

# 过氧化物酶活性变化值与水稻 白叶枯病抗性的遗传相关研究<sup>\*</sup>

王润华<sup>1</sup> 陈伟栋<sup>1</sup> 刘桂富<sup>1</sup> 张尤凯<sup>2</sup>

(1 华南农业大学农学系, 广州, 510642; 2 华南师范大学生物系)

**摘要** 研究了水稻白叶枯病单株平均病斑长与病原菌接种前后过氧化物酶活性变化值遗传相关与回归关系, 遗传相关系数  $r_g = 0.866$ 。酶活性变化值随病斑长变化的线性回归方程为  $y = -51.517 + 18.778x - 0.879x^2$ 。这表明, 感病越强的遗传型, 酶活性升高值越大; 但高抗病的遗传型, 酶活性反而因病原菌侵染而降低。通过病斑长对酶活性变化值作间接选择, 相对效率  $Q = 0.910$ , 无助于提高选择效果。

**关键词** 水稻; 白叶枯病抗性; 过氧化物酶; 遗传相关

**中图分类号** Q 384

植物保卫素(phytoalexin)是代谢受到干扰后形成的次生代谢终端产物, 它的产生及其抑菌作用均不表现特异性。在次生代谢系统中, 过氧化物酶起着至关重要的作用。据阿久津美惠(1978)的研究, 水稻感白叶枯病品种过氧化物酶活性随着病斑的出现、扩大而逐渐上升, 而抗病品种酶活性的变化很小。吴功振等(1981)、叶钟音等(1984)认为, 水稻感染白叶枯病之后, 过氧化物酶活性与水稻感病程度呈正相关。这些研究成果对揭示抗性机理具有重要的参考价值。然而, 通过更为广泛的遗传型试验分析仍很少见有报导。利用抗级各有明显差别的 6 个早籼品种, 研究白叶枯病感病前后过氧化物酶活性变化值与抗病性的遗传相关及其回归关系, 以期探讨抗病性机理的遗传及抗病育种提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试材料及试验设计

供试早籼品种 6 个, 见表 1。

表 1 供试 6 个早籼品种的单株平均病斑长及抗级

品种名称	国眉占	IR <sub>22</sub>	七加占	阳密 53	窄叶青 8 号	TN <sub>1</sub>
单株平均病斑长/cm	1.5	3.6	4.9	6.1	8.5	14.2
抗 级	R	MR	MS	MS	S	Sh

1996-01-15 收稿 王润华, 男, 59 岁, 教授

<sup>\*</sup> 广东省科学基金项目

1993 年秋种植亲本, 作抗性鉴定。并以高感亲本  $TN_1$  作轮回亲本, 与其余 5 个亲本杂交得 5 个组合  $F_1$ 。1994 年秋, 以 6 个亲本及 5 个组合  $F_1$  共 11 个遗传型作供试材料, 各遗传型每小区种植 15 株, 3 次重复, 共 45 株。随机区组设计。

### 1.2 病原菌液制备及抗性鉴定

抗病性鉴定用华南农业大学植保系保存编号为  $R_{x139}$  菌株。该菌株经致病力鉴定, 被确认为具稳定致病力的第 IV 群菌株(王润华等, 1988)。菌株接种后经 48 h 培养, 于接种当天配制成  $3 \times 10^{12}$  个/L 浓度的菌液, 采用剪叶接种, 每株水稻接种 2 片剑叶, 每小区共接种 30 片剑叶。接种后 10 d, 高感亲本  $TN_1$  的病斑长达到 12.5 cm 以上时, 测量所有供试材料的病斑长(cm), 并计算单株平均病斑长, 作为抗(感)病指标, 用  $L$  表示。

### 1.3 过氧化物酶活性测定

采用华东师范大学植物生理教研室主编(1980)的《植物生理学实验指导》提供的方法。取样按叶钟音等(1984)的方法。于接种后 3 d 在同植株内分别取已接种及未接种(作对照)的剑叶叶尖 8 cm, 每小区 3 次重复。过氧化物酶活性以每分钟、每克鲜重的材料于分光光度计上波长为 470 nm 处的吸光值变化值表示, 单位为  $\Delta OD_{470}$ 。过氧化物酶活性变化值为同一株内接种与未接种叶片过氧化物酶活性的差值, 用  $\Delta E$  表示。

