

小麦品种对赤霉病的抗扩展性的遗传研究*

张乐庆 潘雪萍
(农学系) (植保系)

提 要

小麦品种对赤霉病的抗扩展性,是由核遗传和多基因控制的数量性状,遗传力高低因组合不同而异。杂种一代的发病小穗数与抗病亲本、感病亲本及中亲值呈显著的正相关,回归值达0.01显著水准。杂种一代的抗性偏向抗病亲本,有明显杂种优势。用抗病亲本与 F_1 回交,其抗病性有明显提高。

F_2 单株发病小穗数变异范围较大,随着世代的增高,发病小穗数变异幅度缩小,而且在选择的作用下有所减少。作者还就该性状的选择方法作了初步的研究,认为在 F_3 以后各世代采用系统选择比混合法要好。

引 言

小麦赤霉病是长江中下游以及华南三省的小麦主要病害,发生频繁,为害严重,近十多年来病区有所扩展^[4]。因此,选育抗赤霉病品种是当务之急。然而,小麦赤霉病的抗性遗传基础颇复杂,且其表型易受环境的影响,其变化较大^[6]。高抗材料极少,选育抗病品种不多,不能满足生产日益发展的需要。

小麦赤霉病的抗性遗传研究,国外虽做了一些研究工作,但结论不一致。日本中川元兴1955年研究7个小麦杂交组合,认为赤霉病抗性受三对基因A、B、C控制^[8]。意大利选育的吉阿多512被认为对赤霉病“免疫”,是由一个显性基因控制的^[5]。

美国Schroeder, H. W.认为小麦抗赤霉病性是属于多对基因控制的,且是隐性的^[9]。赵忠贞和闵捷认为是显性^[3]。

本研究是小麦品种对赤霉病的抗扩展性进行遗传分析,为选育抗扩展小麦品种提供依据。

材 料 与 方 法

本试验在广州石牌华南农学院试验站进行的,以抗病品种作为亲本之一,于1980~

* 本文承蒙北京农业大学曾士迈、张树榛教授,河北农业大学王焕如教授,华南农学院黄超武、范怀忠教授审阅和修改,特此致谢。

本研究曾得到黑龙江省合江地区农科所小麦组的支持。

选种专业77、78级吴青山、肖振华、陈应绍、陈观添、阮小克、卢嘉政、刘杰同学参加部分工作。

1981年度配制了31个组合,其中8个组合有 F_2 和回交一代,6个组合有正反交,余者只作 F_1 。1981~1982年度又配制了18个组合,其中5个组合有正反交, F_2 和回交一代,两个组合有 F_1-F_4 。13个组合只作 F_1 。按组合顺序,依次将亲本, F_1 , F_2 , F_3 和 F_4 于1980年11月11日和1981年11月7日分别播种。

在小麦抽穗扬花的当天下午,选择中部小穗基部第一朵花对小花进行注滴接种^[7]。菌种是从当地种植的晋麦2148品种病穗上分离得的玉黍蜀赤霉菌(*Gibberella zeae*),浓度为在100倍显微镜下,每个视野有15~20个子囊孢子的菌液。接种后每天用喷雾器喷水4~5次,使其充分扩展,于腊熟期调查其发病小穗数,以此为统计基数,采用统计方法^{[1][2]}进行分析。

