



网络出版日期:2018-07-18

doi:10.7606/j.issn.1004-1389.2018.08.001

网络出版地址:<http://kns.cnki.net/kcms/detail/61.1220.S.20180718.0921.002.html>

梨 S 基因与 S 基因型鉴定的研究进展

张校立,艾沙江·买买提,徐叶挺,邓莉,王继勋

(新疆农业科学院 园艺作物研究所/农业部新疆地区果树科学观测试验站,乌鲁木齐 830091)

摘要 梨是由单一位点 S 等位基因控制的典型配子体自交不亲和性果树,其自交授粉结实率低,品质差,需配置授粉品种。因此,对梨品种 S 基因及品种授粉树合理配置进行深入研究具有重要意义。有鉴于此,详细介绍了梨 S 等位基因的研究现状,并对迄今国内外鉴定出的 500 多个梨品种的 S 基因型进行汇总,对应用较为广泛的 PCR-RFLP 技术和 S 基因 DNA 序列分析法以及梨 S 基因芯片杂交技术进行系统介绍。

关键词 梨;S 基因型;S 等位基因

中图分类号 S661.2

文献标志码 A

文章编号 1004-1389(2018)08-1077-11

植物自交不亲和性(Self-incompatibility, SI)是指能产生具有正常功能且同期成熟的雌雄配子的雌雄同体植物,在自花授粉或相同基因型异花授粉时不能完成受精的现象。自交不亲和现象普遍存在于绿色开花植物中。对植物自交不亲和现象的研究始于 20 世纪 30 年代,到目前为止已对蔷薇科、茄科、十字花科、菊科等 70 多个科 250 个属的绿色开花植物开展了自交不亲和性研究^[1]。

梨在植物分类上属于蔷薇科苹果亚科梨属,是由单一位点的 S 等位基因控制的典型配子体自交不亲和性植物,其雌蕊花柱内的 S 基因产物为具有核酸酶(RNase)活性的糖蛋白 S 核酸酶(S-RNase),特异地控制花粉和雌蕊识别过程^[2],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。中国梨品种资源丰富,有 3 000 多个品种资源,蕴含有丰富的 S 基因资源^[3];因此,鉴定梨品种 S 基因型、挖掘梨 S 基因资源对梨丰产栽培与遗传改良育种具有重要意义。

1 梨 S 基因型鉴定研究进展

早期对梨 S 等位基因命名方式有两种,即阿拉伯数字与英文字母命名法,其中,亚洲梨种群使用阿拉伯数字命名,西洋梨种群使用英文字母命名。随着对 S 基因的深入研究,一些 S 基因被发

现同时存在于中国古老的品种或野生类型个体和西洋梨品种中^[4]。于是,国外的学者对西洋梨种群的 S 基因以阿拉伯数字命名的方式重新作了梳理和命名^[5]。

梨自交不亲和性基因的研究始于 20 世纪 50 年代。国外,最早是 Kikuchi(1929 年)、Machida 等(1982 年)和 Terami 等(1946 年)日本学者,采用广泛的田间授粉杂交试验,从日本梨中鉴定 7 个 S 等位基因,命名 S1、S2、S3、S4、S5、S6 和 S7。Sassa 等^[6]于 1999 年首先对 S1 ~ S7 RNase 的 cDNA 进行克隆,建立日本梨 S1 ~ S7 等位基因 PCR-RFLP 系统。2000 至 2001 年,Castillo 等^[7]使用该系统,发现 S8 和 S9 2 个新的 S 等位基。2006 年,Kim 等^[8]利用 PCR-RFLP 又在梨品种‘Chengsilri’中鉴定出 S10 -RNase 新基因。在西洋梨中,Zisovich 等^[9]、Takasaki 等^[10]与 Mota 等^[11]利用特异引物和基因克隆的方法鉴定出 Sa ~ St (Sa, Sb, Sc, Sd, Se/Sj, Sh, Si, Sk, Sl, Sm, Sn, So, Sp, Sq, Sr, Ss 和 St) 等 17 个 S-RNase S 基因。2009 年,Javier^[12]在西洋梨品种‘Abugo’和‘Ceremeno’中,鉴定出 1 个新的自交亲和的 S-allele:S21。这个基因是 S21 的突变体。2014 年,Azamnikzad 等^[13]在 57 个伊朗梨品种中鉴定出 3 个新的 S-RNase,分别是 S126、

收稿日期:2018-02-01 修回日期:2018-05-17

基金项目:新疆农业科学院青年科技基金(xjnq-2015024);新疆维吾尔自治区公益性科研院所基本科研业务经费资助项目(KY-GY2016118)。

第一作者:张校立,男,助理研究员,硕士,从事梨遗传育种与栽培技术研究。E-mail:Zhangxiaoli2002@126.com

通信作者:王继勋,男,研究员,硕士,主要从事果树资源与育种研究。E-mail:924101849@qq.com

表 1 梨栽培品种 S 等位基因命名
Table 1 Numbering of S-alleles in pear cultivars

S 等位基因 S-allele	GenBank 登陆号 GenBank No.	代表品种 Reference cultivar
S1	AB002139	Imamuraaki
S2	AB014073	Nijisseiki
S3	AB002140	Hosui
S4	AB009385, AB014072	Nijisseiki
S5	AB045711, D88282, AB002141	Chojuro, Hosui
S6	AB002142	Imamuraaki
S7	AB002143	Okusankichi
S8	AB104908	Ichiharawase
S9	AB104909	Shinkou
S10	AY158069	Chengsilri
S11	AY249426	Huanghua
S12	AB426604, EU081889, EU117115	Kuroki, Hongpisu, Maogong
S13	DQ414812, AY249428	Eli, Maogongli
S14	AY249429	Taihuangli
S15	EF643630	Cangxi
S16	DQ991388, EF643635	Xuehuali
S17	EU101466	Dalijitui
S18	EF643636	Jinhua
S19	EF643638	Bingtang
S20	EU360894	Donghuang
S21	AY250989, DQ494532	Yali
S22	KX214215, EF689008, EF643639	Korlaxiangli, Yunnan Baozhu, Huachangba
S23	AY250991	Xiangchun
S24	AY250992	Xiangchun
S25	AB731592	Durondeau
S26	EU081888, EU101463	Hongpisu
S27	EF643640	Boshanchi
S28	KX214124, EU375364, EF566872	Korlaxian gli, Donghuang
S29	EU101462	Mili
S30	AB426605, EF643641	Hogyoku, Jingbai
S31	DQ124366, DQ072113	Xihuamake
S32	EU336979	Huangshan
S33	DQ138081, DQ082897	Wuxiang, Ningmenghuang
S34	DQ414813, DQ494676	Mili, Yali
S35	DQ224344, DQ839240	Zaosuli
S36	DQ417607	Huoba
S37	DQ839238, DQ448239	Jinxiang, Suomei
S38	EF643631	Esu
S39	EU336980, DQ995285	Xuehuali
S40	EU101464	Maili
S42	EF689007, EF689006	Yunnan Baozhu, Longxiang
S43	EF566873, EF643643	Zhenghe
S44	KY608875	Huoba
S45	EF643632, EF643633, EF643634	Shuidonggua1, Shuidonggua2, Shuidonggua3
S47	KP867051	Xiangshan20
S48	KP890691	Xiangshan20
S49	KP890692	Luotian Dongli
S50	KP902676	Xiangshan26
S51	KP902677	Liyuan Mazili
S52	KP998819	Xiangshan19

