

齐开杰, 张晓斌, 郭成宝, 等. 基于 S 基因型的梨树授粉品种自动配置系统[J]. 江苏农业科学, 2016, 44(1): 396–398.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2016.01.116

基于 S 基因型的梨树授粉品种自动配置系统

齐开杰¹, 张晓斌², 郭成宝³, 孙永平³, 吴巨友¹, 张虎平¹, 张绍铃¹

(1. 南京农业大学梨工程技术研究中心, 江苏南京 210095; 2. 浙江省农业科学院数字农业研究所, 浙江杭州 310021;

3. 江苏丘陵地区南京农业科学研究所, 江苏南京 210046)

摘要:梨是典型的配子体自交不亲和果树, 自交授粉结实率低, 生产中须合理配置授粉品种才能获得理想产量。通过鉴定梨品种的 S 基因型可为梨园合理配置授粉品种提供依据; 因此, 笔者收集、整理现有已鉴定的梨品种 S 基因型, 建立基于 S 基因型的梨树授粉品种自动配置系统。该系统的主要功能包括后台数据维护管理, 以及基于 S 基因型、花期、地区适栽性等因素为用户提供查询、对比梨树品种授粉亲和性的功能, 并推荐适宜的授粉品种。该系统包括计算机端网页查询系统, 并创新建立移动设备端入口, 应用便捷, 对生产实践具有重要意义。

关键词:梨; S 基因型; 授粉品种; 自动配置系统

中图分类号: S126; S661.204

文献标志码: A

文章编号: 1002-1302(2016)01-0396-03

梨是我国乃至全世界的主要水果之一, 目前我国梨树栽培面积为 113.7 万 hm^2 , 总产量为 1 626.6 万 t, 分别占世界梨树栽培总面积、总产量的 70.1%、69.0% (FAO, 2012)。生产中合理配置授粉品种对于提高果实座果率具有重要意义。梨树有数千个品种, 常见的栽培品种也有数百种, 我国梨树分布面积广, 各地区均有其适栽品种。梨树分属白梨系统、砂梨系统、秋子梨系统、新疆梨系统、西洋梨系统等, 其树体结构、果实性状、栽培管理措施差异性较大。

梨属于典型的自交不亲和性果树, 绝大多数梨品种自花授粉不结实, 生产中须合理配置授粉树或采用人工授粉等辅助措施才能保证坐果。此外, 梨属果树还存在品种间杂交授粉不亲和现象。研究表明, 梨自花授粉不结实、品种间杂交授粉不结实受 S 基因控制, 表现为自花授粉或相同 S 基因型品种间授粉不结实, 只有不同 S 基因型的品种相互授粉才能正常结实。S 基因型的鉴定及应用对于生产实践中合理搭配品种、保证梨树授粉受精、促使梨果高产及稳产具有重要意义。

收稿日期: 2015-01-05

基金项目: 江苏省农业科技自主创新资金[编号: CX(12)5079]; 国家梨产业技术体系建设专项(编号: CARS-29)。

作者简介: 齐开杰, 男, 主要从事果树育种与栽培生理研究。

通信作者: 张绍铃, 教授, 主要从事果树生殖发育与分子生物学研究。

E-mail: nnzsl@njau.edu.cn.

1 S 基因型的研究进展

日本最早对梨 S 基因型进行研究, 利用田间杂交试验的坐果率判断亲本的 S 基因型。坐果率小于 30% 则 2 个品种杂交不亲和, 品种的 S 基因型相同; 坐果率大于 60% 为亲和, 品种的 S 基因型不同。日本学者应用该方法首先鉴定出 $S_1 \sim S_7$ -RNase 等 7 个 S 基因^[1-6]。该方法的研究结果最直接, 但田间试验周期长, 且杂交授粉结实率受环境因素影响较大。

张绍铃等应用花柱离体培养法将不同品种异花授粉后切取花柱, 经过培养, 观察花柱基部是否长出花粉管来鉴定 S 基因型^[7]。该方法虽省工、高效, 但对试验条件和操作技能要求较高。

