

文章编号:1674-7054(2013)02-0153-07

普通野生稻及其与转 *bar* 基因水稻 杂交 F₁ 代的生存竞争力

乔 健,徐立新,俞欢慧,李厚奇,袁潜华
(海南大学 农学院,海南 海口,570228)

摘 要: 分别以普通野生稻(*Oryza rufipogon* Griff)崖城居群、万宁居群、东方居群为母本,以转 *bar* 基因抗除草剂水稻品种 B2 为父本,人工杂交得到转 *bar* 基因栽野杂交 F₁ 代种子(简称“Bar 野后代”)。从种子活力、农艺性状、结实能力和再生能力等方面,对 Bar 野后代和普通野生稻的生存竞争力进行了比较分析。结果表明,Bar 野后代种子的发芽能力总体上高于野生稻;农艺性状方面,单作时 Bar 野后代与野生稻的分蘖数、剑叶面积相差不大,混作时 Bar 野后代总体上明显优于野生稻,且 Bar 野后代的相对竞争力(RCA)强于野生稻;结实性方面,Bar 野后代稻穗的结实能力总体上强于野生稻;大部分野生稻的稻茬再生率均高于 Bar 野后代植株。

关键词: 转基因水稻;*bar* 基因;普通野生稻;杂交 F₁ 代;生存竞争力

中图分类号: S 511.9

文献标志码: A

转基因水稻育种技术是我国继矮化育种、三系法杂交育种、两系法杂交育种和超高产育种之后的又一水稻育种平台。世界各国都把转基因技术作为支撑发展、引领未来的战略选择,是增强农业国际竞争力的战略重点^[1]。自 20 世纪 80 年代以来,转基因技术在植物育种中已经取得举世瞩目的成就,转基因作物自 1996 年商业化以来已连续 16 年增长,至 2012 年种植面积达 1.7 亿 hm²,是现代农业史上发展最迅速的作物技术^[2-3]。与此同时,转基因技术对环境、生态及食品安全的潜在风险也引起全球的共同关注^[4-7]。转基因水稻的环境风险主要由基因飘流介导,通过花粉扩散传播与其他非转基因品种或野生稻进行杂交和回交实现基因转移。因此,有关转基因水稻基因飘流方面的研究也随之迅速展开^[8]。野生稻是我国生物技术育种和提高水稻生产能力的重要基因资源,普通野生稻和普通栽培稻都包含 AA 基因组,亲缘关系较近而且杂交亲和力高,较易发生基因飘流^[9]。野生稻在面临原生地面积减少、环境恶化、过度收割和放牧威胁的同时^[10],还将面临着转基因逃逸的威胁^[11]。大量研究表明,如果在同区域内种植,转基因水稻将通过花粉扩散向栽培稻及其近缘植物发生基因飘流或基因逃逸^[12-13]。同区域内转基因水稻与普通野生稻在没有任何隔离措施的情况下最大飘流距离可达 250 m,在相隔 0~1 m 时飘流频率较高,为 11%~18%^[14]。当转基因水稻商业化后,并与普通栽培稻相邻种植时,如果不采取相应的隔离措施,转基因逃逸将不可避免。因此,研究外源基因飘流到普通野生稻后的命运,评价转基因逃逸对普通野生稻居群的影响,以及其他可能产生的生态风险均非常必要。

转基因水稻可以向普通野生稻发生基因飘流,对转基因水稻与普通野生稻杂交后代做进一步跟踪研究,探明转基因水稻花粉飘流到普通野生稻之后产生的后代在普通野生稻居群中的适应性和生存竞争力,这关系到转基因飘流后代在普通野生稻群体中的命运问题。根据《转基因植物及其产品环境安全检测》国家标准^[15],笔者从以下几个方面考察转基因水稻后代的生存竞争力:种子活力、关键农艺性状(如

收稿日期:2013-04-21

基金项目:转基因生物新品种培育科技重大专项(2011ZX08011-001)

作者简介:乔健(1987-),男,山东郓城人,海南大学农学院 2010 级硕士研究生。

通信作者:袁潜华(1963-),男,研究员。E-mail:qhyuan@163.com

分蘖数、叶片数、剑叶面积)、与野生稻的竞争能力和再生能力等。通过对转 *bar* 基因水稻与几种普通野生稻的杂交后代和普通野生稻的生存竞争能力的比较研究,综合评估转 *bar* 基因水稻花粉逃逸到普通野生稻居群后可能会对普通野生稻居群产生的影响,加深对转基因水稻生态安全性的了解,为转基因水稻的环境安全性评价提供依据。

