

大豆抗食叶性害虫遗传的初步研究^{*}

孙祖东^{**} 盖钧镒^{***} 崔章林

(南京农业大学大豆研究所 农业国家大豆改良中心 南京 210095)

摘 要

在田间自然虫源条件下,大豆对食叶性害虫综合抗性的遗传表现为 一对主基因 + 多基因的遗传模式,抗性表现为显性。F₂ 群体与 F₂ 家系抗虫性分离相当明显,根据 F₂ 家系估计的主基因遗传率比根据 F₂ 群体估计的主基因遗传率要高,分别是 65.38% 和 48.19%。对 F₂ 个体和 F₂ 家系的主基因基因型分类作了估计。

关键词 大豆;食叶性害虫;抗性遗传;主基因+多基因混合遗传

国际上大豆抗食叶性害虫研究始于 60 年代后期。在美国重要大豆食叶性害虫包括黎豆夜蛾、大豆尺夜蛾、墨西哥豆甲、烟芽夜蛾、绿三叶螟、玉米穗螟等^[7-11]。Van Duyn 等 (1971),于 1968-1969 年在美国以小区叶片损失率为指标,利用自然虫源鉴定大豆品种对墨西哥豆甲的抗性,由此获得了 PI171451, PI227687, PI229358 三份抗性资源。进一步研究证实,这三份 PI 抗原对玉米穗螟、烟芽夜蛾、大豆尺夜蛾、黎豆夜蛾等多种大豆食叶性害虫也具有抗性。以后在美国、印度、埃及、澳大利亚等国进行了大量的大豆资源对食叶性害虫抗性的鉴定工作,分别获得一批抗性资源。

Sisson 等报道, PI227687 和 PI229358 对墨西哥豆甲的抗性属数量遗传,但指出它们的抗虫性主要受 2 对或 3 对加性主效等位基因控制^[11]; Kilen 等研究了 Davis 与 PI229358 杂交后代的抗虫性表现,指出 PI229358 的抗虫性受少数几对主效等位基因控制^[7]; Kilen 等研究了 PI171451、PI227687 和 PI229358 相互间杂交 F₂ 群体内出现对黎豆夜蛾表现高感、中等和抗的不同反应,认为三者均携带有至少一对抗性基因异于其余二者所携带的抗性基因,并认为它们可以用来合成抗虫基因库,从中可能选择到抗性水平更高的选系^[8]。Hartwig 等 (1984)最早在美国开展大豆抗食叶性害虫育种工作,以 PI229358 为抗虫亲本,通过杂交方法转育抗虫性,育成了第一个抗食叶性害虫的大豆品系 D75-1069。Burton 等用修饰回交育种方法,以 PI229358 为抗虫性供体亲本,选育出对墨西哥豆甲、玉米

* 国家自然科学基金项目 3950094

** 现在广西农科院经济作物研究所工作,南宁 530007

*** 联系作者

收稿日期 1998-10-05 Received on Oct. 5, 1998

穗螟和大豆尺夜蛾表现抗性的品系 N80- 53021 N79- 2282和 N80- 50232 Kilen等用 PI171451 PI227687 PI229358为亲本选育出一批抗虫新材料 D90- 7216 D90- 9220等。在美国,两个广谱性抗食叶性害虫大豆新品种 Lamar和 Crockett已于 80年代末育成并推广使用。

我国大豆抗食叶性害虫研究起步较晚。崔章林、盖钧铭等^[1],通过 1983- 1984年和 1990- 1994年黑光灯诱蛾、大豆田间食叶性害虫普查和种群结构调查与分析,明确南京地区大豆食叶性害虫有来自鳞翅目、直翅目、鞘翅目、同翅目和半翅目的 21个科 49个种,其中豆卷叶螟、大造桥虫、斜纹夜蛾和大豆毒蛾是最重要虫种。同时提出了在南京生态条件下,利用自然虫源在大豆食叶性害虫发生为害期间(8月 10日 - 9月 20日)用目测田间抗性指数的方法进行大豆抗食叶性害虫的鉴定。在此基础上,提出以变异系数为权重,用加权平均数综合多次观察值并与标准品种相比较的方法进行抗性分级,所获结果具有较好的年度间相关性。他们经过 6年鉴定,从 6724份国内外大豆资源中,发掘出对南京地区大豆食叶性害虫表现抗性的大豆资源 20份,表现感性的 12份。本研究的目的是在南京地区研究大豆对食叶性害虫综合抗性的遗传。