## 2 结果与分析

### 2.1 亲本单株平均病斑长( $L$ )与过氧化物酶活性变化值( $\Delta E$ )的方差、协方差分析

表 2 和表 3 分别列出单株平均病斑长( $L$ )及过氧化物酶活性变化值( $\Delta E$ )的方差分析结果。表 4 列出该两性状间协方差分析结果。可见, 6 个供试亲本间的  $L$  及  $\Delta E$  均达到很显著差异。

表 2 6 个亲本单株平均病斑长( $L$ )方差分析

变因	$Df$	$SS$	$MS$	$F$
区 组	2	0.06	0.03	< 1
遗传型	5	294.80	58.96	99.09 <sup>**</sup>
误 差	10	5.95	0.595	
总 和	17	300.83		

表 3 6 个亲本过氧化物酶活性变化值( $\Delta E$ )方差分析

变因	$Df$	$SS$	$MS$	$F$
区 组	2	5 475.51	2 737.76	16.71 <sup>**</sup>
遗传型	5	18 611.27	3 722.25	22.71 <sup>**</sup>
误 差	10	1 638.69	163.87	
总 和	17	25 725.47		

表4 6个亲本  $L$  与  $\Delta E$  的协方差分析

变因	$Df$	$SP$	$CoV$
区组	2	-17.77	-8.88
遗传型	5	1966.16	393.23
误差	10	-12.34	-1.23
总和	17	1936.05	

## 2.2 遗传相关

根据随机区组设计随机模型的期望方差、协方差组成, 估算出遗传、环境及表型方差与协方差, 见表5。

表5  $L$  与  $\Delta E$  遗传、环境、表型方差与协方差

项目	$\sigma_L^2$	$\sigma_{\Delta E}^2$	$CoV$
遗传型	19.45	1186.13	131.49
环境	0.60	163.87	-1.23
表型	20.25	1350.00	130.26

于是, 得单株平均病斑长( $L$ )与过氧化物酶活性变化值( $\Delta E$ )之间的遗传相关( $r_g$ )、环境相关( $r_e$ )及表型相关( $r_p$ )为:

$$r_g = \frac{131.49}{\sqrt{19.45 \times 1186.13}} = 0.866^*$$

$$r_e = \frac{-1.23}{\sqrt{0.60 \times 163.87}} = -0.124$$

$$r_p = \frac{130.26}{\sqrt{20.02 \times 1350.00}} = 0.792^*$$

遗传相关与表型相关均达到显著水平, 均呈现正相关。遗传相关与表型相关系数比较接近, 环境相关很小且不显著, 说明环境对构成表型相关只起很小的作用。因此可以认为, 表型相关基本上可反映遗传相关。

## 2.3 单株平均病斑长与过氧化物酶变化值的回归分析

为扩大供试遗传型的类型, 以高感亲本  $TN_1$  作轮回亲本, 与其余5个亲本组配, 共得5个组合  $F_1$ , 加上原来6个亲本自交, 总共11个遗传型。各遗传型的单株平均病斑长( $L$ )与过氧化物酶活性变化值( $\Delta E$ )列于表6。

表6 6个亲本及5个组合  $F_1$  的  $L$  值及  $\Delta E$  值

遗传型	国眉占	IR <sub>22</sub>	七加占	阳密 <sub>53</sub>	窄叶青 <sub>8号</sub>	$TN_1$
$L$	1.5	3.6	4.9	6.1	8.5	14.2
$\Delta E$	-18.04	-5.78	15.78	33.69	71.82	57.40
遗传型	国眉占/ $TN_1$	IR <sub>22</sub> / $TN_1$	七加占/ $TN_1$	阳密 <sub>53</sub> / $TN_1$	窄叶青 <sub>8号</sub> / $TN_1$	
$L$	3.5	11.5	4.2	6.6		12.8
$\Delta E$	-5.47	26.28	13.71	38.24		26.34

以单株平均病斑长( $L$ )为自变量, 过氧化物酶活性变化值( $\Delta E$ )为倚变量, 将表 6 的资料在直角坐标上作出遗传型的分布图(见图 1), 可见 11 个散点呈一抛物线分布。于是配出一元二次理论方程为:  $\hat{y} = -51.517 + 18.778x - 0.879x^2$ 。其相关系数  $r = 0.836^{**}$ , ( $Df = 8, r_{0.01} = 0.756$ ), 相关极显著。