表 2 梨 S 等位基因及 S 基因型鉴定研究现状

Table 2 Summary of the research of S-allele and S-genotyping in pear

研究机构 Research institution	研究者 Investigators	研究时间 Research time	主要研究成果 Main research results	参考文献 References
Japan, Institute for Protein Research, Osaka University, Division of Protein Chemistry	Ishimizu, T. Norio-ka, N.	1997—2000	克隆 7 个 S 等位基因,确定部分日本梨的 S 基因型 Cloned seven S-allele, confirmed S-genotype in part Japanese pear	[18]
Japan, Yokohama City University, Kihara Institute for Biological Research, Division of Genetic Engineering	Sassa, H., Hirano H,	1993—1997	建立 PCR-RFLP 系统,并鉴定日本梨 $S_1 \sim S_7$ 等位基因 Established the PCR-RFLP system, and identified the allele from S_1 to S_7 in Japanese pear	[6]
Japan, Kobe University, Faculty of Agriculture	Takasaki, T.	2000、2012	克隆 2 个 S 等位基因 Cloned two S-allele	[19]
Korea, Faculty of Plant Science and Production, Sunchon National University	Kim, H. T.	2002	克隆 1 个 S 等位基因 Cloned one S-allele	[8]
China, The Key Laboratory of Non-Wood Forest Tree Breeding and Cultivation of Forestry Ministry, Central-South Forestry University	Tan, X. F. Jiang, N. ,	2003 至今 Since 2003 year	克隆 35 个 S 等位基因,确定白梨、沙梨等多品种的 S 基因型 Cloned thirty five S-allele, confirmed the S-genotype of many cultivar in bretschneideri, pyrifolia et al.	[14-15]
China, College of Horticulture, Nanjing Agricultural University	Zhang, S. L Zhang, Y. Y.	2006 至今 Since 2006 year	克隆 11 个 S 等位基因,确定多个中国梨品种的 S 基因型 Cloned eleven S-allele, conformed S-genotype of many pear cultivar in China	[4,1,29]
Japan, Kobe University, Graduate School of Agricultural Science	Okada, K.	2008	克隆 2 个 S 等位基因 Cloned two S-allele	[20]
China, Nongxueyuan, Shihezi University	Lv, W. J.	2017	克隆 2 个 S 等位基因 Cloned two S-allele	[46]

S_{127} 和 S_{128} 。国内,最早是乌云塔娜^[14]在 2003 年,从中国白梨中分离鉴定 7 个新的 S 基因,分别记为 $S_{17}、S_{19}、S_{20}、S_{21}、S_{22}、S_{26}$ 和 S_{27} 等位基因; Tan 等^[15]分别从白梨、沙梨及秋子梨等亚洲梨种群分离鉴定 34 个 S 等位基因;据文献[16]报道,张绍铃等也从亚洲梨种群分离鉴定 11 个 S 等位基因,至今为止,东方梨中已获得 59 个 S-RNase 等位基因登录 GenBank(表 1),其中 47 个等位基因序列完善,并确定部分梨品种基因型,从西洋梨中已鉴定 53 个等位基因均已登陆 GenBank。另外,武军凯^[17]研究发现,‘金坠梨’自交亲和性突变不是由花粉 S 因子突变导致的,而是非 S 位点的因子突变导致的,这是首次在蔷薇科苹果亚科中发现了由非 S 因子突变导致的自交亲和性突变体,为蔷薇科自交不亲和机制的研究提供重要依据;为更好地掌握梨 S 等位基因和 S 基因型鉴定方法及研究过程,将已确定的 500 多个梨品种 S 基因型进行整理和汇总(表 2),并对各科研单位的研究成果列表(表 3)展示,以期为梨 S 等位基因深入研究和梨树丰产栽培提供指导。

2 梨自交不亲和 S 基因型的鉴定方法

早期日本学者采用田间授粉试验等传统方法对梨自交不亲和 S 基因型进行鉴定,利用梨相同 S 基因型品种间杂交不亲和性的原理,进行大量杂交试验,鉴定 7 个 S 基因,确定 40 多种日本梨品种的 S 基因型^[21],此方法的优点是简单易操作,缺点是工作量大、鉴定周期长、效率低,受生理和环境条件的影响大,结果可靠性差,当双亲或一个亲本的 S 基因型未知或没有适当的授粉测试品种时,难以用该方法确定品种的 S 基因型。授粉花柱离体培养法的优点是省工、高效,缺点是试验操作技能要求高。随着生物技术的不断发展,S 基因型的鉴定方法也有了很大发展,PCR-RFLP 技术^[6]、蛋白质电泳分析^[22]、DNA 序列分析方法^[23]和基因芯片杂交^[24]等技术均被用于梨品种自交不亲和 S 基因的研究中,蛋白质电泳分析法具有快捷、可靠等优点,缺点是操作过程较复杂,操作技术要求较高;DNA 序列分析方法具有简单、准确、效率高等优点,缺点是成本高,不能独自鉴定 S 基因,需要与 PCR 扩增技术等方法联

合使用。PCR-RFLP 技术具有快捷、准确、效率高,操作简便等特点,并且试验材料取样简便,缺点是难以对含有新 S 基因的品种的基因型确定,需结合 S 基因特异序列 DNA 测序方法等其他鉴定方法;基因芯片杂交技术具有简单,快速,准确,高效,灵敏度高,可实现对多个梨品种的 S 基因型同时检测,并具有大量样品平行检测的优势。缺点是具有一定的局限性,只能检测出已发现的梨 S 基因,不能鉴定出新的 S 基因,需结合 S 基因特异序列 DNA 测序方法等其他鉴定方法。目前,这些 S 基因型的鉴定方法以 PCR-RFLP 技术和 S 基因 DNA 序列分析法应用较为广泛,梨 S 基因芯片杂交技术是近年来发展起来的新的鉴定方法,拥有广阔的应用前景。

