

雪茄烟 Beinhart1000-1 对黑胫病 0 号生理小种的抗性遗传分析

郭璇^{1,3}, 闫杏杏², 蒋彩虹³, 程立锐³, 杨爱国³, 冯全福³, 王元英^{3*}

(1. 青岛农业大学, 青岛 266109; 2. 江西省抚州市烟草公司金溪分公司, 江西 金溪 344800; 3. 中国农业科学院烟草研究所, 烟草基因资源利用重点实验室, 青岛 266101)

摘要: 以烟草黑胫病重要抗源 Beinhart1000-1、优质烤烟品种小黄金 1025 和香料烟 Samsun NN 及其配置的 2 个抗、感杂交组合为试验材料, 进行成株期黑胫病菌 0 号小种人工接种鉴定, 选用四世代数量性状“主基因+多基因”的混合遗传模型对抗源 Beinhart1000-1 进行遗传分析。结果表明, Beinhart1000-1 在与 Samsun NN 配置的杂交组合 1 中, 最优遗传模型是两对加性-显性主基因+加性-显性多基因模型 (E2), 主基因遗传率为 99.14%, 多基因遗传率为 0.48%; 在与小黄金 1025 配置的杂交组合 2 中, 最优遗传模型是两对加性-显性-上位性主基因模型 (B1), 主基因遗传率为 99.52%。表明 Beinhart1000-1 黑胫病的抗性遗传以主基因效应为主, 适合在早代进行选择。

关键词: 烟草; 黑胫病; 遗传分析; 主基因+多基因

中图分类号: S572.03

文章编号: 1007-5119 (2017) 02-0056-07

DOI: 10.13496/j.issn.1007-5119.2017.02.010

Genetic Analysis of Beinhart1000-1 Resistance to Black Shank in Tobacco

GUO Xuan^{1,3}, YAN Xingxing², JIANG Caihong³, CHENG Lirui³, YANG Aiguo³,
FENG Quanfu³, WANG Yuanying^{3*}

(1. Qingdao Agriculture University, Qingdao 266109, China; 2. Fuzhou Tobacco Company of Jiangxi Province, Jinxi Branch, Jinxi, Sichuan 344800, China; 3. Tobacco Research Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Key Laboratory for Tobacco Gene Resources, Qingdao 266101, China)

Abstract: Two resistant × susceptible hybrid combinations were made between the line resistant to black shank (Beinhart1000-1) and two susceptible materials, SNN (Samsun NN) and XHJ (Xiaohuangjin1025). All the three parents and the two crosses were performed black shank artificial inoculation and resistance evaluation at mature stage. The genetic characteristics of Beinhart1000-1 resistance were studied using the major gene plus poly gene model. The results showed that: The black shank resistance genetic model of the cross Beinhart1000-1 × SNN was identified to fit model E2 and the heritability of major genes and poly-genes were estimated to be 99.14% and 0.48%, respectively. For cross Beinhart1000-1 × XHJ1025, it fitted B1 model very well, and the heritability of major genes was estimated to be 99.52%. Because of the higher heritability of the major genes, the selection of black shank resistant plants could be done in early generations. These results could provide information on MAS for improvement of resistance to black shank disease in tobacco.

Keywords: tobacco; black shank disease; genetic analysis; major gene plus polygene

烟草黑胫病 (*Phytophthora parasitica* var. *nicotianae*) 是烟草最主要的根部病害之一, 俗称“乌头病”、“黑秆疯”, 多数发生在成株期, 少数发生在苗床期, 高温高湿时迅速流行^[1-4]。黑胫病是我国烟草主要病害, 平均每年因黑胫病造成的经济损失高达一亿元以上, 其影响仅次于烟草病毒病^[5]。目

前, 在国内外共发现 4 个烟草黑胫病菌的生理小种, 分别是 0 号、1 号和 2 号、3 号^[6]。据报道^[7-13]从 1985 年至 2011 年, 我国存在 1 号及 0 号生理小种, 同时另有一个尚未鉴定出的生理小种。对比各种防治方法, 选育抗病品种是防治烟草黑胫病最有效可行的措施。国内外通过对烟草品种进行抗性筛选已鉴

基金项目: 中国农业科学院科技创新工程 (ASTIP-TRIC01); 国家自然科学基金面上项目“一个新的烟草黑胫病主效抗性基因 *qBS-17* 精细定位及克隆” (31571738)

作者简介: 郭璇 (1991-), 女, 在读硕士研究生, 研究方向: 烟草遗传育种。E-mail: xuanapple0318@163.com。*通信作者, E-mail: wangyuanying@caas.cn

