

## 两个烟草赤星病抗源的遗传分析

冯莹<sup>1</sup>, 蒋彩虹<sup>1</sup>, 程立锐<sup>1</sup>, 杨爱国<sup>1</sup>, 郑吉云<sup>1</sup>, 赵清海<sup>2</sup>, 杨修峰<sup>2</sup>, 尹华玲<sup>3</sup>, 冯全福<sup>1\*</sup>

(1.烟草行业烟草基因资源利用重点实验室, 中国农业科学院烟草研究所, 青岛 266101; 2.山东潍坊烟草有限公司诸城分公司, 山东 诸城 262200; 3.云南省烟草公司楚雄州公司双柏县分公司, 云南 双柏 675100)

**摘要:** 以高抗赤星病烟草品种净叶黄 (JYH)、Beinhart1000-1 (Beinhart) 和感病品种 NC82 为材料分别构建了 2 个杂交组合的 P<sub>1</sub>、P<sub>2</sub>、F<sub>1</sub>、F<sub>2</sub> 四世代群体, 成熟期赤星病菌人工接种鉴定后, 采用主基因+多基因混合遗传模型对 JYH 和 Beinhart 两个材料进行抗性分析, 结果表明, 两者的赤星病抗性均受两对加性-完全显性主基因+加性-显性多基因控制。组合 1 的加性效应以第 1 对主基因为主, 且多基因的加性效应大于显性效应; 组合 2 的两对主基因负向加性效应相等, 且多基因的显性效应大于加性效应; 2 个组合 F<sub>2</sub> 群体主基因遗传率分别为 64.72% 和 63.88%, 表明赤星病的抗性遗传以主基因效应为主, 并且受环境影响较大。

**关键词:** 烟草; 赤星病; 主基因+多基因; 遗传分析

中图分类号: S572.03

文章编号: 1007-5119 (2015) 05-0001-07

DOI: 10.13496/j.issn.1007-5119.2015.05.001

## Genetic Analysis of Resistance to Brown Spot Disease in Tobacco Cultivars Jingyehuang and Beinhart1000-1

FENG Ying<sup>1</sup>, JIANG Caihong<sup>1</sup>, CHENG Lirui<sup>1</sup>, YANG Aiguo<sup>1</sup>, ZHENG Jiyun<sup>1</sup>, ZHAO Qinghai<sup>2</sup>,  
YANG Xiufeng<sup>2</sup>, YIN Hualing<sup>3</sup>, FENG Quanfu<sup>1\*</sup>

(1. Key Laboratory for Tobacco Gene Resources, Tobacco Research Institute, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Qingdao 266101, China; 2. Zhucheng Branch of Weifang Tobacco Co., Ltd., Zhucheng, Shandong 262200, China; 3. Shuangbai Branch of Chuxiong Tobacco Company, Shuangbai, Yunnan 675100, China)

**Abstract:** Tobacco cultivar/line Jingyehuang, named JYH, and Beinhart1000-1, named Beinhart, have shown effective resistance to brown spot disease. In this study, populations of P<sub>1</sub>, P<sub>2</sub>, F<sub>1</sub>, and F<sub>2</sub> were generated as experimental materials from two crosses between the two cultivars and susceptible cultivar NC82. The joint segregation analysis method of mixed major gene plus polygene genetic model was used to investigate the inheritance of resistance to brown spot disease in tobacco. The results showed that the inheritances of both JYH and Beinhart fitted to a mix genetic model of two major genes with additive-complete dominance effects plus poly-genes with additive-dominance effects (E-5 model). For high resistance material JYH, the additive effect of the first major gene was larger than the second one. For high resistance material Beinhart, the additive effect of two major genes was equal. Heritability of the major genes was 64.72% in JYH×NC82, and 63.88% in Beinhart×NC82 in F<sub>2</sub>, indicating that resistances to brown spot disease in tobacco cultivars JYH and Beinhart were mainly controlled by major genes.