结果与分析

44个杂交组合的亲本、 F_1 发病小穗数的平均值列于表2。

(一) 抗扩展与细胞核遗传的关系

将1981年的6个组合和1982年的5个组合的正反交的发病小穗数平均值进行小样本配对,作t值检验(见表1)。

表1 11个正反交组合 F_1 平均发病小穗数及其t检验

年份	组合名称	正交 F_1 平均 发病小穗数 \bar{x}_1	反交 F_1 平均 发病小穗数 \bar{x}_2	$d(\bar{x}_1 - \bar{x}_2)$	$(d - \bar{d})^2$	公式及计算结果
1980 ~ 1981	苏麦3号×他诺瑞	0.8214	1.0652	-0.2438	0.0594	$S_d = \sqrt{\frac{\sum d^2 - (\sum d)^2/n}{n(n-1)}}$ $= 0.0156$ $t = \frac{\bar{d}}{S_d}$ $= 1.1474$ Df = 5时 $t_{0.05} = 2.51$ $t < t_{0.05}$
	翻山小麦×苏麦3号	1.2073	1.2619	-0.0546	0.0030	
	苏麦3号×77(322)-M-1	0.8750	1.0714	-0.1964	0.0386	
	翻山小麦×他诺瑞	0.8500	1.1429	-0.2929	0.858	
	苏麦3号×晋麦52	2.000	1.500	-0.5000	0.250	
1981	苏麦3号×红芒22	1.7500	1.5694	-0.1806	0.0326	$t < t_{0.05}$
	总和 平均			-0.0179	0.4694	
1981 ~ 1982	他诺瑞×苏麦3号	1.263	1.520	-0.257	0.0660	$S_d = 0.1368$ $t = 1.1769$ Df = 4 $t_{0.05} = 2.776$ $t < t_{0.05}$
	翻山小麦×苏麦3号	1.000	1.250	-0.250	0.6250	
	他诺瑞×翻山小麦	1.167	1.323	-0.156	0.0243	
	晋麦2148×溧阳望水白	1.550	1.208	0.342	0.1170	
	1982	红芒22×苏麦3号	1.391	1.875	-0.484	
	总和 平均			-0.161	0.5041	

两年检验结果表明, $P > 5\%$,即小麦抗赤霉病品种的抗扩展性是由核控制的。

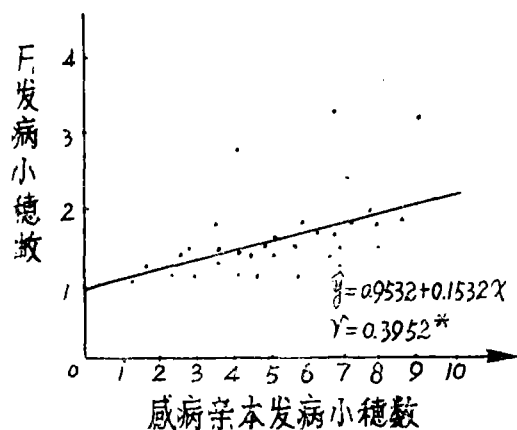
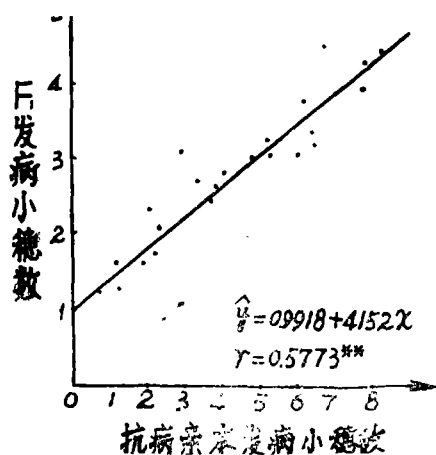
(二) 杂种各世代抗扩展性的遗传表现