收稿日期: 2016-10-20

修回日期: 2017-02-30

定出了一些抗源。目前,我国烟草黑胫病抗性来源主要是 Florida301,它不仅对黑胫病菌的 0 号及 1 号生理小种有抵抗作用,而且还是数量遗传的水平抗性。但同时 Beinhart1000-1、L8、NC2326 也是抗黑胫病品种,其中 Beinhart1000-1 的抗性表现最好,其抗性明显高于抗源 Florida301,而且对烟草黑胫病的所有生理小种都表现为高抗,同时,它对黑胫病的抗性跟 Florida301 一样,也是数量遗传的水平抗性,被认为是非常重要的黑胫病抗源^[14]。因此,开展新抗源 Beinhart1000-1 的抗病遗传机制研究对黑胫病抗性育种和有效防治烟草黑胫病都意义重大。

1 材料与方法

1.1 试验材料

1 份抗病品种美国雪茄烟 Beinhart1000-1 及 2 份感病品种小黄金 1025 (烤烟类型) Samsun NN (香料烟类型)。材料均由国家农作物种质资源平台烟草种质资源子平台提供。

利用上述 3 个品种配置 2 个杂交组合,即组合 1 (Beinhart1000-1×Samsun NN) 和组合 2 (Beinhart1000-1×小黄金 1025),分别获得各自的 P1、P2 和 F1、F2 这 4 个世代群体(表 1),并播种于中国农科院烟草研究所青岛实验基地。

1.2 试验方法

1.2.1 材料准备 试验材料种子播种于中国农业科学院烟草研究所青岛试验基地温室,托盘育苗,待烟苗长至 6 叶 1 心后,移栽于基地黑胫病病圃,进行正常栽培管理至成株期。

1.2.2 菌谷制备 首先在燕麦培养基上接种烟草黑胫病菌 0 号生理小种,并将其放在恒温培养箱中 28 °C 下黑暗培养 4~6 d,至菌丝长满培养基。将谷子加适量清水煮开,当谷粒煮开至半开花状态时停止加热,捞出谷粒沥干水,冷却后分装入 500 mL 锥形瓶中,然后将锥形瓶放入高压灭菌锅中高温高压灭菌后冷却备用^[15]。把燕麦培养基用接种针平均划分 4 到 8 份,并取其中 1 份培养基放入装有谷子

的锥形瓶,28 °C 黑暗培养 12~14 d 待菌丝基本长满锥形瓶把菌谷从锥形瓶中倒出,搅拌均匀,作为接种源备用。

1.2.3 接种方法 用小刀在每株成株期烟苗的茎基部轻轻划伤,伤口保持大小一致,然后在根部划伤部位接种 3~5 g 菌谷,立即覆土,并灌水保湿。接种后 1 周左右,调查每株在田间的发病情况,计算病情指数。革新三号作为抗病对照,小黄金 1025 作为感病对照。

1.2.4 单株病情划分具体标准 0 级(免疫):全株无病;1 级(高抗):1/3 以下的茎部出现病斑,或 1/3 的叶片枯萎;3 级(中抗):1/3 至 1/2 的茎部出现病斑,或全株叶片的 1/3 至 1/2 枯萎,或少数下部叶片出现病斑;5 级(中感):1/2 的茎部出现病斑,但茎部未全部围绕,或全株叶片的 1/2 至 2/3 枯萎;7 级(高感):全部茎部出现病斑,或全株叶片的 2/3 以上枯萎;9 级(高感):病株基本枯死。

$$\text{病情指数} = \frac{\sum(\text{病级} \times \text{该级病株数})}{\text{总株数} \times 9} \times 100$$

1.3 遗传分析

利用章元明等^[16-17]、盖钧镒等^[18]、胡中立等^[19]研究植物数量性状常用方法来进行遗传分析,即主基因+多基因混合遗传模型的多世代联合分离分析方法。假定数量性状分别由 1 对主基因(A)、2 对主基因(B)、多基因(C)和 1 对主基因+多基因(D)、2 对主基因+多基因控制(E),构建 5 类,即 A-E,共 24 种遗传模型。利用最大似然法和 IECM(Iterated expectation and conditional maximization)估算各世代和各成分分布的参数,再依据 AIC(Akaike's information criterion)值的最小原则选择出最佳模型,同时,依据 5 种适合性检验(包括 U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 、 nW^2 、 Dn 检验),选择最优遗传模型。为研究各组的遗传效应,依据最优遗传模型的相应数据,利用最小二乘法来估算各基因的效应值。根据亲本和 F1 同质群体所显现的环境误差方差的无偏估计,计算误差方差 σ^2 、成分分布方差 σ^2_f 和群体表型方差 σ^2_p 。主基因、多基因的遗传方差(σ^2_{mg} 、 σ^2_{pg})及遗传率

