

大白菜黑斑病抗性遗传分析

苏悦华^{1,2}, 范伟强^{1,3}, 黄志银¹, 刘晓晖¹, 张 斌¹, 赵艳艳², 张 红¹, 王超楠¹

(1. 蔬菜生物育种全国重点实验室·天津市农业科学院 天津 300192; 2. 南开大学生命科学学院 天津 300071;
3. 天津科润农业科技股份有限公司蔬菜研究所·天津市蔬菜遗传育种企业重点实验室 天津 300381)

摘要: 为阐明大白菜黑斑病抗性遗传机制, 采用室内离体叶片滴接法对大白菜亲本材料 J406 和 K23 构建的六世代(P_1 、 P_2 、 F_1 、 F_2 、 BC_1F_1 、 BC_2F_1)群体开展黑斑病抗性鉴定, 并应用主基因-多基因联合遗传分析方法解析抗性遗传规律。结果表明, 大白菜黑斑病抗性符合两对加性-显性-上位性主基因+加性-显性多基因(MX2-ADI-AD)遗传模型。进一步分析 F_2 、 BC_1F_1 、 BC_2F_1 三个分离世代的遗传率, 发现主基因遗传率分别为 62.27%、76.93%、79.22%, 表明抗性遗传主要受主基因调控。本研究结果明确了大白菜黑斑病抗性遗传模式及主基因的核心作用, 为大白菜黑斑病抗性育种工作中优良基因的挖掘、分子标记辅助选择及抗病新品种的培育提供了重要的理论依据与科学指导。

关键词: 大白菜; 黑斑病; 主基因+多基因; 遗传分析

中图分类号: S634.1

文献标志码: A

文章编号: 1673-2871(2026)06-173-07

Genetic analysis of black spot resistance in Chinese cabbage

Su Yuehua^{1,2}, Fan Weiqiang^{1,3}, Huang Zhiyin¹, Liu Xiaohui¹, Zhang Bin¹, Zhao Yanyan², Zhang Hong¹, Wang Chaonan¹

(1. State Key Laboratory of Vegetable Biobreeding/Tianjin Academy of Agricultural Sciences, Tianjin 300192, China; 2. College of Life Sciences, Nankai University, Tianjin 300071, China; 3. Vegetable Research Institute, Tianjin Kerun Agricultural Science and Technology Company/Tianjin Key Laboratory of Vegetable Genetics and Breeding Enterprises, Tianjin 300381, China)

Abstract: To elucidate the genetic mechanism of resistance to black spot disease in Chinese cabbage, this study conducted resistance identification using an indoor detached leaf inoculation method on a six-generation (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , BC_1F_1 , BC_2F_1) population constructed from the parental materials J406 and K23. The inheritance pattern of resistance was analyzed using the major gene plus polygene joint genetic analysis method. The results demonstrated that the genetic model of black spot disease resistance in Chinese cabbage follows the MX2-ADI-AD model, which is controlled by two pairs of additive-dominance-epistasis major genes plus additive-dominance polygenes. Further analysis of the heritability in the three segregating generations (F_2 , BC_1F_1 , BC_2F_1) revealed that the major gene heritability were 62.27%, 76.93% and 79.22%, respectively, indicating that the inheritance of resistance is primarily controlled by major genes. The findings clarify the genetic pattern of resistance to black spot disease in Chinese cabbage and highlight the central role of major genes, providing an important theoretical basis and scientific guidance for the mining of favorable genes, marker-assisted selection, and the breeding of new resistant varieties in Chinese cabbage black spot disease resistance breeding programs.

Key words: Chinese cabbage; Black spot disease; Major gene + polygene; Genetic analysis

大白菜(*Brassica rapa* L. ssp. *pekinensis*)隶属于十字花科芸薹属芸薹种白菜亚种, 是我国年产值超千亿元的重要蔬菜作物, 具有极高的营养和经济效益^[1-2]。随着栽培模式的变化, 优势产区的常年连作

导致大白菜主产区病害频发, 由链格孢属真菌引起的黑斑病日益严重, 已成为威胁大白菜生产的主要病害之一^[3]。植株在整个生育期内均可发病, 发病时诱发茎、叶、角果等部位出现黄化和黑褐色坏死

