

黄瓜疫病抗性遗传研究

林明宝, 方木壬

(华南农业大学园艺系, 广东 广州 510642)

摘要:以对疫病具不同抗级的 5 个黄瓜亲本进行全互交, 应用 Hayman 模型对抗性进行分析, 结果表明: 黄瓜疫病抗性遗传效应的组成中以加性效应为主, 也存在部分显性和上位性效应; 控制抗性的最少基因数目为 3 对; 抗性的狭义遗传力为 78%。

关键词: 黄瓜; 疫病; 抗性遗传

中图分类号: S 332.2

文献标识码: A

黄瓜疫病 (*Phytophthora melonis* Katsura) 是一种毁灭性病害, 北方以秋黄瓜受害严重, 南方以春黄瓜被害较烈, 一般年份减产 15%~20%, 严重流行时导致失收^[1]。栽培上采用药剂防治虽可取得一定的效果, 但却引发环境污染、增加生产成本和黄瓜产品残毒等问题。利用黄瓜的遗传抗性, 培育抗疫病兼抗其它病害的品种, 是防治黄瓜疫病的一条既经济又有效的根本途径。“七五”至“八五”期间, 经国家攻关协作育种组鉴定, 我国各地黄瓜疫病病原菌致病性基本一致, 未发现生理小种分化^[2]。迄今, 关于黄瓜疫病病原菌的研究已有较多报道^[3,4], 但是关于黄瓜疫病的抗性遗传研究却鲜见报道。本研究旨在对黄瓜疫病的抗性遗传进行初步的探讨, 为黄瓜抗疫病育种采用有效的育种方法和育种程序提供理论依据。

1 材料与方 法

1.1 供试材料

1.1.1 黄瓜亲本材料 黄瓜 (*Cucumis sativus* L.) 亲本材料 5 份, 均为常规品种或品系并经人工控制自交 3 代以上。亲本材料包括华南和华北不同生态型 (见表 1)。对 5 份亲本材料进行苗期人工接种鉴定抗疫病性, 经方差分析, 抗病亲本与感病亲本材料间抗性差异达极显著水平 (见表 1)。其中长春密刺和津研 2 号分别被国家黄瓜抗病育种攻关协作组指定为抗、感对照品种。

1.1.2 F_1 材料 杂交试验在华南农业大学园艺系蔬菜试验场进行。用 5 个黄瓜亲本材料进行全互交, 包括正交、反交和自交, 组合数 = P^2 (P 为亲本数) 共获得 25 份组合材料。

1.1.3 黄瓜疫病病原菌种 黄瓜疫病病原菌种 (*Phytophthora melonis* Katsura) 由华南农业大学园艺系

病虫教研室在广州地区采集、分离、培养和提供。接种菌液制备过程为: 将经复壮的斜面培养基上的菌丝体切成小块, 接种于黄瓜幼苗子叶上, 并在菌丝块上点一滴水后, 保湿 16 h, 2 d 后剪下病叶浸入盛有 20 mL 蒸馏水的小烧杯中, 置于 25 °C 下, 7 h 后镜检游动孢子, 用血球计数板计数游动孢子, 再用蒸馏水稀释至所需接种浓度。

表 1 黄瓜亲本材料及抗性表现

Tab. 1 Origin and resistivity of cucumber parents

品种	来源	生态型	抗疫病性	
			病斑直径/mm	病情指数 ¹⁾ /%
长春密刺	天津黄瓜所	华北	11.5	40.0 A
82 大	广东蔬菜所	华南	14.0	54.4 A
穗青	广东蔬菜所	华南	26.2	75.8 B
黄朗	广东蔬菜所	华南	30.2	85.5 B
津研 2 号	天津黄瓜所	华北	32.0	97.2 C

1) 不同大写字母示同列差异达极显著水平 ($P=0.01$)

1.2 试验方法

1.2.1 苗期人工接种鉴定方法 苗期人工接种鉴定在广东省农科院植保所接种室内进行。接种鉴定采用随机区组排列, 亲本材料抗性鉴定设 3 次重复, 共 15 个小区, 每小区 30 株; 25 份全互交组合材料鉴定设 2 次重复, 共 50 个小区, 每小区 40 株。接种温度 30 °C, 相对湿度 98%。接种方法采用国家黄瓜攻关协作育种组的点滴法^[2]。接种游动孢子浓度为 10^2 个/mL, 于 2 片子叶展开时用滴管滴接其上, 每片子叶 1 滴。接种后约 36 h 发病, 发病后第 3 d 进行以病斑最大直径和病情指数为指标的病害情况调查。根据病斑大小, 参照国家黄瓜抗病育种攻关协作组的病害分级标准^[2], 将病害划分为 0~4 级。0 级: 植株不受任何侵染, 不发现任何病斑; 1 级: 病斑占整片