1 材料与方 法

1.1 材料 试验的野生稻材料为普通野生稻(*Oryza rufipogon* Griff)崖城居群(编号为 YC)、万宁居群(编号为 WN)、东方居群(编号为 DF),以上 3 种野生稻分别采自海南省三亚市崖城镇、万宁市东澳镇和东方市白穴村的野生稻原生境生长地,并栽种在海南大学农学院陵水试验基地(2011-01-13 日播种,2011-02-13 插秧)。转基因水稻材料为转 *bar* 基因(bialaphos resistance gene)抗除草剂水稻品种 B2,由中国水稻研究所提供,其抗除草剂特性及农艺性状基本稳定^[16-18]。

1.2 人工杂交和杂交 F₁ 代种子的获得与分子检测 普通野生稻资源在陵水试验基地每年 9~11 月为盛花期。2011 年 7~8 月采用分期播种方法种植转基因水稻品种 B2,以满足其花期与普通野生稻相遇。以转基因水稻 B2 为父本、野生稻为母本进行人工杂交并套袋,在普通野生稻开花前 1 h 剪开颖壳,采用温汤去雄法去雄,将稻穗放入 42~45 °C 的温水中浸泡 8 min 杀死雄蕊,之后采集转基因父本花粉进行人工授粉,杂交完成后套袋并用小竹竿固定,约 25 d 收获杂交种子,记为“Bar 野杂交 F₁ 代种子”,简称“Bar 野后代”,并分别编号为 Bar-YC, Bar-WN, Bar-DF。同时,套袋收获的普通野生稻种子以进行竞争试验,分别编号为 YC, WN, DF。

将收获的杂交种子播种,在 Bar-YC, Bar-WN, Bar-DF 幼苗 3~5 叶期喷施 BastaTM 除草剂,将不具备抗性的幼苗杀死,以去除野生稻自交的幼苗。抽样选取具有抗性的幼苗带回实验室进行分子检测,以去除假阳性。采用 CTAB 法^[19]提取水稻基因组 DNA,以基因组 DNA 为模板扩增 *bar* 基因,PCR 扩增引物为 Bar-F(5'-GCACCATCGTCAACCACTAC-3')和 Bar-R(5'-GCCAGAAACCCACGTCAT-3'),扩增片段为 400 bp。PCR 反应体系为:Bar-5'引物(10 μmol·L⁻¹)与 Bar-3'引物各 2.5 μL, DNA 模板 2.5 μL, 10 × Buffer(Mg²⁺) 2.5 μL, dNTP(2.5 mmol·L⁻¹) 1 μL, Taq 酶 0.3 μL, ddH₂O 14.7 μL。PCR 扩增程序为:95 °C 预变性 3 min;94 °C 变性 1 min, 57 °C 退火 1 min, 72 °C 延伸 1 min, 进行 35 个循环;72 °C 延伸 5 min, 4 °C 保存。PCR 产物琼脂糖凝胶电泳标记为 Marker1500。

1.3 Bar 野后代种子、野生稻种子的发芽势和发芽率测定 将收获的种子充分晾干后,在室温通风的环境中放置约 20 d 后进行萌发实验。为防止种子休眠对萌发结果的影响,在萌发前利用物理方法击破种子外壳,以打破种子休眠,保证浸种时种子充分吸水。Bar 野杂交组 Bar-YC, Bar-WN, Bar-DF 和纯野生稻组 YC, WN, DF 6 个样品种子,分别选取 50 粒种子按 GB/T3543.4-1995 规定的方法进行萌发,实验设置 3 个重复,计算发芽势和发芽率,采用方差分析 2 组样品中杂交 F₁ 代种子与纯野生稻的发芽率差异性,并将萌发的 3 种 Bar 野后代和野生稻幼苗移至田间,留作后用。

