

番茄青枯病的抗性遗传研究*

乐素菊** 吴定华 梁承愈

(华南农业大学园艺系, 广州, 510642)

摘要 以不同抗青枯病水平的番茄品种(品系)进行 5×5 双列杂交的遗传分析表明, 番茄对青枯病的抗性至少由3对基因控制; 在抗性遗传效应中, 加性成分占主导地位; 广义遗传力为97.0%, 狭义遗传力为69.0%; 抗病对感病为不完全显性; 湘引和亚鲜具较多的正效基因, 对于加强它们杂交后代的抗性水平有较高的一般配合力。

关键词 番茄; 青枯病; 抗性遗传。

中图分类号 Q348

番茄青枯病是热带、亚热带地区番茄生产上的重要病害(Hartman等, 1991; Kelman, 1985), 迄今为止尚未找到防治此病的有效药物, 抗病育种是防治该病的最有效手段(王卉等, 1993; Hartman等, 1991)。目前, 番茄青枯病的抗性遗传规律仍不很清楚, Singh(1961)认为番茄青枯病抗性是隐性遗传, Graham等(1976)则认为抗性是不完全显性遗传。关于控制番茄青枯病抗性基因数目, Singh(1961)认为是多基因, Gowha等(1990)则认为是单个显性基因。为进一步探讨番茄青枯病的抗性遗传规律, 本研究用5个不同抗病水平的番茄品种(品系)进行双列杂交遗传分析, 以期对番茄抗青枯病育种提供理论上的依据。

1 材料与方法

1.1 供试亲本

抗青枯病品系湘引、亚鲜; 中抗品系GA 26; 感病品种台鲜、Flora-Dade。5个亲本经5~8代选纯, 性状稳定。

各供试亲本青枯病的感病综合指数Q值列于表1。

表1 5个亲本青枯病的Q值					
亲本名称	Flora-Dade	GA26	湘引	台鲜	亚鲜
Q值 ⁽¹⁾	2.65	0.97	0.15	2.46	0.29

1.2 供试青枯菌菌种的制备

青枯病原菌(*Pseudomonas solanacearum*) 由华南农业大学园艺系蔬菜试验场的番茄病株上分离获得。分离出的青枯病原菌经TTC培养基30℃培养36h, 选取毒性的菌落(中间粉红色、周围白边宽、形状不规则且具流动性)(Kelman, 1954), 置无菌水中保存备用。

1.3 杂交组合的配制

1991年秋季和1992年秋季按双列法配制了25个杂交组合(F_1)及“Flora-Dade $\times$ 亚鲜”组合的回交一代(B_1)。1993年夏秋播种 F_1 及 B_1 种子, 随机区组设计, 3次重复, 每处理45株。

1995-02-10 收稿

*“八五”国家科技攻关项目(85-04-01-02)内容之一; **现在广东仲恺农业技术学院工作

1.4 接种

将伤根后的 3 周幼苗在青枯菌悬浮液 ($2 \times 10^{10} \sim 5 \times 10^{10}$ 个 cells/L 中蘸根 10 min. 再定植于经过消毒的盆土中。

1.5 统计分析方法

以小区感病综合指数(Q 值)为基本统计单位,按 Hayman(1954)的方法进行番茄青枯病 Q 值的遗传组分分析,按 Griffing(1956)的方法分析双列杂交 F_1 Q 值的配合力。

2 结果与分析

对小区 Q 值进行方差分析,得遗传型间 $F=55.810^{**}$, 区组间 $F=2.110$, 表明 5×5 完全双列杂交的 25 个遗传型间 Q 值差异很显著。可作进一步分析。

2.1 协方差 (W_r) 对方差 (V_r) 的回归分析

5 个亲本家系的方差 (V_r) 及各亲本家系 F_1 与其轮回亲本间的协方差 (W_r) 列于表 2。

表 2 5 个亲本家系的方差 (V_r) 及各家系 F_1 与其非轮回亲本间的协方差 (W_r)

亲本家系	Flora-Dade	GA26	湘引	台鲜	亚鲜	总和	平均
V_r	1.08	0.51	0.06	0.86	0.23	2.74	0.55
W_r	1.35	0.87	0.32	1.25	0.52	4.31	0.86

据表 2 的资料,求得 W_r 随 V_r 的回归直线为 $W_r=0.34+0.95 V_r$, 回归系数 $b=0.95$, 达到极显著水平,很接近 Hayman 模型中的回归系数期望值 B,表明本研究符合 Hayman 模型。