收稿日期: 2025-10-16; 修回日期: 2026-01-13

基金项目: 国家重点研发计划子课题(2023YFD1201504-4); 天津市科技重大专项与工程全国重点实验室重大专项(25ZXZSS00050); 天津市科技重大专项与工程种业创新重大专项(23ZXZVSN00030); 国家大宗蔬菜综合试验站(CARS-23-G-05); 天津市蔬菜现代农业产业技术体系创新团队(ITTVRS2025003)

作者简介: 苏悦华, 女, 在读硕士研究生, 研究方向为大白菜遗传育种。E-mail: suyuehua2023@163.com

通信作者: 王超楠, 女, 研究员, 研究方向为十字花科蔬菜遗传育种。E-mail: chaonan229@163.com

张 红, 女, 副研究员, 研究方向为十字花科蔬菜生物育种。E-mail: Zhanghonggyx@163.com

斑,加速植株衰老,降低蔬菜品质^[4]。此外,黑斑病还会加速贮藏期腐烂,病害大流行年份可造成 20%~50% 的产量损失,因此黑斑病防控是当前大白菜生产中的重大挑战^[5-6]。

目前对大白菜黑斑病的研究主要集中于病原菌的分离^[7]、抗性鉴定方法^[8]、防治措施^[9]和侵染后的响应机制^[10]等方面,针对其抗性遗传规律与遗传模型的系统性研究较为匮乏,严重限制了对该性状的高效选择和改良。基于 Griffing 双列杂交模型的数量性状遗传解析是农作物遗传研究的经典策略,张凤兰等^[11]利用 4×4 完全双列杂交对大白菜苗期黑斑病进行抗病遗传规律探索,并对配合力及遗传参数进行解析,发现大白菜黑斑病抗性主要受核基因控制,且以加性效应为主。刘焕然等^[12]通过不完全双列杂交对大白菜黑斑病抗性遗传进行分析,认为大白菜黑斑病抗病性属于数量遗传,受 7~10 对以上多基因控制,符合加性-显性模型。杨广东等^[13]对 2 个抗病品系和 2 个感病品系及其配制的杂交组合进行抗性遗传规律研究,认为大白菜黑斑病抗性为显性遗传并受单基因控制。前人不同研究结论的差异揭示了黑斑病抗性遗传的复杂性,传统的双列杂交分析方法主要关注的是加性效应和非加性效应的总体贡献,但难以精准量化主效基因或微效多基因的独立遗传效应及其互作关系。近年来,由盖钧镒^[14]建立的主基因+多基因遗传分析模型广泛应用于番茄^[15]、瓠瓜^[16]、厚皮甜瓜^[17]、甘蓝型油菜^[18]等各种作物的数量性状研究中,该方法不仅可以分析目

标性状主基因和多基因的数量,还可以分析基因之间的互作效应,估算其遗传参数,从而揭示遗传规律,为植物育种提供重要的理论依据^[19]。然而,该方法在大白菜黑斑病抗性遗传解析中的应用尚未见报道。为深入揭示黑斑病复杂性状的遗传机制,笔者以黑斑病高抗材料 J406 和高感材料 K23 为亲本构建六世代群体作为研究材料,首次运用主基因+多基因遗传分析方法深入探究大白菜黑斑病抗性遗传规律,以期为大白菜抗黑斑病优良品种选育提供理论依据,同时也为进一步开展 QTL 定位及基因挖掘奠定基础。

1 材料与方法

1.1 材料

供试大白菜高代自交系 J406(P₁)和 K23(P₂)由天津市农业科学院蔬菜研究所大白菜研究室提供。多年田间调查和室内离体叶片接种鉴定均证实,J406 和 K23 对黑斑病分别呈现高度抗病与高度感病特性,J406 田间表型病情指数为 16.98,室内接种鉴定病情指数为 15.93,K23 田间表型病情指数为 89.97,室内接种鉴定病情指数为 97.78,两者抗性差异明显且稳定遗传(图 1)。2023 年 P₁和 P₂杂交获得 F₁,2024 年春季,F₁分别与 P₁、P₂杂交获得 BC₁F₁和 BC₂F₁群体,F₁自交获得 F₂群体。接种菌株为中国微生物菌种保藏管理委员会农业微生物中心(ACCC)保藏的芸薹生链格孢(*Alternaria brassicicola*)菌株 ACCC37296。