2.1 S 基因特异 PCR 技术

在研究早期,日本学者通过对已知的 7 个 S

基因的 DNA 及 cDNA 序列比较发现,梨的 S 基因具有 5 个保守区、1 个高变区(hypervariable region, HV)及 1 个内含子区,其 HV 区是在自交不亲和反应中特异识别花粉的专一功能区,且不同 S 基因间 HV 区的多态性很高^[25-26]。在此基础上 1999 年 Sassa 等^[6]建立梨 S1~S7 等位基因 PCR-RFLP 系统,即根据 S 基因中保守序列设计引物,对基因组 DNA 进行 PCR 扩增,用 S 基因特异的限制性内切酶消化扩增片段,由于高变区和内含子序列具有 S 特异性,故酶切片段具有长度多态性,通过电泳与已知 S 基因酶切片段大小比较,即可确定梨品种的 S 基因型^[27]。2000—2001 年,Castillo^[28]使用 S1~S7 等位基因 PCR-RFLP 系统时,发现 S8 和 S9 两个新的 S 等位基因,并对其氨基酸序列进行研究,建立 S1~S9 等位基因 PCR-RFLP 系统。

表 3 梨品种 S 基因型总结

Table 3 Summary of S-genotypes of pear cultivars

S 基因型 S-genotype	品种 Cultivars	S 基因型 S-genotype	品种 Cultivars
S1S1	金梨、金香水 Jinli, Jinxiangshui	S13S22	梨园杨称梨 Liyuanyangchengli
S1S2	Williams、独逸、赤穗、早玉、高平大黄、黄花 Williams, Duyi, Chisui, Zaoyu, Gaopingdahuang, Huanghua	S13S29	大酸梨 Dasuanli
S1S3	Butirra Precos Morettini, Shounan, 华梨一号、新杭、青魁、湘南、大青梨、早酥蜜 Butirra Precos Morettini, Shounan, Hualiyihao, Xinhang, Qingkui, Xiangnan, Daqingli, Zaosumi	S13S31	鞍山 1 号 Anshanyihao
S1S4	八云、翠星、上花、东野、西子绿、青花、杭青、Tosca、华金 Bayun, Cuixing, Shanghua, Dongye, Xizilü, Qinghua, Hangqing, Tosca, Huajin	S13S34	鹅梨、大南果、油红、山梨 Eli, Dananguo, Youhong, Shanli
S1S5	君早生、长寿、明月、市原早生、Kimistukawase、秋水 Zunzaozheng, Changshou, Mingyue, Shiyuanzaosheng, Kimistukawase, Qiusui	SmS12, S13S36	金川雪梨 Jinchuanxuanli
S1S6	黄蜜、今村秋 Huangmi, Jincunqiu	S13S42	本地黄梨 Bendihuangli
S1S7	丰月 Fengyue	S13S43	政和大雪梨 Zhenghedaxueli
S1S8	兴城 2-23、黄糖梨、鹤峰雪花梨 Xingcheng 2-23, Huangtangli, Hefengxuehuangli	S13S57	小花红梨 Xiaohuahongli
S1S9	天之川、Amanokawa Tianzichuan, Amanokawa	S15S16	圆香 Yuanxiang
S1S12	黄面、红秀 2 号、奥冠 Huangmian, Hongxiuerhao, Aoguan	S15S19	白面梨 Baimianli
S1S13	青魁、原味小香梨、白大金梨 Qingkui, Yuanweixiaoxiangli, Baidajinli	S15S22	梨园假白梨 1、白花梨 Liyuanjiabaili 1, Baihuали
S1S15	楚比香 Chubixiang	S15S25	沧溪雪梨 Changxixueli
S1S16	冀蜜、朵朵花 Jimi, Duoduohua	S15S26	赤花梨、扫帚苗子 Chihuali, Saozhoumiaozi
S1S17	东宁 5 号大梨、延光梨、S2、S7、极矮化种质、梨园红皮梨 Dongningwuhaodali, Yanguangli, S2, S7, Jiaihuazhongzhi, Liyuanhongpili	S15S27	早三花 Zaosanhuai
S1S18	青面 Qingmian	S15S38	鹅酥 Esu
S1S19	大面黄、恩梨、莱阳慈梨、君家早生、茌梨、猴嘴梨 Damianhuang, Enli, Laiyangcili, Junjiazaosheng, Chili, Houzuili	S15S42	青皮大香梨、梧洋梨、九襄慈梨 Qingpidaxiangli, Wuyangli, Jiuxiangcili
S1S21	鸭梨、宝山酥、甜鸭梨、香莊、耀县红 Yali, Baoshansu, Tianyali, Xiangchi, Yaoxianhong	S15S45	水冬瓜 Shuidongguia

(续表 3 Continued table 3)