以 W_r 为纵坐标, V_r 为横坐标,作回归直线 $\hat{W}_r=0.34+0.95 V_r$ 及抛物线 $W_r=\sqrt{V_r \cdot V_r}$ (V_r 为亲本的表现型方差,其值为 1.85),该抛物线为限制各亲本家系的 (W_r, V_r) 点可能出现的区域,它给出了任何 V_r, W_r 的最大值(图 1)。

2.1.1 各亲本的基因分布 沿着回归直线,携带最多正效基因的亲本最接近原点,携带最多负效基因的亲本离原点最远。本研究中,湘引、亚鲜两亲本携带最多的正效基因;Flora-Dade、台鲜两亲本携带最多的负效基因;GA 26 的正效基因介于四亲本间。

为说明正效和负效基因所控制的性状,求得 (W_r+V_r) 值与感病综合指数 Q 值间的相关系数 $r=0.98$,呈极显著正相关,表明亲本 Q 值愈低, (W_r+V_r) 值就愈小,亲本所含正效基因愈多,所以该处的正效基因是控制抗病性的。

2.1.2 显性程度 回归直线在 W_r 轴的截距可作为度量性状平均显性度的尺度。当超显性时,截距小于零;完全显性时,截距等于零;部分显性时,截距大于零;当无显性时,回归直线与抛物线相切,截距达到最大值。本研究中,回归直线与抛物线相交,截距大于零,表明整个遗传具不完全显性特征。

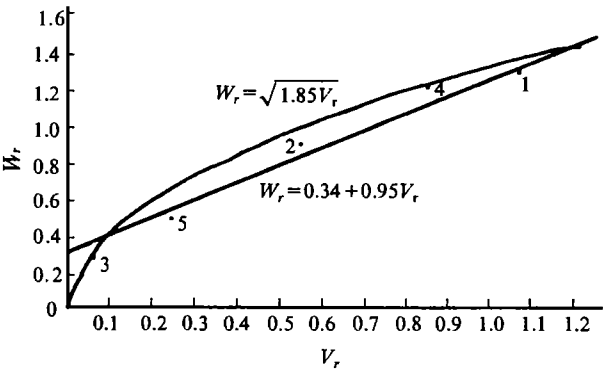


图 1 5×5 双列杂交的 W_r 及 V_r 关系图
1. Flora-Dade, 2. GA26, 3. 湘引, 4. 台鲜, 5. 亚鲜

2.2 遗传效应的组成与分析

2.2.1 抗性效应的遗传成分 按 Hayman 模型估算得基本遗传参数为: 加性成分 $D=1.83$, 当正效基因频率等于负效基因频率 ($p=q$) 时, 显性成分 $H_1=0.52$, 当 $p \neq q$ 时, 显性成分 $H_2=0.48$, 上位性成分 $F=0.22$ 。对以上遗传分量进行显著性测验表明, 加性效应 D 、显性效应 H_1 和 H_2 都达到极显著水平, 上位性效应 F 则不显著。由 $D-H_2=1.35$ 可看出, 加性效应比显性效应对遗传方差的影响更为重要。也就是说, 抗番茄青枯病的遗传效应主要由加性和显性成分组成, 其中加性成分在抗青枯病性的遗传中占主导地位。

2.2.2 遗传力 对整套双列杂交材料用 Hayman 关于遗传力的估算公式求得: 广义遗传力为 97.0%, 狭义遗传力为 69.0%。狭义遗传力较高, 说明青枯病抗性遗传效应中, 固定遗传的加性成分占主导地位, 因此, 在系谱选育种时, 加强对优良单株的选择, 会产生良好的效果。本研究的广义遗传力也相当高, 这可能是试验过程中, 温度湿度等条件控制较好, 从而减少了试验误差。

2.2.3 最少基因数目 以供试亲本中的两个极端型, 高值亲本 ($\bar{P}_1=3.00$) 和低值亲本 ($\bar{P}_2=0.18$) 为依据, 按 Mather 的估算公式 $K=(\bar{P}_1-\bar{P}_2)^2/(8 \times 1/4 D)$, 求得 $K=2.20$ 。由于未能排除连锁遗传的可能性, 只能断定控制番茄青枯病的遗传最少有 3 组基因。

2.2.4 显性分析 高感病亲本 Flora-Dade 与高抗病亲本亚鲜杂交一代及其与两亲本回交一代的 Q 值列于表 3。

表 3 回交世代及亲本的 Q 值

遗传型	Flora-Dade	亚鲜	Flora-Dade × 亚鲜, F_1	$F_1 \times$ Flora-Dade, B_1	$F_1 \times$ 亚鲜, B_2
Q 值	2.80	0.12	1.28	1.89	0.81