收稿日期: 1999-07-09

作者简介: 林明宝 (1957-), 男, 硕士, 助理研究员

基金项目: 农业部“八五”科技攻关资助项目 (85-04-01-03)

子叶 1/4 以下;2 级:病斑占整片子叶 1/4 以上,2/4 以下;3 级:病斑占整片子叶 2/4 以上,3/4 以下;4 级:病斑占满整片子叶以致整株死亡。

1.2.2 统计分析方法 以病斑最大直径为观测指标,应用数量遗传学原理进行分析。抗性最少基因数目估算采用 Mather 法^[5],全互交 25 个组合抗性分析采用 Hayman 法^[6,7]。

2 结果与分析

2.1 遗传型差异显著性测验

整理分析 5 亲本全互交 25 个组合 F_1 抗性表现数据,发现抗感亲本的组合抗性大致表现为这样的趋势:抗 $\times$ 抗, F_1 仍表现抗病,如长春密刺 $\times$ 82大, F_1 病斑平均最大直径为 4.7 mm(抗病亲本长春密刺和 82大分别为 5.8 和 7.9 mm);抗 $\times$ 感, F_1 表现为双亲中间型,如长春密刺 $\times$ 津研 2 号, F_1 病斑最大直径为 11.75 mm,而亲中值为 11.00 mm(长春密刺 5.8 mm,津研 2 号 16.2 mm);感 $\times$ 感, F_1 仍表现为感病,如津研 2 号 $\times$ 黄朗, F_1 病斑平均最大直径为 13.98 mm(津研 2 号 16.2 mm,黄朗 14.10 mm)。全互交组合病斑最大直径平均数见表 2。对 25 个组合 F_1 抗性水平作方差分析,结果表明,不同基因型间抗性差异达极显著水平(见表 3)。

表 2 全互交组合病斑最大直径(mm)平均数

Tab. 2 Means of the most diameter of disease spot of dill crossing combinations

亲本	津研 2 号	黄朗	穗青	82 大	长春密刺
津研 2 号	16.20	13.98	12.05	10.68	11.75
黄朗		14.10	12.23	11.05	5.93
穗青			12.00	9.35	5.60
82 大				7.90	4.70
长春密刺					5.80

表 3 全互交 25 个组合抗性水平差异显著性测验¹⁾

Tab. 3 Different significance test on resistivity of 25 combinations of dill crossing

变因	自由度	平方和	方差	F
组合	24	565.01	23.54	37.37**
重复	1	2	2.00	3.17
误差	24	15.04	0.63	

1) ** 示差异达极显著水平($P=0.01$)

2.2 海曼模型适合性测验

据表 2,求得各排方差 V_r 和协方差 W_r (见表 4)。据表 4 求得各排方差和协方差之间的协方差 $COV_{y,x}$ 为 3.87,又求得各排方差的方差 S_x^2 为 5.46,故求得协方差 W_r 随各排方差 V_r 的回归系数 b 为 0.71,与理

论回归系数 B 为 1 进行差异显著性测验,测得 t 值为 1.00,差异不显著。这表明,供试亲本材料的疫病抗性遗传符合 Hayman 模型。又根据截距公式 $a = \bar{W}_r - b\bar{V}_r$,求得 a 值为 4.69,故协方差 W_r 随方差 V_r 的回归直线为 $W_r = 4.69 + 0.71V_r$ (见图 1)。从图 1 可知,截距 a 值为正值并较靠近原点,说明 $D > H$,为不完全显性效应。图 1 中的理论直线未与抛物线相切,也表明整个全互交的遗传群体具有不完全显性的特性。

表 4 全互交组合各排方差(V_r)和协方差(W_r)

Tab. 4 Variance and covariance of rows of dill crossing combinations

亲本	津研 2 号(1)	黄朗(2)	穗青(3)	82 大(4)	长春密刺(5)	平均
V_r	4.76	11.17	8.16	6.62	8.02	7.75
W_r	8.12	13.02	11.06	10.37	8.40	10.19

