

大豆抗食心虫主基因 + 多基因混合遗传模型的五世代联合分析

赵桂云^{1,2}, 王继安², 李文滨², 滕卫丽², 韩英鹏²

(1. 北华大学 生物系, 吉林 吉林 132013; 2. 东北农业大学大豆生物学教育部重点实验室, 东北农业大学农业部东北大豆生物学与遗传育种重点实验室, 黑龙江 哈尔滨 150030)

摘要:为探究大豆抗食心虫遗传规律,以高产感虫材料 1068 和抗源材料 8004 的 5 个世代(P_1 、 P_2 、 F_1 、 F_2 、 $F_{2:3}$)为材料,应用主基因 + 多基因混合遗传模型,研究了大豆抗食心虫的遗传规律。结果表明:大豆抗食心虫遗传最适模型为 D-0 模型,即大豆抗食心虫遗传受一对加性 - 显性主基因 + 加性 - 显性 - 上位性多基因控制。

关键词:大豆;食心虫;主基因-多基因;五世代;遗传分析

中图分类号:S565.1

文献标识码:A

DOI:10.11861/j.issn.1000-9841.2014.03.0301

Genetic Analysis on Resistance to Soybean Pod Borer by Using Five Generations Joint Analysis of Mixed Inheritance Model of Major Gene and Polygene

ZHAO Gui-yun^{1,2}, WANG Ji-an², LI Wen-bin², TENG Wei-li², HAN Ying-peng²

(1. Biology Department, Beihua University, Jilin 132013, China; 2. Key Laboratory of Soybean Biology in Chinese Ministry of Education, Key Laboratory of Soybean Biology and Breeding/Genetics of Chinese Agriculture Ministry, Northeast Agricultural University, Harbin 150030, China)

Abstract: In order to study the genetic rule of the resistance to soybean pod borer, five generation populations (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 and $F_{2:3}$) came from 1068 (the susceptible material to soybean pod borer with high yield) and 8004 (the resistant material to soybean pod borer) were taken as materials to study the genetic rule of the resistance to soybean pod borer by using major gene and polygene inheritance model. The results showed that the resistance to soybean pod borer was controlled by one major-gene with additive-dominant effect and polygene with additive-dominance-epistasis effect (Model D-0).

Key words: Soybean; Pod borer; Major genes and polygene; Five generations; Genetic analysis

作物的农艺经济性状多属于数量性状,早期人们认为数量性状均是由微效多基因控制的。但是近年来,随着分子生物学的发展,对已有实验数据进行 QTL 分析认为,大多数的数量性状遗传均表现为主基因和多基因混合遗传的模式^[1]。同时,盖钧镒^[2]提出了主基因和多基因混合遗传的统计方法,即植物数量性状遗传体系主基因-多基因混合遗传模型分离分析法,并广泛应用于大豆、水稻、玉米等作物的抗虫性、抗病性、品质等性状上。

大豆食心虫是危害东北大豆生产的一种主要害虫,一般年份虫食率达 10%~20%,虫害大发生的年份虫食率高达 30%~50%,造成减产的同时严重影响大豆品质。近年对于大豆食心虫的研究国内以鉴定方法、抗虫机制方面居多^[3-8],而对于抗虫遗传规律,张子金^[9]、孙志强^[10]、刘洋^[11]只是进行了简单研究。目前只有张君^[12]利用主基因 + 多基因混合遗传模型对大豆抗食心虫进行了研究。

本研究以高产感虫材料 1068 和抗源材料 8004 的 5 个世代 P_1 、 P_2 、 F_1 、 F_2 、 $F_{2:3}$ 为材料,应用主基因 +

多基因混合遗传模型,研究大豆抗食心虫的遗传规律,以期为大豆食心虫抗性育种提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

以高产感虫品种 1068 为母本(P_1),抗虫品系 8004 为父本(P_2),杂交获得 F_1 ,然后自交获得 F_2 、 $F_{2:3}$,以 P_1 、 P_2 、 F_1 、 F_2 、 $F_{2:3}$ 五个世代群体为材料。