以表 3 中的杂交组合为依据, 按 Mather 的“加性-显性”遗传模型估算势能比数 $P \cdot r = [\bar{F}_1 - 1/2(\bar{P}_1 + \bar{P}_2)]/[1/2(\bar{P}_1 - \bar{P}_2)]$ ($\bar{F}_1$ 为 F_1 的平均数), 求得 $P \cdot r = -0.13$ 。 $P \cdot r$ 为负值而其绝对值又小于 1, 表明番茄青枯病 Q 值的遗传具不完全负显性, 反过来, 也即抗病对感病为不完全正显性。这种抗性表现在优势育种中利用价值不大。

从回交世代的抗性表现可看出, F_1 与抗病亲本(亚鲜)回交一代(B_2)的 Q 值低于 F_1 世代, 而 F_1 与感病亲本(Flora-Dade)回交一代(B_1)的 Q 值高于 F_1 世代, 这表明杂交后代与抗病亲本的回交选择是有效的。

2.3 一般配合力

5 个亲本的一般配合力效应值见表 4。

由表 4 可看出, Flora-Dade 和台鲜两亲本有较大的一般配合力正向效应值, 能使其组配的杂种后代青枯病发病加重; 亲本湘引和亚鲜有较大的一般配合力负向效应值, 可使其组配的杂种后代青枯病减缓。除亲本 GA26 外, 其他亲本均达极显著水平。再从各亲本间的一般配合力效应值相互比较中可知, 亲本 Flora-Dade、台鲜和 GA26 同亲本亚鲜、湘引间差异极显著。

表 4 5 个亲本的一般配合力效应

亲本	Flora-Dade	GA 26	湘引	台鲜	亚鲜
一般配合力效应 $\hat{g}_i$	0.46**	0.17	-0.68**	0.38**	-0.34**
	LSD _{0.05} = 0.223,		LSD _{0.01} = 0.305		
	$\hat{g}_i - \hat{g}_j$ LSD _{0.05} = 0.351,		LSD _{0.01} = 0.481		

2.4 特殊配合力

各组合的特殊配合力效应值列于表 5。

在 10 个组合中,有 6 个组合的特殊配合力效应值为负值,即它们的青枯病 Q 值较之双亲平均表现有减小的趋势,按负向效应值的大小顺序,依次为亚鲜×Flora-Dade,湘引×GA26,湘引×Flora-Dade,台鲜×湘引,亚鲜×台鲜,台鲜×GA 26。另外 4 个组合的特殊配合力效应值为正值,即它们的青枯病 Q 值相对于其双亲平均表现有加重发病的趋势,按正向效应值大小顺序,依次是台鲜×Flora-Dade,GA26×Flora-Dade,亚鲜×湘引,亚鲜×GA26,其中前者与后二者差异极显著。

为更好了解各亲本在其所在组合对青枯病抗性的差异,以下估算了 5 个亲本 Q 值特殊配合力效应方差(表 6)。5 个亲本中,感病亲本 Flora-Dade 的特殊配合力方差最大,其次是台鲜,可预见其参与的杂交后代青枯病 Q 值可能会显著增加或减少(变幅大)。抗病亲本湘引、亚鲜及中抗亲本 GA26 的特殊配合力方差小,表明在其后代中,青枯病 Q 值的减少能较一致地传给后代。

3 讨论

3.1 番茄青枯病抗性遗传在抗病育种上的应用

本研究结果表明,番茄青枯病抗性遗传为不完全显性,加性成分在青枯病的抗性遗传中起主要作用。杂交一代的抗性表现主要依靠双亲提供各自一半的抗性遗传成分,单靠显性成分在 F₁ 代的优势是不够的。一般说来,双亲所含的抗性基因愈多,则其 F₁ 植株的抗性也越强。但就青枯病来说,F₁ 植株的抗性不会超过高抗亲本,即 F₁ 世代不存在杂种优势。用园艺性状优良但感病的品种与高抗病但园艺性状低劣的品种单交,要获得既高抗青枯病又优质丰产的一代杂种是困难的。要选育园艺性状优良而又兼抗青枯病的品种(杂交一代),可考虑采用下面二条途径:(1)既抗病又兼具某些优良园艺性状的材料进行自交选择,然后将园艺性状互补且配合力高的抗病选系进行配组杂交;(2)对丰产优质但不抗青枯病的材料。可采用先与抗病材料杂交,后多代自交并选择,或再同抗病材料回交的方法,选出抗青枯病且良好园艺性状的选系,或直接成为品种而在生产上应用,或把它们再配组杂交,获得新的优势明显且抗青枯病的杂交一代(F₁)。