1. F_1 抗扩展性的表现:1980~1982年先后作了44个杂交组合,不论是抗×抗,

表2 44个杂交组合亲本、F₁的平均发病小穗数 1980~1982年

组合名称	♀		♂		F ₁	
	\bar{x}	δ_{n-1}	\bar{x}	δ_{n-1}	\bar{x}	δ_{n-1}
苏麦3号×他诺瑞	1.0909	0.3176	8.3636	1.8586	0.3214	0.3393
苏麦3号×翻山小麦	1.2500	0.4967	1.1711	0.4832	1.2619	0.4968
苏麦3号×77(322)-M-1	0.9706	0.2444	7.5714	1.9101	0.8705	0.5175
福清和尚麦×77(322)-M-1	1.2237	0.4142	6.8095	2.4004	1.2500	0.6325
翻山小麦×他诺瑞	1.0682	0.5455	6.9474	1.5413	0.8500	0.5643
溧阳望水白×翻山小麦	1.1591	0.3700	1.3205	0.6014	1.3356	0.5777
翻山小麦×晋麦52号	1.2100	0.4854	6.0526	2.0676	1.0646	0.4231
晋麦2148×翻山小麦	2.5169	1.0883	1.0278	0.2051	1.5000	0.0421
75(51)G-14-6×翻山小麦	1.0517	0.2046	1.0811	0.3439	1.0000	0.1896
翻山小麦×龙溪35	1.0778	0.3007	1.6964	0.6850	1.1393	0.4692
苏麦3号×莆麦一号	1.2558	0.5496	4.3182	1.0414	1.1234	0.3260
6448×苏麦3号	4.0800	1.0770	1.3462	0.5791	1.1591	0.4593
晋麦52号×苏麦3号	6.8519	2.4291	1.0882	0.3760	1.5000	1.4960
莆麦一号×云南208-3-4-1	3.6667	0.7958	6.9024	1.1137	2.5233	1.2402
翻山小麦×莆麦一号	1.0875	0.2749	2.8833	1.2435	1.1585	0.8620
苏麦3号×龙溪35	1.3056	0.5724	4.4000	1.8974	1.4107	0.8612
鉴9×龙溪35	5.3846	1.7681	8.8636	1.8834	3.2500	3.0475
晋麦753×福清和尚麦	6.8000	2.6872	0.7000	0.2467	2.2500	2.0106
福清和尚麦×77(322)-M	1.2272	0.4239	4.2632	1.2842	1.6000	1.3390
红芒22×苏麦3号	6.6400	2.2151	1.2143	0.5787	1.5694	1.8676
福清和尚麦×莆麦一号	1.1552	6.5193	3.6279	1.0124	0.8182	1.0249
晋麦52号×75R(4)-1-4	4.7222	1.7758	1.2292	0.4658	2.8571	2.4607
福清和尚麦×系11	1.2596	0.5644	1.1125	0.5154	1.0000	0.2554
631×75R(12)G-8-5	1.6000	0.645	1.1638	0.4811	1.2778	0.6667
631×77(322)M-1	1.4237	0.6146	5.5833	2.3045	1.7416	1.7273
631×636	1.2500	0.4523	1.1974	0.4433	1.1429	0.3631
溧阳望水白×晋9558	1.3219	0.5735	5.0000	1.3093	1.2203	0.7208
249-89-1×鉴9	1.2096	0.4785	4.5385	0.8114	1.4130	0.4929
77(322)-M×云南208-3-4-1	0.9348	0.6271	6.9063	1.4224	4.3056	3.2144
红芒22×74-629-26	6.6923	1.5171	6.9524	1.3955	3.9478	3.2276
鉴9×77(322)-M	1.8898	0.9280	0.8839	0.3566	1.6667	2.5224
他诺瑞×苏麦3号	2.713	1.027	1.272	0.492	1.263	0.452
苏麦3号×翻山小麦	1.272	0.492	1.307	0.573	1.250	0.573
翻山小麦×他诺瑞	1.307	0.573	2.712	1.027	1.323	0.457
溧阳望水白×晋麦2148	1.717	0.597	2.026	0.776	1.208	0.396
红芒22×苏麦3号	1.784	0.783	1.272	0.492	1.391	0.690
苏麦3号×804662	1.179	0.696	1.466	0.732	1.371	0.988