(h^2_{mg} 、 h^2_{pg})采用下列公式计算,用软件 SEA-G4F2

进行数据分析:

$$\sigma^2_{mg} = \sigma^2_p - \sigma^2_f; h^2_{mg} = \sigma^2_{mg} / \sigma^2_p$$

$$\sigma^2_{pg} = \sigma^2_f - \sigma^2; h^2_{pg} = \sigma^2_{pg} / \sigma^2_p$$

2 结果

2.1 黑胫病抗源 Beinhart1000-1 的遗传分析

2.1.1 两组合 4 代黑胫病病级个数分布 两组合各世代所用材料数见表 1。两组合各世代黑胫病病级个数的调查结果见图 1 和图 2。如图所示, Beinhart1000-1 对黑胫病表现为抗性,与感病品种 Samsun NN 和小黄金 1025 表现有显著差异 ($P < 0.001$)。两世代 F1 群体的病级与 P1 接近,由此推测 Beinhart1000-1 是显性的抗病基因。组合 1 和组合 2 的 F2 群体均呈现较鲜明的偏态分布,主基因特征的抗性遗传显现出来,这表明由主基因控制抗黑胫病的遗传。

表 1 两组合各世代材料数

Table 1 The number of plants for each generation of eight combinations

世代	组合	
	Beinhart1000-1× Samsun NN	Beinhart1000-1× 小黄金 1025
P1	30	30
P2	25	36
F1	35	60
F2	213	306

2.2.2 主基因+多基因的遗传性分析 2 个组合的 4 个世代的黑胫病级数值的遗传分析见表 2。依据 AIC 准则 (表 2), 将组合 Beinhart1000-1 × Samsun NN 中 E2、E3、B2、B5 这 4 个 AIC 数值小的模型选为备选遗传模型。共 20 个检验数值, 利用适合性检验 (表 3), 发现 E3 模型数值达到显著水平的有 15 个, E2、B2、B5 模型数值达到显著水平的均有 10 个, 其中 AIC 值最小的是 E2, 故将 E2 作为 Beinhart1000-1 抗黑胫病最优遗传模型, 是两对加性-显性主基因+加性-显性多基因模型。

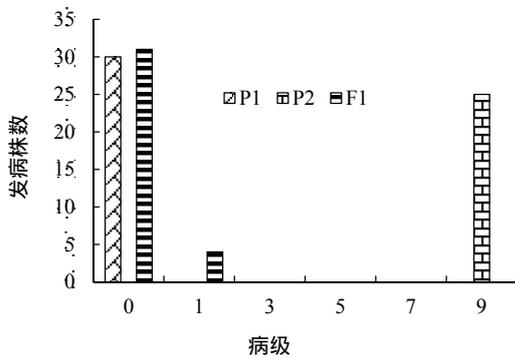


图 1 P1(Beinhart1000-1)×P2(Samsun NN)组合四世代抗性级值个数分布图

Fig. 1 Distribution of the number of plants with different resistance grades in 4 populations of the combination Beinhart1000-1×SNN

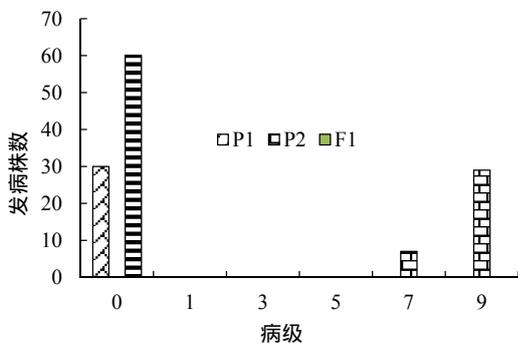
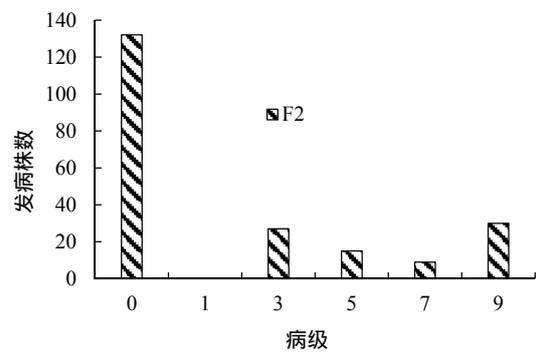
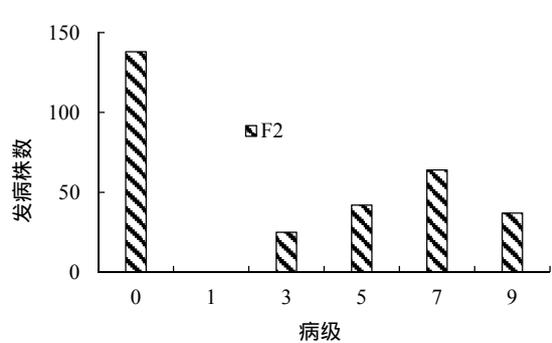


