

崔向华, 隗正阳, 杜振伟, 等. 芝麻产量相关性状全基因组关联分析[J]. 江苏农业科学, 2023, 51(21): 106-113.

doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2023.21.017

芝麻产量相关性状全基因组关联分析

崔向华¹, 隗正阳¹, 杜振伟², 周霞丽¹, 刘焱³, 石明权¹, 阙跃峰¹, 张少泽¹, 崔承齐², 梅鸿猷²

(1. 驻马店市农业科学院, 河南驻马店 463000; 2. 河南省农业科学院芝麻研究中心, 河南郑州 450008;

3. 南阳市农业科学院, 河南南阳 473085)

摘要:以 294 份遗传多样性丰富的芝麻种质资源为试验材料, 于 2014 年调查驻马店市、商丘市、南阳市 3 个地点的株高、始蒴高度、单株蒴数、蒴粒数、千粒质量、单株产量等 6 个产量相关性状, 结合 33 027 个 SNP 标记, 使用混合线性模型进行全基因组关联分析, 对重复检测到的显著 SNP 位点两侧 99 kb 区域内挖掘所有功能注释基因, 根据注释信息找寻与目标性状相关的基因, 并进行功能富集分析。结果表明, 6 个性状存在广泛变异, 3 个环境下变异系数表现为单株产量和单株蒴数 > 始蒴高度 > 蒴粒数 > 千粒质量 > 株高。6 个性状均呈现正态分布, 广义遗传力为 44.07% ~ 85.49%。经关联分析共检测到 171 个显著关联位点, 表型变异解释率为 5.46% ~ 11.56%。在驻马店和商丘共同检测到 6 个与蒴粒数显著关联的位点, 在其侧翼各 99 kb 区域内共挖掘到 118 个功能注释基因, 其中 SIN_1012613 基因与拟南芥 *CKII* (AT2G47430) 是同源基因, 该基因可能通过调控雌配子的发育来决定芝麻蒴粒数。本研究结果有助于解析芝麻产量相关性状的遗传机制, 为芝麻产量的遗传改良奠定理论基础。

关键词:芝麻; 产量性状; 全基因组关联分析; SNP 标记; 功能注释基因; 广义遗传力; 候选基因预测

中图分类号:S565.303.2 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2023)21-0106-07

芝麻 (*Sesamum indicum* L., $2n = 26$) 属胡麻科胡麻属, 主产地为亚洲和非洲, 是我国重要的油料作物之一^[1]。芝麻具有较高的经济价值, 以芝麻籽加工的芝麻油和芝麻酱, 具有独特的风味和丰富的营养物质, 受到消费者青睐^[2]。同时芝麻也具有药用价值, 芝麻含有的木酚素具有降低人体胆固醇的作用^[3], 其富含的芝麻酚、芝麻醇、维生素 E 等是天然抗氧化物质^[4]。近年来, 人们对芝麻需求量的增加与中国芝麻种植面积不断萎缩的矛盾凸显, 芝麻进口量逐年增加^[5], 因此, 需要通过选育更高产的芝麻品种来缓解国内芝麻供给不足的现状。优异的产量性状是提升芝麻产量的关键, 明确其遗传机制, 鉴定和定位控制产量性状的染色体位点, 对于

挖掘高产基因、培育高产品种均具有重要意义。

全基因组关联分析 (GWAS) 以自然群体长期重组交换保留下的连锁不平衡为基础, 相较于经典双亲连锁作图, 具有无需构建分离群体、研究周期短、定位精度高等优点^[6]。近些年, 随着基因组测序成本的降低, 全基因组关联分析应用到作物遗传育种研究中的例子越来越普遍, 已成为研究作物数量性状的重要方法^[7]。目前, 全基因组关联分析已经在玉米^[8]、小麦^[9]、水稻^[10]、大豆^[11]、油菜^[12]等作物中得到大量应用。随着芝麻高质量参考基因组的公布^[13], 全基因组关联分析也逐渐被应用到芝麻复杂农艺性状的遗传基础解析中。Tesfaye 等在 2 个环境中对 300 份芝麻种质资源进行全基因组关联分析, 共鉴定到 21 个与 7 个产量相关性状相关联的显著标记^[14]。Wei 等对 705 份芝麻种质资源进行重测序, 并首次对 56 个农艺性状进行全面的基因组关联分析^[15]。Dossa 等以 400 份芝麻材料为群体, 对其抗旱相关性状进行全基因组关联分析, 检测到 10 个稳定数量性状基因座 (QTL) 位点解释表型变异 40% 以上^[16]。崔承齐等将由 363 份种质资源组成的群体作为研究对象, 借助全基因组单核苷酸多态性 (SNP) 标记对 8 个产量相关性状进行关联分析, 结果检测到 10 个重复关联位点^[17]。

收稿日期: 2023-04-11

基金项目: 国家特色油料产业技术体系建设专项 (编号: CARS-14-1-01、CARS-14-2-16); 河南省重大科技专项 (编号: 201300110600); 河南省中央引导地方科技发展资金 (编号: Z20221343038); 河南省农业科学院科技创新团队项目 (编号: 2023TD31); 河南省农业科学院基础性科研工作项目 (编号: 2023JC13)。

作者简介: 崔向华 (1973—), 男, 河南驻马店人, 副研究员, 从事芝麻选育种及高产栽培技术研究。E-mail: xianghuacui1973@163.com。

