

棱角丝瓜霜霉病抗性遗传分析

谢文华¹ 谢大森²

(1 华南农业大学园艺系, 广州, 510642; 2 广东省农科院蔬菜研究所)

摘要 采用 6×6 完全双列杂交, 按 Hayman 模型对丝瓜霜霉病抗性进行遗传分析研究结果表明: 抗性的一般配合力和特殊配合力均重要; 该性状适合“加性-显性”模型; 以加性效应为主, 表现为不完全显性, 显性基因比例较高; 狭义遗传力 $h_N^2 = 69.63\%$; 加性基因至少为 4 对。

关键词 丝瓜霜霉病; 抗性遗传

中图分类号 S 642.4

丝瓜分为有棱丝瓜和无棱丝瓜, 后者对霜霉病是高抗的, 因此, 对丝瓜霜霉病的研究, 一般采用 Ridgeward (*Luffa acutangula* Roxb.). 丝瓜在中南亚及我国华南等地区已有百余年的栽培史, 长期以来霜霉病 (*Pseudoperonospora cubensis*) 是丝瓜主要病害之一, 在主栽区常年流行频率高, 病情严重, 造成品质和产量大幅度下降。本文经过 1995、1996 年的田间观察和调查, 对丝瓜霜霉病抗性遗传机制进行研究, 以期对丝瓜霜霉病育种提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试丝瓜 (*Luffa acutangula* Roxb.) 品种 (系) 有泰国丝瓜 (抗病)— P_1 、夏棠一号自选株系 (中抗)— P_2 、双青丝瓜 (中抗)— P_3 、乌耳丝瓜 (感病)— P_4 、石井丝瓜 (高感)— P_5 、天河丝瓜 (高感)— P_6 。种子均由华南农业大学园艺系蔬菜育种教研室提供。以上所用材料均为自交 4 代以上的纯合自交系。

1995 年 7~10 月田间观察和鉴定筛选出 6 个材料, 1996 年 4~7 月将这 6 个品种 (系) 进行完全双列杂交, 得到 F_1 代种子。1996 年 8~10 月份将 F_1 代随机区组设计, 设 3 次重复, 每小区 30 株。调查病情指数的方法: 每小区随机选择 10 个点, 每点按 3:4:3 的比例取上、中、下部叶片, 共 10 片, 计算各叶片的发病情况。调查方法: 计算每片叶上病斑面积占全叶面积的比例。

分级标准 (华中农学院, 1978): 0 级, 叶片上无病斑; 1 级, 病斑面积占全叶的 $1/3$ 以下; 2 级, 病斑面积占全叶的 $1/3 \sim 1/2$; 3 级, 病斑面积占全叶的 $1/2 \sim 2/3$; 4 级, 病斑面积占全叶的 $2/3$ 以上。

计算公式: 病情指数 = $[\sum(\text{级别} \times \text{本级病叶数}) / (\text{调查总叶数} \times \text{最高级数})] \times 100$,

抗性率 = $100 - \text{病情指数}$ 。

1.2 统计分析方法

按 Jinks (1954) 和 Hayman (1954a) 作 W_r/V_r 分析; 参照 Johnson 等 (1959) 作 $\bar{P}$ 与 $W_r + V_r$ 标准化离差图以及其它有关资料。

2 结果与分析

根据病情指数计算公式算出亲本和每小区的病情指数并进行反正弦转换(表 1),然后进行方差分析和差异显著性测定.结果表明:抗性率在基因型间有显著差异(表 2).

表 1 亲本抗性率反正弦值和平均数

亲本	各区组 DI 反正弦值			
	I	II	III	平均值
P ₁	74.29	69.89	71.08	71.74
P ₂	55.44	57.71	51.59	54.91
P ₃	44.56	42.45	48.25	45.09
P ₄	43.10	40.63	37.25	40.33
P ₅	28.92	27.27	23.48	26.56
P ₆	14.72	17.66	21.52	17.97

表 2 方差分析表

测定项目	df	SS	MS	F	F _{0.05}	F _{0.01}
区组	2	9.05	4.525	0.426	1.994	2.648
遗传型	35	14 936.48	426.76	40.188**		
误差	70	743.35	10.619			
总和	107	15 688.88				

2.1 配合力分析

根据有关数据,计算 SS_g(一般配合力平方和)、SS_s(特殊配合力平方和)、SS_t(正反交效应值平方和)并进行配合力方差分析(表 3).