1.4 Bar 野后代和普通野生稻农艺性状表现及相对生长竞争力分析 将 Bar 野后代与普通野生稻 Bar-YC 与 YC, Bar-WN 与 WN, Bar-DF 与 DF 的幼苗,分别设置成 Bar 野后代单作、普通野生稻单作、Bar 野后代和普通野生稻混作种植 3 个处理,各 3 个重复,每个处理约 2.56 m²(1.6 m × 1.6 m),各 16 株幼苗。其中 Bar 野后代和普通野生稻混作,按照相邻种植间隔排列(见图 1)。从播种后 30 d 开始,每隔 20 d 记录各小区幼苗的分蘖数、叶片数、剑叶面积等生长量指标,其中普通野生稻农艺性状测量标准,按照《野生稻种子资源描述规范和数据标准》中^[20]的规定进行测量和描述。之后,按 dewit, dewit & Vanden Bergh 和 McGil christ & Trenbath 的相对生长量(RY),相对生长量(RYT)以及相对竞争力(RCA)模型,分析 Bar 野后代与普通野生稻的相对生长竞争力^[21],模型如下:

$$RY = \frac{Y_{mix}}{Y_{mon}}, RYT_{AB} = RY_A + RY_B, RCA = \frac{RY}{RYT}$$

式中,RY 为 1 个种的相对生长量;Y_{mix}为该种在混生条件下的生长量;Y_{mon}为该种在单作条件下的生长量;RYT_{AB}为相互竞争的 A, B 2 个种的相对生长量之和;RCA 为 1 个种的相对竞争力。

相互竞争的2个种的 *RCA* 值之和为1,只有当1个种的 *RCA* 值 > 0.5 时,才表示其竞争力大于另一个种。*RCA* 值愈大,竞争力愈强。

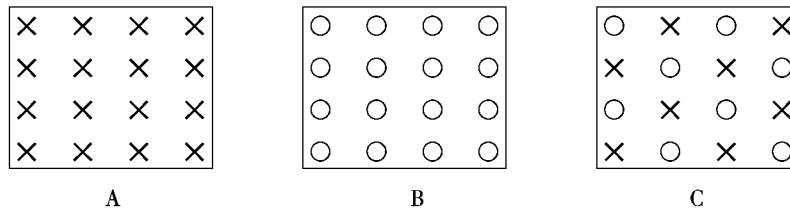


图1 Bar 野 F_1 代幼苗与普通野生稻幼苗田间布局

○代表普通野生稻植株,×代表 Bar 野后代植株。A 表示 Bar 野后代植株单作,B 表示普通野生稻单作,
C 表示 Bar 野后代植株与普通野生稻混作

Fig. 1 Diagram of the experimental design of Bar hybrids and common wild rice

○: Common wild rice; ×: Bar hybrids. A: Monoculture of Bar hybrids; B: Monoculture of common wild rice;
C: Mixed culture of Bar hybrids with common wild rice

1.5 自生苗和再生苗的调查 在稻田竞争性试验的同一田块进行调查。由于普通野生稻及其杂交后代种子灌浆结实后极易落粒,本试验利用套袋的方式收获种子,避免落粒,因而收获割茬后没有自生苗生长,所以,本部分只对稻茬再生苗进行调查统计。Bar 野后代与普通野生稻成熟后收获,并调查试验小区的稻茬数,分别在收获后 20 d 和 40 d 调查试验小区的稻茬再生苗情况,对出现的稻茬再生苗拔除后带回实验室验证,全部调查结束后翻耕田块。