1.2 方法

将供试材料分别种植于东北农业大学大豆研究所试验地网室内,亲本及 F_1 种植 16 株, F_2 种植 129 株, $F_{2:3}$ 种植 129 个家系,种植方式和管理与大田相同。于 7 月末进行网室扣网,8 月 5~15 日(大豆食心虫发生期)在网室内人工接入大豆食心虫成虫(20 对· m^{-2})。每 5 d 接入大豆食心虫成虫 1 次,一共接虫 3 次,以增加大豆食心虫成虫选择适宜的豆荚进行产卵的机会。成熟时收获全部亲本及后代的全部单株,以数粒法^[13-14]计算虫食率。利用盖钧镒等提出的主基因-多基因混合遗传分析程

收稿日期:2013-11-18

基金项目:国家自然科学基金(31201225,30170634);国家高技术研究发展计划“863 计划”(2003AA207060-4)。

第一作者简介:赵桂云(1977-),女,博士,实验师,主要从事大豆遗传及分子标记辅助育种研究。E-mail:zhaoguiyun2004@aliyun.com。

通讯作者:王继安(1956-),男,博士,研究员,主要从事大豆遗传育种研究。E-mail:wangsoy@yahoo.com.cn。

李文滨(1956-),男,博士,教授,主要从事大豆遗传育种研究。E-mail:wenbinli@yahoo.com。

序^[2,15-17],分析大豆抗食心虫的遗传规律。

2 结果与分析

2.1 各世代虫食率的表现

由表1可知,F₁虫食率介于两个亲本之间,F₂的虫食率平均值低于P₁、F₁,高于P₂,F_{2:3}的虫食率平均值低于P₁,高于P₂,与F₁相当。P₁和F₁群体变异

较小,F₂和F_{2:3}变异幅度均大于P₁、P₂以及F₁,且F₂的变异表现出不连续的偏态分布,而F_{2:3}表现为连续的正态分布,各世代的表现难于用主基因遗传进行解释,与数量性状遗传也不完全符合,因而本研究采用主基因+多基因分离分析方法对大豆抗食心虫的代表性状虫食率进行分析。

表1 各世代虫食率的次数分布

Table 1 Frequency distribution of percentage of damaged seeds in different generations

世代 Generations	虫食率 Percentage of damaged seeds/%							总株数 Total plants number	平均值 Mean/%	标准差 SD
	<20.0	20.1-30.0	30.1-40.0	40.1-50.0	50.1-60.0	60.1-70.0	>70.0			
P ₁	-	-	-	-	4	7	4	15	64.58	7.86
P ₂	9	1	6	-	-	-	-	16	20.62	11.25
F ₁	-	-	4	4	8	-	-	16	47.96	5.52
F ₂	60	34	16	14	5	-	-	129	24.86	13.15
F _{2:3}	-	8	22	38	34	24	3	129	49.25	11.59

2.2 建立遗传模型

利用主基因+多基因混合遗传模式,采用IECM算法算得5类24种假设遗传模型的极大对数似然函数值和AIC值^[2]于表2(其中模型B-4和模型B-6未计算出结果)。

根据遗传模型的选取原则,由表2可知模型D-0的似然函数估计值最大(-1127.988),AIC值最小(2275.976),为最佳可能模型,与之AIC值相近的还有模型A-2,因此对模型A-2和模型D-0进行适合性检验。

表2 各遗传模型的极大对数似然函数值和AIC值

Table 2 The maximum log likelihood values and AIC values of various genetic models

模型 Model	极大对数似然值 Maximum log likelihood values	AIC 值 AIC values	模型 Model	极大对数似然值 Maximum log likelihood values	AIC 值 AIC values
A-1	-1180.475	2368.950	D-0	-1127.988	2275.976
A-2	-1142.020	2290.040	D-1	-1151.886	2319.772
A-3	-1251.926	2509.851	D-2	-1156.025	2326.051
A-4	-1178.046	2362.093	D-3	-1173.782	2361.564
B-1	-1149.139	2318.278	D-4	-1149.343	2312.686
B-2	-1154.197	2320.393	E-0	-1129.354	2290.708
B-3	-1141.246	2290.492	E-1	-1133.842	2295.685
B-4	-	-	E-2	-1202.204	2424.408
B-5	-1234.347	2476.693	E-3	-1210.032	2436.065
B-6	-	-	E-4	-1202.204	2418.408
C-0	-1142.491	2304.982	E-5	-1176.796	2369.591
C-1	-1201.040	2416.081	E-6	-1202.204	2418.408