林苏991×云南208-3-4-1	1.313	0.644	1.632	1.052	1.091	0.491
12G-8-5×苏麦3号	1.294	0.664	1.369	0.667	1.205	0.611
8046468×12G-8-5	3.925	2.495	1.357	0.633	1.518	0.726
云南208-3-4-1×龙溪35	1.709	0.793	1.417	0.722	1.237	0.452
萧麦一号×林苏991	3.352	1.821	1.429	1.113	1.300	0.447
萧麦一号×12G-8-5	3.352	1.821	1.125	0.319	1.545	0.688
40468×12G-8-5	1.641	0.732	1.094	0.375	1.412	0.667



抗×感，或感×感，其F₁单穗发病小穗数都接近双亲的平均值，但多数有偏向于病轻亲本的趋势，且有超亲现象。据统计，其中有36.11%的组合的F₁接近双亲的平均值，有27.77%的组合的F₁的发病小穗数比病轻亲本的轻，其余大部分为中间倾向抗病亲本，极个别出现负向，但变幅范围较大，可见控制抗扩展性的基因是复杂的。

2. F₁抗性与亲本抗性的回归和相

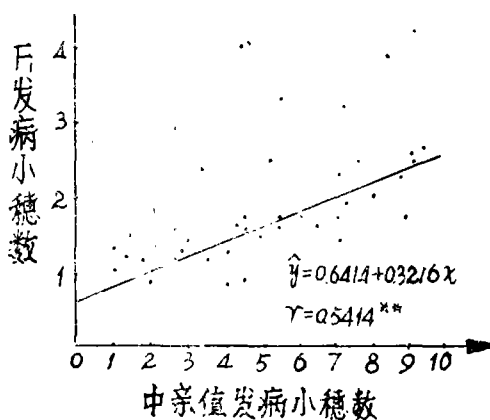


图1 F₁发病小穗数与抗病亲本，感病亲本的直线回归

关：以发病小穗数为单位，计算了31个组合的F₁与抗病亲本病重亲本和中亲值的简单回归和相关系数见表3和图1。

试验结果表明，F₁与抗亲，感亲和中亲值呈正回归，经F检验，呈极显著水准，相关系数也达到显著和极显著水准。杂种的抗扩展性与所用的亲本关系十分密切，选用抗性强的亲本是配制抗病组合的关键。

确定系数(r²)还表明，抗病亲本和杂种一代的关系最密切，中亲值次之，再次之为感病亲本。

表3 31个组合F₁发病小穗数与亲本简单回归和相关

y	x	回归系数(b)	回归方程	相关系数(r)	确定系数(r ²)
F ₁	抗病亲本	0.4152**	$\hat{y} = 0.9918 + 0.4152x$	0.5773	0.3333
	感病亲本	0.1532**	$\hat{y} = 0.9235 + 0.1532x$	0.3952	0.1562
	中亲值	0.3216**	$\hat{y} = 0.6414 + 0.3216x$	0.5414	0.2931

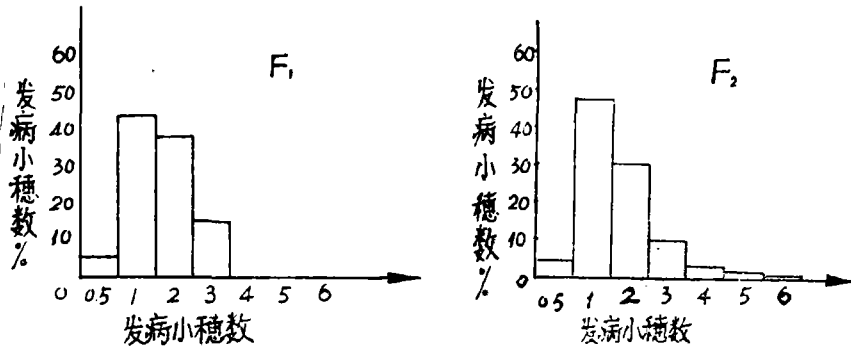
3. F₂抗扩展性的表现:将8个杂交组合的F₂单穗发病小穗数占发病总穗数的比例(%)作次数分布表(见表4)。