材料和方法

通过多年的鉴定和筛选,从中选出高感亲本 Williams(N117- 1, P)和高抗亲本栾川城关春小黑豆(N5052- 2, P₂)于 1992年配成杂交组合,代号为 A08 1993年种植 F₁ 1994年种植 F₂,各 F₂均单株收获。1995年种植 P、P₃、F₁、F₂和 F₂₋₃家系,行长 2.0m 行距 0.5m。本试验在南京农业大学江浦试验站进行,全部材料于 6月 19日播种,在整个大豆生长期,不治虫,利用田间自然发生的虫源进行抗性鉴定。

1995年南京农业大学江浦试验站发生的食叶性害虫主要有大造桥虫、斜纹夜蛾、大豆毒蛾、豆卷叶螟等,且为害严重。本研究以叶面损失率为指标,用以衡量大豆食叶性害虫为害的程度,在害虫发生为害后期,于 9月 20日目测鉴定各世代的受害情况(叶面积损失百分率)。

遗传分析根据王建康、盖钧铭^[4-6]提出的主基因-多基因混合遗传模型进行。

结果与分析

1 利用图形分析法初步鉴定抗虫性的遗传模型

在田间自然虫源条件下, P、F₁、P₂平均叶面积损失率分别是 50%、35%、30%,杂种一代的抗虫性表现明显偏向于抗虫亲本 P₂,抗虫性表现为显性。

在田间自然虫源条件下, F₂群体及 F₂₋₃家系对食叶性害虫抗性的次数分布见表 1 图 1和图 2。

F₂群体和 F₂₋₃家系抗虫性分离相当明显,叶面积损失率变化幅度较大, F₂在 18.0% - 68.0%之间, F₂₋₃在 31.8% - 58.2%之间。图形分析表明, F₂群体的次数分布出现两个

明显的峰,一个峰较高,另一个峰较低,与王建康等 (1996)^[6]的图形 2a. 3- 2d. 3 3a. 3- 3d. 3 4a. 3- 4d. 3相似,主基因遗传率估计在 0. 6- 0. 7之间。F₂ 3家系平均数分布与 F₂ 群体的分布具有同样的特征,主基因的遗传率估计在 0. 65- 0. 75之间,该组合抗食叶性害虫的遗传可能存在着一对主基因

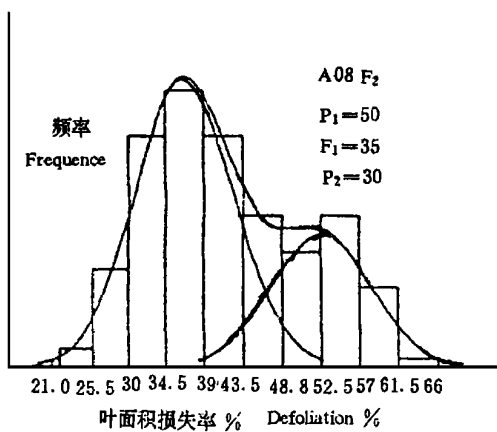


图 1 组合 A08 F₂群体叶面积损失率次数分布图

Fig. 1 Frequency distribution of defoliation of F₂ of cross A08

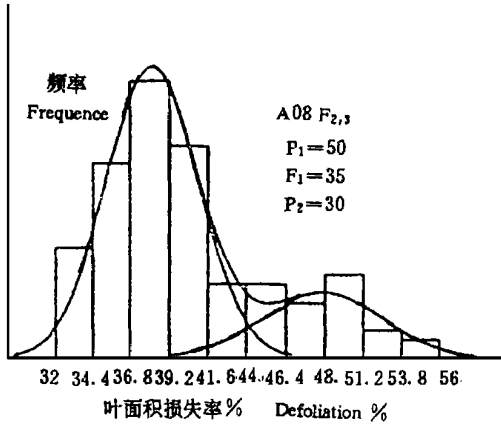


图 2 组合 A08 F₂ 3家系叶面积损失率次数分布图

Fig. 2 Frequency distribution of defoliation of F₂ 3 of cross A08

表 1 William× 栎川城关春小黑豆 F₂ F₂ 3叶面积损失率的次数分布

Table 1 Frequency distributions of defoliation in F₂ and F₂ 3 of the cross of William× RCCGC (designated as A08)

