

米愈伤组织杂交后诱发的水稻—玉米杂交愈伤组织其分化的植株为水稻、玉米体细胞嵌合体。

目前游离植物细胞原生质体,主要有两种方法,一种是酶法,一种是机械法。目前,大多采用酶法,而采用机械法的较少。通过试验,笔者认为机械法在某些条件下使用,也会得到较好的效果,其最大的优点是可以排除酶对原生质体尚不清楚的作用。

对水稻、玉米愈伤组织的细胞适时剪碎,就有可能切开一些细胞的壁,而不损伤内部的细胞质,获得少量完整的原生质体。再加以机械混合和杂交,这样就导致了水稻、玉米愈伤组织间细胞的DNA、基因片段或细胞核产生相互间的交流,发生了遗传转化,从而产生新的性状。由水稻—玉米杂交愈伤组织分化形成的植株,虽然趋同于水稻愈伤组织分化形成的植株,但也具有玉米植株的某些特征。其叶片的过氧化物酶细胞色素氧化酶同工酶谱又呈现水稻、玉米叶片酶

谱的嵌合状态。这可能是水稻、玉米愈伤组织间少数原生质体发生了融合。或玉米愈伤组织细胞的DNA、基因流入了水稻愈伤组织细胞,从而使其产生嵌合性状。这说明基因转化,不只发生于微生物,在真核生物中也同样存在着基因转化。利用不同属间愈伤组织杂交,把转化做为一种手段,从而穿过存在于植物属间的天然屏障来转移遗传信息,这样可能就有助于扩大植物变异的基因库,培育出在农业生产中有优良品质的新的杂种粮食作物。

参 考 文 献

- [1] Murashige, T. and F., Skoog 1962 A revised medium for rapid growth and bioassays with tobacco tissue cultures. *Physiol Plant* 15:473~497.
- [2] 乔克强等,聚丙烯酰胺凝胶电泳,科学出版社,1975
- [3] Lvor Smith, 1976 *Chromatographic and Electrophoretic Techniques Volume 2, Zone Electrophoresis*, P 185~209 London.

大白菜对TuMV抗性遗传规律的研究

鹿英杰 康永春 李光池 李东阁

(黑龙江省农科院园艺研究所)

摘 要

本试验选用6个大白菜自交系,采用双列杂交的遗传设计及分析方法,证明大白菜对TuMV抗性的遗传符合“加性—显性”效应模型;在遗传效应中主要受加性效应控制;并对有关的遗传参数进行了估算,采用方差协方差分析的方法估算了各有关性状与

病情指数的遗传相关和环境相关,证明病情指数与大部分性状之间存在着极显著的相关关系。

病毒病是大白菜的主要病害之一,其中TuMV是主要毒原[1]。深入研究大白菜对TuMV抗性的遗传规律,对克服蔬菜育种工

注:本试验是康永春、李光池主持的大白菜优质、多抗、丰产新品种选育及育种技术研究课题的一部分,罗丽环参加了全部工作。

作中的盲目性，增加预见性，提高选择效果，改进育种技术等将起到重要作用。

一、试材与方法

选取6份高代自交材料，详见表1。

表1 亲本来源及编号

编号	P ₁	P ₂	P ₃	P ₆	P ₇	P ₉
来源	二牛心	B-18	45-6	42-13	007	2079

每份材料中只取其中一个单株，按格列芬的双列杂交遗传交配设计方法I配制了正反交、自交组合36个。田间设计为3次重复，随机区组排列，每区12株。

调查方法：病情指数全区调查，分为0、1、3、5、7、9级。从8月25日莲座中期开始，每隔7天调查一次，到9月22日止共调查5次，以小区均值为本次结果，取5次平均值做统计(先做 $\sin^{-1}\sqrt{x}$ 转换)分析。其它植物学性状在收获时一次调查。

分析方法：(1)作 W_r/V_r 分析^[2]；(2)作双列表方差分析^[3]；(3)以方差和协方差分析相关^[4]。

二、结果与分析

1. 各亲本及正反交F₁对TuMV抗性反应

调查结果见表2。30个F₁组合中有4个F₁的病情指数等于双亲平均值，19个F₁的病情指数低于双亲平均值，7个F₁的病情指数高于双亲平均值。总体F₁的病情指数表现为