**Keywords:** tobacco; brown spot disease; major gene plus poly-gene; genetic analysis

烟草是我国重要的叶用经济作物, 整个生育期易受多种真菌类病害侵袭<sup>[1]</sup>。由交链孢菌引起的赤星病[*Alternaria longipes* (Ellet Ev.) Tisdale et Wadk]作为一种烟草成熟期真菌病害, 在各烟区普遍发生, 直接影响烟叶的产量和品质<sup>[2]</sup>, 造成严

重经济损失<sup>[3-4]</sup>。考虑到降低农药残留及保护环境, 培育烟草赤星病抗病品种是最为经济有效的方法<sup>[5]</sup>。国内外专家对此开展了一系列研究<sup>[6]</sup>。Chaplin 等<sup>[7]</sup>认为雪茄烟品种 Beinhart 的赤星病抗性是由单基因控制的部分显性遗传。从河南地方

基金项目: 公益性行业 (农业) 科研专项项目 (201203091); 中国烟草总公司科技重大专项项目 [110201301009 (JY-09)]

作者简介: 冯莹 (1988-), 女, 在读硕士研究生, 研究方向: 作物遗传育种。E-mail: fyacang@sina.com。\*通信作者, E-mail: quanff@163.com

收稿日期: 2015-04-29

修回日期: 2015-09-16

品种长脖黄选育的烟草品种净叶黄 (JYH) 高抗赤星病<sup>[8]</sup>。王素琴等<sup>[9]</sup>用 JYH 与 12 个感病品种杂交后得到的多数 F<sub>2</sub> 群体病情指数呈现 1:2:1 的质量遗传, 且抗病性由显性基因控制。

盖钧镒等<sup>[10]</sup>研究的主基因+多基因混合遗传模型可以准确估算基因效应和方差等遗传参数。该模型已在大豆豆腐和豆乳得率<sup>[11]</sup>、黄瓜抗黑星病<sup>[12]</sup>、菊花花器性状<sup>[13]</sup>、玉米株高<sup>[14,15]</sup>、小麦<sup>[16]</sup>、青花菜花球荚叶性状<sup>[17]</sup>、烟草部分烘烤及农艺性状<sup>[18-24]</sup>等方面得到应用, 但是在烟草抗赤星病多抗源遗传分析上尚未可见。已报道的烟草赤星病抗性遗传结果均采用传统分析方法, 本试验利用 2 份抗病材料 (JYH、Beinhart) 和 1 份感病材料 (NC82) 分别构建的 P<sub>1</sub>、P<sub>2</sub>、F<sub>1</sub>、F<sub>2</sub> 四世代分离群体, 运用主基因+多基因模型分析烟草抗赤星病的遗传规律, 为烟草抗赤星病育种创新及抗病等研究提供理论依据和实践经验。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

2 份抗病材料为国内烤烟品种 JYH 和美国雪茄烟品种 Beinhart; 1 份感病材料为烤烟品种 NC82。种子均由国家烟草中期库提供。利用上述 3 份材料配制两个杂交组合。组合 1 以 JYH (P<sub>1</sub>) 为母本, NC82 (P<sub>2</sub>) 为父本, 构建 F<sub>1</sub>、F<sub>2</sub> 群体; 组合 2 以 Beinhart (P<sub>1</sub>) 为母本, NC82 (P<sub>2</sub>) 为父本, 构建 F<sub>1</sub>、F<sub>2</sub> 群体。两个组合、4 世代试验材料 (表 1) 播种于中国农业科学院烟草研究所青岛试验基地。

表 1 两组合各世代材料数  
Table 1 The Number of each generation of two combinations

组合	世代			
	P1	P2	F1	F2
组合 1	20	22	43	162
组合 2	22	22	40	189

### 1.2 试验方法

1.2.1 成熟期赤星病人工接种鉴定 参照蒋彩虹的<sup>[25]</sup>方法完成菌液制备、接种、病情划分。

1.2.2 遗传分析 采用混合遗传模型多世代联合分离分析方法<sup>[26]</sup>进行数据遗传分析, 建立 A-E 5 类共 24 种遗传模型。通过最大似然法和 IECM (Iterated expectation and conditional maximization) 估计各世代、各成分分布的参数, 然后通过 AIC (Akaike's information criterion) 值最小原则选择最佳模型, 同时进行一系列适合性检验, 包括均匀性  $U_1^2$ 、 $U_2^2$ 、 $U_3^2$  检验, Smirnov ( $nW^2$ ) 和 Kolmogorov ( $D_n$ ), 选择最优遗传模型。从而估计各基因效应值、各组合的遗传效应、误差方差  $\sigma^2$ , 成分分布方差  $\sigma_f^2$ , 群体表型方差  $\sigma_p^2$ , 并计算主基因和多基因的遗传方差 ( $\sigma_{mg}^2$ 、 $\sigma_{pg}^2$ ) 和遗传率 ( $h_{mg}^2$ 、 $h_{pg}^2$ )。