根据公式(1)、(2)计算所得结果,比较 Bar 野后代和普通野生稻再生苗数的差异。

单位面积的再生苗数按公式(1)计算^[15]。

$$X = \frac{n_1}{A_1} \quad (1),$$

式中, X 为单位面积出苗数(株· m^{-2}); n_1 为出苗总数(株); A_1 为调查的面积(m^2)。

Bar 野后代与普通野生稻的再生苗产生率按公式(2)计算^[23]。

$$X = \frac{n_2}{N_2} \quad (2),$$

式中, X 为再生苗产生率(再生率); n_2 为 Bar 野后代或普通野生稻的再生茎蘖数(株); N_2 为其母茎茎蘖数(株)。

2 结果与分析

2.1 种子发芽率和发芽势 在机械破除野生稻谷壳打破种子休眠的情况下,WN 野生稻种子发芽率和发芽势最高,分别为 43.48% 和 36.67%;YC 野生稻种子的发芽率和发芽势分别为 26.54% 和 21.33%;DF 野生稻种子发芽率和发芽势最低,分别为 25.94% 和 15.33%,可见,不同居群的野生稻发芽率和发芽势的差别较大。不同 Bar 野后代种子与野生稻居群种子比较表明,Bar - DF 种子的发芽势和发芽率,分别为 83.37% 和 80.67%,远远高于 DF 野生稻种子的发芽率与发芽势,Bar - YC 种子发芽率和发芽势,分别为 37.78% 和 33.33%,也高于 YC 野生稻种子,仅 Bar - WN 的种子发芽率与发芽势略低于 WN 野生稻种子,分别为 35.64% 和 35.26%。

2.2 Bar 野后代幼苗的分子检测 田间选取具备 Basta™ 抗性的绿色幼苗带回实验室进行分子验证。PCR 产物电泳图如图 2 所示。抽样选取的转基因水稻 B2 与各居群普通野生稻杂交 F_1 ,即 Bar - YC,Bar - WN,Bar - DF 抗性苗均能够扩增出大小约 400 bp 的 *bar* 基因片段,未发现假阳性苗。而相对应的各普通野生稻居群的 YC,WN,DF 则没有扩增出 *bar* 基因片段。

2.3 Bar 野后代和普通野生稻生存竞争力分析 在播种后 30,50,70,90 d 分别测量统计各生长小区秧苗的分蘖数、剑叶面积等。单作区为分别在的小区独立插植的 Bar - YC,Bar - WN,Bar - DF 和 YC,WN,DF 6 种秧苗,混作区为 Bar - YC,Bar - WN,Bar - DF 分别与普通野生稻混合插植于同一个小区。

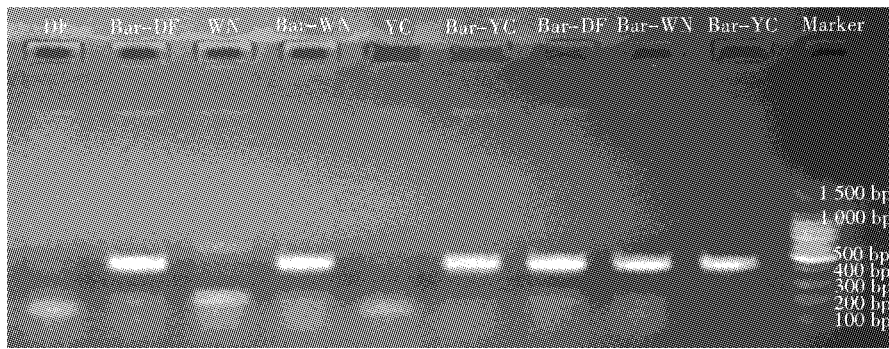


图2 Bar 野后代 F₁ 幼苗与普通野生稻分子检测

Fig. 2 The PCR assays of Bar-hybrids and common wild rice

根据观察, YC 野生稻半匍匐生长, Bar - YC 直立生长; WN 野生稻完全匍匐生长, Bar - WN 半匍匐生长; DF 野生稻完全匍匐生长, Bar - DF 则完全直立生长。Bar 野后代直立或半直立生长, 而普通野生稻多为匍匐生长。

分蘖数测量统计显示, Bar - YC 与 YC 分别单作时, Bar - YC 与 YC 的分蘖数相差不大, 但在二者混作时, Bar - YC 的分蘖数则多于 YC; Bar - WN 与 WN 分别单作时, Bar - WN 与 WN 的分蘖数相差不大, 混作时 Bar - WN 的分蘖数则明显多于 WN; Bar - DF 与 DF 分别单作时, Bar - DF 的分蘖数明显多于 DF, 混作时, Bar - DF 的分蘖数也明显多于 DF, 甚至部分 DF 幼苗在强大的竞争压力下死亡(见图3)。