通信作者: 梅鸿猷, 博士, 副研究员, 从事芝麻种质资源与遗传育种研究。E-mail: meihx2003@126.com。

相较于主要作物,芝麻遗传育种研究相对滞后,挖掘更多产量相关性状的优异等位基因仍尤为必要。本研究以 294 份芝麻种质资源为关联群体,结合基于 SLAF-seq (specific locus amplified fragment sequencing) 技术开发的高质量 SNP 标记和该群体 3 个种植点的表型数据,对株高、始蒴高度、单株蒴数、蒴粒数、千粒质量和单株产量等性状进行全基因组关联分析,旨在挖掘显著关联位点,为目标性状的基因克隆和功能验证奠定基础,最终通过分子设计育种提高芝麻产量。

1 材料与方法

1.1 试验材料

关联分析群体由 294 份收集于各地的种质资源组成,由河南省农业科学院芝麻研究中心提供。分别于 2014 年在商丘市、南阳市和驻马店市试验基地种植,田间试验设计 2 个重复,行长划定为 3 m,行距划定为 0.4 m,3 对真叶时定株距为 0.17 m,试验区采取常规田间管理。

1.2 表型测定

终花期每个重复随机选取 10 株长势一致的健康植株,统计株高(PH)、始蒴高度(FCH)和单株蒴数(CN)并挂牌标记;成熟期每株收获成熟、均匀蒴果 30 个,晒干,统计蒴粒数(SN)和千粒质量(SW);之后将标记植株整株收获,晾干,收取全部籽粒并称质量,获得单株产量(SY)^[17]。

1.3 表型数据分析

利用 IBM SPSS Statistics v19.0 软件对表型数据进行统计分析和方差分析。使用 R 语言 lme4 包计算 3 个环境中性状的最优线性无偏估计值(BLUP),使用 corrplot 包进行相关性分析。使用 ICiMapping 软件 ANOVA 功能进行广义遗传力估算,计算公式参照 Knapp 等的研究^[18]。

1.4 基因型鉴定和分析

采用 SLAF-seq 技术对群体材料进行简化测序,然后利用 BWA 软件将过滤后的数据比对到改良后的中芝 13 参考基因组上^[19],再采用 SAMTOOLS 软件检测群体 SNP,经 VCFtools 软件初步过滤后,去除缺失率大于 10% 或最小等位基因频率小于 0.01 的 SNP,最终获得 33 027 个高质量 SNP 用于全基因组关联分析。

1.5 全基因组关联分析

利用 TASSEL 5.0 软件分别对 3 个环境下 6 个

性状进行全基因组关联分析,以 $P = 0.000 1$ 为阈值,判定 SNP 标记与目标性状关联的显著性。使用 R 语言 qqman 包绘制曼哈顿图。

2 结果与分析

2.1 表型数据的描述统计

对关联群体在 3 个不同环境下 6 个产量相关性状(单株产量、单株蒴数、蒴粒数、千粒质量、株高、始蒴高度)表型数据进行统计分析(表 1)。通过表型数据发现这 6 个性状具有广泛的变异,变异系数分布为 9.41% ~ 30.54%,表明材料间性状差异较大,具有丰富的遗传变异。同时,3 个环境下各性状变异系数具有相同的表现,即单株产量和单株蒴数 > 始蒴高度 > 蒴粒数 > 千粒质量 > 株高,表明单株产量较其他性状更容易受到环境因素影响,而株高则与之相反。从各性状频数分布直方图(图 1)来看,6 个性状基本符合正态分布,符合数量性状特点。对产量相关性状的 BLUP 值进行相关性分析,得出相关系数(表 2)。结果表明,株高与始蒴高度、单株蒴数、单株产量呈极显著正相关($P < 0.01$);单株产量与单株蒴数极显著正相关;单株蒴数与蒴粒数、千粒质量呈极显著负相关;蒴粒数和千粒质量呈极显著负相关;单株蒴数与单株产量的相关性最高(相关系数 0.67)。

方差分析结果(表 3)显示,这 6 个性状的基因型效应、环境效应及二者互作效应均达到极显著水平($P < 0.01$)。由表 1 可知,各性状的广义遗传力为 44.07% ~ 85.49%,其中单株产量的广义遗传力最低,株高的广义遗传力最高,说明单株产量更容易受到环境因素影响。

2.2 产量相关性状的全基因组关联分析

基于混合线性模型(MLM)对关联群体的单株产量、株高、单株蒴数、蒴粒数、千粒质量、始蒴高度等 6 个性状进行 GWAS 分析,以 $P < 0.000 1$ 为显著性阈值,共检测到 171 个显著关联位点(图 2)。其中,与株高关联的位点共 16 个,分布在 1 号、11 号和 12 号染色体上,解释表型变异的有 6.62% ~ 10.02%,其中 1 号染色体上的关联位点最多,达到 11 个;与始蒴高度关联的位点共 26 个,解释表型变异的有 6.62% ~ 11.12%,分布在 1 号、2 号、3 号、4 号、5 号和 6 号染色体上;与单株蒴数关联的位点共计 34 个,解释表型变异的有 6.54% ~ 9.93%;与蒴粒数关联的位点共 55 个,解释表型变异的有 5.46% ~