Sassa 等通过分离鉴定梨花柱中的可溶性蛋白质 (IEF-PACE 和 2D-PACE) 来确定 S 基因型^[8-9], 但此方法操作复杂且技术要求高。

通过比较分析日本梨 $S_1 \sim S_7$ 基因 *HV* 区、内含子序列的差异, 建立 S 基因 DNA 水平的 PCR-RFLP 检测体系^[10-12]。以此方法分离的 S 基因可直接确定其属于 $S_1 \sim S_7$ 中的哪个类型, 而无法检测 $S_1 \sim S_7$ 以外的 S 基因类型。

江南等利用基因芯片技术对品种丰富的梨进行 S 基因型鉴定^[13], 但该方法过程复杂、费用较高。

随着生物技术的发展, 利用 S 基因两端保守区 DNA 序列

[2] 成敦杰. 农产品检测图像智能化预处理方法研究[J]. 江苏农业科学, 2014, 42(6): 384–386, 387.

[3] 石永华, 王波, 王阿珍, 等. 基于 Contourlet 变换的农业图像增强方法研究[J]. 安徽农业科学, 2011, 39(30): 18985–18986, 19007.

[4] 毛丽民, 刘叔军, 浦宇欢, 等. 基于 FPGA 的水果图像增强方法研究[J]. 江苏农业科学, 2014, 42(6): 395–398.

[5] Louverdis G, Andreadis I. Soft morphological filtering using a fuzzy model and its application to colour image processing[J]. Formal Pattern Analysis & Applications, 2004, 6(4): 257–268.

[6] Chen D, Zhang L Q, Wang Z, et al. A mathematical morphology -

based multilevel filter of LiDAR data for generating DTMs[J]. Science China: Information Sciences, 2013, 56(10): 1–14.

[7] Herscovitz M, Yadid - Pecht O. A modified Multi Scale Retinex algorithm with an improved global impression of brightness for wide dynamic range pictures[J]. Machine Vision and Applications, 2004, 15(4): 220–228.

[8] 王小兵, 孙久运, 汤海燕. 一种基于数学形态学与小波域增强的滤波算法[J]. 微电子学与计算机, 2012, 29(7): 64–67.

[9] 钟微宇, 沈汀. 基于 NSCT 域邻域收缩的 SAR 图像去噪[J]. 计算机工程与应用, 2014, 50(12): 188–193, 206.

的差异特性设计特异性引物,直接对S基因进行PCR扩增。采用该方法已成功鉴定出白梨、砂梨、秋子梨、新疆梨、西洋梨系统部分生物型梨品种的S基因型。该方法技术简便易行,但分离出的S基因片断需在Genebank中进行序列比对以确定S基因类型^[14-21];若找不到与之同源性较高的已知S基因,则须进行目的基因mRNA反转录试验,克隆出S基因的全长序列。该方法确定S基因类型的准确率很高,但试验过程复杂、费用较高。

我国有近3 000个梨品种,目前仅少数品种的S基因型被确定,但其准确性尚有待验证,且缺少统一整理和规划。部分主栽品种特别是近年来新鉴定或审定品种的S基因型仍然未知。目前S基因型鉴定主要以发表科研论文为公开手段,使用或了解的主要为科研人员,在实际生产中应用有限。

2 基于S基因型的梨树授粉品种自动配置系统

授粉品种的合理配置首先取决于主栽品种的S基因型,而授粉品种与主栽品种的花期是否重叠,以及对栽培地区的适应性等因素同样决定授粉品种合理与否。鉴于以上因素,通过收集整理现有S基因型鉴定成果,建立一套较为完整的基于S基因型的梨树授粉品种自动配置系统,并将不断完善。该系统根据主栽品种的S基因型、花期、栽培地区自动筛选适宜的授粉品种,为当前梨树生产提供理论指导。

2.1 系统架构

2.1.1 平台注册 建设专业网站页面,用于该系统的用户注册、登录、使用,网站地址为http://yz2.livefarm.cn/Default.aspx。本系统属于公益性开发与应用,面向梨树栽培及研究相关的企业、科研单位、果农、技术员、推广人员等,并免费提供用户注册、查询、使用,以期改善我国梨树栽培现状,提高从业人员的栽培技术水平。