图 2 P1(Beinhart1000-1)×P2(小黄金 1025)组合四世代抗性级值次数分布图

Fig. 2 Distribution of the number of plants with different resistance grades in 4 populations of the combination Beinhart1000-1×XHJ1025



依据 AIC 准则(表 2),将组合 Beinhart1000-1×小黄金 1025 中 B1、B2、E1、E2 这 4 个 AIC 数值小的模型选为备选遗传模型。共 20 个检验数值,利用适合性检验(表 3、4),发现 B1 模型数值达到显著水平的有 12 个,B2、E1、E2 模型数值达到显著水平的均有 12 个,其中 AIC 最小的是 B1,故将 B1 作为其最优遗传模型,是两对加性-显性-上位性主基因模型。

2.3 遗传效应分析

在组合 Beinhart1000-1×Samsun NN 中黑胫病抗性表明 2 对加性-显性主基因加多基因控制,即 E2 模型,并且 2 对主基因之间无互作关系。第 1 对主基因的加性效应和显性效应分别是-2.95 和-2.95,第 2 对主基因的加性效应和显性效应分别是-1.63 和-1.33,F2 世代的主基因遗传率和多基因遗传率分别是 99.14%和 0.48%(表 5)。

表 2 两组合遗传模型的 AIC 值

Table 2 The AIC values of the different genetic models in two combinations

组合	模型	极大似然值	AIC	组合	模型	极大似然值	AIC
Beinhart1000-1× Samsun NN	A1	-595.61	1203.22	Beinhart1000-1× 小黄金 1025	A1	-902.50	1816.99
	A2	-752.22	1514.44		A2	-1093.32	2196.63
	A3	-596.05	1202.10		A3	-902.50	1814.99
	A4	-803.12	1616.24		A4	-1163.32	2336.64
	B1	-350.65	723.30		B1	-434.41	890.83
	B2	-293.60	601.20		B2	-492.64	999.28
	B3	-743.35	1496.69		B3	-1088.98	2187.96
	B4	-743.61	1495.21		B4	-1094.28	2196.56
	B5	-295.10	600.19		B5	-714.87	1439.75
	B6	-440.30	888.59		B6	-774.12	1556.25
	C0	-541.33	1094.66		C0	-885.73	1783.45
	C1	-541.33	1092.66		C1	-906.06	1822.13
	D0	-461.81	939.62		D0	-791.19	1598.37
	D1	-489.19	992.38		D1	-810.17	1634.35
	D2	-541.323	1094.65		D2	-885.64	1783.28
	D3	-541.33	1094.66		D3	-906.04	1824.07
	D4	-541.33	1094.66		D4	-906.04	1824.07
E0	-321.54	667.07	E0	-651.99	1327.97		
E1	-322.05	662.11	E1	-465.73	949.46		
E2	-276.55	563.09	E2	-518.90	1047.80		
E3	-251.72	509.45	E3	-562.25	1130.50		
E4	-512.97	1029.93	E4	-876.75	1757.49		
E5	-461.81	929.63	E5	-704.87	1415.73		
E6	-389.43	782.86	E6	-735.63	1475.26		