表2 F₁代病情指数表

δ	P ₁	P ₂	P ₃	P ₆	P ₇	P ₉
P ₁	18.710	28.521	5.271	2.435	10.900	4.794
P ₂	18.172	41.481	1.222	1.848	5.673	6.060
P ₃	11.780	4.362	0.000	0.105	1.200	0.021
P ₆	7.392	6.060	0.000	5.438	3.303	0.168
P ₇	4.021	8.481	2.515	1.496	2.473	0.375
P ₉	4.735	15.346	0.047	0.002	0.704	0.000

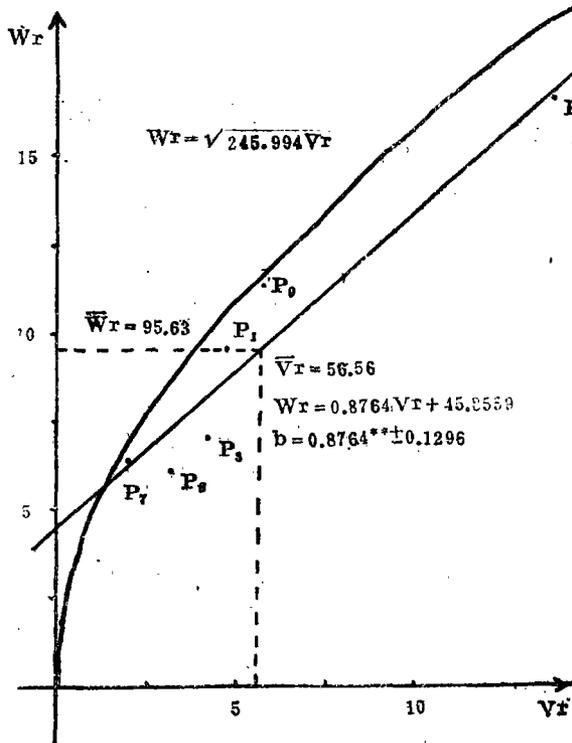


图1 W_r 依 V_r 的直线回归

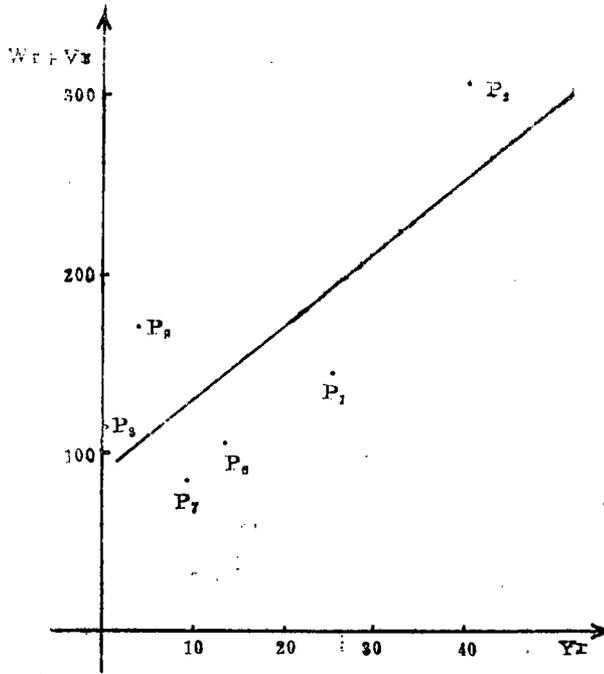


图2 表型与 $(W_r + V_r)$ 值的相关

趋近双亲平均值偏小，正反交之间未看出明显差别。

对亲本及 F_1 的病情指数作方差分析表明，各亲本及 F_1 组合间存在着极显著差异， F 值为7.725($F_{0.01} = 1.98$)。

2. W_r/V_r 线性回归分析

其直线回归关系如图1所示，对回归关系进行假设测验结果表明，回归关系是高度显著的，说明该试验结果符合“加性—显性”模型，图1表明，限制抛物线 $W_r^2 = Y_r \cdot V_r$ 限制了阵列方差与协方差(V_r, W_r)可能出现的区域，阵列点基本上处于回归线附近，说明仅有少量的遗传互作。回归线上阵列点的位置表明亲本显隐基因频率的多少。显性基因频率越大于隐性基因的亲本，其 $(V_r + W_r)$ 值愈小，该阵列点离原点愈近；隐性基因频率愈大于显性基因频率的亲本，则 $(V_r + W_r)$ 值愈大，阵列点距离原点愈远。图中 P_2 远离原点，说明该亲本对此性状隐性基因频率大于显性基因频率，而亲本 P_7, P_6, P_3 则相反，亲本 P_1, P_8 的显隐基因频率大体相当。