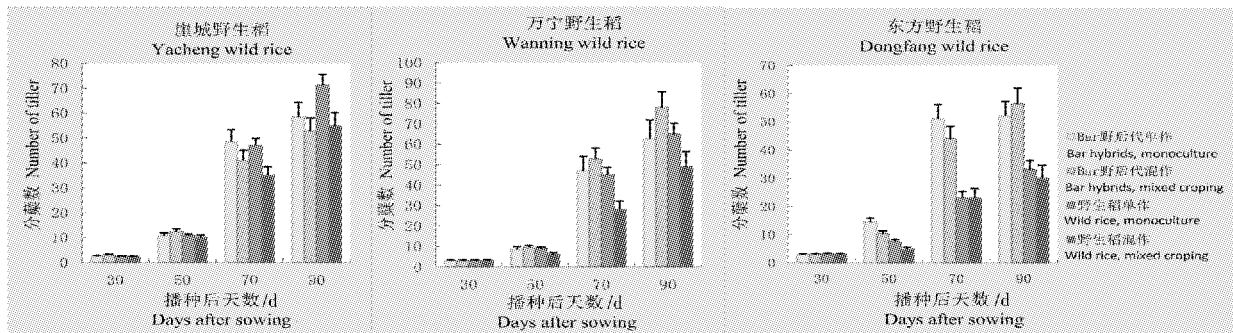


图3 Bar 野后代与普通野生稻的分蘖数变化

Fig. 3 The change of the tiller number of Bar-hybrids and common wild rice

剑叶面积测量统计显示, 单作时 Bar - YC 与 YC 的剑叶面积各个时期相差不大, 但在二者混作时, Bar - YC 的剑叶面积则大于 YC; 单作时 Bar - WN 与 WN 的剑叶面积相差不大, 混作时, Bar - WN 的剑叶面积性状则明显优于 WN; 单作时 Bar - DF 的剑叶面积性状明显优于 DF, 混作时 Bar - DF 的剑叶面积性状也明显优于 DF(见图4)。

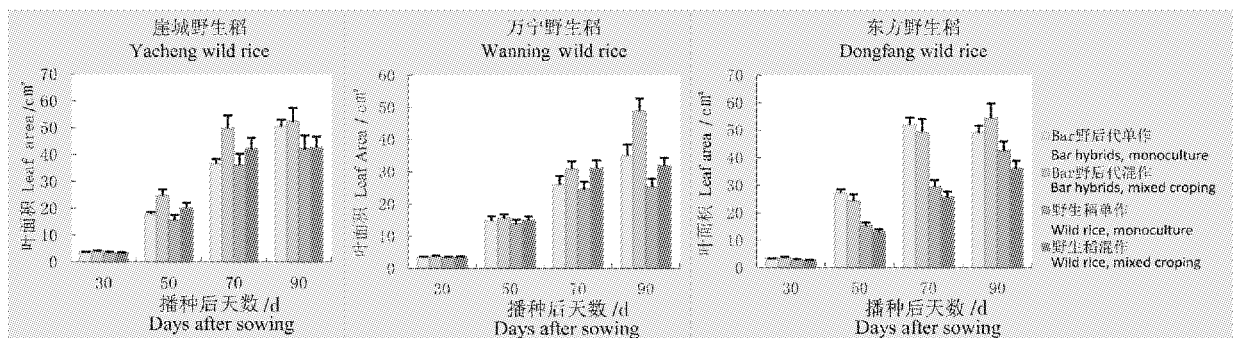


图4 Bar 野后代与普通野生稻的剑叶面积变化

Fig. 4 The change of the flag leaf area of Bar-hybrids and common wild rice

Bar 野后代和普通野生稻单作与混作区种植 30, 50, 70, 90 d 时, 测量分蘖数、叶片数及剑叶面积相对生长量, 并利用 dewit, dewit & Vanden Bergh 和 McGil christ & Trenbath 的相对生长量 (RY)、相对生长量之和 (RYT) 以及相对竞争力 (RCA) 模型^[21], 计算得出各个小区不同农艺性状的 RCA 值 (见表 1)。

表 1 Bar 野后代与普通野生稻各个种的相对竞争力 (RCA)
Tab. 1 The relative competition ability (RCA) of each species

性状 Trait	Bar - YC	YC	Bar - WN	WN	Bar - DF	DF
分蘖数 Number of tillers	0.55	0.45	0.63	0.37	0.54	0.46
叶片数 Number of leaves	0.54	0.46	0.58	0.42	0.61	0.39
剑叶面积 Flag leaf area/cm ²	0.51	0.49	0.54	0.46	0.56	0.44