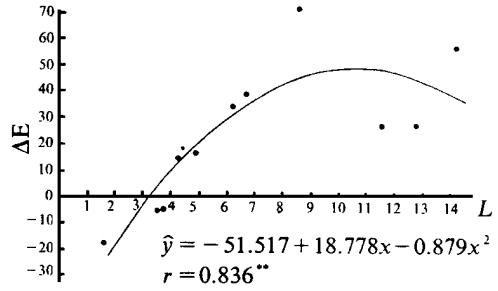


图 1 单株平均病斑长( $L$ )与过氧化物酶活性变化值( $\Delta E$ )的关系

值得指出的是, 从所得曲线回归方程, 当  $\hat{y} = 0, x = 3.23$ , 即病原菌接种后, 单株平均病斑长为 3.23 cm 的遗传型, 其过氧化物酶活性未必会发生变化。单株平均病斑长小于 3.23 cm, 即达到 MR(中抗)抗级以上的遗传型, 过氧化物酶活性变化值不仅不会升高, 反而降低。

根据单株平均病斑长(cm)所划分的抗级, 由回归方程可算出各抗级相应的过氧化物酶活性变化值, 如表 7。

表 7 不同抗级的单株平均病斑长及过氧化物酶活性变化理论值

抗级	Rh	R	MR	MS	S	Sh
$L$	< 1.0	1.1~2.0	2.1~4.0	4.1~8.0	8.1~12.0	> 12.1
$\Delta E$	< -33.62	-31.83~-15.72	-13.93~20.08	21.87~91.68	93.46~163.27	> 165.06

由此可见, 过氧化物酶活性变化值可因不同抗级的遗传型而有差异, 总的趋势似乎是: 经病原菌接种后, 抗病的遗传型其过氧化物酶活性反而降低; 以 MR 抗级为转折点, 越是感病的遗传型, 酶活性升高也越甚。

## 2.4 遗传力与选择效果

2.4.1 遗传力 从表 5 的资料可估算出  $L$  及  $\Delta E$  的广义遗传力:  $h_L^2 = 0.970, h_{\Delta E}^2 = 0.879$ , 两个相关性状的遗传力都很高。这从另一个角度说明: 在遗传相关、环境相关和表型相关三者的关系中, 构成表型相关的主要成分是遗传相关, 环境相关仅起很微小的作用。

2.4.2 选择效果 欲提高抗病性而以过氧化物酶活性变化值( $\Delta E$ )作为直接选择性状, 进行负向选择。取入选率  $q = 0.05$  (选择压力  $k = 2.06$ ) 及  $q = 0.01$  (选择压力  $k = 2.67$ ) 则遗传进度分别为:

$$\Delta G_{0.05} = k_{0.05} \sqrt{\sigma_{\Delta E}^2 h_{\Delta E}^2} = 2.06 \sqrt{163.87 \times 0.979} = -24.72,$$

$$\Delta G_{0.01} = k_{0.01} \sqrt{\sigma_{\Delta E}^2 h_{\Delta E}^2} = 2.67 \sqrt{163.87 \times 0.879} = -32.05.$$

可见, 选择效果是相当高的。

若利用  $L$  与  $\Delta E$  的遗传相关关系, 通过对  $L$  的直接选择而实现对  $\Delta E$  的间接选择,

则间接选择的相对效率为:

$$Q = r_g \sqrt{h_L^2 / h_{\Delta E}^2} = 0.866 \sqrt{0.970 / 0.897} = 0.910.$$

相对效率  $Q < 1$ , 说明通过选择单株平均病斑长间接地选择过氧化物酶活性变化值无助于提高选择效果。

### 3 讨论

#### 3.1 关于抗(感)病性与过氧化物酶活性变化

酶系统活性变化是水稻受病原菌侵染后, 作为抗扩展的生理反应。叶钟音等(1984)认为, 经接种白叶枯病原菌后, 不论是抗病品种或者是感病品种, 过氧化物酶活性都有提高趋势; 但也有人认为, 抗病品种酶活性的提高很少, 甚至有下降趋势(Tomiz, 1974; Retig, 1974; Nabuaki, 1982)。本研究的结果支持后一种看法, 即病原菌感染后, 感病遗传型过氧化物酶活性升高, 抗病遗传型酶活性反而降低。还注意到酶活性测定取样时间是在病原菌接种后 3 d, 就所形成的病斑长度而言, 不同抗级遗传型还未呈现明显差别, 这是因为, 即使是高感病的遗传型, 这时的病斑长也是有限的。因此, 可以认为酶活性变化的差异, 是病原菌侵染后不同遗传型的最初反应, 并不与当时所扩展的病斑长相联系。在这一最初反应中, 高抗病与感病遗传型的酶活性变化按完全相反方向, 其中机理可能有别, 其遗传规律也有待探索。

