

# 樱桃番茄果形主基因 - 多基因混合遗传分析

成 颖<sup>1</sup>,李海涛<sup>2</sup>,吕书文<sup>3</sup>

(1. 沈阳农业大学 园艺学院,辽宁 沈阳 110161;2. 辽宁省农业科学院,辽宁 沈阳 110161;

3. 辽宁省农业科学院 蔬菜研究所,辽宁 沈阳 110161)

**摘要:**以樱桃番茄圆形自交系 W403(P<sub>1</sub>)和梨形自交系 W405(P<sub>2</sub>)为双亲,构建 P<sub>1</sub>,F<sub>1</sub>,P<sub>2</sub>,B<sub>1</sub>,B<sub>2</sub> 和 F<sub>2</sub> 6 个家系世代群体,应用植物数量性状主基因 + 多基因混合遗传模型和经典遗传学方法对该 6 个世代群体果形指数进行多世代联合分析,结果显示:W403 × W405 果形遗传符合 2 对完全显性主基因 + 加性 - 显性多基因模型。B<sub>1</sub>,B<sub>2</sub> 和 F<sub>2</sub> 群体主基因遗传率分别为 14.99%,79.05%和 79.70%,多基因遗传率分别为 5.34%,7.31%和 4.89%,说明 F<sub>2</sub> 果形表现出较高的主基因遗传率。对 W403 × W405 组合果形性状的改良要以主基因为主,同时注意环境的影响。

**关键词:**樱桃番茄;果形指数;主基因 + 多基因;遗传分析

**中图分类号:**S641.2 **文献标识码:**A **文章编号:**1000 - 7091(2008)06 - 0164 - 04

## Genetic Analysis of Fruit Shape Index Using Mixed Major Gene Plus Polygenes Inheritance Model in var. *cerasiforme*

CHENG Ying<sup>1</sup>,LI Hai-tao<sup>2</sup>,LU Shu-wen<sup>3</sup>

(1. College of Horticulture,Shenyang Agricultural University,Shenyang 110161,China;

2. Liaoning Academy of Agriculture Sciences,Shenyang 110161,China;

3. Vegetable Research Institute,Liaoning Academy of Agriculture Sciences,Shenyang 110161,China)

**Abstract:**W403,a round-shaped,and W405,a pear-shaped var. *cerasiforme*,were employed to establish six genealogical populations,P<sub>1</sub>,F<sub>1</sub>,P<sub>2</sub>,B<sub>1</sub>,B<sub>2</sub> and F<sub>2</sub>,the fruit shape index of the populations were analyzed by means of classic genetics and the major gene + polygene mixed inheritance model of quantitative traits. The results showed that,the Fruit shape index was controlled by two completely dominant major gene plus additive-dominant polygene model. Heritability values of the major genes of B<sub>1</sub>,B<sub>2</sub> and F<sub>2</sub> population were 14.99%,79.05% and 79.70% respectively,while those polygene were 5.34%,7.31% and 4.89%. These results indicated that major gene in F<sub>2</sub> was a key factor and environment factor was also relatively important. This implies that in the genetic improvement of fruit shape index major gene is a main factor whereas environmental effect should be taken care of.

**Key words:**var. *cerasiforme*;Fruit shape index;Major gene + polygene;Genetic analysis

果形是樱桃番茄(var. *cerasiforme*)的一项重要形态指标,它与单果重和果实硬度等有一定的遗传相关性<sup>[1-3]</sup>。前人基于经典数量遗传学方法,对番茄果形指数遗传进行了研究,认为番茄果形指数呈加性 - 显性方式遗传<sup>[4-6]</sup>,但经典数量遗传学只能估测基因的总效应,不能解析单个基因座的遗传效应,无法区别不同基因在效应上的差别。盖钧铭等<sup>[7,8]</sup>提出的主基因与多基因混合遗传模型分析方

法,把控制数量性状效应大的基因作为主基因,把效应小的基因作为多基因,这样不仅可以鉴别主基因,而且可以检测多基因效应,并估计相应的遗传参数。该方法已在大豆<sup>[9]</sup>、辣椒<sup>[10]</sup>等作物上得到广泛应用,但在樱桃番茄相关数量性状的研究上尚未见报道。本研究应用近年来发展起来的植物数量性状主基因 + 多基因混合遗传模型多世代联合分析方法,对樱桃番茄果形的基因效应进行分析研究,旨在为