表1 3个不同环境下芝麻6个产量性状表型数据的描述统计

| 性状 | 地点 | 均值 | 标准差 | 极小值 | 极大值 | 峰度 | 偏度 | 变异系数 (%) | 广义遗传力 (%) |
|------------|------|--------|-------|--------|--------|-------|-------|----------|-----------|
| 株高 (cm) | 驻马店 | 146.73 | 19.04 | 92.05 | 200.95 | -0.06 | 0.02 | 12.98 | 85.49 |
| | 南阳 | 147.59 | 13.92 | 113.65 | 185.25 | -0.42 | 0.08 | 9.43 | |
| | 商丘 | 119.19 | 11.21 | 93.58 | 154.50 | -0.07 | 0.21 | 9.41 | |
| | BLUP | 137.84 | 23.48 | 74.71 | 196.81 | -0.47 | -0.07 | 17.03 | |
| 始蒴高度 (cm) | 驻马店 | 54.45 | 11.63 | 23.40 | 90.10 | 0.37 | 0.17 | 21.36 | 82.36 |
| | 南阳 | 58.19 | 10.43 | 29.65 | 92.35 | 0.36 | 0.39 | 17.92 | |
| | 商丘 | 55.71 | 7.95 | 39.10 | 92.85 | 4.00 | 1.34 | 14.27 | |
| | BLUP | 56.12 | 16.02 | 14.81 | 100.82 | 0.06 | 0.17 | 28.55 | |
| 单株蒴数 (个) | 驻马店 | 78.21 | 19.14 | 33.50 | 178.00 | 2.65 | 0.77 | 24.47 | 69.35 |
| | 南阳 | 74.86 | 14.69 | 41.40 | 111.85 | -0.25 | 0.19 | 19.62 | |
| | 商丘 | 60.67 | 14.51 | 31.65 | 108.05 | 0.23 | 0.62 | 23.92 | |
| | BLUP | 71.25 | 18.85 | 25.53 | 124.89 | -0.09 | 0.13 | 26.46 | |
| 蒴粒数 (粒/蒴) | 驻马店 | 72.06 | 10.91 | 47.18 | 121.20 | 4.78 | 1.78 | 15.14 | 79.05 |
| | 南阳 | 69.44 | 9.56 | 52.83 | 120.25 | 4.79 | 1.75 | 13.77 | |
| | 商丘 | 68.02 | 9.18 | 32.38 | 97.12 | 1.04 | 0.17 | 13.50 | |
| | BLUP | 69.84 | 14.58 | 36.43 | 139.44 | 4.27 | 1.62 | 20.88 | |
| 千粒质量 (g) | 驻马店 | 2.54 | 0.34 | 1.75 | 3.51 | -0.03 | 0.46 | 13.39 | 77.23 |
| | 南阳 | 3.11 | 0.34 | 2.25 | 4.20 | -0.40 | 0.05 | 10.93 | |
| | 商丘 | 3.26 | 0.31 | 2.35 | 4.18 | 0.15 | 0.00 | 9.51 | |
| | BLUP | 2.97 | 0.46 | 1.74 | 4.14 | -0.41 | -0.05 | 15.49 | |
| 单株产量 (g/株) | 驻马店 | 11.38 | 2.37 | 4.88 | 17.54 | -0.28 | -0.04 | 20.83 | 44.07 |
| | 南阳 | 7.90 | 2.41 | 2.50 | 15.00 | 0.14 | 0.58 | 30.51 | |
| | 商丘 | 2.97 | 0.45 | 1.75 | 4.20 | -0.59 | -0.17 | 15.15 | |
| | BLUP | 7.42 | 2.07 | 4.71 | 16.86 | 0.08 | 0.13 | 27.90 | |

表2 性状相关性分析

| 性状 | 相关系数 | | | | |
|------|--------|--------|---------|---------|------|
| | 株高 | 始蒴高度 | 单株蒴数 | 蒴粒数 | 千粒质量 |
| 始蒴高度 | 0.62** | | | | |
| 单株蒴数 | 0.29** | 0.00 | | | |
| 蒴粒数 | 0.11 | 0.24** | -0.38** | | |
| 千粒质量 | 0.11 | 0.06 | -0.26** | -0.16** | |
| 单株产量 | 0.34** | 0.02 | 0.67** | -0.02 | 0.08 |

注: **表示相关性达极显著水平 ($P < 0.01$)。

10.52%; 与千粒质量关联的位点共26个,解释表型变异的有6.51%~11.56%; 与单株产量关联的位点共14个,解释表型变异的有6.57%~8.97%。其中,共有6个与蒴粒数关联的位点在驻马店和商丘2个环境中均能重复被检测到(表4)。

2.3 候选基因预测

为保证结果的可靠性,只对重复检测到的关联位点进行候选基因筛选。参考前期研究,LD衰减距

离约为99 kb^[17],在6个重复检测到的位点侧翼各99 kb区间内共找到153个基因,其中118个基因具有功能注释。GO功能富集分析结果显示,这些基因富集到43个功能类别下,涉及植物的细胞组分、生物学过程和分子功能(图3)。其中,细胞(cell)、细胞组分(cell part)、细胞进程(cellular process)、细胞器(organelle)、代谢过程(metabolic process)这5个功能类别下富集的基因占比较多(图3)。根据功能注释结果筛选到1个可能与蒴粒数相关的候选基因SIN_1012613,该基因与拟南芥*CKII*(AT2G47430)基因同源,*CKII*基因在拟南芥中编码组氨酸激酶蛋白,该蛋白通过调控雌配子发育来决定种子的形成。