#### 3.2 关于遗传相关与间接选择

抗病性与过氧化物酶活性变化值呈现显著正相关。基于这一事实, 吴功振等(1981)对于白叶枯病、王国梁等(1986)对于稻瘟病, 建议将酶活性变化值作为抗病性鉴定的指标。这不失为一个值得研究的好设想。但对于育种实践, 欲根据遗传相关实施间接选择, 情况恐怕要复杂些。本研究中, 单株平均病斑长的遗传力  $h_L^2 = 0.970$ , 过氧化物酶活性变化值的遗传力  $h_{\Delta E}^2 = 0.897$ , 两者的遗传相关系数  $r_g = 0.866$ 。由于  $h_L^2 > h_{\Delta E}^2$ , 通过酶活性变化值间接选择抗性肯定不可能提高选择效果; 反过来, 通过抗病性选择酶活性变化值, 相对效率  $Q = 0.910$ , 仍然小于 1, 但根据病斑长进行选择毕竟比根据酶活性测定进行选择更为直观和简便。如果确认酶活性变化值对抗病性鉴定的可靠性而作为目标性状, 当对一个大的分离群体实施选择时, 恐怕也需要首先根据单株平均病斑长作初步筛选, 然后据酶活性变化值测定结果作进一步选择。

#### 参 考 文 献

- 王国梁, 卢浩然. 1986. 水稻品种抗病性生化鉴定的研究. 福建农学院学报, 15(3): 195~203
- 王润华, 黎祖强, 卢永根, 等. 1988. 水稻白叶枯病抗原与病原间互作效应的研究. 华南农业大学学报, 9(2): 47~55
- 叶钟音, 刘经芬. 1984. 水稻白叶枯病菌的抗性与过氧化物酶和同工酶活性的关系. 南京农学院学报, (2): 39~45
- 华东师范大学植物生理教研室主编. 1980. 植物生理学实验指导. 北京: 人民教育出版社, 143~144
- 吴功振, 陈素文. 1981. 对白叶枯病抗性不同的水稻品种同工酶凝胶电泳的观察. 植物学报, 23(3): 251~253
- 阿久津美惠. 1978. イネ白叶枯病の病态生理汇关する研究感染叶における peroxidase 活性变动.

日本植物病理学会报, 44: 499~502

Nabuaki M. 1982. On the existence of new isoperoxidase in rice leaves infected with rice blast fungus. *Ann Phytopath Soc Japan*, 48(2): 217~219

Retig N. 1974. Changes in peroxidase and polyphenoloxidase with natural and induced resistance of tomato to *Fusarium wilt*. *Physiological Plant Pathology*, 2: 145~150

Tomiz O. 1974. Isoperoxidase of Japanese radish root infected by downy mildew fungus. *Ann Phytopath Soc Japan*, 40: 419~426

## GENETIC CORRELATION BETWEEN PEROXIDASE ACTIVITY AND THE RESISTIBILITY TO BACTERIAL LEAF BRIGHT IN RICE

Wang Runhua<sup>1</sup> Chen Weidong<sup>1</sup> Liu Guifu<sup>1</sup> Zhang Youkai<sup>2</sup>

(1 Dept. of Agronomy, South China Agr. Univ., Guangzhou 510642;

2 Dept. Biol., South China Normal Univ.)

### Abstract

The genetic correlation and regression between the length of lesions and peroxidase activity were studied. The genetic coefficient  $r_g = 0.866$  and the regression  $\hat{y} = -51.517 + 18.778x - 0.879x^2$ . In general, the more susceptible of the bacterium, the higher of the peroxidase activity in the plants. However, the peroxidase activity decreased in highly susceptible varieties. The selection of the genotypes for peroxidase activity by the length of lesions was invalid and the relative rate  $Q = 0.910$ .

**Key words** rice; bacterial leaf bright; peroxidase; genetic correlation