F ₂ 群体 F ₂ group			F ₂ 3家系 F ₂ 3 families		
叶面积损失率 (%)	频率 Frequency		叶面积损失率 (%)	频率 Frequency	
Defoliation	株数 No. plants	%	Defoliation	家系数 No. families	%
18. 0- 23. 0	1	0. 65	31. 8- 34. 2	12	9. 76
23. 0- 28. 0	10	6. 49	34. 2- 36. 6	21	17. 07
28. 0- 33. 0	25	16. 23	36. 6- 39. 0	30	24. 39
33. 0- 38. 0	34	22. 08	39. 0- 41. 4	23	18. 70
38. 0- 43. 0	26	16. 88	41. 4- 43. 8	8	6. 50
43. 0- 48. 0	19	12. 34	43. 8- 46. 2	8	6. 50
48. 0- 53. 0	15	9. 74	46. 2- 48. 6	6	4. 88
53. 0- 58. 0	19	12. 34	48. 6- 51. 0	9	7. 32
58. 0- 63. 0	4	2. 60	51. 0- 53. 4	3	2. 44
63. 0- 68. 0	1	0. 65	53. 4- 55. 8	2	1. 63
			55. 8- 58. 2	1	0. 81
合计 Total	154	100. 00	合计 Total	123	100. 00

2 利用分离分析法鉴定抗虫性遗传模型

应用王建康和盖钧铭 (1995)^[5]提出的主基因 - 多基因复合遗传模型分析方法,对 F₂

群体和 F_{2-3} 家系进行遗传分析。根据 AIC值, F_2 群体和 F_{2-3} 家系是由两个成份分布组成的混合分布(图 1 图 2),说明 AA与 Aa重叠,结果见表 2

经 χ^2 测验, F_2 群体和 F_{2-3} 家系的两个成分分布均符合 3: 1 的分离比 ($F_{2\chi^2}= 3. 24, P= 0. 072; F_{2-3\chi^2}= 0. 349, P= 0. 530$),说明该组合的抗性遗传模式是一对主基因加多基因的遗传,并且抗性表现为显性。但 $\sigma_{pg}^2、h_{pg}^2$ 与 $\sigma_e^2、h_e^2$ 混杂尚不能区分。

表 2 F_2 及 F_{2-3} 家系混合分布中参数的极大似然估计

Table 2 Maximum likelihood estimates of parameters of F_2 and F_{2-3} mixture distributions									
世代 Generation	成分分布 Component distribution	权重 Weight	均值 Mean (%)	方差 Variance	世代 Generation	成分分布 Component distribution	权重 Weight	均值 Mean (%)	方差 Variance
F_2	1	0.68	36.3	34.04	F_{2-3}	1	0.77	38.1	8.26
	2	0.32	52.3	34.04		2	0.23	48.7	13.85

由于 AA与 Aa重叠,假定 F_2 和 F_{2-3} 成分分布 1所代表有 F_2 主基因基因型是 AA+ Aa,成分分布 2所代表的 F_2 主基因基因型是 aa,则可以根据 F_2 和 F_{2-3} 的表型值对其主基因基因型进行归类,以 $P= 0. 05$ 为标准,结果见表 3 其遗传效应和遗传率见表 4

表 3 由 F_2 及 F_{2-3} 表型推测的 F_2 个体主基因基因型的后验概率归类

Table 3 The posterior probability classification of major gene genotypes of F_2 individuals from the F_2 and F_{2-3} phenotypes

世代 Generation	表型值 Phenotypic value	后验概率 Posterior probability		估计的 F_2 基因型 Estimated F_2 genotype
		成分分布 1 Component 1	成分分布 2 Component 2	
F_2	21. 0– 39. 0	1. 000– 0. 966	0. 000– 0. 034	AA+ Aa
	40. 0– 46. 0	0. 946– 0. 507	0. 054– 0. 493	AA+ Aa, aa
	48. 0– 52. 0	0. 286– 0. 057	0. 714– 0. 943	aa, AA+ Aa
	53. 0– 66. 0	0. 036– 0. 000	0. 964– 1. 000	aa
F_{2-3}	32. 0– 41. 0	1. 000– 0. 962	0. 000– 0. 038	AA+ Aa
	42. 0– 44. 0	0. 907– 0. 563	0. 093– 0. 403	AA+ Aa, aa
	45. 0– 46. 0	0. 304– 0. 123	0. 696– 0. 877	aa, AA+ Aa
	47. 0– 56. 0	0. 042– 0. 000	0. 958– 1. 000	aa

表 4 由 $F_2、F_{2-3}$ 估计的主基因遗传效应和遗传率

Table 4 Genetic effect and heritability value of the major gene estimated in F_2 and F_{2-3}