以上结果表明, F₂单株发病小穗数是连续变异,表明小麦品种对赤霉病的抗扩展性呈数量遗传,但组合不同, F₂发病小穗数变异范围和次数分布各异,且发病小穗数偏向抗病亲本的现象有所减少。

用一个组合的发病小穗数的分布画成柱形图,图象明显地展示连续分布的数量性状模式,见图2。

表4 8个杂交组合F₂发病小穗数次数分布 1980~1982年

杂交组合	穗率% 穗数	发病小穗数										
		0.5	1	2	3	4	5	6	7	8	9	
苏麦3号×翻山小麦	109	12.04	59.26	24.08	2.78	0.93	0.93					
溧阳望水白×翻山小麦	130	2.31	67.69	16.92	9.23	1.54	1.54	0.77				
他罗瑞×苏麦3号	176	5.81	48.26	31.40	87.26	2.91	1.74	1.16				
翻山小麦×他罗瑞	143	0.70	67.84	22.38	3.50	2.10	2.10	0.70				
溧阳望水白×晋麦2148	122	3.28	37.70	32.79	12.30	7.38	4.92	0.82	0.82			
红芒×苏麦3号	96	8.33	50.00	23.96	9.38	3.13	2.10	2.10	1.04			
晋麦2148×翻山小麦	87	3.45	43.68	10.39	10.35	10.35	4.60	4.60	3.48			
翻山小麦×晋麦52	254	1.20	49.60	16.20	6.70	6.26	5.10	5.10	5.10	3.54	1.20	

图2 他诺瑞×苏麦3号的F₁F₂发病小穗数的次数分布图

4. F_3 和 F_4 的抗性表现: 为研究 F_3 和 F_4 的抗扩展性表现, 从他诺瑞×苏麦3号杂交组合的 F_2 中, 选拔病小穗2个以下的单株, 将其单株种子的一半, 送黑龙江夏繁加代, 下一麦季, 按单株分别种成 F_3 和 F_4 系统并接种, 综合10个系统和一个系统的发病小穗数, 画成次数分布图, 图象仍呈连续变异, 但偏向抗病亲本的现象明显减弱见图3, 图4。