2.3 模型适合性检验

如表3所示,在适合性检验中,模型A-2中有11个统计量差异显著,模型D-0中有1个统计量差

异显著。因此最适模型为模型D-0,即大豆抗食心虫遗传受一对加性-显性主基因+加性-显性-上位性多基因控制。

表 3 模型适合性检验

Table 3 Tests for goodness of model A-2 and D-0

模型 Model	世代 Generation	U_1^2	U_2^2	U_3^2	nW^2	D_n
A-2	P_1	0.851(0.356)	0.589(0.443)	0.253(0.615)	0.100(>0.05)	0.170(>0.05)
	F_1	2.662(0.103)	2.697(0.101)	0.062(0.803)	0.308(>0.05)	0.493(>0.05)
	P_2	0.001(0.977)	0.360(0.549)	5.238(0.022)	0.196(>0.05)	0.270(>0.05)
	F_2	115.209(0.000)	80.608(0.000)	32.014(0.000)	12.292(<0.01)	0.468(<0.05)
	$F_{2:3}$	32.424(0.000)	22.803(0.000)	8.717(0.003)	3.726(<0.01)	0.266(<0.05)
D-0	P_1	0.010(0.920)	0.006(0.939)	0.006(0.936)	0.020(>0.05)	0.087(>0.05)
	F_1	0.006(0.940)	0.013(0.910)	0.554(0.457)	0.054(>0.05)	0.263(>0.05)
	P_2	0.044(0.834)	0.378(0.539)	10.704(0.001)	0.295(>0.05)	0.288(>0.05)
	F_2	1.884(0.170)	1.894(0.169)	0.036(0.850)	0.419(>0.05)	0.102(>0.05)
	$F_{2:3}$	1.149(0.284)	1.051(0.305)	0.003(0.960)	0.234(>0.05)	0.106(>0.05)

括号内数值为适合性检验的概率。

The number in brackets is the probability of tests for goodness.

2.4 最适模型的遗传参数估计

通过 1 阶和 2 阶分布参数与遗传参数的相互关系^[2],应用最小二乘法估算出最适模型 D-0 的 1 阶和 2 阶遗传参数。由表 4 可知,主基因加性效应值

为 11.73,属于正向增效;显性效应值为 -11.83,为负向减效,有利于抗大豆食心虫;在 $F_{2:3}$ 家系中主基因遗传率为 47.20%,多基因遗传率为 20.32%。

表 4 最佳模型下虫食率的有关遗传参数估计

Table 4 Estimate of genetic parameters for percentage of damaged seeds under best-fitted model

一阶参数 1 st order parameter	估计值 Estimate	二阶参数 2 nd order parameter	估计值 Estimate	
			F_2	$F_{2:3}$
m_1	52.85	$\delta^2 p$	88.39	208.26
m_2	59.78	$\delta^2 mg$	20.74	98.29
m_3	32.35	$\delta^2 pg$	0	42.32
m_4	31.56	δ^2	67.65	67.65
m_5	51.46	$h^2 mg(\%)$	23.46	47.20
d	11.73	$h^2 pg(\%)$	0	20.32
h	-11.83			

m 、 d 、 h 分别表示平均数、主基因的加性效应、主基因的显性效应; $\delta^2 p$ 、 $\delta^2 mg$ 、 $\delta^2 pg$ 和 δ^2 分别表示表型方差、主基因方差、多基因方差、环境方差; $h^2 mg(\%)$ 、 $h^2 pg(\%)$ 分别表示主基因遗传率和多基因遗传率。

m 、 d 和 h respectively represent phenotypic mean, major gene additive effect and major gene dominant effect; $\delta^2 p$ 、 $\delta^2 mg$ 、 $\delta^2 pg$ and δ^2 , respectively represent phenotypic variance, major gene variance, polygene variance and environmental variance; $h^2 mg(\%)$ and $h^2 pg(\%)$ respectively represent major gene heritability and polygene heritability.

