

大豆灰斑病菌小种与寄主间遗传学分析

胡国华 于风瑶 孙立文* 栾怀海 周顺启

(黑龙江农垦科学院红兴隆科研所)

摘 要

利用生物间遗传分析方法,对60个抗大豆灰斑病不同生理小种的材料进行鉴定分析。结果表明,60个材料中存在10个限定性抗性基因与10个限定性毒力基因。抗灰斑病菌的10个抗性基因,分别分散在2,3,4,5,6,7,9,13,14,16组中。有6个材料,钢辐85-47,H9674,202,90037,钢8463-3Hood抗全部的10个生理小种。

关键词 生物间遗传分析;大豆灰斑病;基因

大豆灰斑病是由真菌引起的一种病害。病菌具有高度的变异特性,可分化出许多生理小种^[6,7]。黄桂潮^[2]先后鉴别出11个生理小种,认为1,7,10号生理小种是黑龙江省优势小种。Athow等^[4]在抗性遗传研究中,认为美国的1号与2号生理小种的抗性分别受两个不同的独立显性基因RCS₁与RCS₂控制。张小刚等^[3]对中国1号与7号生理小种的抗性遗传研究中,认为二个独立的显性基因分别控制着1号与7号生理小种的抗性。

生物间遗传分析,是采用布尔代数的逻辑分析方法。它可以推断出寄主群体与病原物群体最少的抗性基因数目,并能分别确定其基因型,能推断出病原物基因型和寄主基因型相互作用所表现结合体的表现型。它对进一步了解灰斑病病菌与品种不同抗性之间的关系提供了理论依据,为抗病育种提供了理论基础。

材料与方法

1991—1993年连续3年在红兴隆科研所试验地种植60份抗不同大豆灰斑病生理小种的品系。每份20株,用中国大豆灰斑病菌10个生理小种(由东北农业大学提供)于7月上旬至8月上旬分2—3次直接用喷雾法接种。接种10—15天以后开始显症。调查叶片

* 工作单位:黑龙江红兴隆农技校

本文于1995年6月6日收到。

This paper was received on June 6, 1995.

发病的情况,调查标准按照 0—5 级标准目测进行,0 级为叶部无病斑;1 级叶部有 5 个以下直径<1mm 的病斑;2—5 级按照感病严重程度逐级划分。发病 1 级以下为抗,发病 2 级以上为感。生物间遗传分析采用 Loegring 提出的方法^[5]。先将抗病反应型转换为限定型 1,感病转换为非限定型 0。并根据寄主和病原物的限定型与非限定型基因定为 4 种互作方式:1p/1h=1a,1p/0h=0a,0p/1h=0a,0p/0h=0a。由表现型(a)推断寄主和病原物的基因型。上式中 p 代表病原物基因型,h 代表寄主基因型,a 代表结合体;p/h=a 代表病原物基因型和寄主基因型相互作用所表现结合体的表现型。

结果与分析

在田间用 10 个灰斑病菌生理小种,对 60 份大豆材料进行接种鉴定。表 1 显示了把侵染型 1 级以下合并为 1(限定的),将 2 级以上列为 0(非限定的)。按 0,1 模式相同的归类分组。把 0 数目最多的放在最前面,这样可将 60 份材料分为 23 组。其中 1 组是感染全部 10 个生理小种;而 23 组是抗全部 10 个生理小种。

表 1 按 0,1 模式归类的大豆品系对灰斑病不同生理小种的反应

Table 1 The reaction of different races of frogeye for soybean lines according to 0,1 model

