

# 黄瓜霜霉病抗性的遗传表现与基因效应分析

张胜菊<sup>1</sup>, 司龙亭<sup>2</sup>

(1. 沈阳市农业科学院 辽宁 沈阳 110034 2. 沈阳农业大学 园艺学院 辽宁 沈阳 110161)

**摘要:**通过全轮配双列杂交试验,分析了黄瓜霜霉病抗性的遗传特性。结果表明:遗传方差组成中,基因的加性效应和显性效应都是显著的,控制抗性的加性作用比显性作用大,狭义遗传力值高,为95.24%。群体中显性等位基因频率少于隐性等位基因频率,该性状至少受两对基因控制。

**关键词:**黄瓜;霜霉病;遗传参数  
**中图分类号:**S 642.203.4 **文献标识码:**A **文章编号:**1001-0009(2009)04-0071-02

黄瓜霜霉病是由专性寄生古巴假霜霉菌引起的,俗称“跑马干”、“黑毛”等,与白粉病、枯萎病并列为黄瓜的三大病害,此病在适宜条件下,病情发展快,不易控制,给黄瓜生产带来巨大的威胁,因此研究黄瓜霜霉病抗性遗传规律,培育出高抗霜霉病的品种已成为黄瓜生产中的当务之急<sup>[1]</sup>。目前国内外对黄瓜霜霉病抗性机制的研究存在不同的研究结果:即多基因抗性和单基因抗性<sup>[2]</sup>。经多年黄瓜育种研究工作,在生产实践中进行了黄瓜霜霉病抗性遗传规律的总结,以期为广大黄瓜抗霜霉病育种工作者在实践中对其亲本的选择选配提供科学的理论依据。

## 1 材料与方法

感病材料: M9、M10; 抗病材料: M3、M6。以上供试材料均由沈阳农业大学经过多年抗病性筛选,表现稳定的高代自交系。其抗性表现见表1。试验采用4×4完全双列杂交的试验方法配制了16个杂交组合。接种方法采用苗期注射接种法<sup>[3]</sup>,在沈阳农业大学园艺学院蔬菜基地进行。采用Griffing<sup>[4]</sup>和Hayman<sup>[5]</sup>的方法对黄瓜霜霉病抗性的遗传属性及遗传参数进行估算和分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 遗传模型检验

采用回归分析法,根据完全双列表估算出各排的方差 $V_{ri}$ 和协方差 $W_{ri}$ ,结果见表2并计算出协方差 $W_{ri}$ 在方差上 $V_{ri}$ 的回归系数 $b=0.908$ 。由 $V$ 和 $W$ 回归分析可知 $W_{ri}=92.483+0.908V_{ri}$ ,经 $t$ 测验,回归系数 $b$

与1差异不显著而与0差异显著,说明亲本间的遗传基因是独立分布的,没有非等位基因之间的互作存在,符合梅赛尔所述的加性-显性模型,因此可进一步做显性程度、基因分布和显性方向的分析。

表1 4×4完全双列杂交抗病结果

自交系	M3	M6	M9	M10
M3	25.41	65.91	52.06	50.18
M6	67.97	10.19	56.06	54.90
M9	52.38	56.32	68.45	29.77
M10	50.19	54.61	30.50	70.10

表2 各类方差和协方差的估计值

自交系	$W_{ri}$	$V_{ri}$	$W_{ri}-V_{ri}$	$W_{ri}+V_{ri}$	平均值
M3	143.16	58.19	84.97	201.36	59.72
M6	154.55	66.13	88.42	220.68	71.40
M9	242.91	167.36	75.55	410.28	34.18
M10	230.00	149.71	80.29	379.71	33.13
总和	770.63	441.40			198.43
平均	192.66	110.35			49.61

### 2.2 基因效应与遗传参数估算

2.2.1  $W_r$ 和 $V_r$ 的图谱关系 由图1可知,求得各行列自交系 $P_i$ 值与相应行列 $(W_{ri}+V_{ri})$ 值的相关系数 $r$ , $r=-0.9377<0$ 为负值,说明显性指向增效。M3、M6相应的 $W_{ri}$ 及 $V_{ri}$ 值较小,距离原点较近,而M9、M10相应的 $W_{ri}$ 及 $V_{ri}$ 值较大,距离原点较远。由此可以反映亲本中显性基因与隐性基因的分布,亲本中显性基因由多到少的顺序为 $M3>M6>M10>M9$ ,但是M3接近M6,M9接近M10,它们之间的差异不明显,而M3、M6与M9、M10却离的较远,说明M3、M6比M9、M10带有较多的显性基因。

2.2.2 加性效应和显性效应 用海曼方法算出的遗传参数见表,加性方差 $H_1$ 为2.179,D和H都表现为显著,说明所得的方差中加性效应和显性效应都是重要的,利用Mather对方差、协方差的遗传分解即D-H则表示加性和显性基因作用的相对重要性,这里 $D-H>0$ ,因

第一作者简介:张胜菊(1976-),女,硕士,农艺师,主要从事黄瓜育种研究工作。E-mail: zhang20040928@sina.com.  
通讯作者:司龙亭(1954-),男,辽宁省朝阳市人,博士,教授,博士生导师,主要从事蔬菜类分子育种的基础理论研究和教学工作。E-mail: silongting@hotmail.com.  
收稿日期: 2009-01-10