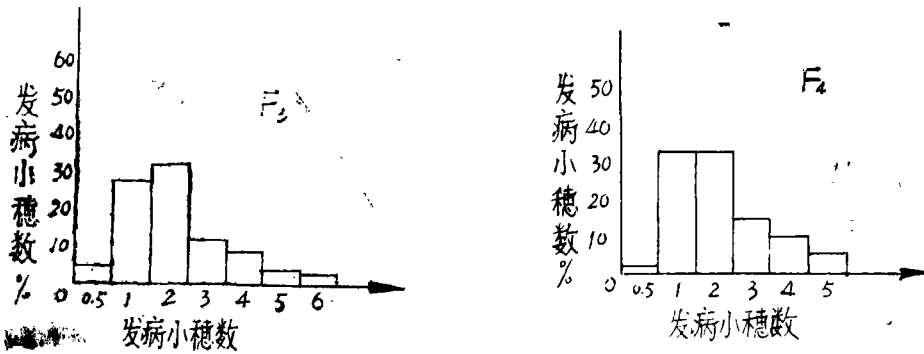


图3 他诺瑞×苏麦3号组合的 F_3 和 F_4 的10个系统的平均病小穗数次数分布图

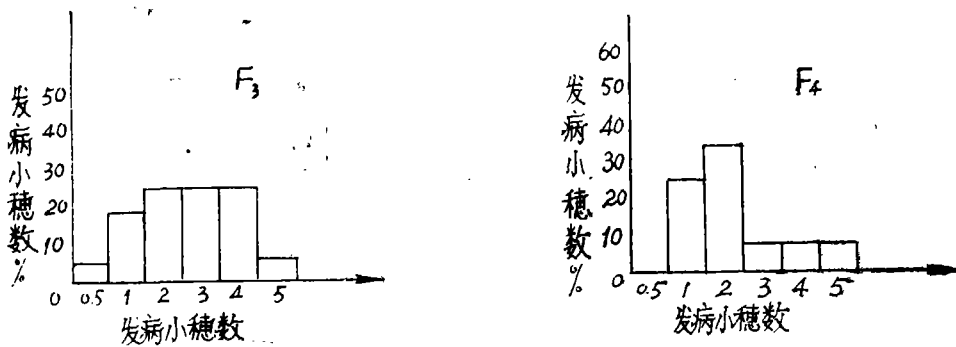


图4 他诺瑞×苏麦3号组合的 F_3 和 F_4 的一个系统的发病小穗数次数分布图

研究表明, 随着世代的增长, 发病小穗变异幅度在缩小, 发病的小穗数在选择作用下有所减少。同时还可看出在 F_3 以后世代, 采用系统选择比混合选择效果要好, 见表5。

表5

不同选择方法的效应

1981~1982年

杂交组合	世代	群体类别	平均发病小穗数	标准差(SD)
他诺瑞×苏麦3号	F ₃	系统	2.467	1.834
		混合	3.129	2.915
	F ₄	系统	1.991	1.119
		混合	2.037	1.745

(三) 遗传力估算值和相对遗传增量

本研究估算了 5 个组合的发病小穗数的广义和狭义遗传力，相对遗传增量，变异系数。结果表明，小麦品种对赤霉病抗扩展性的广义和狭义遗传力是 5 个组合的广义遗传力 (h^2_b) 平均为 58.53%，狭义遗传力 (h^2_N) 平均为 34.39%，不同组合间变化较大。狭义遗传力最高组合是溧阳望水白 × 晋麦 2148，为 49.21%。最低的组合是苏麦 3 号 × 翻山小麦，为 18.55%。有的组合广义遗传力较高，狭义遗传力反而低，如红芒 22 × 苏麦 3 号 h^2_b 为 78.03%， h^2_N 为 30.8%。同时还可以看到，一些组合之间，广义遗传力相差不大，狭义遗传力却有较大差异。如“苏麦 3 号 × 翻山小麦”和“翻山小麦 × 他诺瑞”两个组合，其广义遗传力相差只有 0.01%，而狭义遗传力却相差 14.69%。可见影响抗扩展的基因的显性和上位性效应较强，因而给选择带来了复杂和困难性，见表 6。

表 6 5 个组合平均发病小穗数广义、狭义遗传力和相对遗传进度 1981~1982 年

组合名称	统计项目 $\frac{1}{4}(V_{P_1} + V_{P_2}) + \frac{1}{2}V_{F_1}$	$V_{B_1} + V_{B_2}$	F_2		$h^2_b\%$	$h^2_N\%$	C, V % $\delta g/\bar{x}$	相对遗传进度 $\Delta G'$
			\bar{x}	V				
他诺瑞 × 苏麦 3 号	0.4262	1.5450	1.595	0.966	55.87	40.06	33.84	52.11
苏麦 3 号 × 翻山小麦	0.2675	0.802	1.239	0.442	39.48	18.55	14.08	18.22
翻山小麦 × 他诺瑞	0.4498	1.239	1.416	0.743	39.47	33.24	20.71	26.80
溧阳望水白 × 晋麦 2148	0.318	2.375	2.012	1.575	79.81	49.21	62.48	115.00
红芒 22 × 苏麦 3 号	0.4645	3.575	1.755	2.114	78.03	30.89	93.99	171.00
x					58.53	34.39	45.02	76.6