图 1 白菜抗感亲本 J406 和 K23 田间调查和室内离体叶片接种鉴定表型

Fig.1 Phenotypic identification of the resistant(J406) and susceptible (K23) Chinese cabbage parental lines in field and detached-leaf assays

1.2 方法

1.2.1 表型鉴定方法 供试群体于2024年8月13日播种于天津市农业科学院武清区试验田, P_1 、 P_2 、 F_1 、 F_2 、 BC_1F_1 和 BC_2F_1 群体株数依次为24、24、24、980、390、391株,实施常规田间管理。依据笔者前期建立的病害分级标准及离体叶片接种体系,选取30 d苗龄植株的第2、3、4片真叶,采用离体叶片滴接法接种(孢子悬浮液浓度 1×10^5 个 $\cdot$ mL $^{-1}$)。接种

后置于25℃、高湿(RH 95%~98%)环境培养5 d后调查发病情况。白菜黑斑病的病情等级分级参照Zhang等^[20]的方法,分为0、1、3、5、7、9级(图2)。0级:无明显侵染症状;1级:接种叶生0~0.3 cm病斑;3级:接种叶生>0.3~0.5 cm病斑,无黄化;5级:接种叶生>0.5~1.0 cm的病斑,病斑周围轻微黄化;7级:接种叶生>1.0~1.5 cm的病斑,表面少量霉层,病斑周围明显黄化;9级:接种叶生>1.5 cm的



图2 大白菜离体叶片黑斑病病情等级划分标准

Fig. 2 Classification standard for disease grade of black spot disease on detached leaves of Chinese cabbage

病斑,表面大量霉层,叶片大面积黄化。

病情指数(DI)= $100 \times \frac{\sum (\text{各级病叶数} \times \text{各级代表值})}{(\text{调查总叶数} \times \text{最高级代表值})}$ 。其中,免疫(I): DI=0;高抗(HR): $0 < DI \leq 11.11$;抗病(R): $11.11 < DI \leq 33.33$;中抗(MR): $33.33 < DI \leq 55.56$;感病(S): $55.56 < DI \leq 77.78$;高感(HS): $77.78 < DI \leq 100.00$ 。

1.2.2 数据分析 利用Microsoft Excel软件整理六世代群体的病情指数数据,并在SPSS 27.0软件中进行描述性统计分析。使用王靖天等^[21]开发的R语言SEA V2.0软件包计算极大似然函数值(MIL)、AIC信息准则(AIC)及遗传参数。

2 结果与分析

2.1 各世代群体黑斑病抗性表型分布

P_1 、 P_2 、 F_1 、 F_2 、 BC_1F_1 和 BC_2F_1 六个世代群体(G6)病情指数的基本参数见表1。结果表明,在同一环境下,双亲的黑斑病抗性差异明显,抗病亲本(P_1)的病情指数平均值为27.32,感病亲本(P_2)的病情指数平均值为86.11,平均病情指数相差达58.79。 F_1 、 F_2 、 BC_1F_1 、 BC_2F_1 的病情指数平均值介于双亲之间,未表现超亲现象,其中 F_1 的病情指数偏向于抗病亲本(P_1),说明抗性表现为不完全显性遗传。结合3个分离世代病情指数频数分布(图3),发现 F_2 、 BC_1F_1 和 BC_2F_1 群体病情指数均呈数量性状的典型连续分布,具有不同偏态或多峰特征,符合主基因+多基因混合遗传的典型数量性状表现。