组别 Groups	品 系 Lines	组别 Groups	品 系 Lines	组别 Groups	品 系 Lines
1	东农 71-832,合 82-627	6	H50,H40,H44,H36	15	Capital
	绥 82-14,吉林 19	7	H27	16	165,8079
	Blackhawk,Comet	8	S86-44-8,红丰 7 号	17	H25
	Mandarin,合丰 23		红丰 9 号	18	Hampton
	B152 等 25 个品系	9	九农 1 号	19	Lee
2	768	10	Bragg	20	166,8090
3	H31,钢 8370-37,合丰 22	11	Roanoke	21	钢 5151
	H38,Wabash	12	770	22	钢辐 83-29
4	H35	13	S86-51-21	23	钢辐 85-47,H9674
5	钢 8168-9	14	S86-19-7		202,90037,钢 8463-3

生物间遗传分析结果表明,在 60 个供试材料中,存在 10 个限定性的抗性基因 1h₁-1h₁₀;在病菌的群体中存在 10 个限定性的毒力基因 1p₁-1p₁₀(见表 2)。10 个限定性的基因中,6 号与 9 号小种分别只具有 1p₇ 或 1p₁₀ 一个基因;1,2,5,7 和 10 号分别有可能存在二个毒力基因。一个毒力基因是已知的,由 1p 表示;而另一个基因前面已定,所以是未知的,由 ? p 表示。余下的生理小种可能存在三个毒力基因。黑龙江 3 个优势小种可能主要有 1p₁,1p₄,1p₈,1p₉,1p₁₀ 五个毒力基因组成。其 1 号小种除存在 1p₁ 以外,有可能存在 1p₉;7 号小种除存在 1p₈ 以外,有可能存在 1p₁₀;其 10 号小种除存在 1p₄ 以外有可能存在 1p₈(见表 2)。

由病菌寄主基因型与结合体表现型分析可知(见表 3),10 个限定性抗性基因分别存

表 2 大豆灰斑病菌生理小种毒力基因型

Table 2 The toxicity-genotypes of soybean frogeye spot pathogenic races

生理小种 Races	毒力基因型 Toxicity-genotypes									
	P ₁	P ₂	P ₃	P ₄	P ₅	P ₆	P ₇	P ₈	P ₉	P ₁₀
1	1	0	0	0	0	0	0	0	?	0
2	0	0	0	0	0	1	0	0	0	?
3	0	0	1	0	0	?	0	0	?	0
4	0	1	0	0	0	0	0	?	0	?
5	0	0	?	0	1	0	0	0	0	?
6	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
7	0	0	0	0	0	0	0	1	0	?
8	0	0	0	0	0	0	?	0	1	?
9	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
10	0	0	0	1	0	0	0	?	0	0

表 3 大豆灰斑病寄主基因型与结合体表现型

Table 3 The host-genotypes and combination-phenotypes of soybean frogeye spot

组别 Groups	寄主基因型 Host-genotypes										结合体表现型 Combination-phenotypes									
	h1	h2	h3	h4	h5	h6	h7	h8	h9	h10	生理小种 Races									
1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
2	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1a ₁	0	0	0	0	0	0	0	0	0
3	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1a ₂	0	0	0	0	0	0
4	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1a ₃	0	0	0	0	0	0	0
5	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1a ₄
6	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1a ₅	0	0	0	0	0
7	0	0	?	0	0	1	0	0	0	0	0	1a ₆	0	0	0	0	0	0	0	0
8	0	?	0	?	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
9	0	0	0	0	0	0	1	0	?	0	0	0	0	0	0	1a ₇	0	1	0	0
10	?	0	?	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
11	0	?	?	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
12	?	?	0	?	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1
13	0	?	0	?	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1a ₈	0	0	1
14	?	0	?	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	1a ₉	0	0
15	?	?	?	0	0	?	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0
16	0	?	0	0	?	?	0	?	?	1	0	1	0	1	1	0	1	1	1a ₁₀	0
17	?	?	0	0	?	?	0	?	0	?	1	1	0	1	1	0	1	0	1	0
18	?	?	?	0	0	?	0	?	0	?	1	1	1	1	0	0	1	0	1	0
19	?	?	?	?	0	?	0	0	0	?	1	1	1	1	0	0	0	0	1	1
20	?	?	0	?	0	0	?	?	?	?	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1
21	?	?	?	?	?	?	?	?	0	?	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1
22	?	?	?	?	0	?	?	?	?	?	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1
23	?	?	?	?	?	?	?	?	?	?	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1

