

番茄晚疫病抗性遗传规律研究

张子君, 邹庆道, 李海涛, 吕书文, 杨国栋, 吴振红

(辽宁省农业科学院 蔬菜研究所, 辽宁 沈阳 110161)

摘要:采用抗病品系‘CLN2037’和感病品系‘236’、‘238’为试材,通过田间抗感杂交、回交,于真叶期接种番茄晚疫病菌生理小种 T₁₂,鉴定子代的抗病性分离情况。结果表明:品系‘CLN2037’对番茄晚疫病的抗病性为单基因部分显性遗传。

关键词:番茄;晚疫病;抗性遗传

中图分类号:S 436.412.1⁺2 **文献标识码:**A **文章编号:**1001—0009(2011)07—0137—02

番茄晚疫病[*Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary] 是一种重要的番茄病害,近年来在北方保护地持续爆发,严重威胁番茄生产,甚至造成秋冬温室番茄绝产、毁种。因此,开展番茄抗晚疫病育种已迫在眉睫,而研究其病害遗传规律是进行抗病基因转育的前提。该试验研究了抗番茄晚疫病品系‘CLN2037’的遗传特性,旨在进一步进行抗病材料的选育,以期选育出丰产、优质、抗晚疫病的番茄新品种应用于生产。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试品种:抗晚疫病番茄品系‘CLN2037’,由亚洲蔬菜发展研究中心王添成博士惠赠。感病番茄品系‘236’、‘238’,由辽宁省农科院蔬菜所提供。供试菌株:辽宁省农科院蔬菜所分离、纯化并鉴定的番茄晚疫病菌生理小种 T₁₂ 菌株。

1.2 试验方法

试验在辽宁省农科院蔬菜所试验地进行。2 个感病品系分别和抗病品系进行正交及反交,获得各杂交组合的 F₁ 代种子,正交 F₁ 中一部分加代自交构成 F₂ 组合群体,一部分与父母本分别回交,得到回交群体。

采用苗期接种鉴定法观察试材对晚疫病抗性的表现,其接种鉴定步骤如下:番茄植株 7~10 叶期为适宜接种时期,采用喷雾法接种,孢囊液浓度为 5×10⁴ 个/mL,接种后 24 h 内保持相对湿度 100%,温度为 20℃,黑暗。24 h 后相对湿度 75%,温度为 20℃,每天 12 h 光照。

第一作者简介:张子君(1970-),女,辽宁铁岭人,硕士,研究员,现从事番茄抗病育种研究工作。E-mail: huixue224@163.com。

责任作者:李海涛(1956-),男,辽宁辽阳人,博士,研究员,现从事番茄育种研究工作。E-mail: haitao57@sohu.com。

基金项目:国家科技支撑计划资助项目(2006BAD017-3-05);公益性行业(农业)科研专项资助项目(nyhyzx07-007);辽宁省自然科学基金资助项目(20082129)。

收稿日期:2011-01-18

1 周后调查病害严重程度。接种后第 7 天调查每一植株叶面积的被害百分率,进而确定各个单株的病害严重程度,即单株病害等级^[1]。单株病害等级:0 级:无病症;1 级:病斑细小,叶面积被害率≤5%;2 级:限制性病斑,5%< 叶面积被害率≤15%;3 级:15%< 叶面积被害率≤30%;4 级:茎部病斑少量,30%< 叶面积被害率≤60%;5 级:茎部病斑扩展型,60%< 叶面积被害率≤90%;6 级:茎部严重受害,叶面积被害率>90%,甚至植株死亡。

群体抗性等级:根据供试材料每一植株的单株病害等级,按如下方法计算出每一材料的病级指数平均值。病级指数=∑(每个病级的植株数×级别数)/调查总植株数。依据供试材料的病级指数平均值,再按下面 3 个抗性等级将不同的供试材料划分成免疫、抗病和感病等不同的反应类型。免疫(I):病级指数=0;抗病(R):0< 病级指数≤4.0;感病(S):4.0< 病级指数≤6.0。

2 结果与分析

2.1 亲本的抗性鉴定

3 个亲本的抗病性鉴定结果见表 1。由表 1 可知‘CLN2037’为抗病品系,材料‘236’和‘238’为感病品系,且抗病品系与感病品系之间的病级指数和抗感类型差异达到极显著水平。材料的苗期接种抗性表现与几年来田间抗性表现相吻合。

表 1 亲本材料接种晚疫病菌的抗性表现

亲本	病级指数	抗感类型	差异显著性
CLN2037	0.1	R	Aa
236	6.0	S	Bb
238	6.0	S	Bb

2.2 杂交世代抗性表现

2.2.1 F₁ 代抗性表现 从表 2 可看出,配制的 4 个杂交组合,无论是正交还是反交,F₁ 均表现抗病,病级指数低于双亲的平均值(MP),而偏向于抗病亲本,这表明品系‘CLN2037’对晚疫病的抗性表现为显性遗传。从势能比 P_r 来看 4 个组合的 P_r 值在绝对值 0~1 之间,进一步表明 CLN2037 对晚疫病的抗性表现为部分显性遗传。