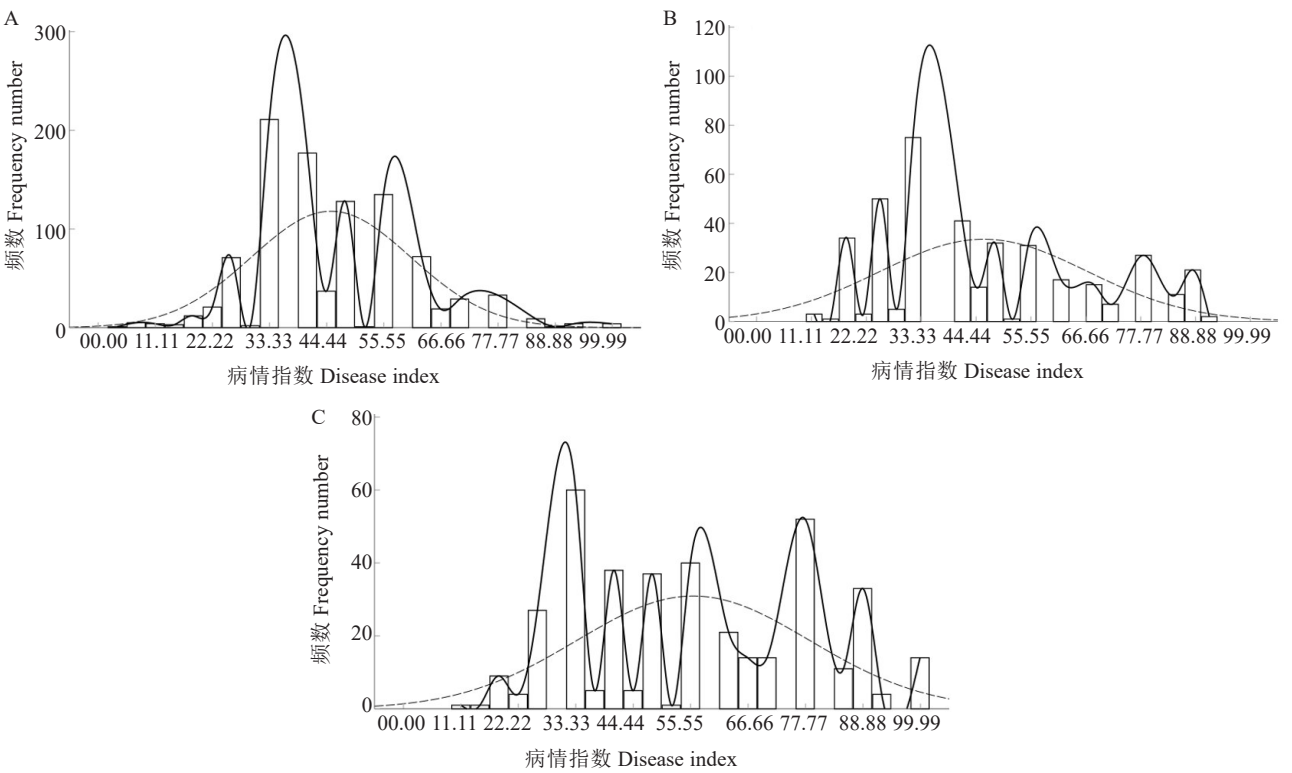
2.2 黑斑病抗性遗传模型的选择及适合性检验

对六世代群体的黑斑病病情指数进行主基因+

表1 各世代病情指数的描述性统计

Table 1 Descriptive statistics of disease index across different generations

世代 Generation	群体大小 Population size	最小值 Minimum	最大值 Maximum	平均值 Mean	标准差 Standard deviation	变异系数 CV/%	峰度 Kurt	偏度 Skew
P_1	24	11.11	33.33	27.32	5.44	19.91	2.13	-0.99
P_2	24	55.56	100.00	86.11	13.65	15.85	0.31	-1.01
F_1	24	40.74	66.67	50.00	7.80	15.60	-0.26	0.55
F_2	980	3.70	100.00	45.30	15.47	34.15	0.44	0.56
BC_1F_1	390	11.11	92.59	46.00	21.06	45.78	-0.67	0.62
BC_2F_1	391	11.11	100.00	56.06	22.50	40.14	-1.10	0.22



注:A 为 F₂代,B 为 BC₁F₁代,C 为 BC₂F₁代。
Note: A denotes the F₂ generation, B denotes the BC₁F₁ generation, and C denotes the BC₂F₁ generation.

图 3 不同世代病情指数的频数分布
Fig. 3 Frequency distribution of the disease index across different generations

多基因混合遗传模型分析。将最小 AIC 值作为候选遗传模型筛选原则，筛选出 2MG-ADI、MX2-ADI-ADI、MX2-ADI-AD 为候选遗传模型（表 2）。

对候选遗传模型进行适合性检验(U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 、 W^2 和 D_n)，以统计量显著性水平最低者为最优模型（表 3）。结果显示，模型 2MG-ADI、MX2-ADI-ADI、MX2-ADI-AD 的显著统计量分别

表 2 大白菜黑斑病抗性候选遗传模型的极大似然函数值和 AIC 值
Table 2 Maximum likelihood function value and AIC value of candidate genetic models for resistance to black spot disease in Chinese cabbage