3 讨论与结论

芝麻产量构成因素较多且复杂,各因素之间相互联系。本研究通过对产量相关性状BLUP值进行

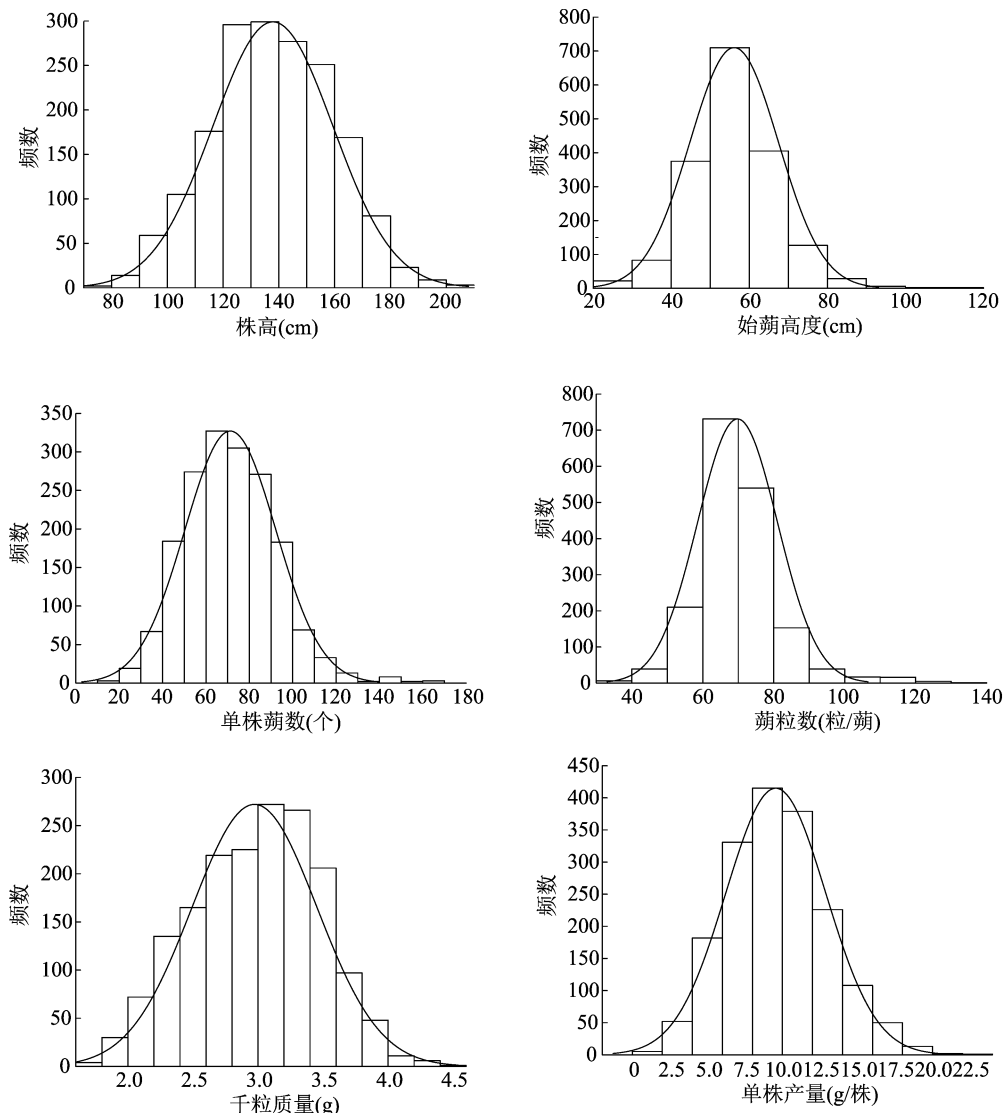


图1 产量相关性状的频数分布

相关性分析发现,各性状之间存在复杂的相关性,株高与始蒴高度、单株蒴数和单株产量极显著正相关,单株产量与单株蒴数的相关系数最高,为0.67。说明选育高产品种首先应关注株高和单株蒴数,且单株蒴数是影响产量最密切的因素,这与前人研究结果相似。唐雪辉等利用途径分析发现,单株蒴数是构成芝麻产量的第一因素,直接途径系数为0.8309^[20]。吕伟等利用逐步回归分析和途径分析发现,单株蒴数、千粒质量和蒴粒数3个性状的优良表现对芝麻单株产量起到促进作用^[21]。刘红艳等以15份芝麻种质资源为试验材料,对产量和品质性状进行典型相关分析,认为选育丰产型品种应考虑株型、千粒质量、单株蒴果数和蒴粒数^[22]。同时,在本研究中各环境下单株蒴数与蒴粒数、千粒质量呈极显著负相关关系,蒴粒数和千粒质量呈极显著负

相关关系。综上,各性状相互配合、相互影响,因此培育高产品种应综合考虑多个性状表现。

全基因组关联分析利用覆盖整个基因组的分子标记,鉴定目标性状表型和基因型之间的关联。准确的表型数据对GWAS研究十分重要^[23]。本研究共检测到171个与产量相关性状显著关联的位点,但大多只在单个环境中被检测到,仅有6个与蒴粒数关联的显著位点在驻马店和商丘2个环境中重复检测到,原因可能是产量相关性状属复杂的数量性状,易受环境影响,需要依靠多年多点的试验和更加高效准确的表型采集技术来获得良好的表型数据。然而,目前作物表型数据仍然依靠人工采集,效率低,难以避免主观误差,且作物生长发育过程存在人工无法获取和采集的表型信息。鉴于此,多尺度、高通量、规模化的植物表型组学研究快速