3.2 供试亲本的抗性分析及应用

抗病亲本湘引和亚鲜具有最大的一般配合力负向效应值及较小的特殊配合力方差,是抗青枯病选育种中的优良抗病亲本。特别是湘引,用作杂交亲本时,可显著而较一致地减轻杂交后代的发病程度,在实际应用中,可与目标园艺性状优良但不抗病品种(系)杂交,然后自交并系谱选择,较易选出抗病、优质、丰产兼备的品种或选系。中抗亲本 GA 26 的一般配合力呈较小的正向效应值,特殊配合力方差也较小,从其后代选到感病综合指数小的组合可能

表 5 5 个亲本的特殊配合力效应

亲本	Flora-Dade	GA 26	湘引	台鲜
GA 26	0.43**			
湘引	-0.32*	-0.33*		
台鲜	0.73**	-0.02	-0.16	
亚鲜	-0.39*	0.09	0.14	-0.15
S_{ij}	$LSD_{0.05}=0.305, LSD_{0.01}=0.417$			
$S_{ij}-S_{ik}$	$LSD_{0.05}=0.498, LSD_{0.01}=0.682$			
$S_{ij}-S_{kj}$	$LSD_{0.05}=0.351, LSD_{0.01}=0.481$			

表 6 5 个亲本青枯病 Q 值特殊配合力方差

亲 本	Flora-Dade	GA26	湘引	台鲜	亚鲜
特殊配合力方差	0.313	0.090	0.074	0.183	0.056

性小且具果肉较软,易裂果等缺点,在抗青枯病育种中价值不大。感病亲本 Flora-Dade 和台鲜的正向效应值最大,其特殊配合力方差也大,在其组配的杂交后代中,感病综合指数(Q)较之双亲平均表现可能会显著增加或降低,为选育种提供了更多的选择机会。且两者都具备较多的良好园艺性状(果形美观、果肉厚、水分少、色鲜红且风味好等)可弥补抗病亲本湘引、亚鲜园艺性状的不足(果肉软而薄、水分多且果形不美观等),有可能在其杂交后代中选到抗病且具良好园艺性状的株系,特别是 Flora-Dade,是良好的抗青枯病育种材料。

参 考 文 献

- 王 卉,任欣正. 1993. 青枯菌(*Pseudomonas solanacearum*)在番茄抗、感品种根部的吸附、侵入和繁殖. 植物病理学报, 23(2): 143~150
- Gowha P H R, Shivashankara K T. 1990. Intervarietal hybridization in brinjal for bacterial wilt resistance. Current Res Uni Agr Sc, 19(4): 70~71
- Graham K M, Yap T C. 1976. Studies on bacterial wilt I. Interitance of resistance to *Pseudomonas solanacearum* in tomato. Malaysian Agr Res, 5(1): 1~8
- Griffing J B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. Austral Jour Biol Sc, 9: 463~493
- Hayman B I. 1954. The theory and analysis of diallel crosses. Genetics, 39: 789~809
- Hartman G L, Hong W F, Wang T C. 1991. Survey of bacterial wilt on fresh market hybrid tomatoes in Taiwan. Plant Prot Bull, 33: 197~203
- Kelman A. 1954. The relationship of pathogenicity in *Pseudomonas solanacearum* to colony appearance on atetrzolium medium. Phytopathol, 44: 693~695
- Kelman A. 1985. Plant pathology at the crossroads. Ann Rev Phytopathol, 23: 1~11
- Singh K. 1961. Inheritance of North Carolina type of bacterial wilt resistance in tomato *Lycopersicon esculentum* L. (Master Thesis). Honolulu: University of Hawaii

STUDIES ON RESISTANCE HEREDITY OF BACTERIAL WILT OF TOMATO

Yue Suju Wu Dinhua Liang Chengyu

(Dept. of Horticulture Zhongkai Agrtechnical College, South China Agr. Univ., Guangzhou, 510642)

Abstract

A 5×5 complete dialled device with two highly resistant, a moderately susceptible and two highly susceptible parents was adopted in the experiment. The result indicated that inheritance of resistance to bacterial wilt of tomato by *Pseudomonas solanacearum* was in complete dominance and largely controlled by three pairs of genes. The inheritance of resistance was duemainly to additive gene action. However, non-additive gene action also exerted a significant effect. The broad hereditary capacity was 97.0%, the narrow hereditary capacity 69.0%. The resistant parents Xiang-Yin and Ya-Xian might have more positive effect genes controlling resistance to bacterial wilt, and a high general combining ability in increasing the resistance in their progenies.

Key words tomato; *Pseudomonas solanacearum*: resistance heredity