表 3 Beinhart1000-1×Samsun NN 遗传模型的适合性检验

Table 3 Test for goodness of fit about Beinhart1000-1×SNN genetic model

模型	世代	U_1^2	U_2^2	U_3^2	nW^2	Dn
E3	P1	1.64 (0.200)	7.22 (0.0072) *	33.51 (0) *	2.64 (0.0001)*	0.568 (0) *
	P2	1.96 (0.162)	6.99 (0.0082) *	26.54 (0) *	2.25 (0) *	0.581 (0) *
	F1	18.66 (0) *	12.88 (0.0003) *	5.63 (0.018) *	3.84 (0.0006) *	-2.60 (1.00)
	F2	4.20 (0.040) *	3.80 (0.051)	0.020 (0.888)	5.19 (0.0024) *	0.108 (0.013) *
E2	P1	1.28 (0.257)	0.136 (0.713)	34.36 (0) *	2.61 (0.0001) *	0.440 (0) *
	P2	1.54 (0.215)	0.013 (0.911)	27.53 (0) *	2.21 (0) *	0.428 (0.0001) *
	F1	0.997 (0.318)	3.10 (0.078)	10.11 (0.0015) *	2.09 (0) *	0.029 (1.00)
	F2	0.821 (0.365)	2.65 (0.104)	9.03 (0.0027) *	4.42 (0.0012) *	0.068 (0.263)
B5	P1	0.030 (0.862)	2.88 (0.090)	37.43 (0) *	2.50 (0.0001) *	0.509 (0) *
	P2	1.22 (0.269)	0.067 (0.796)	28.27 (0) *	2.19 (0) *	0.436 (0.0001) *
	F1	1.41 (0.235)	0.009 (0.925)	17.83 (0) *	2.07 (0) *	0.029 (1)
	F2	0.088 (0.766)	1.51 (0.219)	14.16 (0.0002) *	4.35 (0.0011) *	0.061 (0.382)
B2	P1	1.24 (0.265)	0.151 (0.698)	34.46 (0) *	2.60 (0.0001) *	0.441 (0) *
	P2	0.941 (0.332)	0.165 (0.685)	28.94 (0) *	2.16 (0) *	0.444 (0.0001) *
	F1	0.242 (0.623)	0.307 (0.580)	16.96 (0) *	1.98 (0) *	0.029 (1.00)
	F2	0.296 (0.587)	1.90 (0.169)	11.57 (0.0007) *	4.37 (0.001) *	0.064 (0.342)

注： U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 ，均匀性检验； nW^2 ，Smirnov 检验； Dn ，Kolmogorov 检验。*表示差异显著 ($P<0.05$)，下同。

表4 Beinhart1000-1×小黄金 1025 遗传模型的适合性检验
Table 4 Test for goodness of fit about Beinhart1000-1×XHJ1025 genetic model

模型	世代	U_1^2	U_2^2	U_3^2	nW^2	Dn
B1	P1	0 (1.00)	2.34 (0.126)	37.50 (0) *	2.50 (0.0001) *	0.500 (0) *
	P2	7.65 (0.0057) *	10.92 (0.001) *	6.28 (0.012) *	2.69 (0.0001) *	0.214 (0.063)
	F1	0 (1.00)	4.69 (0.030) *	75.00 (0) *	5.00 (0.002) *	0.500 (0) *
	F2	0.064 (0.800)	0.002 (0.962)	1.37 (0.241)	2.74 (0.0001) *	0.026 (0.983)
E1	P1	1.06 (0) *	23.58 (0) *	3.94 (0.047) *	4.19 (0.0009) *	0.737 (0) *
	P2	2.06 (0.0004) *	20.23 (0) *	18.72 (0) *	3.25 (0.0002) *	0.169 (0.230)
	F1	3.06 (0) *	47.17 (0) *	7.88 (0.005) *	8.38 (0.012) *	0.737 (0) *
	F2	4.06 (0.098)	0.407 (0.524)	14.82 (0.0001) *	3.03 (0.0002) *	0.061 (0.205)
B2	P1	5.06 (0.100)	2.34 (0.126)	37.50 (0) *	2.50 (0.0001) *	0.500 (0) *
	P2	6.06 (0) *	33.95 (0) *	42.71 (0) *	3.96 (0.0007) *	0.121 (0.627)
	F1	7.06 (0.029) *	0.016 (0.899)	63.51 (0) *	5.40 (0.0028) *	0.419 (0) *
	F2	8.06 (0.530)	0.003 (0.955)	7.05 (0.0079) *	2.99 (0.0001) *	0.015 (1.00)
E2	P1	9.06 (0.0005) *	5.94 (0.015) *	13.50 (0.0002) *	3.50 (0.0003) *	0.317 (0.0035) *
	P2	10.06 (0) *	66.25 (0) *	115.52 (0) *	5.41 (0.0028) *	0.043 (1.00)
	F1	11.06 (0) *	11.87 (0.0006) *	26.99 (0) *	7.00 (0.0071) *	0.317 (0) *
	F2	12.06 (0.037) *	0.950 (0.330)	17.57 (0) *	4.04 (0.0008) *	0.105 (0.0021) *