## 2 结果

### 2.1 两组合 4 世代赤星病病级的次数分布

分别对组合 1 和组合 2 的四世代群体进行成熟期人工接种赤星病菌, 调查各世代单株病级。两组合 4 世代赤星病抗性病级次数见图 1 和图 2。两组合抗性分离表现及卡方检验见表 2。

对两个抗源与 NC82 进行赤星病抗性显著性检测, 结果显示 JYH 与 Beinhart 表现抗病, 与感病亲本 NC82 差异极显著 ( $P < 0.01$ )。JYH 的单株病级多集中在 1 级, 表现为高抗赤星病; Beinhart 的单株病级 0、1、2 级均有分布, 同样也表现为高抗。组合 1 的 F<sub>1</sub> 代的平均病级为 2.60, 倾向于感病; 组合 1 的 F<sub>2</sub> 群体呈现单峰较明显的偏态分布, 赤星病的抗性遗传表现出主基因特征, 初步推测受主基因加多基因共同控制; 但卡方检测结果表明, 杂交 F<sub>2</sub> 代抗病单株与感病单株的分离比符合两对互补基因理论分离比 (9:7) (表 2), 因此, 需要利用混合遗传模型对其抗性遗传进一步分析和验证。组合 2 的 F<sub>1</sub> 代的平均抗病级别为 2.20, 倾向于抗病。F<sub>2</sub> 群体单株病级在低值和高值呈现双峰分布, 赤星病的抗性表现出主基因遗传特征。F<sub>2</sub> 代抗病单株与感病单株的比例约为 0.97:1 (表 2), 卡方检测结果表明该分离比均不符合一对基因 (3:1)、两对互补基因 (9:7) 或两

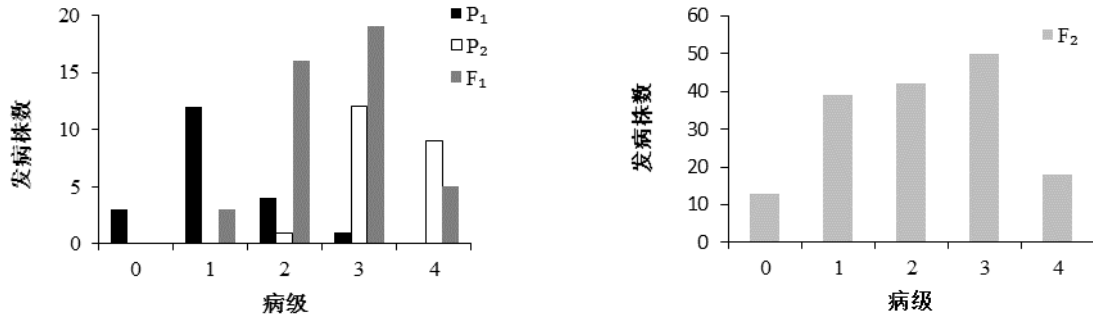


图 1 JYH×NC82 组合的四世代抗性级值次数分布图

Fig. 1 Distribution of the number of plants with different resistance grades in 4 populations of combination YJH×NC82

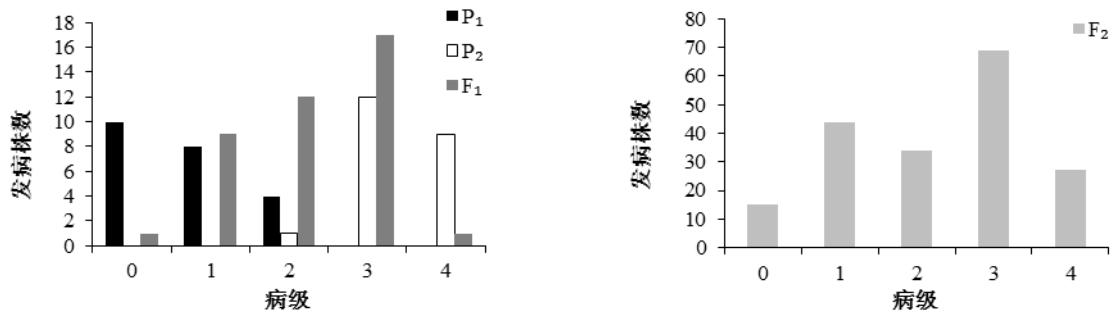


图 2 Beinhart×NC82 组合的四世代抗性级值次数分布图

Fig. 2 Distribution of the number of plants with different resistance grades in 4 populations of combination Beinhart×NC82