模型 Model	极大似然值 Maximum likelihood value	AIC 值 AIC value	模型 Model	极大似然值 Maximum likelihood value	AIC 值 AIC value
1MG-AD	-7 952.61	15 913.22	MX1-AD-ADI	-7 851.06	15 726.13
1MG-A	-7 982.87	15 971.75	MX1-AD-AD	-7 907.78	15 833.56
1MG-EAD	-7 952.80	15 911.60	MX1-A-AD	-7 913.44	15 842.88
1MG-NCD	-8 017.29	16 040.57	MX1-EAD-AD	-7 859.41	15 734.82
2MG-ADI	-7 750.27	15 520.54	MX1-NCD-AD	-7 914.17	15 844.34
2MG-AD	-7 954.15	15 920.30	MX2-ADI-ADI	-7 743.23	15 522.45
2MG-A	-8 099.62	16 207.24	MX2-ADI-AD	-7 749.12	15 528.23
2MG-EA	-7 977.26	15 960.51	MX2-AD-AD	-7 914.17	15 850.34
2MG-CD	-7 955.50	15 919.01	MX2-A-AD	-7 807.12	15 632.24
2MG-EAD	-7 967.36	15 940.71	MX2-EA-AD	-7 913.10	15 842.19
PG-ADI	-7 851.06	15 722.13	MX2-CD-AD	-9 080.26	18 178.51
PG-AD	-7 915.30	15 844.60	MX2-EAD-AD	-7 868.82	15 753.64

注:MG 为主基因模型;MX 为主基因+多基因混合模型;PG 为多基因模型;A 为加性效应;D 为显性效应;I 为上位性效应;E 为相等。
Note: MG is the main gene model; MX is major gene+polygene mixed model; PG is the multi-genes model; A is additive effect; D is the dominant effect; I is the epistatic effect; E is equal.

表 3 遗传模型适合性检验
Table 3 Suitability test of genetic model

模型 Model	世代 Generation	U_1^2	U_2^2	U_3^2	${}_nW^2$	D_n
2MG-ADI	P ₁	1.866 4	1.953 4	0.089 7	0.581 7*	0.384 4**
	P ₂	3.370 1	3.874 5*	0.583 1	0.569 3*	0.353 3**
	F ₁	1.907 8	1.429 1	0.322 3	0.349 8	0.269 5*
	F ₂	0.010 2	0.196 4	4.683 1*	1.847 1**	0.114 3 **
	BC ₁ F ₁	0.069 4	0.018 0	2.425 4	0.583 4*	0.117 1**
	BC ₂ F ₁	0.005 4	0.090 5	0.842 0	0.457 2	0.098 3**
MX2-ADI-ADI	P ₁	0.060 4	0.005 0	0.449 1	0.406 3	0.274 4*
	P ₂	0.253 6	0.182 7	0.057 9	0.220 1	0.247 3
	F ₁	0.050 4	0.025 6	0.053 0	0.163 7	0.178 6
	F ₂	0.130 0	0.022 2	3.970 0*	1.847 7**	0.114 5**
	BC ₁ F ₁	0.792 5	0.054 9	6.305 4*	0.818 2**	0.149 5**
	BC ₂ F ₁	0.025 5	0.033 6	1.825 8	0.422 2	0.101 6**
MX2-ADI-AD	P ₁	0.730 2	0.902 6	0.240 9	0.476 3*	0.348 7**
	P ₂	0.593 2	0.526 4	0.006 5	0.262 6	0.268 7
	F ₁	0.239 7	0.162 8	0.079 9	0.184 8	0.198 7
	F ₂	0.014 4	0.137 1	3.784 3	1.845 1**	0.113 8**
	BC ₁ F ₁	0.022 9	0.065 9	2.601 6	0.584 2*	0.119 1**
	BC ₂ F ₁	0.000 9	0.157 8	2.163 8	0.430 3	0.099 8**

注: U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 为均匀性检验统计量; ${}_nW^2$ 为 Smirnov 检验统计量; D_n 为 Kolmogorov 检验统计量; *表示在 0.05 水平上差异显著; **表示在 0.01 水平上差异显著。

Note: U_1^2 , U_2^2 , U_3^2 are the statistic of uniformity test; ${}_nW^2$ is the statistic of Smirnov test; D_n is the statistic of Kolmogorov test; * and ** indicate significant difference at 0.05 and 0.01 level, respectively.