注： U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 ，均匀性检验； nW^2 ，Smirnov 检验； Dn ，Kolmogorov 检验。

表5 两组合遗传参数估计

Table 5 The estimates of genetic parameters in of two combinations

组合 1				组合 2			
一阶参数	估计值	二阶参数	估计值	一阶参数	估计值	二阶参数	估计值
m	4.47	σ_p^2	11.16	m	3.95	σ_p^2	12.11
d_a	-2.95	σ^2	0.042	d_a	-3.95	σ_f^2	0.059
d_b	-1.63	σ_f^2	0.096	d_b	-0.452	σ_{mg}^2	12.05
h_a	-2.95	σ_{mg}^2	11.07	h_a	-1.45	$h_{mg}^2/\%$	0.995
h_b	-1.34	σ_{pg}^2	0.054	h_b	-2.45		
$[d]$	0.084	$h_{mg}^2/\%$	0.991	i	0.452		
$[h]$	-0.119	$H_{pg}^2/\%$	0.005	j_{ab}	2.45		
				j_{ba}	-2.05		
				l	-0.048		

注： d_a -第 1 主基因的加性效应； d_b -第 2 主基因的加性效应； $[d]$ -多基因加性效应值； $[h]$ -多基因显性效应值。 σ_p^2 -表型方差； σ_f^2 -成分分布方差； σ_e^2 -环境方差； σ_{mg}^2 -主基因方差； σ_{pg}^2 -多基因方差； h_{mg}^2 -主基因遗传率； h_{pg}^2 -多基因遗传率。

在组合 Beinhart1000-1×小黄金 1025 中黑胥病抗性表明 2 对加性-显性-上位性主基因控制，即 B1 模型，其中，第 1 对主基因的加性效应是-3.95，显性效应是-1.45；第 2 对主基因的加性效应是-0.45，显性效应是-2.45。这表明加性效应是第 1 对主基因的主要影响因素，显性效应是第 2 对主基因的主要影响因素。在上位性效应中，加性效应和显性效应之间的互作效应较大，分别为 2.45 和-2.05。主基因的遗传率是 99.52%，抗性主要由遗传因素控制。

3 讨论

烟草黑胥病作为烟草的主要病害，综合多方面因素，培育抗病品种是最可行的办法。但长期使用

单一抗源导致其抗病性下降，发生抗病品种抗性丢失的危险，所以对新抗源的开发利用十分必要^[14]。因此在本试验中，对黑胥病重要的新抗源 Beinhart1000-1 进行了抗性遗传分析。

3.1 不同抗源黑胥病抗性的遗传规律比较分析

采用主基因+多基因混合遗传模型，根据表型就能判定遗传模型，这可为之后的基因定位提供依据，同时对育种亲本选择也有一定理论意义。目前利用该方法研究烟草叶数、株高、赤星病抗性等重要农艺性状遗传已经有所报道^[20-24]，但是，在黑胥病抗源 Beinhart1000-1 的抗性遗传研究中利用较少。根据烟草黑胥病抗性遗传之前的报道，由于所选材

料和方法的不同导致研究结果存在一定差异。黄文昌等^[25]用 Griffing 双列杂交法,对具有黑胫病抗感差异的 6 个烟草品种设计 36 个杂交组合,结果表明,显性效应是烟草黑胫病遗传的主要效应,加性效应也影响较多,同时受环境影响。蔡长春等^[26]利用白肋烟的抗黑胫病品种 Burley37(P1)和感黑胫病品种 Burley67(P2)配制 F1 代,通过花药培养得到 DH 群体,根据植物数量性状混合遗传模型主基因+多基因多世代联合分析法,其结果表明,主要由 2 对主基因和多基因来控制白肋烟的黑胫病抗性。李治国等^[27]利用经典遗传分析法,使用两个抗黑胫病品种 Florida301 和 Coker371-Gold 分别与感黑胫病品种红花大金元和大白筋 599 配对杂交,结果表明,对黑胫病抗性,Florida301 表现可能是不完全隐性,主要由 1 对隐性基因控制;Coker371-Gold 表现可能是不完全显性,抗性由 1 对或 2 对显性基因控制。与前人研究结果比较可知,黑胫病抗性遗传机制复杂,不同抗源间遗传规律不同,既受单基因控制,也受多基因控制。因此,在今后的研究中从分子水平上进一步发掘抗性基因对阐明黑胫病抗性遗传规律具有重要意义。