表 2 两组合抗性分离表现及卡方检验

Table 2 The  $\chi^2$  test of genetic resistance of two combinations

组合	F <sub>2</sub>	抗病单株数	感病单株数	抗感单株理论比	卡方值 $\chi^2$
组合 1	162	94	68	3 : 1	24.90
组合 2	189	93	96	3 : 1	82.74
组合 1	162	94	68	9 : 7	0.21
组合 2	189	93	96	9 : 7	8.95
组合 1	162	94	68	15 : 1	352.87
组合 2	189	93	96	15 : 1	751.17

对显性主基因 (15:1) 的理论值, 因此组合 2 的抗性遗传受主基因和多基因共同控制。

## 2.2 主基因+多基因遗传分析

用“主基因+多基因”混合遗传模型对 2 个组合四个世代的赤星病级数据进行遗传分析, 通过 IECM 算法获得 A、B、C、D、E5 类共 24 种遗传模型的极大似然函数值 (Max-likelihood-value) 和 AIC 值 (akaike's information criterion, AIC)。

2.2.1 JYH (组合 1) 抗赤星病遗传模型 选择 AIC 值较小的 E-2、E-5、D-3、D-4 模型为备选模型 (表 3)。适合性检验表明 (表 4), 在 20 个检

验统计量中, 选择 AIC 值最小且统计量达到显著水平个数最少的 E-5 模型为 JYH 抗赤星病最优遗传模型, 即两对加性-完全显性主基因+加性-显性多基因模型。

2.2.2 Beinhart (组合 2) 抗赤星病遗传模型 选择 AIC 值较小的 E-5、E-1、D-0 模型为备选模型 (表 3)。适合性检验表明 (表 5), 在 20 个检验统计量中, 选择 AIC 值最小且统计量达到显著水平个数最少的 E-5 模型为 Beinhart 抗赤星病最优遗传模型, 即两对加性-完全显性主基因+加性-显性多基因模型。

表3 两组合遗传模型的 AIC 值

Table 3 The AIC values of the different genetic models in two combinations

组合 1	模型	极大似然值	AIC 值	组合 2	模型	极大似然值	AIC 值
YJH×NC82	A-1	-339.5166	691.033	Beinhart×NC82	A-1	-393.5185	799.037
	A-2	-346.0705	702.141		A-2	-396.8056	803.611
	A-3	-368.6349	747.27		A-3	-422.5294	855.059
	A-4	-347.5579	705.116		A-4	-407.6416	825.283
	B-1	-337.606	697.212		B-1	-388.2994	798.599
	B-2	-339.3236	692.647		B-2	-392.633	799.266
	B-3	-345.7086	701.417		B-3	-396.6271	803.254
	B-4	-350.571	709.142		B-4	-401.025	810.05
	B-5	-398.6264	807.253		B-5	-452.7503	915.501
	B-6	-368.6677	745.335		B-6	-421.1823	850.365
	C-0	-343.5433	699.087		C-0	-400.2181	812.436
	C-1	-346.716	703.432		C-1	-400.843	811.686
	D-0	-339.2995	694.599		D-0	-386.2585	788.517
	D-1	-460.4016	934.803		D-1	-500.1389	1014.28
	D-2	-343.1094	698.219		D-2	-396.1437	804.288
	D-3	-339.4568	690.914		D-3	-392.1974	796.395
	D-4	-339.4568	690.914		D-4	-392.1974	796.395
	E-0	-337.4638	698.928		E-0	-384.882	793.764
	E-1	-337.5691	693.138		E-1	-385.1042	788.208
	E-2	-339.3654	688.731		E-2	-390.7044	791.409
	E-3	-343.1077	692.216		E-3	-396.1453	798.291
	E-4	-343.7167	691.434		E-4	-397.6904	799.381
	E-5	-341.4605	688.921		E-5	-390.8866	787.773
	E-6	-346.7	697.4		E-6	-400.8438	805.688