为 12、8 和 7, 因此, MX2-ADI-AD 为最优模型, 即大白菜的黑斑病抗性受到两对加性-显性-上位性主基因+加性-显性多基因控制。

2.3 最优模型的遗传参数估计

依据最优模型 MX2-ADI-AD 估算遗传参数

(表 4), 一阶参数显示两主基因加性效应值(d_a 、 d_b)均为-11.758 2, 表明两者在降低病情指数方面具有同等加性效应。两对主基因显性效应值(h_a 、 h_b)分别为 4.428 5 和-15.322 2, 且 $|h_b|>|h_a|$, 说明第二主基因的负向显性效应作用更强。显性/加性比值 $|h_a/d_a|<1$ 、

表 4 最适模型 MX2-ADI-AD 的一阶和二阶参数估算

Table 4 First-order and second-order parameter estimation of the optimal model MA2-ADI-AD

一阶参数 First-order parameter	估计值 Estimated value	一阶参数 First-order parameter	估计值 Estimated value	二阶参数 Second-order parameter	估计值 Estimated value		
					F ₂	BC ₁ F ₁	BC ₂ F ₁
d_a	-11.758 2	i	5.355 7	δ_{mg}^2	149.068 1	341.363 1	401.130 8
d_b	-11.758 2	j_{ab}	12.064 7	δ_{pg}^2	1.198 6	13.229 3	16.103 5
h_a	4.428 5	j_{ba}	31.822 3	$h_{mg}^2/\%$	62.266 1	76.930 2	79.216 5
h_b	-15.322 2	l	12.306 2	$h_{pg}^2/\%$	0.500 7	2.981 4	3.180 2
$ h_a/d_a $	0.376 6	$[d]$	-4.911 4				
$ h_b/d_b $	1.303 1	$[h]$	-2.549 9				

注: d_a 、 d_b 表示主基因 a、b 的加性效应; h_a 、 h_b 表示主基因 a、b 显性效应; $[d]$ 表示多基因加性效应; $[h]$ 表示多基因显性效应; i 表示两对主基因加性×加性互作效应; j_{ab} 表示两对主基因加性×显性互作效应; j_{ba} 表示两对主基因显性×加性互作效应; l 表示两对主基因显性×显性互作效应; δ_{mg}^2 表示主基因方差; δ_{pg}^2 表示多基因方差; h_{mg}^2 表示主基因遗传率; h_{pg}^2 表示多基因遗传率。

Note: d_a , d_b represents the additive effect of major gene a and b; h_a , h_b represents the dominance effect of major gene a and b; $[d]$ represents the polygenes additive effect; $[h]$ represents the polygenes dominance effect; i represents the additive×additive interaction effect between the two major genes; j_{ab} represents the additive×dominance interaction effect of the two major genes; j_{ba} represents the dominance×additive interaction effect of the two major genes; l represents the dominance×dominance interaction effect of the two major genes; δ_{mg}^2 represents the variance of major genes; δ_{pg}^2 represents the variance of polygenes; h_{mg}^2 represents the heritability of major gene; h_{pg}^2 represents the heritability of polygenes.

$|h_b/d_b| > 1$, 指示第一主基因遗传以加性为主(不完全显性), 第二主基因以显性为主(超显性)。在主基因的上位性效应中, 所有上位性效应均为正值, 分别为 5.355 7、12.064 7、31.822 3 和 12.306 2, 表明其均能够使病情指数增大, 意味着两个主基因间的互作会相互削弱对方的抗病效果, 即存在拮抗作用。且 $|j_{ba}| > |l| > |j_{ab}| > |i|$, 表明在主基因互作效应中, 显性 $\times$ 加性和显性 $\times$ 显性起主要作用。多基因加性效应 $[d]$ 和显性效应 $[h]$ 分别为-4.911 4 和-2.549 9, $[h]/[d] < 1$, 揭示多基因主要体现负向加性效应, 且与主效基因相比效应值较低。

二阶参数显示, 在 3 个分离世代 F_2 、 BC_1F_1 、 BC_2F_1 世代中, 主基因遗传率 h_{mg}^2 依次为 62.266 1%、76.930 2%、79.216 5%, 多基因遗传率 h_{pg}^2 仅为 0.500 7%、2.981 4%、3.180 2%, 主基因+多基因遗传率平均达 75.03%, 环境变异占比 24.97%, 表明大白菜黑斑病抗性主要由主基因决定, 因此建议早期世代选择抗病株, 但也需要考量一定的环境影响因素。综上, 大白菜黑斑病抗性受主基因与多基因共同调控, 且以主基因遗传为主。