传^[4]。正交和反交差异不显著,说明该遗传主要受细胞核影响,没有细胞质效应。

表2 F₁ 代接种晚疫病菌的抗性表现

组合	F ₁	MP	P. r
236×CLN2037	2.1	3.05	0.32
CLN2037×236	2.2	3.05	0.29
238×CLN2037	2.4	3.05	0.22
CLN2037×238	2.3	3.05	0.25

2.2.2 F₂ 代与回交世代的抗病性分离 F₂ 代植株出现抗病性分离,用感病品系与杂交一代植株进行回交的后代植株也出现抗病性分离,用抗病品系与杂交一代进行回交的后代全部表现抗病(表3)。2份杂交组合自交 F₂ 代植株抗感分离比为 3.13∶1 和 2.79∶1,卡平方测验表明,该分离比符合 3∶1($X^2_c = (|A-3a|-2)^2/3n$, A 指抗病株数, a 指感病株数, n 指总株数,下同)。用感病亲本回交的回交一代植株抗感分离比分别为 0.94∶1 和 1.04∶1,卡平方测验表明,该分离比符合 1∶1($X^2_c = (|A-a|-1)^2/n$)。即‘CLN2037’对晚疫病的抗性遗传符合单显基因的分离比例。

表3 F₂ 代和回交世代接种晚疫病菌的抗性表现

杂交组合	总株数	表现型				X ² _c
		抗病	感病	抗感比	理论比例	
(236 × CLN2037) 自交	260	197	63	3.13∶1	3∶1	0.0462
(238 × CLN2037) 自交	220	162	58	2.79∶1	3∶1	0.1515
236 × (236 × CLN2037)	120	58	62	0.94∶1	1∶1	0.075
CLN2037 × (236 × CLN2037)	108	108	0	1∶0	1∶0	
238 × (238 × CLN2037)	92	47	45	1.04∶1	1∶1	0.0109
CLN2037 × (238 × CLN2037)	70	70	0	1∶0	1∶0	

注: X²_{0.05} = 3.84, X²_{0.01} = 6.63

3 讨论

试验选用番茄晚疫病菌生理小种 T_{1,2} 菌株对‘CLN2037’自交系进行了遗传分析,得出了单基因部分显性遗传的结论,这与前人的研究结论相符^[3]。T_{1,2} 生

理小种为冯兰香等“中国 18 省市番茄晚疫病菌生理小种的鉴定”一文中的优势小种,以该小种接种进行番茄材料的遗传分析具有一定的代表性^[1]。该试验中发现无论是亲本世代还是分离世代,抗性群体都表现了较好的抗性水平,而感病群体在接种 7 d 后调查时已全部死亡。在该试验的预备试验中,加大接种浓度或延长相对湿度为 100%的保湿时间,结果为各个世代的抗性群体病斑面积加大,下部叶片脱落,抗性水平显著下降;而感病群体在更短的时间内即全部死亡,这也说明了‘CLN2037’材料对晚疫病的抗性除了主效基因外,尚存在一些修饰基因的影响。

‘CLN2037’是设在台湾的亚蔬中心利用感病品种 MoneyMaker 作为第一回交亲本与抗病品种 L3708 杂交、回交得到 BC₁F₁, BC₁F₁ 再与第二回交亲本‘CLN657’杂交、回交得到 BC₁F₁,然后经过 6 代自交选育而成^[4]。抗晚疫病资源主要来源于野生番茄,但无论是醋栗番茄还是多毛番茄,其经济性状都较差,很难直接应用于育种。而 CLN2037 是经过多代转育后的自交系,果实达 100~120 g,并通过田间试验观察‘CLN2037’与其它优秀自交系配组,配合力较高。这也为利用 CLN2037 为亲本选育抗晚疫病的品种(品系)提供了较好的前景。当然,对表现好的抗源材料充分利用,进一步进行重复鉴定、异地鉴定、多菌系鉴定,确切了解其抗性程度、抗性稳定性及遗传特征,同时对番茄晚疫病菌生理小种进行长期监测^[5],是育种工作者搞好番茄晚疫病育种的根本所在。

参考文献

[1] 冯兰香, 杨宇红, 谢丙炎, 等. 中国 18 省市番茄晚疫病菌生理小种的鉴定[J]. 园艺学报, 2004, 31(6): 758-761.
[2] 谭其猛. 蔬菜育种学[M]. 北京: 农业出版社, 1980: 74-75.
[3] Wang T C. Determination of physiological races[C]. Traing Workshop on Tomato Late Blight Research in China. Beijing: Institute of Vegetable and Flowers of Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2003.
[4] 邱夷鹏, 李海涛, 张子君, 等. 番茄抗晚疫病基因 ph-3 的 RAPD 标记[J]. 园艺学报, 2009(8): 1227-1232.
[5] 温晓涵, 张喜春. 番茄抗晚疫病研究[J]. 中国农学通报, 2008, 24(10): 351-359.

Inheritance of Resistance to Tomato Late Blight

ZHANG Zi-jun, ZOU Qing-dao, LI Hai-tao, LV Shu-wen, YANG Guo-dong, WU Zhen-hong
(Vegetable Research Institute, Liaoning Academy of Agricultural Sciences, Shenyang, Liaoning 110161)

Abstract: Study on inheritance of resistance to tomato late blight was carried out by conventional crossing between one resistant and two susceptible lines of tomato. Plants were inoculated using phytophthora infestans T_{1,2} for disease resistance identification. The results of identification in populations of F₁, F₂, BC₁ and BC₂ showed that a single partially dominant gene controlled the resistance in this tomato line, ‘CLN2037’.

Key words: tomato; late blight; inheritance of resistance