从表 6 可以看出，5 个组合的平均遗传变异系数为 45.02%，最高是“红芒 22 × 苏麦 3 号”，为 93.99%，次之为“溧阳望水白 × 晋麦 2148”，为 62.48%，最小是“苏麦 3 号 × 翻山小麦”，为 14.08%，如以入选率 5% 时，相对遗传进度也是“红芒 × 苏麦 3 号”最高，为 171.0%。遗传变异系数大小是依组合不同而异，所以，不同杂交组合的后代出现的变异类型有很大的差别，为此，应重视组合的选配工作。

(四) 抗扩展性的优势表现

分析了 1980~1981 年 31 个组合的亲本和 F_1 的平均发病小穗数的资料表明：低于病轻亲本的组合有 14 个，占总数 45.16%，近中亲值的有 15 个，占 48.38%，高于双亲中值和病重亲本有 2 个，占 6.45%。31 个组合的 F_1 平均优势为 38.36%（即发病小穗比 \bar{MP} 值小）。

1981~1982 年又计算了 13 个组合的优势指数和显性度见表 7。

以上结果表明，杂种一代抗性的表现（用发病小穗表示）。以 13 个组合的 F_1 抗性表现，对病轻的亲本而言，其优势指数平均为 0.9954，没有优势，但倾向于病轻亲本的抗性。分析各个组合差异却较大，优势指数 > 1 的组合有 7 个占 50% 以上，以“溧阳望水白 × 晋麦 2148”最高，达 1.4214。

对于感病亲本其平均优势指数是 1.7108，优势明显。总之， F_1 的优势是存在的，

表7 13个组合F₁平均发病小穗数的优势指数 1981~1982年

统计数值 组合名称	项目	P(R)	P(S)	$\frac{\bar{x}_1 + \bar{x}_2}{2}$	F ₁	抗病亲本 优势指数	感病亲本 优势指数	显性度
		(\bar{x}_1)	(\bar{x}_2)	(m)	(\bar{x})	(a ₁)	(a ₂)	(d)
他诺瑞×苏麦3号		1.272	2.713	1.9925	1.263	1.0071	2.1481	1.0125
苏麦3号×翻山小麦		1.272	1.307	1.2895	1.250	1.0176	1.0456	2.2571
翻山小麦×他诺瑞		1.307	2.713	2.0100	1.323	0.9879	2.0506	0.9772
溧阳生水白×晋麦2148		1.717	2.026	1.8715	1.208	1.4214	1.6772	4.2945
红芒22×苏麦3号		1.272	1.784	1.5280	1.391	0.9145	1.2825	4.5352
苏麦3号×804662		1.179	1.466	1.3225	1.371	0.8575	1.0662	-0.3658
林苏911×云南208-3-4-1		1.313	1.632	1.4725	1.091	1.2035	1.4959	2.3918
12G-8-5×苏麦3号		1.294	1.369	1.3315	1.205	1.0739	1.1361	3.3733
8046468×12G-8-5		1.357	3.925	2.6410	1.518	0.8939	2.5856	0.8746
云南208-3-4-1×龙溪35		1.417	1.710	1.3635	1.237	1.1455	1.3824	2.2287
莆麦一号×林苏911		1.429	3.352	2.5905	1.300	1.0992	2.5785	1.1342
莆麦一号×12G-8-5		1.125	3.352	2.2385	1.545	0.7282	2.1696	0.6228
804662×12G-8-5		1.094	1.641	1.3675	1.412	0.7748	1.1622	-0.1627
\bar{x}						0.9954	1.7108	1.4749

注：优势指数>1表示超亲，d=0为无显性，d=±1为正负向完全显性±1之间为正负向的部分显性，d>1为正向超亲显性。

其程度上的差异，可能是由于双亲抗性程度的差异和配合力不同所造成的。

(五) 回交效应

用4个F₁分别和抗病亲本作回交，用费雪氏小样本配对法测定其显著性，结果t₁=4.7690当n=3 P=0.05时，t=3.183，t₁>t其显著水准P<0.05，差异显著。