3 讨论与结论

大白菜营养丰富, 在世界范围内广泛种植, 保护大白菜免受病原菌侵染具有重要意义。黑斑病是大白菜的主要病害之一, 挖掘抗病种质并培育抗病品种是最根本的防治途径。由于大白菜黑斑病抗性性状遗传复杂, 抗性改良难度较大, 因此明确其遗传规律是进一步挖掘控制黑斑病抗性主效基因的基础, 对利用分子标记进行辅助选择、快速创制抗性种质及育成抗黑斑病大白菜新品种具有重要意义。

盖钧镒^[14]提出的植物数量性状遗传体系, 核心是主基因+多基因混合遗传模型, 该模型不仅能够揭示影响性状表达的主基因效应, 还能够量化微效基因的累计贡献, 在植物育种实践中具有重要价值。该方法在十字花科作物遗传模式的研究中得到广泛应用, 如青花菜根肿病抗性^[22]、大白菜 TuMV 抗性^[23]、不结球白菜小菜蛾抗性^[24]、萝卜芜菁花叶病毒和黑腐病抗性^[25]、大白菜抽薹性状^[26]、不结球白菜叶片皱缩性状^[27], 但目前该遗传模型在大白菜黑斑病遗传分析中的应用还未见报道。本研究 F_2 、 BC_1F_1 和 BC_2F_1 三个分离世代的黑斑病病情指数均呈连续分布, 具有典型的数量性状遗传特征, 因此可以使用盖钧镒^[14]的植物数量性状遗传体系分析方

法对主基因和多基因的遗传效应进行研究, 解析大白菜黑斑病抗性的遗传规律。

本研究对大白菜黑斑病抗性遗传规律的解析, 较以往相关方面的分析更为深入。杨广东等^[13]认为, 大白菜黑斑病抗性受单个显性基因控制。结论的不同可能源于其使用的特异性遗传材料中, 其中一个主效基因的抗性表现为显性, 且效应巨大, 掩盖了另一基因的作用, 从而观察到单基因显性遗传的模式。本研究验证了张凤兰等^[11]和刘焕然等^[12]采用 Griffing 的双列杂交分析法得出的结论, 大白菜对黑斑病的抗性遗传属于数量性状。张凤兰等^[11]提出抗性由 7~10 对基因控制, 本研究将控制该性状的遗传组成从模糊的“多基因”层面精确到了具体的“两主基因”层面。刘焕然等^[12]强调了在黑斑病抗性遗传过程中加性效应的重要性, 本研究证实了两个主基因确实具有巨大的加性效应, 但进一步发现了两对主基因间还存在上位性效应。不同的研究结果均能够表明, 在大白菜黑斑病抗性遗传改良中, 早期选择是有效的。由于存在复杂的上位性和显隐性关系, 单纯依赖表型选择效率低且易造成偏差, 未来应整合遗传图谱与分子标记技术, 实现多抗病等位基因纯合体的高效聚合。

综上所述, 笔者采用主基因+多基因混合遗传模型分析方法对大白菜黑斑病抗性遗传规律进行研究, 发现大白菜黑斑病抗性遗传模型符合 MX2-ADI-AD 模型, 抗性由两对加性-显性-上位性主基因+加性-显性多基因控制, 主基因在黑斑病抗性遗传中起主要作用。本研究结果为大白菜黑斑病抗性基因挖掘及高抗品种选育提供了重要的遗传学理论支撑。

参考文献

- [1] 张凤兰, 于拴仓, 余阳俊, 等. “十三五”我国大白菜遗传育种研究进展[J]. 中国蔬菜, 2021(1): 22-32.
- [2] Amit K, Jaiswa L. Nutritional composition and antioxidant properties of fruits and vegetables[M]. New York: Academic Press, 2020.
- [3] 宋雨萌, 刘文杰, 王敏, 等. 青岛地区大白菜黑斑病病原菌分离鉴定与致病性研究[J]. 中国蔬菜, 2023(4): 57-63.
- [4] Nowicki M, Nowakowska M, Niezgodna A, et al. Alternaria black spot of crucifers: Symptoms, importance of disease, and perspectives of resistance breeding[J]. Vegetable Crops Research Bulletin, 2012, 76(1): 5-19.
- [5] 肖长坤, 李勇, 李健强. 十字花科蔬菜种传黑斑病研究进展[J]. 中国农业大学学报, 2003, 8(5): 61-68.
- [6] 马海霞, 屈直, 李丹, 等. 白菜黑斑病病原产孢量影响因素初步研究[J]. 中国植保导刊, 2016, 36(6): 5-8.