3.2 雪茄烟 Beinhart1000-1 在黑胫病抗性基因发掘与分子育种中具有重要价值

本研究显示,不同遗传材料组合下同一抗病材料黑胫病抗性遗传模型有所差异,因为 Samsun NN 和小黄金 1025 分别属于香料烟和烤烟两种不用类型,遗传差异较大。黑胫病抗性基因(尤其是效应较小的微效基因)的表达在不同的遗传背景下有所不同,存在一定的遗传背景影响。因此,在黑胫病抗性育种过程中,应注意同一黑胫病抗源在不同组合中的抗性表达差异,尽量将受环境和遗传背景影响小、效应值大的抗性位点聚合到改良品种中,提高抗黑胫病育种的效率。另一方面,两个组合的遗传分析都表明,烟草黑胫病抗源 Beinhart1000-1 携带两个主效基因。这说明这两个主效位点受遗传背景影响较小,具有重要的育种利用价值。主基因加多基因遗传模型分析和 BSA (Bulk Segregation

analysis) 的联合方法,是一种快速定位主效基因的有效策略。利用本研究确定了抗源的遗传方式和主效基因数目、效应值等遗传规律,在接下来的研究中可以利用 BSA 方法快速的确定主效位点的位置以及与之连锁紧密的分子标记,从而可以将其快速利用于分子标记辅助选择中。

4 结 论

本试验对烟草重要抗源 Beinhart1000-1 的黑胫病抗性采用主基因加多基因的遗传模型分析了其遗传规律,结果表明,烟草黑胫病抗性组合 1 中受两对加性-显性主基因+加性-显性多基因控制(E2),在组合 2 中受两对加性-显性-上位性主基因模型(B1),即烟草黑胫病抗性受两对主基因控制,同时也受基因和环境影响。本研究采用主基因+多基因混合遗传模型,依表型即可判断遗传模型,与前人黑胫病抗性 QTL 定位结果一致,因此遗传模型的确定可供后续的基因定位作为参考,同时对烟草黑胫病抗性育种也有一定意义。

参考文献

- [1] 赖传雅. 农业植物病理学(南方本)[M]. 北京:科学出版社,2003:157-161.
- [2] 杨建卿,江彤,承河元. 烟草病理学[M]. 合肥:中国科学技术大学出版社,2003:164-167.
- [3] 王志愿,姜清治,霍沁建. 烟草黑胫病的研究进展[J]. 中国农学通报,2010,26(21):250-255.
- [4] 朱贤朝,王彦亭,王智发. 中国烟草病害[M]. 北京:中国农业出版社,2001:21-22.
- [5] 陈瑞泰,朱贤朝,王智发,等. 全国 16 个主产烟省(区)烟草侵染性病害调研报告[J]. 中国烟草科学,1997,18(4):1-7.
- [6] HUNTER P, JONES P. Occurrence and distribution of races of *Phytophthora parasitica* var. *nicotianae* in dark tobacco[J]. Tobacco Abstracts, 1981(5): 463.
- [7] 朱贤朝,郭振业,刘保安,等. 山东省烟草黑胫病菌生理小种研究[J]. 植物病理学报,1987,17(2):90-95.
- [8] 朱贤朝,郭振业,刘保安,等. 烟草黑胫病菌(*Phytophthora parasitica* var. *nicotianae*)生理小种研究初报[J]. 中国烟草,1984(4):4-7.
- [9] 朱贤朝,郭振业,刘保安,等. 在山东省烟草黑胫病菌