S 基因型 S-genotype	品种 Cultivars	S 基因型 S-genotype	品种 Cultivars
S1S22	台湾蜜梨、汉源招包梨 Taiwanmili, Hanyuanzhaobaoli	S16S19	金锤子、大核白、马蹄黄、油梨、云南黄皮水、水红霄、冰糖、六棱、桔蜜、红霄 Jinchuizi, Dahebai, Matihuang, Youli, Yunnanhuangpishui, Shuihongxiao, Bingtang, Liuleng, Jumi, Hongxiao
S1S28	萍博香 Pingboxiang	S16S22	福安尖把 Fuanjianba
S1S29	麻子梨 Mazili	S16S27	金吊子 Jindiaozhi
S1S31	苹香 Pingxiang	S16S28	无籽(子)黄 Wuzihuang
S1S36	大香水 Daxiangshui	S16S30	京白梨 Jingbaiyi
S1S37	威宁乌梨 Weiningwuli	S16S33	富源黄 Fuyuanhuang
S1S42	冬蜜、弥渡百合、丽江马占梨 3 Dongmi, Midubaihe, Lijiangmazhanli 3	S16S36	辽阳大香水、软把子 Liaoyangdaxiangshui, Ruanbazi
S1S50	兴山 26 号 Xingshanershiliuaho	S16S42	龙香、黄皮水 Longxiang, Huangpishui
S1S51	梨园麻子梨 Liyuanmazili	S16S54	甘谷黑梨 Ganguhei
S1Sh	康乐酥木梨 Kanglesumuli	S16Se	临夏萨拉 Linxiasala
S2S3	Santa Maria Morettini、长十郎、武藏、青龙、青长十郎、 青武 Santa Maria Morettini, Changshilang, Wuzang, Qin-glong, Qingchangshilang, Qingwu	S17S19	秋白、六瓣、大理鸡腿、大慈梨、锦丰、苹果 梨 Qiubai, Liubai, Dalijitui, Dacili, Jinfeng, Pingguoli
S2S4	菊水、二十世纪、祇园、玉翠、大谷、王子二十世纪、早生 长十郎、早生二十世纪、六月雪、奥嘎二十世纪、早生赤、 二宫白、金二十世纪 Jushui, Ersishishi, Qiyuan, Yucui, Dagu, Wangziershishi-ji, Zaoshengchangshilang, Zaoshengershishi, Liuyuexue, Aogaershishi, Zaoshengchi, Ergongbai, Jinershishi	S17S21	玉绿 Yulu
S2S5	须磨、八里、早生幸藏、爱宕、翠冠、长寿 Xumo, Bali, Zaoshengxingzang, Aidang, Cuiguan, Chang-shou	S17S27	兴山 24 号 Xingshanershishihao
S2S7	三化 Sanhua	S17S31	延边谢花甜、S5、香水、兴城谢花甜 Yanbianxiehuatian, S5, Xiangshui, Xingchengxiehuatian
S2S11	沧溪雪梨 Cangxixueli	S18S27	灌阳雪梨 Guanyangxueli
S2S14	胎黄梨 Taihuangli	S18S34	杭红 Hanghong
S2S16	桂冠、早魁 Guiguan, Zaokui	S18S5a	迟咸丰 Chixianfeng
S2S17	黄皮长把糖梨 Huangpichangbatangli	S19S19	青梨 Qingli
S2S19	八里香 Balixiang	S19S22	猪嘴酥、花长把、兰州花长把、张掖长把、 贵德长把 Zhuzuisu, Huachangba, Lanzhouhua-changba, Zhangyechangba, Guidechangba
S2S26	11 月 11 日 Shiyiyueshiyiri	S19S27	博山池、大慈梨 Boshanchi, Dacili
S2S28	红茄梨 Hongqiali	S19S28	乃希特阿木提、昆切克 Naixiteamuti, Kunqieke
S3S3	中翠、华丰 Zhongcui, Huafeng	S19S29	早蜜、蜜梨、黄金对麻、会理小黄梨 Zaomi, Mili, Huangjinduima, Huilixiao-huangli
S3S4	云井、世界一、筑水、新世纪、青玉、脆绿、黄金、早生黄 金、玉水、华梨 2 号、Coscia、早生喜水、初夏绿、新黄、新一 Yunjing, Shijieyi, Zhushui, Xinshiji, Qingyu, Cuilu, Huangjin, Zaoshenghuangjin, Yushui, Hualierhao, Coscia, Zaoshengxishui, Chuxialu, Xinhuang, Xinyi	S19S30	鸭广梨、八里香、褐梨 Yaguangli, Balixiang, Heli
S3S5	丰水、新忠、延寿、赤穗、丹泽、翠冠、鲜黄、Akaho、细花 红梨、罗田秤砣梨 Fengshui, Xinzhong, Yanshou, Chisui, Danze, Cuiguan, Xianhuang, Akaho, Xihuahongli, Luotianchengtuoli	S19S31	白八里香 Baibalixiang
S3S9	新高、水晶、天皇、金秋、早蜜新高、晚大新高、农家新高、 大果水晶、Niitaka、华丰、华高 Xingao, Shuijing, Tianhuang, Jinqiu, Zaomixingao, Wan-daxingao, Nongjiaxingao, Dagoushijing, Niitaka, Hua-feng, Huagao	S19S32	红花盖 Honghuagai
S3S16	雪青、雪英、八月酥、黄冠、文山红梨 Xueqing, Xueying, Bayuesu, Huangguan, Wenshanhongli	S19S34	大青皮、早熟句句、中矮 2 号、紫酥、锦丰 Daqingpi, Zaoshujuju, Zhongaterhao, Zisu, Jinfeng
S3S19	香椿、金珠果梨 Xiangchun, Jinzhuguoli	S19S41	酸梨锅子、面梨 Suanliguozi, Mianli
S3S21	金水 2 号 Jinshuierhao	S19S42	早白、兴山 23 号 Zaobai, Xingshanershisanhao

(续表3 Continued table 3)

S基因型 S-genotype	品种 Cultivars	S基因型 S-genotype	品种 Cultivars
S3S22	龙泉酥 Longquansu	S19Sb	贵德长把 Guidechangba
S3S29	绿云、德胜香、张掖长把、金水1号、酸大梨 Lüyun, Deshengxiang, Zhangyechangba, Jinshuiyihao, Suandali	S21S22	丽江大中古、雄吉冬梨 Lijiangdazhonggu, Xionggudongli
S3S31	Minibae、八月酥 Minibae, Bayuesu	S21S26	红香酥 Hongxiangsu
S3S35, S3Sd	早美酥 Zaomeisu	S21S28	晋蜜梨 Jinmili
S3S37	威宁大黄梨 Weiningdahuangli	S21S34	金坠梨 Jinzhuili
S3Sd	酸称陀梨 Suanchengtuoli	S21S37	威宁葫芦梨 Weininghululi
S3Se	延边明月梨、朝鲜洋梨、临夏黄麻 Yanbianmingyueli, Chaoxianyangli, Linxiahuangma	S21S42	丽江黄皮梨 Lijianghuangpili
S4S4	华金 Huajin	S22S22	大理水扁梨 Dalishuibianli
S4S5	太白、多摩、早生赤、清澄、秀玉、朝日、丹泽、富国、旭、秋荣、爱甘水、喜水、幸水、八幸、Knitomo、多摩、新水、黄皮香、新秀 Taibai, Duomo, Zaoshengchi, Qingcheng, Xiuyu, Chaori, Danze, Fuguo, Xu, Qiurong, Aiganshui, Xishui, Xingshui, Baxing, Knitomo, Duomo, Xinshui, Huangpixiang, Xinxiu	S22S28	库尔勒香梨、伊犁红句句、黄梨、斯尔克甫梨、沙01号、早熟句句、新疆黄梨、绿句句、魁克句句、色尔克甫 Korla pear, Yilihongjuju, Huangli, Sierkepuli, Shalingyihao, Zaoshujuju, Xinjianghuangli, Lüjuju, Kuikejuju, Seerkepu
S4S7	清香 Qingxiang	S22S29	云南无名梨 Yunnanwumingli
S4S8	平和、Heiwa Pinghe, Heiwa	S22S34	黄句句、库尔勒香梨、黄梨、博多青 Huangju, Korla pear, Huangli, Boduoqing
S4S9	南月、南水、新兴、新星、Shinkou, Shinsei Nanyue, Nanshui, Xinxing, Xinxing, Shinkou, Shinsei	S1Sd, S22S35	早酥 Zaosu
S4S12	红酥脆、美人酥、满天红 Hongscui, Meirensu, Mantianhong	S22S42	云南宝珠、丽江白梨、宝珠梨、丽江黄酸梨、大宝梨、大理冬梨、大理奶头梨 Yunnanbaozhu, Lijiangbaiyi, Baozhuli, Lijianghuangsuanli, Dabaoli, Dalidongli, Dalinaitouli
S4S13	西子绿 Xizilü	S22S43	皮胎 Pitai
S4S15	满顶雪 Mandingxue	S22Sd	康乐甘长把、河政甘长把 Kangleganchangba, Hezhengganchangba
S4S16	黄冠、雪花、雪峰、雪芳、壁山2号 Huangguan, Xuehua, Xuefeng, Xuefang, Bishanerhao	S22Sc	杏叶梨 Xingyeli
S4S17	雅青、新雅、早冠 Yaqing, Xinya, Zaoguan	S26S29	贡川、细把清水梨 Gongchuan, Xibaqingshui
S4S19	兰州长把 Lanzhouchangba	S26S36	火把 Huoba
S4S21	金水酥 Jinshuisu	S26S42	早香水 Zaoxiangshui
S4S24	晶玉 Jingyu	S26Sb	墨梨 Moli
S4S27	黄香 Huangxiang	S26Si	武都甜梨 Wudoutianli
S4S28	早梨18、霍城冬黄梨 Zaoli18, Huochengdonghuangli	S27S30	糖梨 Tangli
S4S34	新雅、雅青 Xinya, Yaqing	S27S34	寒红 Hanhong
S4S35	中梨1号 Zhongliyihao	S27S36	灵武杜梨 Lingwuduli
S4S36	红梨、满天红 Hongli, Mantianhong	S27Sh	尖把子 Jianbaizi
S4S42	山梨5号 Shanliuhao	S28Sd	新梨7号 Xinliqihao
S4S52	台湾赤花 Taiwanchihua	S29S29	兴山33号 Xingshansanshisanhao
S4Sa	北丰 Beifeng	S29S34	谢花甜 Xiehuatian
S4Sd	七月酥 Qiyuesu	S29S41	内蒙古山梨 Neimenggushanli
S5S6	新雪 Xinxue	S29S52	兴山19号、兴山22号 Xingshanshijuhao, Xingshanershierhao
S5S7	晚三吉 Wansanji	S30S31	豆梨 Douli
S5S8	王冠 Wangguan	S30S36	尖把梨、山鸭梨 Jianbali, Shanyali
S5S9	华山 Huashan	S31S32	柠檬黄 Ningmenghuang
S5S13	金川野生梨 Jinchuanyeshengli	S31S34	细花麻壳 Xihuamake
S5S15	苍溪雪梨 Changxixueli	S31S36	文山红雪梨、寒香 Wenshanhongxueli, Hanxiang
S5S19	假直把子 Jiazhibali	S31S40	麦梨、黄麻 Maili, Huangma
S5S21	半斤酥、麻壳 Banjinsu, Make	S31Sd	苹香梨 Pingxiangli
S5S22	龙泉酥 Longquansu	S32Sp	奥连 Aolian
S5S29	金水1号、金水3号 Jinshuiyihao, Jinshuisanhai	S33S41	山梨3号 Shanlisanhao
S5Sd	身不知、华酥 Shenbzhi, Huasu	S34S37	锦香 Jinxiang