表3 产量相关性状的方差分析

| 性状 | 变异来源 | Ⅲ型平方和 | 自由度 | 均方 | F值 |
|------|--------|---------------|----------|--------------|-------------|
| 株高 | 环境 | 809 274.02 | 3.00 | 269 758.01 | 2 101.96 ** |
| | 基因型 | 414 126.55 | 293.00 | 1 413.40 | 11.01 ** |
| | 基因型×环境 | 196 050.46 | 879.00 | 223.04 | 1.74 ** |
| | 误差 | 150 923.92 | 1 176.00 | 128.34 | |
| | 总计 | 51 896 054.34 | 2 352.00 | | |
| 始蒴高度 | 环境 | 140 467.82 | 3.00 | 46 822.61 | 604.10 ** |
| | 基因型 | 209 437.41 | 293.00 | 714.80 | 9.22 ** |
| | 基因型×环境 | 120 757.23 | 879.00 | 137.38 | 1.77 ** |
| | 误差 | 91 149.37 | 1 176.00 | 77.51 | |
| | 总计 | 9 173 379.76 | 2 352.00 | | |
| 单株蒴数 | 环境 | 147 058.55 | 3.00 | 49 019.52 | 219.86 ** |
| | 基因型 | 310 410.49 | 293.00 | 1 059.42 | 4.75 ** |
| | 基因型×环境 | 332 482.57 | 879.00 | 378.25 | 1.70 ** |
| | 误差 | 262 198.96 | 1 176.00 | 222.96 | |
| | 总计 | 13 853 272.32 | 2 352.00 | | |
| 蒴粒数 | 环境 | 4 874.29 | 2.00 | 2 437.15 | 42.77 ** |
| | 基因型 | 116 904.21 | 293.00 | 398.99 | 7.00 ** |
| | 基因型×环境 | 53 027.81 | 586.00 | 90.49 | 1.59 ** |
| | 误差 | 49 864.79 | 875.00 | 56.99 | |
| | 总计 | 8 782 324.65 | 1 757.00 | | |
| 千粒质量 | 环境 | 164.66 | 2.00 | 82.33 | 1 424.54 ** |
| | 基因型 | 124.39 | 293.00 | 0.43 | 7.35 ** |
| | 基因型×环境 | 64.28 | 586.00 | 0.11 | 1.90 ** |
| | 误差 | 50.57 | 875.00 | 0.06 | |
| | 总计 | 15 936.59 | 1 757.00 | | |
| 单株产量 | 环境 | 4 220 616.30 | 3.00 | 1 406 872.10 | 4 162.10 ** |
| | 基因型 | 214 488.15 | 293.00 | 732.04 | 2.17 ** |
| | 基因型×环境 | 445 323.87 | 879.00 | 506.63 | 1.50 ** |
| | 误差 | 395 144.72 | 1 169.00 | 338.02 | |
| | 总计 | 11 615 813.66 | 2 345.00 | | |

注：**表示影响达极显著水平($P < 0.01$)。

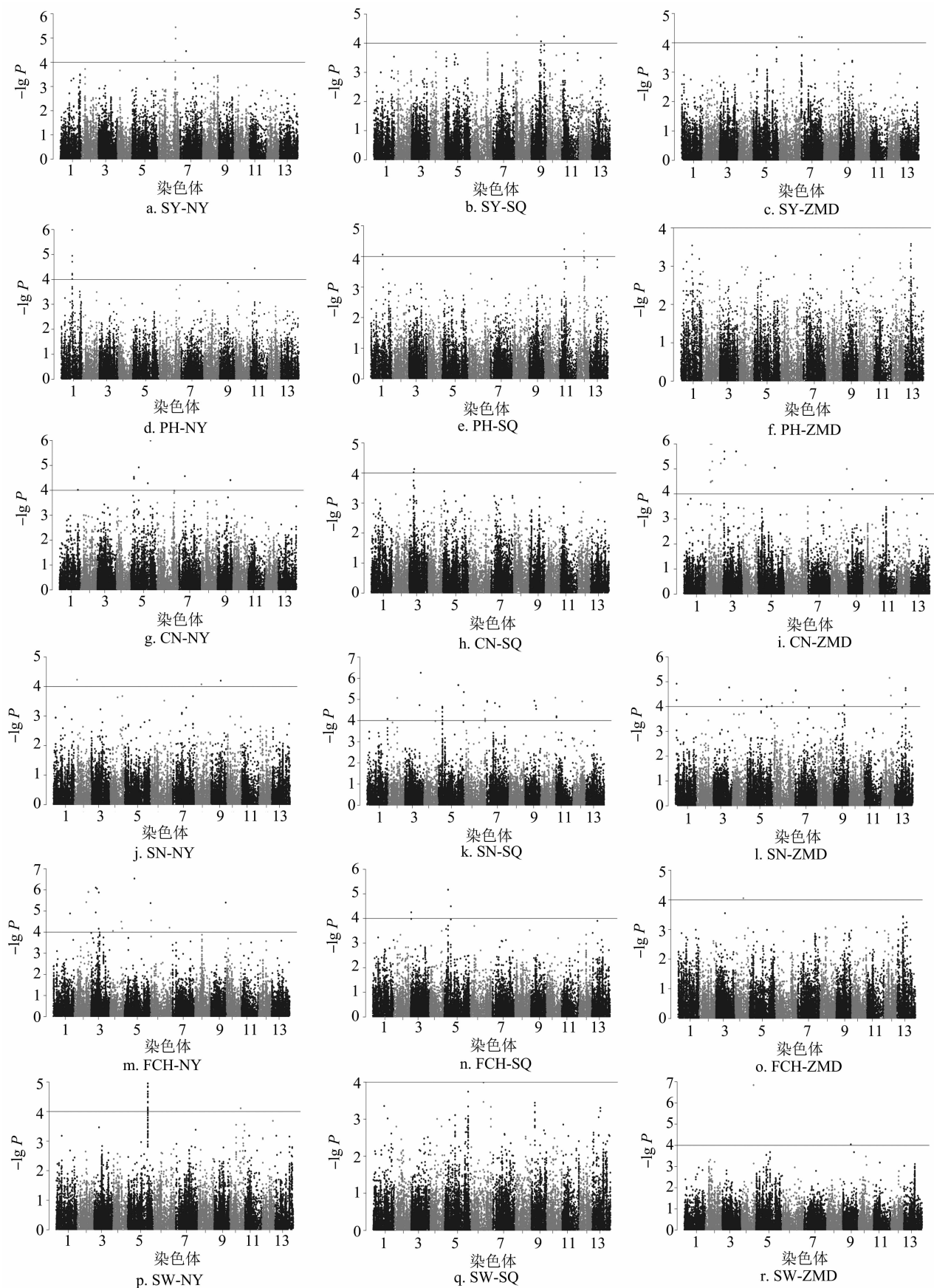
发展^[24],通过使用数字成像、近红外光谱等技术,会更加高效、准确地获得植物表型数据,推动 GWAS 研究进一步发展。