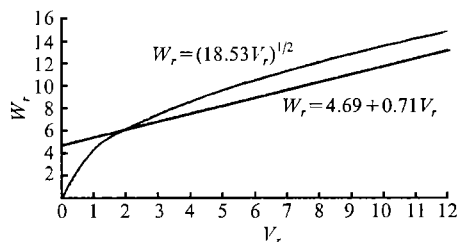


图 1 W_r 与 V_r 回归图

Fig. 1 Regression of W_r to V_r

2.3 遗传参数分析

根据 Hayman 法进行分析,求得亲本平均数 $M_L O = 11.2$;群体平均数 $M_U = 10.03$;亲本方差 $V_{OLO} = 18.53$;各排平均数方差 $V_{OLU} = 5.72$;各排方差的平均 $V_{LU} = 7.75$;各排协方差平均 $W_{OLU} = 10.19$;环境方差 $E = 0.315$ 。根据上述平均数和方差分别求得加性效应 D 为 18.22;显性效应 H_1 为 7.95;显性效应 H_2 为 7.49;上位性效应 F 为 4.078;各显性位点效应代数平方和的平方 $[h^2]$ 为 5.27;平均性度 $\sqrt{H_1/D}$ 为 0.66,说明属不完全显性,与上述结果相一致(见图 1);控制显性效应的基因数(组) k 为 0.70,约为 1 个显性位点;抗性的正效基因频率 p 为 0.42,负效基因频率 q 为 0.58,说明这套亲本材料中抗疫病性的正效基因少于负效基因;抗性的狭义遗传力 h_N^2 为 78%。又利用全互交估算的加性遗传成份和表 2 中最抗、感亲本长春密刺和津研 2 号的抗性数据,估算抗性最少基因数目为 2.97,约为 3 对;根据 $L = M \pm 2\sqrt{D}$ 估算杂交后代群体中可能出现的抗性最强和最弱的类型,结果表明,最小值 L_1 为 2.66 mm,最大值 L_2 为 19.74 mm。

3 讨论

全互交分析结果表明,黄瓜疫病抗性的遗传以加性效应为主,显性和上位性效应较小,加性效应 D 为 18.23,而显性 H_1 和上位性效应 F 仅分别为 7.95 和 4.078. 这启示:黄瓜抗疫病育种宜采用杂交育种法. 利用基因的加性效应,通过选择,逐代累积提高其抗疫病性,可望育成抗疫病性超亲的定型品种. 杂交后代群体最小值的估算结果也佐证了这一点,最小值 L_1 仅为 2.66 mm,而抗病亲本长春密刺病斑平均最大直径为 5.8 mm. 且在杂交育种中,早期世代对抗疫病性进行选择也可望获得较好的效果,因为抗性的狭义遗传力较高($h_N^2\% = 78\%$). 如欲利用其它园艺性状的杂种优势而开展优势育种,则应选择双亲都为抗疫病性的进行组配,方可育成抗疫病兼具其它园艺性状优良的一代杂种,全互交 F_1 组合抗性分析的结果也表明,只有抗 $\times$ 抗组合, F_1 才表现抗病.

本试验中,抗疫病的正效基因频率 p 和负效基因频率 q 的分布是不均衡的, $q > p$,抗性基因在这套亲本材料中处于非集中分布状态. 抗性基因在一个品种中也可处于集中或非集中分布. 在黄瓜抗疫病育种中,欲想培育具有足够高抗水平的黄瓜品种,须把正效基因 p 集中到一个品种中来. 这可通过 3 条途径来实现. 一是通过杂交、自交、系谱选择,通过基因重组从而把抗性基因集中起来;二是创造易于

诱发疫病的环境条件,人工接种筛选,设置自然病圃,加大对抗性基因选择的压力,从而提高正效基因 p 的频率;三是通过回交育种提高抗性显性基因的频率,从而逐步培育出具有足够高抗水平的黄瓜品种.

从表 4 和图 1 可知,亲本津研 2 号 V_r 值较小,较靠近原点,说明该亲本具有较多显性基因. 而亲本黄朗 V_r 值较大,较远离原点,说明该亲本具有较多隐性基因. 本试验中的一些供试亲本,与感疫病的亲本津研 2 号相比较,其抗性差异达极显著水平(表 1),可作为黄瓜抗疫病育种的抗源加以利用.

参考文献:

- [1] 周长久,王鸣,吴定华. 现代蔬菜育种学[M]. 北京:科学技术文献出版社,1996.166~167.
- [2] 李树德. 中国主要蔬菜抗病育种进展[M]. 北京:科学出版社,1995.375~377.
- [3] 翁祖信,蒋兴祥. 黄瓜疫病抗病性测定方法[J]. 中国蔬菜,1981,(1):47~48.
- [4] 黄健坤,戚佩坤. 广州地区黄瓜疫病病原菌的鉴定及防治研究[J]. 华南农学院院报,1982,3(2):36~45.
- [5] 马育华. 植物育种的量变遗传学基础[M]. 南京:江苏科学技术出版社,1982.189~198.
- [6] 兰巨生. 作物遗传参数统计分析[M]. 石家庄:河北人民出版社,1982.171~180.
- [7] 刘来福. 作物数量遗传[M]. 北京:农业出版社,1984.125~149.

Studies on Resistant Heredity of Cucumber Blight

LIN Ming-bao, FANG Mu-ren

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

Abstract: Studies were conducted on resistant heredity of cucumber blight through dill crossing with cucumber cultivars either resistant or susceptible to cucumber blight. The results showed that the additive effect was the predominant component., although some dominant effect and epistasis effect were present. Resistance to cucumber blight was controlled by at least 3 pairs of genes. The narrow hereditary capacity ($h_N^2\%$) is 78%.

Key words: cucumber; blight; resistant heredity

【责任编辑 柴 焰】