2.1.2 系统总体框架设计 通过收集、整理现有品种的S基因型鉴定结果,在南京农业大学梨工程技术研究中心试验基地调查各品种梨树的盛花期,结合现有品种对不同地区的适应性,进行适宜授粉品种的对比、筛选、推荐。基于S基因型的梨树授粉品种自动配置系统总体框架见图1。

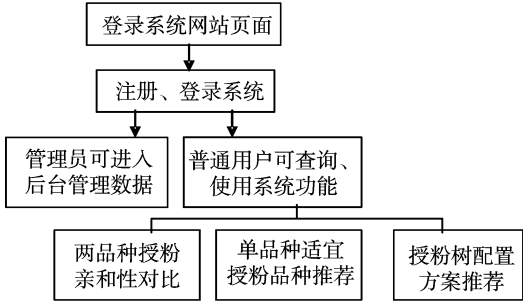


图1 基于S基因型的梨树授粉品种自动配置系统总体框架

2.2 功能介绍

2.2.1 梨授粉品种配置库的建立 梨树授粉品种的配置主要取决于主栽品种与授粉品种的S基因型、花期相遇性、地区栽培适应性。该系统将各品种特征表示为一组集合,包括梨品种名称、S基因型、盛花期时间、适栽地区、是否存在花粉败育、是否优先推荐等,并通过Excel软件建立梨授粉品种配置

库(图2),实现系统功能。

品种名	S基因型	盛花期开始	盛花期结束	花粉败育	优先推荐	来源
1 豆梨	S30831	2014-3-18	2014-3-27	否	否	本中心测定
2 磨坊梨	S12813	2014-3-19	2014-3-26	否	否	本中心测定
4 金魁梨	S21834	2014-3-19	2014-3-26	否	是	本中心测定
5 新富	S389	2014-3-20	2014-4-2	是	否	本中心测定
6 京白	S16830	2014-3-20	2014-4-2	是	否	本中心测定
7 金香水	S181	2014-3-20	2014-3-31	否	否	本中心测定
8 金水1号	S3829	2014-3-20	2014-3-26	否	是	本中心测定
9 秋香	S134	2014-3-20	2014-4-2	否	是	本中心测定
10 青魁	S183	2014-3-20	2014-4-1	否	是	本中心测定
11 玉水	S384	2014-3-20	2014-3-28	否	是	本中心测定
12 花蜜	S348d	2014-3-20	2014-3-28	否	否	本中心测定
13 青魁	S183	2014-3-20	2014-4-1	否	是	本中心测定
14 金川雪梨	Sm812	2014-3-20	2014-3-30	否	是	本中心测定
15 金川野生梨	S5813	2014-3-20	2014-3-26	否	是	本中心测定
16 水蜜	S389	2014-3-21	2014-4-2	是	否	本中心测定
17 富富	S1816	2014-3-21	2014-3-29	否	是	本中心测定
18 思梨	S1819	2014-3-21	2014-3-31	否	否	本中心测定
19 金水2号	S3821	2014-3-21	2014-3-31	否	是	本中心测定
20 理香	S4817	2014-3-21	2014-4-2	否	是	本中心测定
21 大香水	S1836	2014-3-21	2014-4-1	否	是	本中心测定
22 理香	S4834	2014-3-21	2014-4-2	否	是	本中心测定
23 新富	S889	2014-3-22	2014-4-3	否	是	本中心测定
24 黄金	S384	2014-3-22	2014-4-1	是	否	本中心测定
26 新梨1号	S288d	2014-3-22	2014-4-6	是	否	本中心测定

图2 梨授粉品种配置库的建立

2.2.2 品种间授粉亲和性鉴定 由用户根据意愿筛选任意2个梨树品种,分别填入对应栏目中,并选择拟定植的省(市、自治区)。系统后台将自动对比2个品种的S基因型、盛花期相遇天数、本省(市、自治区)的适栽性,并在页面下方分别显示对比意见(图3)。