数量性状遗传基础复杂,本研究在 6 个与蒴粒数显著关联的位点区间内共发现 153 个基因,其中 118 个具有功能注释。这些基因中 SIN_1012613 位于 6 号染色体上,是拟南芥 *CKII* (cytokinin independent 1) 的同源基因,*CKII* 在拟南芥中编码组氨酸激酶蛋白(histidine kinase protein)。有研究表明,该蛋白可能通过调控胚囊中央细胞的命运分化和发育过程来决定种子的形成^[25]。Deng 等通过获得纯合 *CKII* 突变体拟南芥,发现 *CKII* 的功能缺失会导致雌配子发育缺陷、结实率低等问题^[26]。由此推测,芝麻 SIN_1012613 基因可能具有相似功能,即

通过调控雌配子的发育来决定芝麻蒴粒数。本研究同时在关联区间内检测到 MYB、bZIP、NAC 等与植物生长代谢调控相关的转录因子,这些转录因子可能通过影响植物生长发育间接控制蒴粒数。然而,后续仍需要借助基因编辑、遗传转化等方法进行功能验证。

参考文献:

- [1]刘红艳. 芝麻细胞核雄性不育的遗传特性、生理生化及分子标记研究[D]. 北京:中国农业科学院,2013.
- [2]许方涛,崔向华,盛晨,等. 芝麻不同组织中矿物质元素分布特征及相关性分析[J]. 中国油料作物学报,2023,45(5):1028-1033.
- [3]Hirata F, Fujita K, Ishikura Y, et al. Hypocholesterolemic effect of sesame lignan in humans[J]. Atherosclerosis,1996,122(1):135-136.



NY—南阳; SQ—商丘; ZMD—驻马店
 图2 3个不同环境下芝麻6个产量相关性状关联分析

表4 2个环境重复检测到的显著关联 SNP 位点

| 序号 | 地点 | 标记 | 染色体 | 位点 (bp) | 表型解释率 (%) |
|----|-----|-------------|-----|------------|-----------|
| 1 | 驻马店 | S3_15958856 | 3 | 15 958 856 | 7.96 |
| | 商丘 | S3_15958856 | 3 | 15 958 856 | 10.53 |
| 2 | 驻马店 | S9_9395670 | 9 | 9 395 670 | 7.79 |
| | 商丘 | S9_9395670 | 9 | 9 395 670 | 8.21 |
| 3 | 驻马店 | S7_483416 | 7 | 483 416 | 7.78 |
| | 商丘 | S7_483416 | 7 | 483 416 | 8.13 |
| 4 | 驻马店 | S12_9594333 | 12 | 9 594 333 | 7.41 |
| | 商丘 | S12_9594333 | 12 | 9 594 333 | 8.16 |
| 5 | 驻马店 | S6_20258615 | 6 | 20 258 615 | 6.94 |
| | 商丘 | S6_20258615 | 6 | 20 258 615 | 7.42 |
| 6 | 驻马店 | S5_25287507 | 5 | 2 5287 507 | 5.46 |
| | 商丘 | S5_25287507 | 5 | 25 287 507 | 6.57 |