又将亲本值(Y_r)和 $(W_r + V_r)$ 描成图2求得两者的相关系数 $r = 0.7516$ ，表明有更多增效基因的亲本，有较高的 $(W_r + V_r)$ 值，包含有较多的隐性基因，显性方向指向减效。

回归线在 W_r 轴上的截距为正值， $a = 45.856$ 说明 $n < d$ ，该性状具有部分显性。

另外还对数据作了 $(W_r - V_r)$ 值的方差分析， F 值为2.446，未达显著水平。这个结果也证明，大白菜对TuMV的抗性遗传规律不存在上位效应，符合“加性—显性”模型。

3. 双列表方差分析

双列表方差分析的结果列于表3。结果表明大白菜对TuMV抗性的遗传不仅受加性效应控制，而且也受非加性效应控制。另外还表明，非母体效应(d)对大白菜抗TuMV性也有明显的作用。

4. 遗传参数估计

表4列出了大白菜对TuMV反应的主要遗传参数。

表 3 双列表方差分析

来源	DF	MS
a	5	489.551**
b	15	31.532**
c	5	24.890
d	10	26.829*
机误	70	11.529

a, 加性基因效应; b, 显性基因效应;
c, 母体效应; d, 非母体效应;
**P<0.01; *P<0.05

(1) 从表 4 看出: 在大白菜对 T_uMV 的抗性中, 基因的加性作用和显性作用都是重要的, 但主要是受加性效应控制, 这与前面的分析结果是一致的。

(2) $\sqrt{H_1/D}$ 为 0.5007, 证明大白菜对 T_uMV 的抗性无超显性存在而是不完全显性。

(3) $H_2/4H_1$ 值为 0.1669, 说明在所有位置上正方向增效等位基因与负方向减效等位基因频率是不平衡的。

(4) $h^2/H_2 = 0.84$, 接近于 1, 说明控制显性效应的基因数为 1 个, 这个基因数可能

表 4 大白菜对 T_uMV 反应的遗传参数

成分	数值	注释
D	234.045** ± 9.409	基因加性效应方差
F	94.349** ± 22.869	加性效应和显性效应的协方差
H ₁	58.667** ± 23.883	基因的显性效应方差
H ₂	39.175 ± 21.335	由于正负基因不对称引起的显性方差
h ₂	33.027* ± 14.360	所有杂合子的全部位点显性效应的代数和
$\sqrt{H_1/D}$	0.5007	平均显性度
H ₂ /4H ₁	0.1669	
h ² N(%)	78.544	狭义遗传力
h ² /H ₂	0.84 ≈ 1	

是一个主效基因, 也可能是一个基因组。

(5) 狭义遗传力是 78.544%, 说明亲本中存在一个较大的加性效应方差, 遗传力是较高。

5. 抗病性与其它性状的相关

从表 5 中看出: 除球叶数以外的其它性状均与抗病性有着显著的遗传型相关, 且除单株重、球重外, 随着抗病性的提高, 各性状的变化大部分与我们选择的方向相反。

表 5 病情指数于其它性状的相关系数表

性状项目	株高	株幅	单株重	球重	净菜率	外叶数	球叶数	叶型指数	球型指数
r _P	-0.639**	-0.493**	-0.485**	-0.373**	-0.314**	-0.421**	-0.068	-0.491**	-0.621**
r _G	-0.792**	-0.702**	-0.604**	-0.442**	-0.606**	-0.704**	-0.050	-0.686**	-0.793**
r _e	-0.101	-0.046	-0.223	-0.249	-0.138	-0.073	-0.102	-0.033	-0.054

r_P: 表型相关 r_G: 遗传相关 r_e: 环境相关 **表示 1% 显著水平。

三、结 论

大白菜对 T_uMV 的抗性遗传规律符合“加性—显性”模型。遗传效应中加性和显性作用都是重要的, 但主要受加性效应控制。狭义遗传力较高, 可以通过系统育种选出高抗的亲本材料, 在常规育种中, 应选用抗病性强的材料作亲本, 在分离低代, 可以首先