收稿日期:2008 - 10 - 06

基金项目:辽宁省工程技术中心专项资助(2006402034)

作者简介:成 颖(1982 - ),女,山西交城人,在读硕士,主要从事蔬菜遗传育种研究。

通讯作者:李海涛(1957 - ),男,辽宁辽阳人,研究员,博士,主要从事蔬菜育种方面的研究。

樱桃番茄育种提供理论参考。

1 材料和方法

1.1 供试材料和遗传设计

W403,自交纯系,无限生长类型,普通叶型,明叶脉,果实圆形,稍有绿肩,红果。W405,自交纯系,其植株为无限生长类型,普通叶型,明叶脉,果实梨形,红果。

试验在辽宁省农业科学院进行。以 W403(P<sub>1</sub>)和 W405(P<sub>2</sub>)为双亲构建 P<sub>1</sub>,F<sub>1</sub>,P<sub>2</sub>,B<sub>1</sub>(F<sub>1</sub> × P<sub>1</sub>),B<sub>2</sub>(F<sub>1</sub> × P<sub>2</sub>)和 F<sub>2</sub> 共 6 个世代,于 2007 年秋季在塑料大棚中种植,其中不分离世代 P<sub>1</sub> 种植 36 株、P<sub>2</sub> 种植 48 株、F<sub>1</sub> 种植 20 株、分离世代 B<sub>1</sub>,B<sub>2</sub> 各种植 102 株、F<sub>2</sub> 种植 204 株,株距 35 cm,行距 60 cm。待果实成熟后每株取 3 个果,用游标卡尺测果实两极的长度作为果实纵径、果实最宽处的长度作为果实横径,记载并计算果形指数 = 果实纵径/果实横径。

1.2 数据分析

采用植物数量性状主基因 + 多基因混合遗传模型多世代联合分析方法<sup>[7,11,12]</sup>,对上述 6 个世代的

果形指数进行联合分析,通过极大似然法和 IECM (Iterated expectation and conditional maximization) 算法对混合分布中的有关成分分布参数做出估计,然后利用 AIC(Akaike's information criterion) 准则和一组适合性测验,选择最佳模型,并进行适合性检验:共有 5 个统计量,即 U<sub>1</sub><sup>2</sup>,U<sub>2</sub><sup>2</sup>,U<sub>3</sub><sup>2</sup>,<sub>n</sub>W<sup>2</sup>和 D<sub>n</sub>,其中 U<sub>1</sub><sup>2</sup>,U<sub>2</sub><sup>2</sup>,U<sub>3</sub><sup>2</sup> 为均匀性检验,<sub>n</sub>W<sup>2</sup> 为 Smirnov 检验,D<sub>n</sub> 为 Kolmogorov 检验,根据结果选择最优模型。主基因遗传率 h<sub>mg</sub><sup>2</sup>、多基因遗传率 h<sub>pg</sub><sup>2</sup> 的计算按参考文献[7,13]所述方法进行。植物数量性状主基因 + 多基因遗传体系的分析统计软件由南京农业大学何小红老师提供。

2 结果与分析

2.1 6 世代果形指数次数分布

由表 1 可知,B<sub>1</sub> 世代的果形指数大多分布在 0.92 ~ 1.08,B<sub>2</sub> 世代大多分布在 1.16 ~ 1.48,F<sub>2</sub> 世代分布在 0.96 ~ 1.40;B<sub>1</sub>、B<sub>2</sub> 和 F<sub>2</sub> 株高次数均呈多峰分布,且为偏态,其中 B<sub>1</sub> 2 个峰,B<sub>2</sub> 4 个峰,表现出明显的主基因 + 多基因遗传特征。