授粉亲和性:S基因型有1个或1个以上不同的为“亲和”,S基因型完全相同的为“不亲和”。地区适栽性:2个品种均适宜该地区栽培为“适宜”,否则为“不适宜”。花期同步性:2个品种的盛花期重叠3 d(或以上)为“适宜”,否则为“不适宜”。备注:若其中1个品种花粉不育或花粉量少,则以红色字体提示“某某品种花粉不育,不能作为授粉树,定植时请注意!”。

授粉品种对比

品种一:

爱宕

品种二:

爱甘水

栽培地区:

江苏

对比 返回

对比意见:

授粉亲和性:

不亲和

地区适栽性:

适宜

花期同步性:

适宜

备注: 爱宕 等品种花粉不育, 不能作为授粉树, 定植时请注意!

图3 授粉品种对比模块界面

2.2.3 授粉品种推荐 由用户根据意愿筛选任意1个主栽梨树品种(以下称为选定品种),填入对应栏目中,并选择拟定植的省(市、自治区)。系统后台将自动对比,筛选并推荐该品种适宜的授粉品种,在页面下方分别显示推荐意见(图4)。

授粉亲和性的品种:首先筛选出具有1个或1个以上与选定品种S基因型不同的其他品种;其次,在所选品种群中筛选与选定品种盛花期相遇3 d(或以上)的品种;最后,在所选品种群中筛选后台标记为“优先推荐”的品种(多为国内外主栽品种),并将品种名列出备选。栽培地区适栽品种:在所选品种群中筛选出适宜该地区栽培的品种(由于各品种地区适栽性难以统一界定,此项单独列出,仅为用户提供意见)。备注:若选定品种或筛选出的某一品种花粉不育或花粉量少,则

以红色字体提示“某某品种花粉不育,不能作为授粉树,定植时请注意!”。

图4 授粉品种推荐模块界面

2.2.4 授粉树定植方案推荐 提出几项生产实践中常用的主栽品种树与授粉树定植方案供用户参考,最大程度保证主栽品种与授粉品种之间的传粉(图5)。

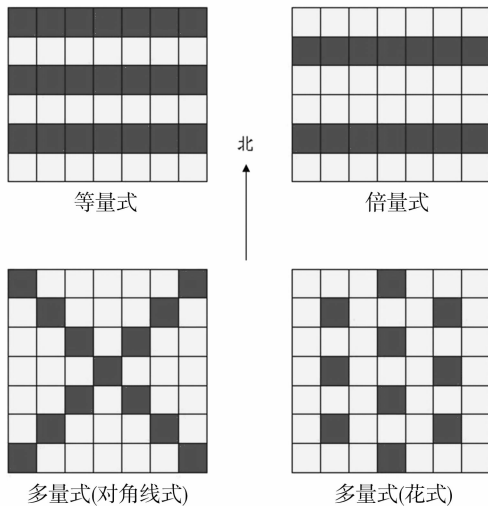


图5 授粉树配置模块界面

3 结语

基于S基因型的梨树授粉品种自动配置系统可根据不同梨品种的S基因型、花期、地区适栽性等主要因素自动配置或推荐适宜的梨主栽及授粉品种,系统界面简单易懂,初步接触梨树种植的人员也能轻松掌握本系统。系统内的梨树品种S基因型是在收集整理大量文献、书籍等专业领域知识的基础上建立的,并根据南京农业大学梨工程技术研究中心的最新研究成果进行补充完善,保证了系统对比结论的准确性。

系统内各梨树品种的S基因型多来自现有文献和书籍,对目前主栽品种和适栽地区较为系统的鉴定和调查尚未形成,在今后的系统完善过程中将优先补充现有主栽品种的相关信息。

参考文献:

- [1] Kikuchi A. Investigations in 1927 and 1928, Paterclinical incompatibility in the Japanese pear[J]. Okitse Hort Soc, 1929, 24: 1-6.
- [2] Ushikoshi M, Tokuyasu K. Studies on pollination and fertilization in pear[J]. Journ Okitse Hort Soc, 1930, 25: 135-152.
- [3] Iimoi S. Studies on pollination and fertilization in pear[J]. Journ

Okitse Hort Soc, 1933, 29: 166-187.