(续表 3 Continued table 3)

S 基因型 S-genotype	品种 Cultivars	S 基因型 S-genotype	品种 Cultivars
S6S22	九泉长把梨 Jiuquanchangbali	S34Sd	花盖 Huagai
S7S12	甜橙子 Tianchengzi	S34Sn	青皮酥、白皮酥 Qingpisu, Baipisu
S7S17	安农 1 号 Annongyihao	S35Sh	黄酸梨 Huangsuanli
S7S19	大水核 Dashuihe	S36S37	索美 Suomei
S7S33	宝珠梨 Baozhuli	S36Sd	青沟沙疙瘩、沙疙瘩 Qinggoushageda, Shageda
S8S20	冬黄 Donghuang	S42S42	丽江小黄梨 Lijiangxiaohuangli
S8S22	新梨 1 号 Xinliyihao	S42S47	大堰罐罐梨 Dayanguanguanli
S8S27	野生山梨 1、大堰六月早 Yeshengshanli 1, Dayanliuyueza	S42Sc	山梨 4 Shanli 4
S8S28	库尔勒香梨 Korla pear	S46S47	惠阳红梨 Huiyanghongli
S8S49	罗田冬梨 Luotiandongli	S47S48	兴山 20 号 Xingshanershihao
S8Sd	红太阳、小红梨 Hongtaiyang, Xiaohongli	S53S53	高要淡水梨 Gaoyaodanshui
S9S42	云南麻梨 1 号 Yunnanmaliyihao	S59S59	泸定王皮梨 ludingwangpili
S11S17	南果梨 Nanguoli	SaSe	法兰西 Falanxi
S12S12	大凹凹、硬枝青 Daaoao, Yingzhiqing	SaSb	葫芦梨 Hululi
S12S13	懋功梨、黄花梨 Maogongli, Huanghuoli	SbSd	昭角梨 Zhaojiaoli
S12S16	延边大香水 Yanbiandaxiangshui	SbSi	康乐白果 Kanglebaiguo
S12S19	弥渡玉梨 Miduyuli	SdSc	哈代、红哈代 Hadai, Honghadai
S12S21	临夏香把 Linxiaxiangba	SeSi	伏茄 Fuqie
S12S26	红皮酥 Hongpisu	SeSd	早红考密斯、顺香、奎甜、吊蛋 Zaozhongkaomisi, Sunxiang, Kuitian, Diaodan
S12S29	天生伏 Tianshengfu	S29Sx	蜜梨 Mili
S12S31	寒香梨 Hanxiangli	S21Sx	耀县银梨 Yaoxianyinli
S12S35	冬果梨 Dongguoli	S1S12S19	海棠酥、济南小黄梨 Haitangsu, Jinanxiaohuangli
S12S37	雄吉火把 1 Xionggihuoba 1	S4S8S17	PDR54
S12Sd	兰州软儿 Lanzhouruaner	S12S26S44	火把梨 Huobali
S13S15	梨园自来梨 2 Liyuanzilaili 2	S22S28S40	红那禾 Hongnahe
S13S18	金花、金花四号 Jinhua, Jinhuasiyahao	S1S1S21S21	大鸭梨、赵县大鸭梨 Dayali, Zhaoxiandayali

PCR-RFLP 技术相较于田间授粉试验、蛋白电泳分析等方法,具有速度快、准确高、取样简便等优点,但其是在已获得 S 基因且基因序列已被分析的基础上进行鉴定,难以确定含有新 S 基因品种的基因型,需结合 S 基因特异序列 DNA 测序等其他鉴定方法。DNA 测序方法是对基因组 DNA 的 PCR 扩增产物进行回收测序,然后在 GenBank 进行 BLAST 以确定梨品种的 S 基因型^[29],分析新的自交不亲和 S 基因。此方法不仅快捷、准确、操作简便,且试验材料不受季节限制,大大加快试验进程。谭晓风等(2005 年)对中国沙梨 S 基因进行 PCR-RFLP 分析,对采用 PCR-RFLP 方法无法确定的 S 等位基因和 S 基因型进行目的片段的 DNA 测序,首次从中国沙梨中分离鉴定了 7 个新的 S 基因,并确定近 20 个中国沙梨的 S 基因型。目前为止,运用此方法 Tan 等^[15]与江南等^[24]在中国梨中发现 35 个新自交不亲和 S 基因,并且鉴定 90 多个沙梨品种、15 个西洋梨品种和近 30 个白梨品种的 S 基因型。