表 3 配合力方差分析表

测定项目	df	SS	MS	F
一般配合力	5	4 473.370	894.674	252.733**
特殊配合力	15	434.001	28.933	8.173**
正反交效应	15	71.456	4.764	1.346
误差	70		3.540	
总和	107	4 978.827		

表 3 表明:一般配合力方差、特殊配合力方差均达到极显著水平.说明加性效应、显性效应均存在,但加性作用明显大于显性作用($F = MS_{ga}/MS_{sca} = 30.922$),也就是说,亲本抗性水平对抗病育种是第一重要的.

2.2 遗传模型分析

W_r/V_r 回归模型:根据双列杂交资料,可以计算出各公共亲本的阵列方差 V_r 和阵列亲本与子代的协方差 W_r . 根据有关公式,求得 W_r 随 V_r 而回归的线性方程为: $\hat{W}_r = 74.23 + 1.02 \times V_r$, W_r 与 V_r 的相关系数为 0.971 2. 回归关系方差分析, $F = 66.55$. 表明回归关系达到极显著水平.

在 Hayman 模型中,回归系数的期望值 $B = 1$,而本研究的 $b = 1.02$, b 与 B 之间作差异显著性测验, $t = 0.160 0$,说明差异不显著.对 b 与 0 之间作差异显著性测验 $t = 8.160 0$,说明 0 与 b 之间的差异极显著.因此推断丝瓜霜霉病的抗性基因作用方式适合“加性-显性”模型.亲本系的方差: $V_{olo} = [\sum X_{ii}^2 - (\sum X_{ii})^2/P]/(P - 1) = 375.16$,因此,各亲本(W_r, V_r)的限制抛物方程为: $W_r = (375.16 \times V_r)^{1/2}$.

图 1 表明:限制曲线($W_r \leq 19.37 \times V_r^{1/2}$)限制了阵列方差协方差点(V_r, W_r)可能出现的区域.阵列点基本处于回归线附近,说明遗传互作效应较小.

又根据亲本值($\bar{P}$)与($V_r + W_r$)的相关系数(-0.7877)为负数,且达到显著水平,说明显性基因为增效基因.图 1 还可得到,回归线与纵坐标(W_r)的交点在原点的上方(截距为 74.23),说明该性状具部分显性.回归线上阵列点分布与亲本的抗性率有较密切的关系;上位性效应在不同亲本中表现不一,其中 P_1 的上位性接近 0,而 P_3, P_6 为负上位性, P_2, P_4, P_5 存在正上位

性效应,但上位性都很小;各亲本的显性程度也分布不一, P_2 、 P_4 的显性程度较小,而 P_1 、 P_3 、 P_5 、 P_6 的显性程度较大; P_5 、 P_6 含有较大的($W_r + V_r$)值,说明它们的隐性基因频率大于显性基因频率,即含有较多的隐性基因,而 P_1 、 P_3 的($W_r + V_r$)值较小,即显性基因频率大于隐性基因频率.为确证($W_r + V_r$)的值与亲本含的基因的关系,可应用公式($X_i - \bar{X}$)/ S (X_i 为亲本值, $\bar{X}$ 为亲本平均值, S 为标准差)分别将亲本值($\bar{P}$)和($W_r + V_r$)值通过各自的标准差加以标准化,变成同一水准的相对值.即 $\bar{P}$ 与($W_r + V_r$)的标准化离差作进一步检验(图 2).图 2 表明高值与显性效应相联系,低值与隐性效应相联系.即说明显性基因是使抗性增强的基因.但这种使抗性增强的显性效应不是很强烈,相关系数(0.787 7)与零的差异仅达到 5%的显著水平.