- [4] Terami H, Torikata H, Shimazu Y. Analysis of the sterility factors existing in varieties of the Japanese pear[J]. Studies Hort Inst Kyoto Imp Univ, 1946, 3: 267-271.
- [5] Ogaki C. The sterility - factors in new varieties of the Japanese pear (*Pyrus serotina* Rehd var. *culta* Rehd)[J]. Res Rep Kanagawa Agr Sta Hort, 1958, 5: 23-26.
- [6] Machida Y, Sato Y, Kozaki I, et al. S - genotypes of several cultivars of Japanese pear and question of the parents of 'Hosui' [C]. Abstr Japan Soc Hort Sci Autumm Meet, 1982: 58-59.
- [7] 张绍铃, 周建涛, 徐义流, 等. 梨花柱半离体培养法及品种自交不亲和基因型鉴定[J]. 园艺学报, 2003, 30(6): 703-706.
- [8] Sassa H, Hirano H, Ikeshashi H. Identification and characterization of stylar glycoproteins associated with self - incompatibility genes of Japanese pear *Pyrus serotina* Rehd[J]. Molecular and General Genetics, 1993, 241: 17-25.
- [9] Hiratsuka S, Okada Y, Kawai Y. Stylar basic proteins corresponding to 5 self - incompatibility alleles of Japanese pears[J]. Journal of Japan Society Horticulture Science, 1995, 64: 471-478.
- [10] 齐洁, 顾曼如, 束怀瑞. 果树自交不亲和机制的研究进展[J]. 山东农业大学学报: 自然科学版, 2002, 33(2): 248-251, 256.
- [11] Janssens G A, Goderis I J, Broekaert W F, et al. A molecular method for S - allele identification in apple based on allele - specific PCR[J]. Theoretical and Applied Genetics, 1995, 91(4): 691-698.
- [12] Kim H T, Hirata Y, Nou I S. Determination of S - genotypes of pear (*Pyrus pyrifolia*) cultivars by S - RNase sequencing and PCR - RFLP analyses[J]. Molecules and Cells, 2002, 13(3): 444-451.
- [13] 江南, 谭晓风. 基于基因芯片的梨品种S基因型鉴定的技术方法[J]. 中南林业科技大学学报, 2007, 27(1): 104-108.
- [14] 谭晓风, 毕方铖, 乌云塔娜. 中国白梨S基因研究 II. 9个主栽品种S基因型的确定及S29 - RNase新基因的分离鉴定[J]. 中南林学院学报, 2005, 25(4): 13-16.
- [15] 谭晓风, 乌云塔娜, 中西テツ, 等. 中国砂梨7个自交不亲和新基因的分离与测序[J]. 中南林学院学报, 2005, 25(4): 1-6.
- [16] 张好艳, 吴俊, 衡伟, 等. 京白梨等品种S基因型鉴定及新基因S₂₈和S₃₀的核苷酸序列分析[J]. 园艺学报, 2006, 33(3): 496-500.
- [17] Takasaki T, Moriya Y, Okada K, et al. cDNA cloning of nine S alleles and establishment of a PCR - RFLP system for genotyping European pear cultivars[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2006, 112(8): 1543-1552.
- [18] Mota M, Tavares L, Oliveira C M. Identification of S - alleles in pear (*Pyrus communis* L.) cv. 'Rocha' and other European cultivars[J]. Scientia Horticulturae, 2007, 113: 13-19.
- [19] Zisovich A H, Stern R A, Shafir S. Identification of seven S - alleles from the European pear (*Pyrus communis*) and the determination of compatibility among cultivars[J]. The Journal of Horticultural Science and Biotechnology, 2004, 79: 101-106.
- [20] 衡伟, 张绍铃, 张好艳, 等. 12个梨品种S基因型的鉴定[J]. 园艺学报, 2007, 34(4): 853-858.
- [21] 陈慧, 张树军, 张好艳, 等. 40个梨品种S基因型的鉴定及S基因频率分析[J]. 南京农业大学学报, 2013, 36(5): 21-26.