2.2 基因芯片杂交

基因芯片(Genechips)又称 DNA 芯片(DNAChips)或 DNA 微阵列(DNA microarray)^[30],是传统的核酸杂交技术与微加工技术以及化学合成技术相结合而产生的一个复合体,基因芯片杂交技术具有检测方法简单、快速、准确、高效、灵敏度高、可实现对多个梨品种 S 基因型同时检测及具有大量样品平行检测的优点^[31]。江南^[32]于 2006 年首次使用梨 S 基因寡核苷酸芯片对梨品种 S 基因型进行鉴定,其检测结果获得成功,证明基因芯片杂交技术应用于梨品种自交不亲和性 S-RNase 基因和 S 基因型的检测是一种切实可行的方法。2008 年江南等^[33]又指出,基因芯片技术只能检测出已发现的梨 S 基因,不能鉴定出新的 S 基因,具有一定局限性。对于梨品种中存在的新 S 基因,还需结合 PCR-RFLP、DNA 测序及序列分析等技术进行鉴定。并且 S 基因寡核苷酸芯片技术是采用梨 DNA 序列进行杂交的,存在内含子序列不同其杂交信号也会有

差异的问题,针对此问题,江南等^[34]以cDNA序列制作梨S基因芯片进行进一步研究,结果发现两种基因芯片各有利弊,利用两种芯片并行检测梨品种S基因,能保证鉴定结果的准确性和可靠性。近两年,江南等^[35-36]及谭慧等^[21,37]利用梨S基因芯片技术确定86个梨品种的未知S基因型,结合其他S基因型鉴定技术发现7个新的S-RNase基因,命名为Pp S53 (*Pyrus pyrifolia* S53)、Pp S54、Pp S55、Pp S56、Pp S57、Pp S58和Pp S59。

3 展望

随着越来越多的研究者开展梨自交不亲和性的研究,在更多的梨品种S基因型被确定的同时,也出现以下问题:

已鉴定的梨品种的S基因型的准确性有待验证。由于研究单位及研究方法的不同或者是由于同名异物,导致梨品种自交不亲和S基因型存在鉴定结果不同的现象,这一现象极易引起授粉树搭配不合理,从而引起生产上不必要的损失。如:对于‘苹果梨’的S基因型,巩艳明^[38]鉴定为S1S17,张好艳等^[16]鉴定为S17S19,许高歌^[39]鉴定为S1Sdm;对于‘早酥梨’的S基因型,许高歌^[39]鉴定为S1Sd,与巩艳明^[38]的研究结果一致,而杨谷良^[40]则鉴定为S22S35;特别是对‘库尔勒香梨’研究,目前已有多位研究者对其S基因型进行鉴定,但结果均不完全相同,张好艳等^[41]鉴定为S21S28,谭晓风等^[42]认为是S8S28;杨谷良^[40]和唐忠建^[43]鉴定结果一致都认为是S22S34,Qi等^[44]、Heng^[45]等和吕文娟等^[46]鉴定的‘库尔勒香梨’的S基因型结果一致,均认为是S22S28,并通过RT-PCR鉴定得到证实。

梨S等位基因信息不断丰富,其命名存在相同基因不同编码序列或相同编码序列但命名不同等问题。出现此问题的原因可能是:①早期对S等位基因的鉴定主要针对HV区及周边序列部分片段的测序鉴定,这些片段只占S基因全长序列的一小部分,因此需要得到完整的全长序列来进一步区分或重新命名更正这些相似基因。②基因登录过程中忽略内含子而造成同物异名的现象。如:2007年衡伟等^[47]对S基因的DNA序列分析确认S16(AY249431.2)和S31(DQ072113.1)为相同S基因;2013年徐非凡^[29]认为S12(EU117115)与S36(DQ417607)为同

一基因、S17(EU249432)与S34(DQ269500)为同一基因,与吕文娟的研究结果相同;吕文娟等^[46]对S7(AB002143)与S27(EF643640.1)的编码序列进行比对,发现其完全相同应为同一基因,江南等^[34]也发现砂梨S15和S38基因编码序列完全相同;杨谷良等^[42]推导氨基酸,从而推测S8-RNase、S28-RNase和S34-RNase很可能是同一基因。

尚有大量梨品种的S基因型等待鉴定。中国拥有3000多个梨品种,目前只有500多个品种的S基因型被鉴定,还有大量的S基因型未被鉴定。这给应用梨S基因型合理选配授粉树和指导梨园生产带来很大的局限性。

新的鉴定技术急待开发。梨S基因的鉴定技术虽然有了巨大的突破,鉴定方法也更加方便、简单、准确;但是都还具有一定的局限性,有时需要多种方法联合使用才能准确鉴定,多种方法联合使用极大降低鉴定速度,增加鉴定成本。因此,开发新的S基因型鉴定技术,以较低的成本,简单、快速、准确地确定更多梨品种的S基因型,进一步完善梨品种S基因检测系统,仍然是梨自交不亲和性研究及梨生产实践急待解决的重要问题。

参考文献 Reference:

- [1] 张好艳.梨品种亲缘关系、S基因型鉴定及其克隆研究[D].南京:南京农业大学,2007.
- [2] ZHANG Y Y. Analysis of genetic relationship and identification of S-genotypes and clone of S-ranase gene in *Pyrus* [D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2007.
- [3] 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: 1543-1552.
- [4] 辜青青.利用PCR-RFLP技术鉴定部分沙梨(*Pyrus pyrifolia* Nakai)品种S基因型[D].武汉:华中农业大学,2006.
- [5] GU Q Q. Identigication of self-incompatibility genotypes in some Japanese pears (*Pyrus pyrifolia* Nakai) by PCR-RFLP [D]. Wuhan: Huazhong Agricultural University, 2006.
- [6] 衡伟,张绍铃,方成泉,等.梨20个品种S基因型的鉴定及新S-RNase基因的克隆[J].园艺学报,2008,35(3):313-318.
- [7] HENG W, ZHANG SH L, FANG CH Q, et al. Identification of 20 S-genotypes and cloning novel S-RNases in *Pyrus* [J]. *Acta Horticulturae Sinica*, 2008, 35(3): 313-318.
- [8] GOLDWAY M, SHAL O, YEHUDA H, et al. ‘Jonathan’,