表 1 数据显示, Bar 野后代的分蘖数、叶片数、剑叶面积 RCA 均大于 0.5, 采用 dewit 等相关公式计算, 混作的 2 个种的 RCA 之和为 1, 而普通野生稻的分蘖数、叶片数、剑叶面积都小于 0.5, 这说明混作条件下 Bar 野后代的生长竞争力均强于普通野生稻, 且营养生长性状均表现较好。这可能与转 *bar* 基因野栽杂交 F_1 代植株具备杂种优势, 前期营养生长比相对匍匐生长的普通野生稻具备优势, 生长前期对光照的争夺中占据上风有关。

2.4 Bar 野后代和普通野生稻的结实能力 统计结果表明, Bar - YC 单株有效穗约为 25, 平均结实率为 56%, 而 YC 单株有效穗约为 23, 平均结实率为 76%; Bar - WN 单株有效穗约为 12, 平均结实率为 16%, WN 单株有效穗约为 9, 平均结实率为 12%; Bar - DF 单株有效穗约为 33, 平均结实率为 63%, DF 夏季没有抽穗, 长势较差。由此可见, Bar 野后代稻穗的结实能力总体上强于普通野生稻。

2.5 稻茬再生苗数和再生率 收获后 20 d 统计稻茬数、再生茎蘖数和再生率, 每小区稻茬数均为 16 蔸, Bar - YC 母茎平均每蔸茎蘖数为 17, 再生茎蘖数为 7, 再生率为 0.41; 而 YC 平均每蔸茎蘖数为 19, 再生茎蘖数为 11, 再生率为 0.58; Bar - WN 与 WN 母茎平均每蔸茎蘖数分别为 18 和 21, 再生率分别为 0.67 和 0.71; Bar - DF 和 DF 平均每蔸茎蘖数分别为 15 和 7, 再生率分别为 0.60 和 0.71。收获后 40 d 时再定株调查相应小区, Bar - YC 的再生率为 0.76, 而 YC 的再生率为 0.89; Bar - WN 与 WN 再生率均达到 1.00; Bar - DF 和 DF 的再生率分别为 0.73 和 0.86。可见, 除 DF 居群外其他普通野生稻的稻茬再生能力均高于相应的 Bar 野后代植株, Bar - WN 与其相应野生稻的再生能力相当。

3 讨论

通过对 3 种不同居群的普通野生稻和 Bar 野后代种子发芽率的统计发现, Bar - YC 种子发芽率略高于 YC, Bar - WN 和 WN 的种子发芽率相差无几, 但 Bar - DF 的种子发芽率则远远高于 DF。这可能是与普通野生稻主要靠营养繁殖有关。而转 *bar* 基因水稻杂交后代种子可能是由于野生稻与栽培稻杂交, 后代继承了栽培稻的特性, 使其具有更好的种子繁殖特性。该种子携带了 *bar* 基因, 如果能够在普通野生稻居群中扩散则可能对该居群造成影响。至于 Bar 野后代种子在普通野生稻模拟原生境居群中的萌发、生长以及消长规律还有待进一步观察。

在植株营养生长竞争力方面, 笔者考察了生长前期种子萌发后 90 d, Bar 野后代和普通野生稻混作情况下的营养生长农艺性状竞争表现。结果表明, Bar - YC 和 Bar - WN 在分蘖数、叶面积方面 RCA 值均大于 0.5, 生长竞争力更强; Bar - YC 和 Bar - WN 综合竞争力均强于 YC 和 WN; Bar - DF 在分蘖数、生长竞争力方面 RCA 值均大于 0.5, 生长竞争力明显优于 DF。可见, 这种具备除草剂抗性的杂交后代和普通野生稻混合种植时, 其前期的生存竞争力比普通野生稻的强。

通过考察 Bar 野杂交后代的花期发现, Bar - WN 在 4 月 4 日至 13 日大量开花, Bar - DF 也在 4 月 1 日至 9 日大量开花, WN 和 DF 在夏季则没有开花。Bar - YC 在 3 月 28 日至 4 月 15 日大量开花, 而 YC 则在 4 月 9 日至 13 日开花较多, 4 月 13 日后仍有少量植株陆续开花, 持续至 4 月底。普通野生稻 WN 和 DF 只在 9~11 月份开花, 且花期持续较长, 而 YC 分别会在 4~5 月、9~11 月开 2 次花。在自交结实性方面, Bar 野后代稻穗的结实能力总体上强于普通野生稻的。