世代 Generation	平均 Mean	加性效应 d(%)	主基因遗传方差 σ_{mg}^2	主基因遗传率 h_{mg}^2 (%)
F_2	41.4	9.60	43.20	48.19
F_{2-3}	40.5	6.40	19.18	65.38

根据 $F_2、F_{2-3}$ 世代估计的加性效应分别是 9.60%和 6.40%,两世代分别估计的遗传效应相近,这表明,在该组合的后代中进行选择,一对主基因的效果可以减低 6.4% – 9.6%的叶面积损失,进一步的改良将依赖于多基因的积累

F_2 世代中主基因遗传率为 48.19%, F_2 世代中主基因遗传率为 65.38%, 由 F_2 世代的表型判别 F_2 主基因基因型的效果高于由 F_2 植株表型的判别效果。

本研究只对 F_2 及 F_2 做了单世代分析,所能提供的遗传信息限于以上所述及的方面,若能加上 P 、 $P \times F$ 世代进行联合分析,则将可提供多基因的遗传效应估计及多基因的遗传率,从而明确多基因变异所占的份量及多基因选择的遗传进度。本研究只是一个组合的结果,对抗食叶性害虫遗传变异的全面了解将有待于更多抗、感亲本间的遗传研究。此外,在本试验中,大豆抗食叶性害虫的遗传表现是对田间自然虫源综合虫种抗性遗传的综合结果。要研究大豆对单种食叶性害虫抗性的遗传规律,必须在网室中利用人工接虫的方法进行。

参 考 文 献

- [1] 崔章林, 盖钧铭, 吉东风, 任珍静, 1997, 南京地区大豆食叶性害虫种类调查与分析, 大豆科学, 16(1): 12- 20
- [2] 盖钧铭, 崔章林, 1997, 大豆抗食叶性害虫育种的鉴定方法与指标, 作物学报, 23(4): 400- 407
- [3] 姜长鉴, 莫惠栋, 1995, 质量 - 数量性状的遗传分析IV. 极大似然法的应用, 作物学报, 21(6): 641- 648
- [4] 王健康, 盖钧铭, 1997, 利用杂种 F_2 世代鉴定数量性状主基因混合遗传模型并估计其遗传效应, 遗传学报, 24(5): 432- 440
- [5] 盖钧铭, 王健康, 1998, 利用回交或 F_2 家系世代鉴定数量性状的基因 - 多基因混合遗传模型, 作物学报, 21(4): 402- 409
- [6] 王健康, 1996, 数量性状主基因 - 多基因混合遗传模型的鉴定和遗传参数估计的研究, 南京农业大学博士学位论文
- [7] Kilen, T. C., J. H. Hatchett and E. E. Hartwig. 1977, Evaluation of early generation soybeans for resistance to soybean looper. Crop Sci. 17: 397- 398
- [8] Kilen, T. C. and L. Lambert, 1986, Evidence for different genes controlling insect resistance in three soybean genotypes. Crop Sci. 26(6): 869- 871
- [9] Lambert, L., T. C. Kilen. 1984, Multiple insect resistance in several soybean genotypes. Crop Sci. 24: 887- 890
- [10] Mebrahtu, T., W. J. Kenworthy and T. C. Elden. 1990, Genetic study of resistant Mexican bean beetle in soybean lines. Journal of Genetics and Breeding, 44(1): 7- 12
- [11] Sisson, V. A., P. A. Miller, W. V. Campbell and J. W. Van Duyn, 1976, Evidence of inheritance of resistance to the Mexican bean beetle in soybeans. Crop Sci. 16: 835- 837

PRELIMINARY STUDIES ON INHERITANCE OF RESISTANCE OF SOYBEANS TO LEAF- FEEDING INSECTS

Sun Zudong Gai Junyi Cui Zhanglin

(*Soybean Research Institute of Nanjing Agricultural University, Ministry
Agriculture National Center of Soybean Improvement, Nanjing 210059*)

Abstract

The inheritance of resistance of soybeans to the natural population of leaf- feeding insects was studied in the field. One major gene plus polygene mixed inheritance model was detected. The heritability estimated from $F_2 \times 3$ families (65. 38%) was greater than that from F_2 population (48. 18%), and resistance was dominant. The major gene genotype of individual F_2 and $F_2 \times 3$ was classified into according to their posterior probability.

Key words Soybean; Leaf- feeding insects; Inheritance of resistance; Major gene plus polygene mixed inheritance