- [7] 刘丽,刘长远,汪岐禹.大白菜黑斑病病原鉴定及品种抗性评价[J].辽宁农业科学,2015(1):80-81.
- [8] 王凤敏,张鲁刚,刘静,等.春夏大白菜黑斑病病原鉴定和抗性鉴定方法比较[J].植物保护学报,2007,34(6):614-618.
- [9] 张海婷,易军,曾钰程,等.十字花科蔬菜黑斑病的危害及防治措施[J].现代农业科技,2025(3):82-85.
- [10] Yan W Y, Wang C N, Zhang H, et al. Transcriptome and metabolome analyses reveal response mechanisms to *Alternaria brassicicola*-induced black spot disease in diverse chinese cabbage genotypes[J]. Horticulturae, 2024, 10(9):1001.
- [11] 张凤兰,徐家炳,严红,等.大白菜苗期对黑斑病抗性遗传规律的研究[J].华北农学报,1997,12(3):115-119.
- [12] 刘焕然,柯桂兰.大白菜对黑斑病抗性遗传规律及抗性与体内营养物质相关性研究[J].西北农业学报,1998,7(2):45-50.
- [13] 杨广东,李燕娥,薛建兵.大白菜黑斑病抗性遗传规律[J].中国蔬菜,2000(1):20-22.
- [14] 盖钧镒.植物数量性状遗传研究:主基因-多基因遗传体系分离分析方法[J].科学中国人,2003(11):46-48.
- [15] 苏百童,阎世江.番茄苗期耐低温性主基因-多基因联合遗传分析[J].中国瓜菜,2023,36(12):54-58.
- [16] 邹家华,肖伟,刘丹,等.瓠瓜种子大小的主基因+多基因遗传模型分析[J/OL].分子植物育种,1-9[2025-03-11].<https://link.cnki.net/urlid/46.1068.S.20250310.1546.006>.
- [17] 张洁,刘露,轩金龙,等.厚皮甜瓜种腔大小性状遗传分析[J].北方园艺,2025(11):17-22.
- [18] 赵洪平,张永顺,赵志,等.甘蓝型油菜开花时间的数量遗传分析[J].北方园艺,2024(8):9-13.
- [19] 赵洪平,李延玲,马茜茹,等.白菜型油菜产量相关性状的量遗传分析[J].江苏农业科学,2023,51(2):92-97.
- [20] Zhang Q, Branca F, Li N, et al. Identification of black spot resistance in broccoli (*Brassica oleracea* L. var. *italica*) germplasm resources[J]. Applied Sciences, 2024, 14(7):2883.
- [21] 王靖天,张亚雯,杜应雯,等.数量性状主基因+多基因混合遗传分析 R 软件包 SEA v2.0[J].作物学报,2022,48(6):1416-1424.
- [22] 张小丽.青花菜抗根肿病遗传分析与种质创制[D].北京:中国农业科学院,2014.
- [23] 钱伟,张淑江,章时蕃,等.大白菜 TuMV 抗性的主基因+多基因混合遗传分析[J].中国蔬菜,2012(12):16-21.
- [24] 陆鹏,李锡香,吴青君,等.不结球白菜优异种质对小菜蛾抗性的遗传分析[J].植物遗传资源学报,2011,12(1):71-74.
- [25] 李红双.萝卜对芜菁花叶病毒病和黑腐病抗性的遗传分析[D].北京:中国农业科学院,2009.
- [26] 卓祖闯,万恩梅,张鲁刚,等.大白菜抽薹性状的主基因+多基因遗传分析[J].西北植物学报,2009,29(5):923-928.
- [27] 叶雪莲,陈靖雯,姚祥坦,等.不结球白菜叶片皱缩性状的遗传分析[J].中国农业科学,2024,57(18):3684-3694.