表4 YJH×NC82 遗传模型的适合性检验

Table 4 Test for goodness of fit about YJH×NC82 genetic model

模型	世代	$U_1^2$	$U_2^2$	$U_3^2$	$nW^2$	$D_n$
E-2	P1	0.6596(0.194)	0.7556(0.0969)	0.645(0.2122)	0.4054	1
	F1	0.3722(0.7962)	0.213(1.5511)	0.1271(2.3281)	0.7085*	1
	P2	0.4883(0.4802)	0.6036(0.2697)	0.5441(0.368)	0.4681*	0.6933
	F2	0.5824(0.3023)	0.6239(0.2404)	0.8664(0.0283)*	0.9161*	0.8689
E-5	P1	0.7505(0.1011)	0.8307(0.0457)*	0.7067(0.1416)	0.4006	1
	F1	0.4513(0.5673)	0.2484(1.3322)	0.0892(2.8889)	0.708*	1
	P2	0.5636(0.3336)	0.6601(0.1934)	0.633(0.228)	0.4597	0.6879
	F2	0.2471(1.3397)	0.2121(1.557)	0.6112(0.2585)	0.9848*	0.679
D-3	P1	0.7107(0.1375)	0.8397(0.0409)*	0.5306(0.3932)	0.3965	1
	F1	0.4307(0.6209)	0.3013(1.0685)	0.2788(1.1728)	0.6526*	1
	P2	0.5401(0.3753)	0.7099(0.1384)	0.3765(0.7822)	0.4557	0.5811
	F2	0.5228(0.4083)	0.601(0.2734)	0.7016(0.1468)	0.9627*	0.9808
D-4	P1	0.7107(0.1375)	0.8397(0.0409)*	0.5306(0.3932)	0.3965	1
	F1	0.4307(0.6209)	0.3013(1.0685)	0.2788(1.1728)	0.6526*	1
	P2	0.5401(0.3753)	0.7099(0.1384)	0.3765(0.7822)	0.4557	0.5811
	F2	0.5228(0.4083)	0.601(0.2734)	0.7016(0.1468)	0.9627*	0.9808

注： $U_1^2$ 、 $U_2^2$ 、 $U_3^2$ ：均匀性检验； $nW^2$ ：Smirnov 检验； $D_n$ ：Kolmogorov 检验，\*表示统计量达到 5%显著水平，下同

### 2.3 遗传效应分析

两组合的赤星病抗性均受 2 对加性-完全显性主基因+加性-显性多基因控制。组合 1 的加性效应以第 1 对主基因为主， $[h]/[d]<1$ ，说明多基因的加性效应大于显性效应。组合 2 两对主基因的加性效应均为-0.8935， $[h]/[d]>1$ ，说明多基因的显性效应大于加性效应。两组合 F2 群体主基因遗传率分别为 64.72%和 63.88%，说明该组合赤星病的

抗性遗传以主基因效应为主，并且受环境影响较大（表 6）。

## 3 讨论

烟草属于自花授粉作物，长期的人工选择过程中产生严重的遗传瓶颈，导致现有品种之间遗传背景狭窄。在烟草抗赤星病育种过程中主要使用的抗源为 JYH，长期使用单一抗源会导致其抗

表 5 Beinhart×NC82 遗传模型的适合性检验  
Table 5 Test for goodness of fit about Beinhart×NC82genetic model

模型	世代	$U_1^2$	$U_2^2$	$U_3^2$	$nW^2$	$Dn$
E-5	P <sub>1</sub>	0.8445(0.0385)*	0.9406(0.0056)*	0.2901(1.1191)	0.3298	1
	F <sub>1</sub>	0.5428(0.3703)	0.1714(1.8708)	0.0018(9.6991)	0.6619*	1
	P <sub>2</sub>	0.8895(0.0193)*	0.9435(0.005)*	0.4112(0.6752)	0.4284	0.4185
	F <sub>2</sub>	0.4034(0.6982)	0.4407(0.5944)	0.879(0.0232)*	1.2338*	0.3086
E-1	P <sub>1</sub>	0.7549(0.0974)	0.9886(0.0002)*	0.2056(1.6022)	0.3456	1
	F <sub>1</sub>	0.6235(0.241)	0.1933(1.6922)	0.001(10.9048)	0.6746*	1
	P <sub>2</sub>	0.9878(0.0002)*	0.8824(0.0219)*	0.515(0.424)	0.4309	0.4134
	F <sub>2</sub>	0.9755(0.0009)*	0.9413(0.0054)*	0.6792(0.1711)	1.1215*	0.5681
D-0	P <sub>1</sub>	0.7576(0.0953)	0.9887(0.0002)*	0.2548(1.2968)	0.3379	1
	F <sub>1</sub>	0.638(0.2214)	0.2161(1.53)	0.0018(9.7679)	0.653*	1
	P <sub>2</sub>	0.9919(0.0001)*	0.8555(0.0331)*	0.4428(0.589)	0.4283	0.3831
	F <sub>2</sub>	0.9496(0.004)*	0.9321(0.0073)*	0.9234(0.0092)*	1.1597*	0.7496