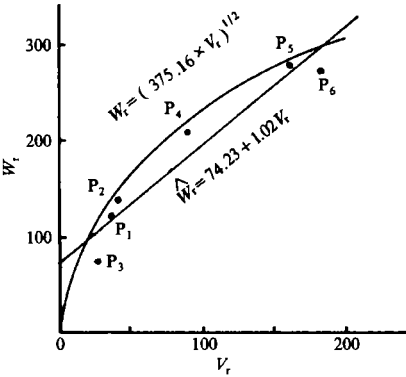


图 1 W_r 依 V_r 的回归直线 $\hat{W}_r$ 和限制抛物线 W_r

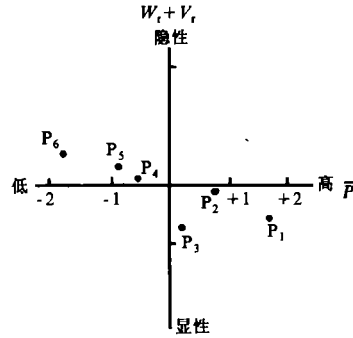


图 2 $\bar{P}$ 与 $W_r + V_r$ 标准化离差

有关遗传参数的估算:按 Hayman 模型估算得基本遗传参数为:加性成分 $D = 369.85$;当正负效基因频率相等,即 $p = q$ 时,显性成分 $H_1 = 56.96$;当 $p \neq q$ 时,显性成分 $H_2 = 47.16$;上位性成分 $F = 83.11$. 根据以上参数,并加入环境方差($V_e = 3.54$),求得群体方差的组成见表 4. 由表 4 的资料,可求得广义遗传力 $h_B^2 = 96.00\%$,狭义遗传力 $h_N^2 = 69.63\%$.

表 4 遗传群体方差的组成¹⁾

方差	V_p	V_g	V_d	V_h	V_i	V_e
方差估算	131.02	127.48	92.46	14.24	20.78	3.54
以 V_g 为 100 计算	—	100.00	72.53	11.17	16.30	—

1) V_p 为表型方差; V_d 为加性方差; V_i 为上位性方差; V_g 为遗传方差; V_h 为显性方差; V_e 为环境方差

以供试亲本中的两极端,高值亲本($P_1 = 71.74$),低值亲本($P_6 = 17.97$)为依据,估算得加性基因数 $K = 4$.

正负效基因频率的比值 $p/q = [(4 \times D \times H)^{1/2} + F] / [(4 \times D \times H)^{1/2} - F] = 3.68$. 求得 $p = 0.786$, $q = 0.214$. 正效基因频率大于负效基因频率.

平均显性度 $(1 - 4 \times I/D)^{1/2} = 0.444$,因平均显性度大于势能比(0.289 5),说明可能存在负显性座位,即:显性方向具有双向特征.对于育种工作不利.

3 结论与讨论

双列表和 W_r/V_r 分析指出:丝瓜对霜霉病的抗性遗传是以加性效应为主。在抗病育种中既依赖于基因的显隐性关系,又依赖于遗传力的大小。用 $\bar{P}$ 与 $(W_r + V_r)$ 的标准化离差测定表明高值是显性效应,低值是隐性效应,显性基因表现为增效。故应选择含显性基因较多的亲本参与杂交。狭义遗传力不太高,表明对该性状的早代选择作用效果较差,选择应偏重在高代进行。一般配合力(取决于加性效应)和特殊配合力(取决于显性效应)分析结果表明:在丝瓜抗霜霉病育种中,首先应注重一般配合力的选择。一个好的配合者能给后代提供很大程度的抗性。另外,非加性效应的存在使特殊配合力效应差异显著,有个别组合的特殊配合力很高。但因其双亲一般配合力较低,从育种实践和大量资料分析,这种结合在育种中的意义不大(张爱民,1994)。这说明:采用常规有性杂交育种比采用杂种优势育种更有希望。最理想的抗病杂交育种是选择双抗亲本,但对于一个经济性状优良的感病材料可选择—个高抗母本而获得抗或中抗的 F_1 代。在杂交后代的分离群体内进行抗性选择可能更为有效。

参 考 文 献

- 华中农学院. 1978. 蔬菜病理学. 北京:农业出版社,176~177
张爱民. 1994. 植物育种亲本选配的理论和方法. 北京:农业出版社,136~155
Hayman B I. 1954. The description of genic interactions in continuous. Variation Biometeies, 10:235~344
Jinks J L. 1954. The analysis of continuous variation in a diallel cross of *Nicotiana rustica* varieties. Genetics, 39:767~788
Johnson L P V. Asksel R. 1959. Inheritance of yielding capacity in a fifteen parents diallel cross of barle. Can J Genet Cytol, 1:208~265

Analysis of Resistance Heredity in Ridgourgourd to Downy Mildew

Xie Wenhua¹ Xie Dasen²

(1 Dept. of Horticulture, South China Agric. Univ., Guangzhou, 510642;

2 Vegetable Research Insitute, Guangdong Academy of Agric. Sci.)

Abstract The resistance heredity of Ridgourgourd downy mildew was studied by a diallel cross among six cultivars. The results showed that both general companing ability and specifil companing ability were important to resistance; the heredity of resistance could be explained by the additive dominative genetical model. The ratio of dominant gene by recessive alleles, heritability in narrow sense was 69.63%. The least number of additive gene was 4.

Key words Ridgourgourd downy mildew; resistance heredity

【责任编辑 柴 焰】