3 结论与讨论

本研究应用高产感虫材料 1068 和抗源材料 8004 的 P_1 、 F_1 、 P_2 、 F_2 和 $F_{2:3}$ 五世代联合分析,研究大豆抗食心虫遗传规律,发现大豆抗食心虫性除受到单个基因控制外,还受多基因的影响。大豆抗食心虫遗传最适模型为 D-0 模型,即大豆抗食心虫遗传受一对加性-显性主基因+加性-显性-上位性多基因控制。在 $F_{2:3}$ 家系中主基因遗传率为 47.20%,多基因遗传率为 20.32%,主基因和多基因产生的变异均占有相当的比重。

本研究与刘洋^[10]选用的亲本材料相同,相较于其仅用单个分离世代(F_2)对大豆抗食心虫进行遗传分析。本研究同时利用两个分离世代(F_2 和 $F_{2:3}$)再加上 P_1 、 F_1 和 P_2 三个不分离世代进行分析,大大增加了提供的信息量,提高了试验的准确度。

本研究与张君^[11]均是应用主基因+多基因混合遗传模型进行联合多世代分析大豆抗食心虫遗传规律,均得到大豆抗食心虫是受一对主基因+多基因控制的结论,但是具有一定差异。本研究获得的最适遗传模型是 D-0,即大豆抗食心虫遗传受一对加性-显性主基因+加性-显性-上位性多基因控制,而张君^[12]获得的最适遗传模型是 D-2,即大豆

抗食心虫遗传受一对加性主基因 + 加性-显性多基因控制。两个实验结果存在差异的可能原因①所用亲本材料不同,本试验亲本为 1068 和 8004,而张君^[11]为 2002 系选和 EXP;②所用的研究参数不同,本试验中所用参数虫食率按照数粒法^[13-14]进行计算,而张君^[11]所用参数为虫食粒率,并经过反正旋转换;③所处的实验环境不同。在今后的研究中可以对相同组合不同参数做进一步研究,以期提高实验结果的准确度。