表 6 两组合遗传参数估计  
Table 6 The estimates of genetic parameters in two combinations

一阶 参数	估计值		二阶 参数	估计值	
	组合 1	组合 2		组合 1	组合 2
<i>m</i> 1	2.1907	2.0073	$\sigma_p^2$	1.3061	1.4271
<i>da</i>	0.869	-0.8935	$\sigma_f^2$	0.4608	0.5155
<i>db</i>	0.6467	-0.8935	$\sigma_e^2$	0.4608	0.5155
[ <i>d</i> ]	-2.6265	0.4689	$\sigma_{mg}^2$	0.8453	0.9116
[ <i>h</i> ]	-1.147	1.9202	$\sigma_{pg}^2$	0	0
			$h_{mg}^2(\%)$	64.72	63.88
			$h_{pg}^2(\%)$	0	0

注：*da*：第 1 主基因的加性效应；*db*：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。 $\sigma_p^2$ ：表型方差； $\sigma_f^2$ ：成分分布方差； $\sigma_e^2$ ：环境方差； $\sigma_{mg}^2$ ：主基因方差； $\sigma_{pg}^2$ ：多基因方差； $h_{mg}^2(\%)$ ：主基因遗传率； $h_{pg}^2(\%)$ ：多基因遗传率。

病性下降，存在抗性品种丧失抗性的风险，因此充分利用新赤星病抗源具有重要意义。在本试验还对赤星病的另一个重要抗源 Beinhart 进行了赤星病抗性遗传研究，了解两个抗源的遗传规律，可以为烟草赤星病抗性育种提供理论基础。

此前，国内外学者对这 2 种抗源抗病遗传分析所得的结论不尽相同。Stavely 等<sup>[27]</sup>对包括 Beinhart 在内的 8 个高抗赤星病材料做了遗传分析，认为其抗病性都是由多基因控制的，表现为数量遗传。Monga 等<sup>[28]</sup>对 10 个印度黄花烟品系抗性遗传做的双列杂交分析，表明其抗病性由多个微效基因控制，控制抗病性的基因大部分为显性。郭永峰等<sup>[29-30]</sup>通过研究表明抗源 Beinhart 的抗性位点表现为受多基因控制的水平抗性遗传规律，而 JYH 抗性基因大部分是隐性的。蒋彩虹等<sup>[31]</sup>

以 JYH 和 NC82 为亲本，构建的 F<sub>1</sub>、F<sub>2</sub>、BC<sub>1</sub> 群体进行遗传分析发现其赤星病抗性由显性多基因控制。

本研究对上述 2 份高抗材料的遗传分析显示，两者的抗病性均受两对加性-完全显性主基因+加性-显性多基因控制，且以主基因效应为主，多基因的加显效应有不同表现。且能够充分利用每个单株信息，确定主基因个数及其效应，与传统孟德尔遗传分离比率方法相比（卡方分析），克服了孟德尔方法难以确定分组标准的难题，而且也可以直接估算主基因与多基因的遗传效应值<sup>[12]</sup>。另外试验利用非分离世代的表型可以估算环境误差，在表 6 得出两个组合的  $\sigma_f^2$  与  $\sigma_e^2$  在数值上分别为 0.4608、0.4608 和 0.5155、0.5155，根据前文 1.2.2 得出多基因方差及其遗传率为 0，所以多基因方差及效应值为 0 是由于环境对表型影响较大<sup>[23,32]</sup>，导致利用非分离世代（P<sub>1</sub>、P<sub>2</sub> 和 F<sub>1</sub>）误差方差较大，从而导致多基因的效应值被低估，这是试验方法及数量性状试验误差本身造成的<sup>[33]</sup>。由于 F<sub>2</sub> 群体无法对试验结果重复验证，针对出现的问题在以后的试验中可以考虑利用 DH 或 RIL 等重复性较好的群体对赤星病抗性等多基因遗传率较低的数量性状进行分离分析，从而提高遗传分析的精度。

