻已成为提高我国稻米产量的重要因素。要进一步扩大杂交水稻的利用,除继续选育优良的“三系”外,如何进一步提高杂交稻制种产量也是杂优利用的主要课题之一。我们曾利用“Mh-1”和国内常用不育系“珍汕97A”等12个不育系进行测交,其结果F₁均表现为矮秆性状,但育性得不到恢复,均表现不育或半不

育,初步说明“Mh-1”对现有的不育系不具有恢复能力,这一现象可能和“Mh-1”的亲本“桂朝2号”不具恢复能力有关。但由于“Mh-1”高秆性状是由隐性基因控制的,属简单遗传,就有可能通过基因转育来培育隐性高秆恢复系,这种恢复系配成的组合其杂种 F_1 仍是矮秆的。但由于在制种田中改善了授粉条件,对于进一步提高制种产量将有独特的作用。J.N.Rugter和H.L.Carnahan(1981)⁽²⁾曾把隐性高秆基因称为水稻杂种优势利用(继三系之后)的第四个遗传要素。

参 考 文 献

- [1] Rutger J.N. and H.L. Carnahan. 1981. A Fourth Genetic Element to Facilitate Hybrid Cereal Production A Recessive Tall in Rice. *Crop science*, 21(3): 373-376.
 [2] Hajra N.G. 1982, 籼型水稻 Latisait 中获得一个有希望的高秆突变体 水稻文摘 1983.5.

STUDY ON INDUCED MUTATION LEADING TO OBTAINING A RECESSIVE TALL-CULM GENE IN RICE

Wu Shibi, Zhang Qihua

(*Quanzhou Institute of Agricultural Sciences*)

ABSTRACT

A tall-culm mutant, Mh-1, is obtained by using radiation of ^{60}Co γ ray (30 kr) in a variety of hsien rice. Compared with the parent 'Guichao No.2', the mutant 'Mh-1' has a 48.7% increase in plant height, which results from the lengthening of internodes. 'Mh-1' basically reserves all the characters except plant height, It is a comparatively ideal mutant.

The tall-culm mutant 'Mh-1' is test crossed by the parent 'Guichao No.2' and a common semidwarf variety 'Gingbaoai'. The progenies are all semidwarf plants in F_1 generation. There appears in F_2 the segregation rate of 3(semidwarf):1(tall). F_3 has the same segregation rate as F_2 has. In the segregation population, the tall progenies are always a bit shorter than 'Mh-1', and the short progenies are always a bit taller than the semidwarf parent. The result shows that the character of being short-stalked is dominant while tall-culm is a recessive character. The plant height of the tall-culm mutant is controlled by a pair of the recessive main genes, which is simple inheritance in nature. It is also influenced by minor genes.

The prospective use of the tall-culm recessive gene is also discussed in this paper.