- (*Phytophthora parasitica* var. *nicotianae*)中出现 0 和 1 号小种的分化[J]. 中国烟草, 1986(2): 8-10.
- [10] 朱贤朝, 郭振业, 刘保安, 等. 我国烟草黑胫病菌生理小种研究初报[J]. 中国烟草, 1987(4): 1-3.
- [11] 王智发, 刘延荣, 谢成颂, 等. 山东省烟草黑胫病菌生理小种初步鉴定[J]. 植物保护学报, 1985, 12(1): 51-55.
- [12] 王智发, 刘延荣, 谢成颂, 等. 我国烟草黑胫病菌生理小种鉴定[J]. 山东农业大学学报, 1987, 18(1): 1-8.
- [13] 李锡坤, 孔凡玉, 李锡宏, 等. 湖北省烟草黑胫病菌生理小种研究初报[J]. 中国烟草科学, 2011, 32(3): 84-88.
- [14] VONTIMITTA V, LEWIS R S. Mapping of quantitative trait loci affecting resistance to *Phytophthora nicotianae* in tobacco (*Nicotiana tabacum* L.) line Beinhart-1000[J]. Molecular breeding, 2012, 29(1): 89-98.
- [15] 张洁霞. 抗烟草黑胫病分子标记的筛选及抗性遗传规律的研究[D]. 长沙: 湖南农业大学, 2009.
- [16] 章元明, 盖钧镒, 王永军. 利用 P1, P2 和 DH 或 RIL 群体联合分离分析的拓展[J]. 遗传, 2001, 23(5): 467-470.
- [17] 章元明, 盖钧镒. 利用 DH 或 RIL 群体检测 QTL 体系并估计其遗传效应[J]. 遗传学报, 2000, 27(7): 634-640.
- [18] 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.
- [19] 胡中立, 章志宏, 章元明. 质量数量性状遗传参数估计的 P1, P2, DH 联合分析方法[J]. 作物学报, 2000, 26(5): 631-634.
- [20] 张兴伟, 王志德, 孙玉合, 等. 烤烟叶数、叶面积的遗传分析[J]. 植物遗传资源学报, 2012, 13(3): 467-472.
- [21] 尹天水, 王树会, 石磊. 烤烟烟叶钾含量的遗传分析[J]. 烟草科技, 2005(5): 34-38.
- [22] 高加明, 王志德, 张兴伟, 等. 香料烟青枯病抗性基因的遗传分析[J]. 中国烟草科学, 2010, 31(1): 1-4.
- [23] 郝贤伟, 徐秀红, 许家来, 等. 烤烟耐烤性遗传分析[J]. 中国农业科学, 2012, 45(23): 4939-4946.
- [24] 王毅, 林国平, 黄文昌, 等. 白肋烟烟碱、总氮含量及氮碱比的配合力与遗传力分析[J]. 中国烟草学报, 2007, 13(3): 52-56.
- [25] 黄文昌, 王毅, 蔡长春, 等. 烟草黑胫病抗性遗传分析[J]. 中国烟草科学, 2009, 30(增刊): 69-74.
- [26] 蔡长春, 张俊杰, 黄文昌, 等. 利用 DH 群体分析白肋烟黑胫病抗性的遗传规律[J]. 烟草科技, 2009(1): 54-59.
- [27] 李治国, 肖炳光, 于海芹, 等. 两个烟草品种对黑胫病抗性的遗传分析[J]. 云南农业大学学报, 2009, 24(6): 799-803.

《烟草科技》2017年第3期目次

硅对铅胁迫下烟草铅含量、形态和亚细胞分布的影响.....	李荟星, 徐宋萍, 郑明瑜, 等	1
河南省烟草根黑腐病菌的分子鉴定及致病性分析.....	边传红, 丁玥琪, 赵世民, 等	8
不同香型产区烤烟游离氨基酸含量及组成差异分析.....	董洪旭, 李小兰, 奚家勤, 等	15
玉溪烟田土壤 pH 和主要养分平均含量及变化特征.....	卜令铨, 李江舟, 张立猛, 等	23
保水剂对烤烟品种生长发育和生理特性的影响.....	陈芳泉, 邵惠芳, 王凯悦, 等	31
基于活性阈值的卷烟烟气中重要碱性香气成分剖析.....	陈芝飞, 杨 靖, 马宇平, 等	39
烟籽油对高胆固醇血症大鼠胆固醇代谢的影响.....	侯小东, 梁 惠, 张忠锋, 等	47
拉曼光谱法快速测定电子烟烟液中的 1,2-丙二醇和丙三醇.....	李 霞, 温宝英, 卢昕博, 等	52
响应面法优化漆酶降解梗丝木质素的工艺.....	于建军, 魏登辉, 田斌强, 等	57
二十烷/膨胀石墨复合相变材料的制备及其对卷烟滤嘴温度的调控.....	陈秋平, 谢国勇, 罗 玮, 等	65
基于卷烟温度检测技术的瞬时燃烧速率表征及燃烧锥区域特征分析.....	崔晓梦, 于川芳, 李海杰, 等	73
基于云推理的叶丝干燥筒壁温度预测方法.....	阴彦磊, 何邦华, 唐 军, 等	80
基于统计回归分析的松散回潮出口含水率精准控制系统.....	刘穗君, 王玉芳, 李 超, 等	88
YB47 型包装机商标纸导向滚压装置的改进.....	张成鹏, 张 鹏, 张 杰, 等	94