本研究采用主基因+多基因混合遗传模型，不需要分子实验室条件，仅依据表型数据分析即可

确定赤星病抗性遗传模型。而现在发展相对成熟的QTL分子标记技术需要适当的分离群体和准确的试验数据,这些试验数据也可用来进行遗传分析,两种方法所得结果可以相互印证。因而,分离分析法可以单独使用,也可以作为QTL定位的前期研究基础,在开展主效QTL定位之前,利用分离分析法优先分析其遗传规律,对发掘主效QTL具有重要参考价值。本课题组分别对JYH和Beinhart这两个赤星病抗源进行了QTL定位。结果表明,对于抗源Beinhart,高婷婷等<sup>[34]</sup>发掘到2个与赤星病抗性相关的主效QTL,分别位于7号和15号连锁群上,抗性位点来源于抗源Beinhart,这与前面所得结论是相互印证的。蒋彩虹<sup>[31]</sup>以赤星病抗源JYH为材料获得1个与抗性基因紧密连锁的QTL标记,位于23号连锁群。本研究表明,虽然赤星病抗源JYH的抗性受2对主基因+多基因控制,但是以第一对主基因的加性效应为主,因此与QTL定位结果基本相同。在本研究中确定的另外一个效应值相对较小的主效基因在QTL定位中没有定位到的原因可能与我们在进行抗源JYH定位中采用的是BSA法有关。BSA法是一种行之有效的发掘主效QTL的方法,但是其缺点是会漏掉效应值较小的位点。所以,在利用BSA法进行赤星病抗性QTL定位的过程中,可能将来源于抗源JYH的另一个主效QTL遗漏。因此,根据遗传分析结果,用抗源JYH和感病亲本配制的分离分析群体,利用SSR标记分析每个后代基因型,进行全基因组QTL发掘将是接下来的一个研究重点。除此之外,根据课题组已有的研究基础,选择JYH为进一步挖掘和鉴定赤星病抗性基因的材料。在充分了解两个抗源抗病机理和抗性遗传方式的基础上,采取常规杂交育种和分子标记相结合,完成抗性基因的转移,加快品种繁育,更快获得优质高抗,适合生产需要的抗病品种也是今后的一个研究重点。

## 4 结 论

本研究采用主基因+多基因混合遗传模型对JYH和Beinhart两个材料进行分析,结果表明,两者的赤星病抗性均受两对加性-完全显性主基因+加性-显性多基因控制,且以主基因效应为主,受环境影响较大。试验依据表型即可判断遗传模型,可为后续的定位提供参考。

### 参考文献

- [1] 张严柱. 中国烟草行业发展战略选择问题研究[D]. 大连:东北财经大学,2012.
- [2] 易龙,肖崇刚,马冠华,等. 防治烟草赤星病有益内生细菌的筛选及抑菌作用[J]. 微生物学报,2004,44(1):19-22.
- [3] Lucas G B. Disease of Tobacco[M]. 3rd ed. Biological Consulting Association, Raleigh. Harold. E. Parker and Sons, Printers. Fuquay-Varina, New Caledonia, 1975:267-296.
- [4] Yakinova E T, Yordanova Z P, Slavov S, et al. *Alternaria alternata* AT toxin induces programmed cell death in tobacco[J]. *Phytopathol*, 2009(157): 592-601.
- [5] 佟道儒. 烟草育种学[M]. 北京:中国农业出版社,1997:432-438.
- [6] 张万良,翟争光,谢扬军,等. 烟草赤星病研究进展[J]. 江西农业学报,2011,23(1):118-120.
- [7] Chaplin, J F, T W. Graham. Brown spot resistance in *Nicotiana tabacum*[J]. *Tob. Sci.*, 1963(7): 59-62.
- [8] 中国农业科学院烟草研究所. 中国烟草品种志[M]. 北京:农业出版社,1987.
- [9] 王素琴,李杨立,刘凤兰,等. “净叶黄”抗赤星病遗传规律的测定[J]. 烟草科技,1995(1):30-32.
- [10] 盖钧镒. 植物数量性状遗传体系的分离分析方法研究[J]. 遗传,2005,27(1):130-136.
- [11] 王春娥,盖钧镒,傅三雄,等. 大豆豆腐和豆乳得率的遗传分析与QTL定位[J]. 中国农业科学,2008,41(5):1274-1282.
- [12] 李全辉,沈镒,李锡香,等. 黄瓜抗黑星病不同基因源的遗传分析[J]. 植物遗传资源学报,2011,12(2):291-296.
- [13] 张飞,陈发棣,房伟民,等. 菊花花器性状杂种优势与混合遗传分析[J]. 中国农业科学,2010,43(14):2953-2961.