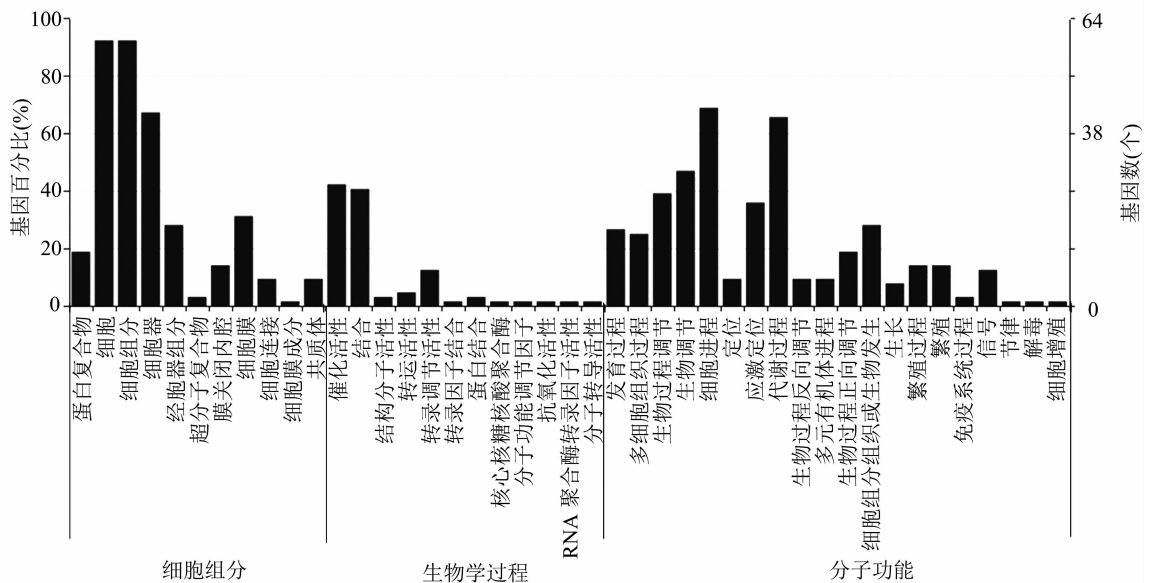


图3 候选基因功能富集分析

[9] Neumann K, Kobiljski B, Denčić S, et al. Genome-wide association mapping: a case study in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Molecular Breeding*, 2011, 27(1): 37-58.

[10] Huang X H, Wei X H, Sang T, et al. Genome-wide association studies of 14 agronomic traits in rice landraces [J]. *Nature Genetics*, 2010, 42(11): 961-967.

[11] Zhou Z K, Jiang Y, Wang Z, et al. Resequencing 302 wild and cultivated accessions identifies genes related to domestication and improvement in soybean [J]. *Nature Biotechnology*, 2015, 33(4): 408-414.

[12] Wei L J, Jian H J, Lu K, et al. Genome-wide association analysis and differential expression analysis of resistance to *Sclerotinia* stem rot in *Brassica napus* [J]. *Plant Biotechnology Journal*, 2016, 14(6): 1368-1380.

[13] Wang L H, Yu S, Tong C B, et al. Genome sequencing of the high oil crop sesame provides insight into oil biosynthesis [J]. *Genome Biology*, 2014, 15(2): R39.

[4] 刘坤, 齐静, 刘梦兰, 等. 芝麻 GRF 基因家族全基因组鉴定分析 [J]. *分子植物育种*, 2020, 18(22): 7323-7333.

[5] 周璐, 许方涛, 盛晨, 等. 芝麻含油量及脂肪酸含量 QTL 分析 [J]. *中国油料作物学报*, 2021, 43(6): 1042-1051.

[6] 熊雪航, 段海洋, 李文龙, 等. 玉米穗长全基因组关联分析 [J/OL]. *分子植物育种*: 1-16. (2022-06-30) [2023-08-25]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20220630.1359.004.html>.

[7] 杨飞, 张征锋, 南波, 等. 水稻产量相关性状的基因组关联分析及候选基因筛选 [J]. *作物学报*, 2022, 48(7): 1813-1821.

[8] Palaisa K, Morgante M, Tingey S, et al. Long-range patterns of diversity and linkage disequilibrium surrounding the maize *Y1* gene are indicative of an asymmetric selective sweep [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2004, 101(26): 9885-9890.

[14] Tesfaye T, Tesfaye K, Keneni G, et al. Genome-wide association study for yield-related traits in sesame (*Sesamum Indicum*) [J]. *Plant Breeding*, 2022, 141(2): 246-256.

[15] Wei X, Liu K Y, Zhang Y X, et al. Genetic discovery for oil production and quality in sesame [J]. *Nature Communications*, 2015, 6: 8609.

[16] Dossa K, Li D H, Zhou R, et al. The genetic basis of drought tolerance in the high oil crop *Sesamum indicum* [J]. *Plant Biotechnology Journal*, 2019, 17(9): 1788-1803.

[17] 崔承齐, 刘艳阳, 江晓林, 等. 芝麻产量相关性状的多位点全基因组关联分析及候选基因预测 [J]. *中国农业科学*, 2022, 55(1): 219-232.

[18] Knapp S J, Stroup W W, Ross W M. Exact confidence intervals for heritability on a progeny mean Basis [J]. *Crop Science*, 1985, 25(1): 192-194.

[19] Mei H X, Liu Y Y, Cui C Q, et al. QTL mapping of yield-related traits in sesame [J]. *Molecular Breeding*, 2021, 41(7): 43.