对抗病性进行选择; 在优势育种中, 在抗病性方面不会出现强优势的组, 因此, 双亲都应具有较好的抗病性。

大白菜的抗病性与大部分性状的遗传相关是极显著的, 随着抗病性的提高, 虽然单株重和球重有所提高, 但是将要导致外叶数的增加, 净菜率下降, 叶型指数和球型指数加大, 这些都应引起育种者的注意。

四、讨 论

1. 本试验结果表明, 大白菜对T_αMV的抗性属于数量性状遗传, 抗病性表现为不完全显性, 这一结果与钮心恪的研究结果^[5]相反, 与谭其猛^[6]的结论一致。

植物发病或不发病以及发病的程度, 决定于寄主和病原物在外界条件影响下相互作用的结果^[8]。不同的寄主材料, 不同的毒原, 不同的环境条件, 都可导致不同的表型变化, 以至影响最终的分析结果。因此, 上述试验结果内的一些数据和推论究竟在多大范围内能得到重复验证, 还有待于今后继续研究。

2. 在试验方法方面, 本试验采用田间调查结果进行分析, 这虽然使试验的条件与生产条件更为接近, 但环境条件不如室内易于控制。另外, 本试验采用同时播种, 同时调查

的方法, 虽然能使各系统的生长条件和调查标准较为一致, 但不同试材的同一生长发育阶段所处的环境条件并不相同, 如早熟系统早衰, 外叶脱落和降低株重等, 从而影响对比性。

参 考 文 献

- [1] 路文长等: 黑龙江大白菜病毒病原种类, 北方园艺, 1987年, 第8期
- [2] 刘来福等: 作物数量遗传, 农业出版社, 1984年
- [3] K、马瑟: 生统遗传学导论, 农业出版社, 1981年
- [4] 莫惠栋: 农业试验统计, 上海科技出版社, 1984年
- [5] 钮心恪: 大白菜抗霜霉病、病毒病原始材料的筛选及抗性遗传的研究, 中国蔬菜, 1984年, 第4期
- [6] 谭其猛: 蔬菜育种, 农业出版社, 1980年
- [7] 王焕如: 在抗病育种方面若干理论的认识和方法的改进, 河北农业大学学报, 1984年, 9卷, 第2期

新菌系A281对大豆属致瘤效果的研究简报

目前在植物基因工程的研究中, 实现基因转移的技术关键之一是找到合适的载体和受体。由于Ti、Ri等质粒的发现, 已给植物基因工程的研究带来了突破性进展。已经证明, Ti质粒上的T-DNA可整合到受体细胞的基因组中并能通过无性或性过程传给后代。Ti质粒可使多数双子叶植物和少数单子叶植物致瘤, 并且筛选转化了的植物材料的实验技术和检测技术都比较成熟。几年来, 我们利用这一有效技术, 采用三个致瘤效果较好的菌系(O58、T37、B3/73)对重要的经济作物——大豆进行了广泛的筛选, 追踪了异源基因进到大豆基因组中以后的命运, 完成了载体受体系统的建立。但是, 仍有很大一部分大豆基因型不能致瘤, 使我国丰富的大豆品种资源的利用受到了一定的限制。为此, 我们又采用经过改造的新菌系A281, 对经几年筛选而不能致瘤的部分大豆基因型进行致瘤筛选实验。从28个大豆基因型中得到了13个可致瘤的基因型。

其结果说明: 为了提高根瘤农杆菌的致瘤作用, 通过改造农杆菌菌系的途径是可行的。这对大豆致瘤筛选, 扩大大豆种质资源的使用范围, 使一些不能致瘤的优良大豆类型通过Ti质粒进行遗传改良成为可能。目前筛选实验仍在继续进行。

(雷勃钧、王连铮、尹光初、卢翠华、王树林、
周思君、邵启全、蒋兴邦、李安生)