而可以推断为部分显性,说明加性效应占相对主要优势。回归直线在  $W_r$  轴的截距为  $a=92.483>0$ , 为不完全显性。平均显性度  $(H_1/D)^{1/2}$  的估算值为 0.279 也说明自交系对黄瓜霜霉病的抗性是不完全显性。

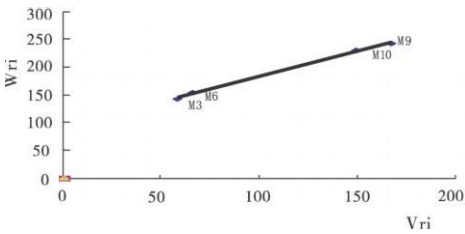


图1 黄瓜对霜毒病抗性的  $W_{ri}/V_{ri}$

2.2.3 遗传参数估计 由表3中可得位点上正方向增效等位基因与负方向减效等位基因的频率 0.235( $H_2/4H_1$ ), 小于1, 显示显性基因和隐性基因分布是不平衡的, 该试验中参数F值为-48.33, 是负数, 说明自交系中隐性等位基因的频率大于显性等位基因的频率, 隐性基因占优势, 同时又从群体中显性等位基因与隐性等位基因的比例  $[(4DH_1)^{1/2} + F]/[(4DH_1)^{1/2} - F] = 0.613 < 1$ , 也说明各自交系的隐性等位基因占优势。控制显性效应的基因数K值为0.33, 说明控制抗病性的基因组大约为1组, 海曼(Hayman)认为这种基因数可理解为有效的遗传物质的最小单位, 它可能是一个单基因, 也可能是一个连锁的基因组。采用“Mather”的最小基因对数的估计公式对二个组合进行基因对数的估算。

$K = \frac{(P1-P2)^2}{8\bar{d}^2}$ , 结果表明 各组合所计算的最小基因对数都在2对以上。

表3 各方差分量及显著性测验

符号	方差分量	标准误	方差分量 / 标准误	意义
D	360.311	4.434	81.261 **	由于加性基因效应产生的方差组分
F	-48.331	11.391	-4.243	某行(列)加性效应和显性效应协方差
$H_1$	28.079	12.890	2.179 *	显性基因效应产生的方差组分
$H_2$	26.415	11.898	2.220 *	负效基因引起的方差组分
E	1.982	1.983	0.999	环境方差分量期望值

注:  $t(47)0.01=2.01$   $t(47)0.05=2.69$ .

2.2.4 遗传参数估计 根据表3进一步对一些遗传参数进行估计、分析, 见表4。

表4 几种遗传参数的估算值

遗传参数	估算值	意义
$\sqrt{\frac{H_1}{D}}$	0.279	平均显性度的度量值
$\frac{H_2}{4H_1}$	0.235	亲本中正的等位基因与负的等位基因的比率
$\frac{\sqrt{4DH_1}+F}{\sqrt{4DH_1}-F}$	0.613	群体中显性等位基因与隐性等位的比例
K	0.330	控制显性效应的基因数
$H^2_n$	95.24%	狭义遗传力

3 结论与讨论

所得方差中加性和显性效应都是重要的, 但  $D-H_1>0$ , 说明加性效应占相对主要优势。自交系中正方向增效基因与负方向减效的平均频率 0.235, 小于 0.25, 且显性基因和隐性基因的比值  $[(4DH_1)^{1/2} + F]/[(4DH_1)^{1/2} - F] = 0.613 < 1$  及F值-48.33 小于0, 都说明各自交系的隐性等位基因较显性等位基因占优势。对黄瓜抗霜霉病的遗传特性研究结果表明, 控制黄瓜抗霜霉病的基因是部分显性, 因此在进行一代杂种选育时, 应选择具有较高抗病性的亲本。由于黄瓜对霜霉病的抗性遗传力较大, 涉及的基因数目相对较少, 所以, 容易通过自交使其抗性稳定。

参考文献

[1] 冯栋昕, 李宝栋. 主要瓜类作物抗病育种研究进展[J]. 中国蔬菜 1997(2): 45-48.  
[2] 谭其猛. 蔬菜育种学[M]. 北京: 农业出版社, 1978.  
[3] 傅淑云, 姚建民, 傅俊范, 等. 黄瓜霜霉病人工接种技术研究[J]. 沈阳农学院学报 1984(2): 11-16.  
[4] 兰巨生. 作物遗传参数统计法[M]. 石家庄: 河北人民出版社, 1982.  
[5] Hayman B L. The analysis of variance of diallel tables[J]. Biometrics 1953, 10(10): 253-254.  
[6] 刘来福, 毛盛贤, 黄远樟. 作物数量遗传学[M]. 北京: 农业出版社 1984.  
[7] 朱军. 遗传模型分析方法[M]. 北京: 中国农业出版社 N1997.

Analysis of Genetic Effects for Resistance to Cucumber Downy Mildew

ZHANG Sheng-ju<sup>1</sup>, SI Long-ting<sup>2</sup>

(1. Shenyang Academy of Agriculture Science, Shenyang, Liaoning 110034, China; 2. Horticulture College of Shenyang Agriculture University, Shenyang, Liaoning 110161, China)

**Abstract:** The genetic character of resistance to cucumber Downy Mildew in cucumber was studied with full-diallel crosses. The results showed that the additive effects and the dominant effects of resistance to cucumber Downy Mildew were significant, but the additive effects were predominated, the value of the narrow heritability was high. In this alliance, the dominant genes rate were more than resistant genes rate which were known from the inheritable parameters.

**Key words:** Cucumber; Downy mildew; Genetic parameter