- apple is a lower-potency pollenizer of ‘Top Red’ than ‘Golden Delicious’ due to partial S-allele incompatibility [J]. *Journal of Horticultural Science & Biotechnology*, 1999, 73:931-941.
- [6] SASSA H, HIRANO H, IKEHASHI H. Identific action and characterization of stylar glycoproteins associated with self-incompatibility genes of Japanese pear, *Pyrus serotina* Rehd [J]. *Molecular General Genetics*, 1993, 241:17-25.
- [7] CASTILLO C, TAKASAKI T, SAITO T, et al. Coling of the S8 -RNase of Japanese pear (*Pyrus pyrifolia* Nakai) [J]. *Plant Biotechnology*, 2002, 19(1):1-6.
- [8] KIM H T, HIRATA Y, KIM H J, et al. The presence of a new S-RNase allele(S10) in Asian pear [*Pyrus pyrifolia* (Burm; Nakai)] [J]. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 2006, 53:1375-1383.
- [9] 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 & Biotechnology*, 2004, 79:101-106.
- [10] 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.
- [11] MOTA M, TAVARES L, OLIVEIRA C M. Identification of S-alleles in pear(*Pyrus communis* L.) cv. ‘Rocha’ and other european cultivars[J]. *Scientia Horticulture*, 2007, 113:13-19.
- [12] JAVIER S. Pistil-function breakdown in a new S-allele of European pear *S21* confers self-compatibility [J]. *Plant Cell Reports*, 2009, 28:457-467.
- [13] AZAMNIKZAD G K, HAMIDABDOLLAHI A S, LUCA-DONDINI P D F, et al. Genomic characterization of self-incompatibility ribonucleases in the central asian pear germplasm and introgression of new alleles from other species of the genus *Pyrus*[J]. *Tree Genetics & Genomes*, 2014, 10:411-428.
- [14] 乌云塔娜.中国白梨自交不亲和基因的分离鉴定[D].湖南株洲:中南林学院,2003.
- WUYUN T N. Isolation and identification of self-incompatible genes of Chinese *Pyrus bretschneideri* [D]. Zhuzhou Human:Central South Forestry University,2003.
- [15] TAN X F, ZHANG L, WU YUN T N, et al. Molecular identification of two new self-incompatible alleles (S-alleles) in Chinese pear(*Pyrus bretschneideri*) [J]. *Journal of Plant Physiology and Molecular Biology*, 2007, 33(1):61-70.
- [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.
- ZANG Y Y, WU J, HENG W, et al. Identification of S-alleles of pear cultivars and analyses of nucleotide sequences of S28 -RNase and S30 -RNase[J]. *Acta Horticulturae Sinica*, 2006, 33(3):496-500.
- [17] 武军凯.‘金坠梨’自交亲和性分子遗传分析及MdSFBB9a 和MdSFBB9/3 基因功能研究[D].北京:中国农业大学,2013.
- WU J K. Molecular genetic analysis of self-compatible Jin ZhiuV and functional study of the pollen S genes MdSF-BB9a and MdSFBB9p [D]. Beijing: China Agricultural University, 2013.
- [18] SHIMIZU T, SHINKAWA T, SAKIYAMA F, et al. Primary structural features of rosaceous S-RNases associated with gametophytic self-incompatibility[J]. *Plant Molecular Biology*, 1998, 37(6):931-941.
- [19] TAKASAKI T, SAITO T, YOSHIMURA Y, et al. Reconsideration of S-genotypes assignments, and discovery of a new allele based on S-RNase PCR-RFLPs in Japanese pear cultivars[J]. *Breeding Science*, 2001, 51:5-11.
- [20] OKADA K, CASTILLO C, MORIYA Y, et al. S-genotype assignments of local cultivars in Japanese pear ‘Senryo’, ‘Kuroki’ and ‘Hogyoku’ [J]. *Horticulture Science*, 2009, 78(1):55-60.
- [21] 谭慧.梨S基因cDNA芯片杂交条件优化及对梨品种S基因鉴定[D].长沙:中南林业科技大学,2017.
- TAN H. Optimization of pear self- incompatibility gene cDNA microarray hybridization assay and its application in identifying S-genotypes[D]. Changsha:Central South University of Forestry and Technology,2017.
- [22] 齐永杰.梨自交亲和性突变机制及自花结实性种质的创制[D].南京:南京农业大学,2011.
- QI Y J. Mutant mechanism analyses of self-compatible pear and creation of self-fruity germplasm resources in *Pyrus* [D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2011.
- [23] 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.
- CHEN H, ZHANG SH J, ZHANG Y Y, et al. Identification of S-genotypes in forty pear cultivars and analysis of S-RNase genes frequency in *Pyrus*[J]. *Journal of Nanjing Agricultural University*, 2013, 36(5):21-26.
- [24] 江南,谭晓风,张琳,等.梨自交不亲和基因cDNA芯片制备及对部分砂梨品种S基因型的鉴定[J].园艺学报,2015,42(12):2341-2352.
- JIANG N, TAN X F, ZHANG L, et al. Preparation of S-RNase cDNA microarray and its application in identifying pear cultivars S-genotypes[J]. *Acta Horticulturae Sinica*, 2015, 42(12):2341-2352.
- [25] 曾艳玲.‘鹅梨’S基因型的鉴定及S基因的cDNA克隆[D].长沙:中南林业科技大学,2006.
- ZENG Y L. Identification of S-genotype of ‘Eli’ and the S-alleles cDNA cloning[D]. Changsha:Central South University of Forestry and Technology,2006.