转 *bar* 基因水稻与普通野生稻花期相遇后产生的 F_1 代植株,在萌发率、前期农艺性状生长竞争力方面均强于普通野生稻植株,这可能是因为杂交 F_1 代植株具备了杂种优势,前期营养生长量优于普通野生稻,而且 *Bar* 野后代稻穗的结实能力总体上强于普通野生稻之缘故。一旦发生转基因水稻花粉向普通野生稻的花粉扩散,野生稻群体中获得转基因水稻与普通野生稻的异交结实种子,当种子成熟落到野生稻群体中,并萌发、生长,势必对野生稻群体造成影响。但在实际的模拟原生境观察中,由于普通野生稻多数匍匐生长、营养繁殖且宿根性强,所以后期对 *Bar* 野杂交 F_1 代的自交 F_2 和 F_3 代植株,在普通野生稻居群中的宿存、再生和扩散性的研究中, F_2 和 F_3 代植株与野生稻的生存竞争中已逐渐失去优势。因此初步认为,*Bar* 野杂交后代对普通野生稻原生境居群造成的影响不大。相关数据与结果将另文报道。

参考文献:

- [1]农业部农业转基因生物安全管理办公室. 农业转基因生物知识 100 问[M]. 北京:中国农业出版社,2011:4-5.
- [2]CLIVE J. 2012 年全球生物技术/转基因作物商业化发展态势[J]. 中国生物工程杂志,2013,33(2):1-8.
- [3]CLIVE J. Global status of commercialized biotech/GM crops: 2012, EXECUTIVE SUMMARY, BRIEF 44[EB/OL]. [2013-05-20]. <http://www.isaaa.org>. 2013-03-25.
- [4]JIA S R, WANG F, YUAN Q H, et al. Transgene flow to hybrid rice and its male sterile lines[J]. Transgenic Research, 2007, 16(4): 491-501.
- [5]YUAN Q H, SHI L, WANG F, et al. Investigation of rice transgene flow in compass sectors by using male sterile line as a pollen detector[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2007, 115(4): 549-560.
- [6]LU B R, SNOW A A. Gene flow from genetically modified rice and its environmental consequences[J]. BioScience, 2005, 55:669-678.
- [7]贾士荣. 转基因作物的环境风险分析研究进展[J]. 中国农业科学, 2004,37(2): 175-187.
- [8]王志兴,王旭静,贾士荣. 主要农作物转基因飘流频率和距离的数据调研与分析 II. 水稻[J]. 中国农业科技导报, 2011, 13(3): 30-34.
- [9]SONG Z P, LU B R, ZHU Y G, et al. Gene flow from cultivated rice to the wild species *Oryza rufipogon* under experimental field conditions [J]. New Phytologist, 2003,157:657-665.
- [10]张万霞,杨庆文. 中国野生稻收集、鉴定和保存现状[J]. 植物遗传资源学报, 2003, 4(4): 369-373.
- [11]LU B R, SONG Z P, CHEN J K. Can transgenic rice cause ecological risks through transgene escape? [J]. Progress in Natural Science, 2003,13:17-24.
- [12]SONG Z P, ZHU W Y, RONG J, et al. Evidences of introgression from cultivated rice to *Oryza rufipogon* (Poaceae) populations based on SSR fingerprinting: implications for wild rice differentiation and conservation [J]. Evolutionary Ecology, 2006, 20:501-522.
- [13]CHEN L J, LEE D S, SONG Z P, et al. Gene flow from cultivated rice (*Oryza sativa*) to its weedy and wild relatives[J]. Annals of Botany,2004,93:67-73.
- [14]WANG F, YUAN Q H, JIA S R, et al. A large scale field study of transgene flow from cultivated rice (*Oryza sativa*) to common wild rice (*O. rufipogon*) and barnyard grass (*Echinochloa crusgalli*) [J]. Plant Biotechnology Journal, 2006, 4(6): 667-676.
- [15]农业部. 转基因植物及其产品环境安全检测[S]. 中华人民共和国国家标准:农业部 953 号公告-8-2007[EB/OL]. 2007. [2013-05-20]. http://www.moa.gov.cn/zwl/m/tzgg/gg/200801/t20080110_952066.htm.
- [16]华志华,朱雪峰,吴明国,等. 水稻转基因整合模式中外源基因的遗传规律[J]. 作物学报, 2003, 29(1): 44-48.
- [17]富昊伟,李秋平,李金军. 转 *bar* 基因水稻后代除草剂抗性 & 农艺性状表现[J]. 浙江农业科学, 2001, 34(5): 247-279.
- [18]朱冰,黄大年,杨炜,等. 利用基因枪法获得可遗传的抗除草剂转基因水稻植株[J]. 中国农业科学, 1996, 29(6): 15-20.
- [19]王关林,方宏筠. 植物基因工程[M]. 第2版. 北京:科学出版社: 2002: 744.
- [20]陈成斌,潘大建,等. 野生稻种子资源描述规范和数据标准[M]. 北京:中国农业出版社, 2006:8-30.
- [21]SATORRE E H, SNAYDON R W. A comparison of root and shoot competition between spring cereals and *Avena fatua* L. [J]. Weed Research, 1992, 32(1):45-55.
- [22]唐文帮,陈立云,肖应辉,等. 再生稻某些性状与产量及产量构成因子的关系[J]. 湖南农业大学学报:自然科学版, 2002, 28(1): 1-3.