参考文献

- [1] 杜雄明,汪若海,刘国强,等. 棉花纤维相关性状的主基因-多基因混合遗传分析[J]. 棉花学报,1999,11(2):73-78. (Du X M, Wang R H, Liu G Q, et al. Inheritance analysis of the characters related with fiber by using mixed major gene and polygene model [J]. Cotton Science, 1999, 11(2): 73-78.)
- [2] 盖钧镒,章元明,王建康. 植物数量性状遗传体系[M]. 北京: 科学出版社,2003:71-87. (Gai J Y, Zhang Y M, Wang J K. Genetic system of quantitative traits in plants[M]. Beijing: Science Press, 2003: 71-87.)
- [3] 王继安,罗秋香. 大豆食心虫抗性品种鉴定及抗性性状分析[J]. 中国油料作物学报,2001,23(2):57-59. (Wang J A, Luo Q X. Evaluation of soybean pod borer resistance and analysis of resistance characteristics in soybean[J]. Chinese Journal of Oil Crop Science, 2001, 23(2): 57-59.)
- [4] 徐庆丰,郭守桂,韩玉梅. 大豆品种抗食心虫的初步研究[J]. 植物保护学报,1965,4(2):111-117. (Xu Q F, Guo S G, Han Y M. The preliminary study on the resistance to soybean pod borer in the soybean cultivars [J]. Acta Phytophylacica Sinica, 1965, 4(2): 111-117.)
- [5] 郭守桂. 大豆品种抗大豆食心虫研究初报[J]. 大豆科学, 1983,2(3):200-206. (Guo S G. The preliminary study on the resistance to soybean pod borer in the soybean cultivars[J]. Soybean Science, 1983, 2(3): 200-206.)
- [6] 岳德荣,郭守桂,单玉莲. 大豆品种抗大豆食心虫机制初步探讨[J]. 吉林农业科学,1987(1):40-42. (Yue D Y, Guo S G, Shan Y L. The preliminary discuss of the resistant mechanism to soybean pod borer in soybean cultivars [J]. Journal of Jilin Agricultural Sciences, 1987(1): 40-42.)
- [7] 赵爱莉,王陆玲,王晓丽,等. 大豆品种抗大豆食心虫性与其形态学和生物学因子关系的研究[J]. 吉林农业大学学报,1994, 16(11):43-48. (Zhao A L, Wang L L, Wang X L, et al. Study of relationship between resistance to soybean pod borer and morphological & biological factors and chemical factors in different level [J]. Journal of Jilin Agricultural University, 1994, 16(11): 43-48.)
- [8] 孙志强,阎日红,王继安,等. 大豆抗食心虫性的遗传及抗虫育种方法的研究 II, 开花期和成熟期与虫食率的关系[J]. 大豆科学,1993,12(2):113-121. (Sun Z Q, Yan R H, Wang J A, et al. Study on inheritance of soybean pod borer and methods for resistant breeding II. Relationships of days to flowering and mature with percentage of damaged seeds[J]. Soybean Science, 1993, 12(2): 113-121.)
- [9] 张子金. 大豆抗食心虫性的遗传[C]. 中美大豆科学讨论会论文集,1983:84-89. (Zhang Z J. The inheritance of soybean resistance to pod borer [C]. Proceeding of the U. S. -China soybean Symposium, 1983: 84-89.)
- [10] 孙志强,田佩占,岳德荣. 大豆抗食心虫性的遗传及抗虫育种方法的研究 I. 人工接虫条件下 F₂ 代的抗虫性[J]. 大豆科学, 1989,8(5):177-183. (Sun Z Q, Tian P Z, Yue D Y. Study on inheritance of soybean pod borer and methods for resistant breeding I The resistance of soybean pod borer in F₂ on condition of artificial catching imago [J]. Soybean Science, 1989, 8(5): 177-183.)
- [11] 刘洋,王继安,赵奎军. 大豆抗食心虫性遗传研究[J]. 东北农业大学学报,2005,36(2):138-141. (Liu Y, Wang J A, Zhao K J. Study on the inheritance law of soybean resistance to pod borer [J]. Journal of Northeast Agricultural University, 2005, 36(2): 138-141.)
- [12] 张君,蔡立楠,姚丹,等. 大豆抗食心虫主基因 + 多基因遗传效应分析[J]. 中国农学通报,2012,28(36):227-230. (Zhang J, Cai L N, Yao D, et al. Analysis of major gene plus polygene inheritance effects on soybean pod borer resistance [J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2012, 28(36): 227-230.)
- [13] 杨文郁,由冬梅,曲沈海. 大豆食心虫虫食率及对产量影响计算方法的探讨[J]. 内蒙古农业科技,1997(6):27-28. (Yang W Y, You D M, Qu S H. The research of the percentage of imaged soybean seeds and computational method of affecting yield [J]. Inner Mongolia Agricultural Science and Technology, 1997(6): 27-28.)
- [14] 张武,李宝华,李红鹏,等. 黑河地区 2009~2012 年大豆食心虫发生规律研究[J]. 作物杂志,2013(4):146-148. (Zhang W, Li B H, Li H P, et al. Occurrence regularity of *Leguminivora glycinivorella* during 2009-2012 in Heihe region [J]. Crops, 2013(4): 146-148.)
- [15] 盖钧镒,王建康. 数量性状主-多基因混合遗传的 P₁、P₂、F₁、F₂ 和 F_{2:3} 联合分析法[J]. 作物学报,1998,24(6):651-659. (Gai J Y, Wang J K. Identification of major gene and polygene mixed inheritance model of quantitative traits by using joint analysis of P₁, P₂, F₁, F₂ and F_{2:3} generations [J]. Acta Agronomica Sinica, 1998, 24(6): 651-659.)
- [16] 盖钧镒,章元明,王建康. QTL 混合遗传模型扩展至 2 对主基因 + 多基因时的多世代联合分析[J]. 作物学报,2000,26(4): 385-391. (Gai J Y, Zhang Y M, Wang J K. A joint analysis of multiple generations for QTL models extended to mixed two major genes plus polygene [J]. Acta Agronomica Sinica, 2000, 26(4): 385-391.)
- [17] Wang J K, Gai J Y. The inheritance of resistance of soybeans to Agromyzid beanfly (*Melanagromyza sojae* Zehntner) - Mixed major gene and polygenes genetic analysis [J]. Euphytica, 122: 9-18.)