- [26] HUGOT K, PONCHET M, MARAIS A, et al. A tobacco S-like RNase inhibits hyphal elongation of plant pathogens [J]. *Molecular Plant-microbe Interactions*, 2002, 15(3): 243-250.
- [27] 华方敏. 中国白梨 15 个主栽品种 S 基因型及 S29-RNase 基因的鉴定[D]. 湖南株洲: 中南林学院, 2004.
- BI F CH. Determination of genotype of 15 local cultivars and isolation of S29-RNase gene from Chinese *bretschneideri* pear (*Pyrus bretschneideri*) [D]. Zhuzhou Hunan: Central South Forestry University, 2004.
- [28] CASTILLO C. A Identification of a new allele of self-incompatibility of Japanese pear [D]. Hyogo Japan: Kobe University, 2000.
- [29] 徐非凡. 梨自交不亲和 S 基因型的鉴定[D]. 南京: 南京农业大学, 2013.
- XU F F. Research of the self-incompatibility genotypes(S-genotypes) in pear [D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2013.
- [30] 谢 纳. 生物芯片分析[M]. 北京: 科学出版社, 2004: 86-227.
- XIE N. Microarray Analysis [M]. Beijing: Science Press, 2004: 86-227.
- [31] 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(自然科学版), 2007, 27(1): 104-108.
- JIANG N, TAN X F. Identification technology for pear cultivar S-genotype based on genechips [J]. *Journal of Central South University of Forestry and Technology (Natural Science Edition)*, 2007, 27(1): 104-108.
- [32] 江 南. 梨基因芯片的试制及分子杂交条件的初步研究 [D]. 长沙: 中南林业科技大学, 2007.
- JIANG N. Study on preparation of prototype S-RNase microarray and molecule hybridization condition [D]. Changsha: Central South University of Forestry and Technology, 2007.
- [33] 江 南, 谭晓风, 陈 洪, 等. 梨 S 基因芯片的试制及分子杂交条件的优化[J]. 园艺学报, 2008, 35(4): 481-486.
- JIANG N, TAN X F, CHEN H, et al. Preparation of prototype S-RNase microarray and molecule hybridization condition [J]. *Acta Horticulturae Sinica*, 2008, 35(4): 481-486.
- [34] 江 南, 谭晓风, 张 琳, 等. 利用基因芯片鉴定梨品种自交不亲和基因型[J]. 园艺学报, 2014, 41(10): 1983-1992.
- JIANG N, TAN X F, ZHANG L, et al. Identifying pear cultivars S-genotypes using gene chips [J]. *Acta Horticulturae Sinica*, 2014, 41(10): 1983-1992.
- [35] 江 南, 谭晓风, 张 琳, 等. 梨自交不亲和基因 cDNA 芯片制备及对部分砂梨品种 S 基因型的鉴定[J]. 园艺学报, 2015, 42(12): 2341-2352.
- JIANG N, TAN X F, ZHANG L, et al. Preparation of S-RNase cDNA microarray and its application in identifying pear cultivars S-genotypes [J]. *Acta Horticulturae Sinica*, 2015, 42(12): 2341-2352.
- [36] 江 南, 张 琳, 谭晓风, 等. 基于 cDNA 芯片的梨品种 S 基因型鉴定及新 S-RNase 基因进化分析[J]. 植物遗传资源学报, 2017, 18(3): 520-529.
- JIANG N, ZHANG L, TAN X F, et al. Detection of pear S-genotypes and evolutionary analysis of novel S-RNase genes identified by cDNA microarray-based method [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2017, 18(3): 520-529.
- [37] 谭 慧, 谭晓风, 江 南, 等. 梨自交不亲和基因 cDNA 芯片杂交条件优化及应用[J]. 生物技术, 2017, 27(1): 58.
- TAN H, TAN X F, JIANG N, et al. Optimization and application of pear self-incompatibility gene cDNA microarray hybridization assay [J]. *Biotechnology*, 2017, 27(1): 58.
- [38] 巍艳明. 梨极矮化突变体 S 基因型鉴定与 DELLA 蛋白编码基因的克隆[D]. 吉林延边: 延边大学, 2011.
- GONG Y M. Determination of S-genotypes of pear dwarfing mutants and the cloning of genes encoding DELLA protein [D]. Yanbian Jilin: Yanbian University, 2011.
- [39] 许高歌. 桃和早酥梨自交(不)亲和性分子机制的研究[D]. 南京: 南京农业大学, 2012.
- XU G G. Molecular mechanism of self-compatibility in peach and 'Zaosu' [D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2012.
- [40] 杨谷良. 梨新 S 基因的分离克隆及部分品种的 S 基因型 AFLP 鉴定[D]. 长沙: 中南林业科技大学, 2007.
- YANG G L. Cloning the new S-genes, identify the S-genotype and AFLP analysis of some pear cultivars [D]. Changsha: Central South University of Forestry and Technology, 2007.
- [41] 张好艳, 张绍铃, 吴 俊, 等. '八月酥'等 14 个梨品种自交不亲和基因(S 基因)型的鉴定[J]. 果树学报, 2007, 24(2): 135-139.
- ZHANG H Y, ZHANG S H, WU J, et al. Identification of S-genotypes in 14 pear cultivars [J]. *Journal of Fruit Science*, 2007, 24(2): 135-139.
- [42] 谭晓风, 乌云塔娜, 中西テツ, 等. 中国梨品种自交不亲和新基因的分离鉴定[J]. 中南林学院学报, 2005, 25(1): 1-3.
- TAN X F, WUYUN T N, NAKANIXI T S, et al. Isolation and identification of SI9-RNase gene of the *Pyrus bretschneideri* (Chinese pear) [J]. *Journal of Central South Forestry University*, 2005, 25(1): 1-3.
- [43] 唐忠建. 砀山酥梨自然保护区梨 S 基因研究[D]. 合肥: 安徽农业大学, 2007.
- TANG ZH J. Study on S-gene of pear cultivated in the protection district of Dangshansu pear germplasm resource [D]. Hefei: Anhui Agricultural University, 2007.
- [44] 齐玉洁, 吴海泉, 蔡亚峰, 等. Heteroallelic diploid pollen led to self-compatibility in tetraploid cultivar 'Sha 01' (*Pyrus sinkiangensis* Yü) [J]. *Tree Genetics & Ge-*

- nomes, 2011, 7(4): 685-695.
- [45] HENG W, WU H Q, CHEN Q X. Identification of S-genotypes and novel S-RNase alleles in *Prunus mume* [J]. *Journal of Horticultural Science and Biotechnology*, 2008, 83(6): 689-694.
- [46] 吕文娟, 冯建荣, 刘小芳, 等. 库尔勒香梨自交不亲和 S-RNase 等位基因全长的克隆与分析[J]. 分子植物育种, 2017, 15(5): 1639-1647.
- LÜ W J, FENG J R, LIU X F, et al. Cloning and analysis of self-incompatibility S-RNase allelic genes in korla fragrant pear [J]. *Molecular Plant Breeding*, 2017, 15(5): 1639-1647.
- [47] 衡伟, 张绍玲, 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.
- HENG W, ZHANG SH L, ZHANG Y Y, et al. Identification of S-genotypes of twelve pear cultivars by analysis of DNA sequence [J]. *Acta Horticulturae Sinica*, 2007, 34(4): 853-858.

Present Advance of S-gene Genotype and S-genotypes in Pear

ZHANG Xiaoli, AISHAJIANG · Maimaiti, XU Yeting, DENG Li and WANG Jixun

(Horticultural Crops Research Institute, Xinjiang Academy of Agricultural Sciences/Xinjiang Fruit Science Experiment Station, Ministry of Agriculture, Urumqi 830091, China)

Abstract Pear is a kind of fruit tree with gametophytic self-incompatibility which results in low seed setting rate and poor quality and need to select appropriate pollinate trees. This review introduced the research status of pear S allele in detail, and summarized the S genotypes of more than 500 pear varieties identified so far at home and abroad. Widely applied techniques such as PCR-RFLP, S gene DNA sequence analysis as well as pear S gene chip hybridization technology were systematically introduced. This paper will be of a great guiding significance for the further study of pear S gene and for the proper allocation of pollination trees in pear production.

Key words Pear; Self-incompatibility; S-allele

Received 2018-02-01

Returned 2018-05-17

Foundation item Youth Science and Technology Foundation in Xinjiang Academy of Agricultural Sciences (No. xjnkq-2015024); Funding Project of Basic Scientific Research Business of Public Welfare Research Institute in Xinjiang (No. KYGY2016118).

First author ZHANG Xiaoli, male, assistant researcher, master. Research area: heredity breeding and cultivate in pear. E-mail: Zhangxiaoli2002@126. com

Corresponding author WANG Jixun, male, research fellow, master. Research area: resource and breeding in fruit. E-mail: 924101849@qq. com

(责任编辑:郭柏寿 Responsible editor: GUO Baishou)