在 2,3,4,5,6,7,9,13,14,16 组中。在这 10 个组中,2,3,4,5,6 组只有 1 个抗性基因,分别为 1h₁,1h₂,1h₃,1h₄,1h₅。而其它 5 个组除分别具有基因 1h₆,1h₇,1h₈,1h₉,1h₁₀外,同时还

可能具有其它的抗性基因。1 组对所有小种都感染,不具有任何抗性基因;而 23 组的 6 个品系抗全部 10 个生理小种。它们是钢辐 85-47, H9674, 202, 90037, HOOD, 钢 8463-3; 在 17-22 组,因为它们的抗性基因可能与已确定的基因相同,所以不能再行确定。

讨 论

1. 布尔代数生物间的遗传分析。从病菌与寄主群体之间讨论抗性的反应,具有一定的理论与实际的意义。病害发生是由于植物寄主体本身与病菌相互作用的结果。通过遗传分析,使我们对品种所具有的基因型有了进一步的了解,对抗性资源的利用具有一定的价值。

2. 大豆灰斑病具有高度的变异性。黑龙江省推广的抗病品种绥农 8 号的抗性丧失,就是一个明显的例子。所以可以利用 10 个具有抗性基因型组,对自然病菌生理小种的变化进行预测。

3. 长期以来,一直对灰斑病生理小种混合接种持有不同的观点。利用遗传分析所得的基因型,也可以对生理小种混合接种作出进一步的判断,判断小种之间是否存在拮抗作用或是某一小种起着优势作用。

4. 60 份材料分析中,17 组以下与其它一些组有可能存在已确定基因的相同基因。对于基因之间的同位性有待进一步测定,以便对这些材料的基因型进一步的了解与拓宽。生物间的遗传分析只是理论上的一种推断,但它对实践具有一定的指导意义,也是一个切实可行的分析方法。

参 考 文 献

- [1] 刘忠堂, 1985. 解决我省东部地区大豆灰斑病的途径, 黑龙江农业科学, (1): 20-23
- [2] 黄桂潮等, 1984. 大豆灰斑病菌生理小种鉴定结果初报, 大豆科学, 3(3): 231-234
- [3] 张小刚, 1991. 大豆对灰斑病的抗性遗传研究, 东北农业大学博士论文
- [4] Athow, K. L., et al., 1952. The inheritance of resistance to frogeye leaf spot of soybeans. Phytopathology, 42: 660-662
- [5] Loegring, W. Q. 1978. Current concepts of interorganismal genetics. Ann. Rev. Phytopathol. 16: 309-320
- [6] Athow, K. L. 1987. Fungal diseases. In "Soybeans: improvement, production and uses" 2nd. Wilcox, J. R. p687-727
- [7] Yorinor, J. T. 1980. Frogeye leaf spot of soybean. In "World soybean research conference IV" p1275-1280

THE BIOTIC GENETIC ANALYSIS FOR SOYBEAN RESISTANCE TO FROGEYE SPOT

Hu Guohua Yu Fengyao Sun Liwen Luan Huaihei Zhou Shunqi

*(Hongxinglong Research Institute, Heilongjiang Academy of
Agriculture Reclamation Science, Youyi 155811)*

Abstract

60 lines of resistance to different races of soybean frog-eye spot were determined with the biotic genetic analysis. There were 10 determinate resistant genes and 10 toxicity genes in 60 lines. The 10 resistant genes of resistance to frog-eye spot located group No. 2, 3, 4, 5, 6, 7, 9, 13, 14 and 16. There were 6 lines, Gangfu85-47, H9674, 202, 90037, Gang8463-3 and Hood resistance to all 10 races of frog-eye spot in China.

Key words Biotic genetic analysis; Soybean frog-eye spot; Gene