- [14] 王铁固, 马娟, 张怀胜, 等. 玉米株高主基因+多基因遗传模型分析[J]. 玉米科学, 2012, 20(4): 45-49.
- [15] 马娟. 玉米主要株型性状的主基因+多基因遗传模型分析[D]. 新乡: 河南科技学院, 2012.
- [16] 侯璐, 宋晓贺, 路亚明, 等. 小簇麦易位系 V9128-3 抗条锈病基因的遗传分析和 SSR 分子标记[J]. 植物病理学报, 2009, 39(1): 67-75.
- [17] 刘二艳, 刘玉梅, 方智远, 等. 青花菜花球‘英叶’性状主基因+多基因遗传分析[J]. 园艺学报, 2009, 36(11): 1611-1618.
- [18] 王日新, 任民, 张兴伟, 等. 普通烟草栽培种内株高性状主基因加多基因遗传分析[J]. 中国烟草科学, 2009, 30(2): 15-20.
- [19] 倪超, 徐秀红, 张兴伟, 等. 烤烟品种易烤性相关性状的主基因+多基因遗传分析[J]. 中国烟草科学, 2011, 32(1): 1-4, 11.
- [20] 张兴伟, 王志德, 牟建民, 等. 烤烟叶绿素含量遗传分析[J]. 中国烟草学报, 2011, 17(3): 48-52.
- [21] 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.
- [22] 张兴伟, 王志德, 任民, 等. 烤烟几个重要植物学性状的遗传分析[J]. 中国烟草科学, 2012, 33(5): 1-8.
- [23] 牟建英, 钱玉梅, 张兴伟, 等. 烟草白粉病抗性基因的遗传分析[J]. 植物遗传资源学报, 2013, 14(4): 668-672.
- [24] 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.
- [25] 蒋彩虹. 烟草赤星病抗性分子标记筛选[D]. 北京: 中国农业科学院, 2007.
- [26] 盖钧镒等. 植物数量性状遗传体系[M]. 北京: 科学出版社, 2003: 22-23.
- [27] Stavely J R. Inheritance of brown spot resistance in *Nicotiana tabacum*[J]. Proc. Am. Phytopathol., 1975(2): 228-230.
- [28] Dobhal V K, Monga D. Genetic analysis of field resistance to brown spot caused by *Alternaria alternata* (Fries) Keissler in *Nicotiana tabacum* Linn[J]. Tob. Res. 1991, 17(1): 11-15.
- [29] 郭永峰, 付宪奎, 哈君利. 抗赤星病烟草及其研究利用[J]. 中国烟草科学, 1998, 19(1): 32-35.
- [30] 郭永峰, 朱贤朝, 石金开, 等. 烟草对赤星病田间抗性的遗传研究[J]. 中国烟草科学, 1998, 19(3): 1-6.
- [31] 蒋彩虹, 罗成刚, 任民, 等. 一个与净叶黄抗赤星病基因紧密连锁的 SSR 标记[J]. 中国烟草科学, 2012, 33(1): 19-22.
- [32] 沈镛, 方智远, 李锡香, 等. 黄瓜果肉色的遗传分析[J]. 植物遗传资源学报, 2011, 12(2): 216-222.
- [33] 章元明, 盖钧镒. 利用 DH 和 IRIL 群体鉴定 QTL 体系并估计其遗传效应[J]. 遗传学报, 2000, 27(7): 634-640.
- [34] 高亭亭, 蒋彩虹, 罗成刚, 等. Beinhart1000-1 抗赤星病基因的 QTL 定位[J]. 中国烟草学报, 2014, 20(2): 104-107.