在培育抗扩展性的品种时，可以用抗病材料作为轮回亲本，作有限回交，对增进其抗性有一定的效应。由于目前使用抗病亲本多为地方品种，所以回交次数不宜过多。

讨 论

小麦品种对赤霉病的抗扩展的遗传基础是相当复杂的。数量性状所具有的极大变异性，在本研究中表现得很明显。从F₂中选拔病小穗很少的单株，进行连续选择直至F₄，在病轻系统中仍可见个体之间病小穗数有多寡的差别。因此，对于抗扩展性除用人工接种给以必要选择压力外，其选择世代不宜太少。

关于发病小穗数的遗传力的估算，是决定小麦品种对赤霉病抗扩展性是否在早世代选择的依据。试验结果表明，不同的组合其广义遗传力变化是比较大的。即使是两个组合，它们的广义遗传力估算值相差无几，但是其狭义遗传力却有差别，这是由于组合间的显性方差和基因互作方差不同的原因。而且在估算同一组合的广义遗传力和狭义遗传力时，还可以看到，广义遗传力虽高，但狭义遗传力却低（见表6），产生这种现象原

因是：广义遗传力没有消除显性和上位性方差，故而偏高。所以，应以狭义遗传力估算值更为可靠。

再者，由于组合间遗传力估算值差异较大，在选育小麦品种对赤霉病的抗扩展性时，遗传力估算值只能作为选择参考。

小麦赤霉病抗扩展优势普遍存在，对于病轻亲本虽无优势，但已接近病轻亲本的抗性（平均病小穗数优势指数（0.9945））。从实验结果进一步分析，发现有7个组合的 F_1 ，其优势指数 >1 ，占总组合数的50%以上，即50%以上组合中有超亲本抗性的优势。因此，利用杂种优势，为防治小麦赤霉病开辟了一个新的途径。

参 考 文 献

- [1] 庄巧生, 王恒立, 1963, 《作物学报》2(2): 117—130。
- [2] 马育华, 1982, 《植物育种的数量遗传学基础》江苏科学技术出版社。
- [3] 赵忠贞, 闵捷, 1980, 小麦品种抗赤霉遗传特性的初步观察《浙江农业科学》(6): 286—287。
- [4] 李克昌, 1982, 《小麦赤霉病及其防治》上海科学技术出版社。
- [5] 王焕如编译, 1976, 国外小麦赤霉病研究和动向,《国外农业科技资料增刊(总第31期)》中国农林科学院科技情报研究所。
- [6] 张乐庆, 潘雪萍, 1980, 小麦抗赤霉病育种的初步研究《广东农业科学》(4): 20—23。
- [7] 福建农学院作物育种教研组、植物病理教研组, 1978, 小麦抗赤霉病育种工作初浅认识,《福建农业科技》第1期。
- [8] 中川元兴, 1955, 小麦品种種赤力ビ病抵抗性に関する研究第二报 赤力ビ病耐病性に関する遗传因子, 育种学雜誌 5(1): 15—22。
- [9] H. W. Schroeder and J. J. Christensen 1963 Factors Affecting Resistance of Wheat to Scab caused by *Gibberella zeae*. Phytopathology. 53(7): 831—838.

A STUDY ON RESISTANCE TO COLONIZATION OF GIBBERELLA ZEAE IN WHEAT VARIETIES

Zhang Le-qing Pan Xue-ping

(Department of Agronomy) (Department of protection)

ABSTRACT

Inoculation was made by dripping the spore suspension into single floret of wheat. Statistical analysis was based on the number of diseased spikelets.

Result indicates the resistance of wheat varieties to the colonization of *Gibberella zeae* is controlled by multiple genes and is quantitatively inherited. The heritability of the resistance depends on different combination of parents used in crossing.

The degree of resistance of F_1 is closely related to that of the resistant parent. The values of regression and correlation coefficient fit significantly. This is an evidence of heterosis of resistance in F_1 . The effect of backcrossing F_1 with the resistant parent is obvious.