李文静,任立瑞,方文生,等. 乙蒜素和啞菌酯及其复配剂对4种病原真菌的室内毒力测定[J]. 江苏农业科学,2023,51(21):113-118.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2023.21.018

乙蒜素和啞菌酯及其复配剂对4种病原真菌的室内毒力测定

李文静¹,任立瑞¹,方文生¹,靳茜³,颜冬冬^{1,2},李园^{1,2},王秋霞^{1,2},曹劫程^{1,2,3}

(1. 中国农业科学院植物保护研究所,北京 100193; 2. 现代农业产业技术体系北京市创新团队,北京 100193;

3. 河北省土传病害绿色防控技术创新中心,河北保定 071000)

摘要:为明确乙蒜素和啞菌酯对尖孢镰刀菌(*Fusarium oxysporum*)、立枯丝核菌(*Rhizoctonia solani*)、新拟盘多毛孢(*Neopestalotiopsis clavispota*)和刺盘孢属(*Colletotrichum* spp.)4种病原真菌的毒力效果,同时扩大乙蒜素的防治谱,筛选新的杀菌剂组合物,为枯萎病和立枯病等植物病害的防治提供更多的选择,在室内离体条件下,使用菌丝生长速率法先测定了乙蒜素和啞菌酯对4种病原真菌的作用效果,并得到相应的毒力回归方程。结果表明,80%乙蒜素乳油对4种病原真菌的 EC_{50} 分别为15.507、31.357、15.991、35.454 mg/L;250 g/L啞菌酯悬浮剂对4种病原真菌的 EC_{50} 分别为13.142、1039.924、12.116、0.023 mg/L。随后在室内离体条件下采用Colby法进一步评价乙蒜素和啞菌酯对4种病原真菌的混用效果,结果表明,乙蒜素和啞菌酯混合使用对尖孢镰刀菌、立枯丝核菌、新拟盘多毛孢和刺盘孢属4种病原真菌表现出加成的作用效果。最后,对乙蒜素和啞菌酯部分混配组合进行室内离体叶片试验,进一步验证乙蒜素和啞菌酯的混配效果,结果表明,与单独使用乙蒜素或啞菌酯相比,乙蒜素和啞菌酯混合使用对病原菌的防治效果显著增加。这一试验结果表明乙蒜素和啞菌酯复配能够扩大杀菌剂的防治谱,同时也筛选出了新的杀菌剂组合,为多种病害的科学防治提供更为有效的药剂使用参考。

关键词:乙蒜素;啞菌酯;病原菌;Colby法;复配;增效

中图分类号:S481⁺.9 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2023)21-0113-06

乙蒜素是一种有机硫类杀菌剂,是我国在1960年研制成功的一种植物源农药新品种。它具有高效、广谱、无公害的特点,能抑制多种真菌和细菌的

生长繁殖,而且它的成本和价格与其他杀菌剂相比较低。因此乙蒜素是一种极具市场潜力的杀菌剂,具有良好的发展前景。对乙蒜素的研究主要集中在病原菌的室内毒力测定及田间防效^[1-4]、乙蒜素与其他药剂的复配效果和乙蒜素抑制菌株生长作用的机制等^[5-10]。乙蒜素可有效抑制水稻、棉花、玉米、西瓜、黄瓜等多种作物上的病害,例如水稻稻瘟病、棉花立枯病、玉米大小斑病、西瓜蔓枯病、黄瓜苗期绵疫病等。

啞菌酯是一种甲氧基丙烯酸酯类农药,它能够有效地抵御多种病害,包括白粉病、锈病、网斑病、

收稿日期:2023-02-04

基金项目:现代农业产业技术体系北京市创新团队项目(编号:

BAIC01-2022);河北省土传病害绿色防控技术创新中心项目(编号:2021K04)。

作者简介:李文静(1999—),女,河南濮阳人,硕士研究生,主要从事杀菌剂和土壤熏蒸剂乙蒜素的应用相关研究。E-mail:wjlxhzy@163.com。

通信作者:曹劫程,博士,研究员,主要从事土壤消毒使用技术和外来入侵植物防控研究。E-mail:caoac@vip.sina.com。

[20]唐雪辉,贺建文,谭顺林,等. 芝麻主要农艺性状与产量相关性及其通径分析[J]. 安徽农业科学,2010,38(26):14293-14294.

[21]吕伟,韩俊梅,文飞,等. 西北地区芝麻单株产量与农艺性状的相关性及通径分析[J]. 种子,2020,39(4):91-94.

[22]刘红艳,赵应忠. 芝麻产量性状与品质性状的典型相关分析[J]. 中国油料作物学报,2006,28(2):129-133.

[23]韩贝,王旭文,李保奇,等. 陆地棉种质资源抗旱性状的关联分析[J]. 作物学报,2021,47(3):438-450.

[24]徐凌霄,陈佳玮,丁国辉,等. 室内植物表型平台及性状鉴定研究进展和展望[J]. 智慧农业,2020,2(1):23-42.

[25]Yuan L, Liu Z N, Song X Y, et al. The *CKII* histidine kinase specifies the female gametic precursor of the endosperm [J]. *Developmental Cell*,2016,37(1):34-46.

[26]Deng Y, Dong H L, Mu J Y, et al. *Arabidopsis* histidine kinase *CKII* acts upstream of histidine phosphotransfer proteins to regulate female gametophyte development and vegetative growth [J]. *The Plant Cell*,2010,22(4):1232-1248.