Survival Competitiveness Between Common Wild Rice and the F₁ Hybrids of Its Cross with *bar* Transgenic Rice

QIAO Jian, XU Lixin, YU Huanhui, LI Houqi, YUAN Qianhua

(College of Agronomy, Hainan University, Haikou 570228, China)

Abstract: Yacheng, Wanning and Dongfang populations of common wild rice (*Oryza rufipogon* Griff) were crossed with *bar* transgenic rice B2 (male parent) to produce F₁ hybrids (“Bar-wild hybrids”). The growth competition between the common wild rice and the Bar-wild hybrids was analyzed by comparing their performance in seed viability, growth characteristics, seed set, regeneration ability and other key agronomic traits under field conditions. The Bar-wild hybrids generally had a higher germination rate than the common wild rice. The Bar-wild hybrids were not much different in flag leaf area and tiller number from the common wild rice in monoculture but had higher relative competitiveness ability than the common wild rice in mixed culture. The Bar-wild hybrids generally had a high seed set percentage but had a lower ratooning rate (regeneration of the stubbles) than the common wild rice.

Key words: transgenic rice; *bar*; common wild rice; F₁ hybrids; survival competitiveness

(上接第 152 页)

Obtaining and the Preliminary Analysis of Rice *OsCERK2* Transgenic Plants

WANG Defeng^{1,3}, CHEN Yan², XIAO Wenfang^{1,3}, FU Xiumei^{1,3}, XIAO Xiaorong^{1,3},
LI Xiuqiong², PANG Jinhuan², CHEN Yinhua^{1,3}

(1. Hainan Key Laboratory for Sustainable Utilization of Tropical Bioresources, Hainan University, Haikou 570228, China ;

2. Institute Of Microbiology Chinese Academy of Sciences, Beijing 10010, China ;

3. Agriculture College of Hainan University, Haikou 570228, China)

Abstract: In this study, *Oryza sativa* ssp. *japonica* var. Nipponbare used as material, the Arabidopsis *CERK1* was used to retrieve its homologous genes in the rice genome and a rice homologous gene *CERK2*, *OsCERK2* was obtained, which cDNA of *OsCERK2* was isolated by RT-PCR. Bioinformatics analysis showed that *OsCERK2* was a plasma membrane protein including a signal peptide, its extracellular domain included an LsYM domain, its kinase domain included a protein tyrosine kinase domain. Overexpression vector driven by 35S promoter and RNA interference (RNAi) vector driven by maize ubiquitin promoter were constructed. The *OsCERK2* gene was then transferred into rice by Agrobacterium-mediated transformation. T₀ transgenic plants were obtained from each vector. Amplifying T₀ transgenic plants by PCR and RT-PCR showed transgenic plants with efficient expression were gained. The results would lay a foundation on further studying functions of *OsCERK2*.

Key words: *Oryza sativa*; *OsCERK2*; gene isolation; vector construction; Genetic transformation; RT-PCR