表 1 W403(P<sub>1</sub>) × W405(P<sub>2</sub>) 组合 6 个世代果形指数的次数分布

Tab.1 Frequency distribution of the fruits shape index 6 generations derived from the cross of W403(P<sub>1</sub>) × W405(P<sub>2</sub>)

| 世代<br>Generation | 果形指数 Fruit shape index |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      | 总果数<br>Total |     |
|------------------|------------------------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|--------------|-----|
|                  | 0.88                   | 0.92 | 0.96 | 1.00 | 1.04 | 1.08 | 1.12 | 1.16 | 1.20 | 1.24 | 1.28 | 1.32 | 1.36 | 1.40 | 1.44 | 1.48 | 1.52 | 1.56 | 1.60 | 1.64 | 1.78 | 1.72 | 1.76 |              |     |
| P <sub>1</sub>   |                        | 4    | 14   | 14   | 2    | 2    |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      | 36           |     |
| F <sub>1</sub>   |                        |      |      |      | 2    | 3    | 10   | 2    | 3    |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      | 20           |     |
| P <sub>2</sub>   |                        |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      | 1    | 2    | 3    | 6    |      | 6    | 8    | 12   | 5    | 5    | 48           |     |
| B <sub>1</sub>   | 1                      | 6    | 20   | 23   | 26   | 15   | 3    | 4    | 2    | 2    |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      |      | 102          |     |
| B <sub>2</sub>   |                        |      |      | 1    | 2    | 3    | 4    | 4    | 9    | 11   | 9    | 3    | 9    | 5    | 6    | 8    | 9    | 3    | 5    | 7    | 3    | 1    |      | 102          |     |
| F <sub>2</sub>   |                        | 2    | 7    | 26   | 19   | 23   | 29   | 18   | 18   | 7    | 13   | 4    | 7    | 12   | 2    | 4    | 4    |      | 1    |      | 4    | 2    |      | 2            | 204 |

2.2 植物数量性状混合遗传模型主基因 + 多基因多世代联合分析

2.2.1 果形指数遗传模型 用植物数量性状主基因 + 多基因遗传模型的多世代联合分析方法对 W403 × W405 6 个世代群体果形指数进行联合分析,通过 IECM 算法,获得 1 对主基因(A)、2 对主基因(B)、多基因(C)、1 对主基因 + 多基因(D)和 2 对主基因 + 多基因(E)共 5 类 23 种遗传模型的极大似然函数值和 AIC 值(表 2)。根据 AIC 准则,AIC 值较低的是 B-1、B-2 和 E-5 共 3 个模型,可作为备选模型。

初步选取这 3 个模型为 W403 × W405 果形指数遗传的适合模型,其中 B-1 为加性 - 显性 - 上位性模型,B-2 为加性 - 显性模型,E-5 为 2 对完全显性主基因 + 加性 - 显性多基因模型。其中,B-1 和 B-2 模型各有 11,13 个统计量达到显著水平,E-5 有 6 个

统计量达到显著水平(表 3),并且 E-5 模型 AIC 值最小,说明 E-5 模型更优。即 W403 × W405 组合果形的遗传由 2 对完全显性主基因 + 加性 - 显性多基因控制。

2.2.2 遗传参数的估计 由 E-5 模型的各成分分布参数估计的遗传参数表明(表 4),樱桃番茄杂交组合 W403 × W405 果形遗传效应表现为加性效应和显性效应,主基因的显性效应与其加性效应相等,所以就显性方向而言 2 对主基因表现为完全显性。2 对主基因的加性效应值和显性效应值分别为 - 0.16,- 0.08,多基因加性效应值和显性效应值分别为 0.12,0.01。W403 × W405 组合分离世代果形指数主基因遗传率 F<sub>2</sub> 最高为 79.70%,B<sub>2</sub> 其次,为 79.05%,B<sub>1</sub> 为 14.99%;多基因遗传率 B<sub>2</sub> 最高,为 7.31%,其次 B<sub>1</sub>,为 5.34%,F<sub>2</sub> 为 4.89%,说明 F<sub>2</sub> 表

现了较高的主基因遗传率。主基因 + 多基因效应决定了 F<sub>2</sub> 果形指数表型变异为 84.59 % ,还有 15.41 % 的变异是由环境因素决定的 ,说明环境对樱桃番茄果形指数有一定的影响 ,环境方差占总表型方差的 13.64 % ~ 79.67 % 。

表 2 各遗传模型极大似然值和 AIC 值

| Tab.2 Maximum likelihood and AIC values of different genetic models by IECM |                                     |          |             |                                     |          |             |                                     |          |
|---|-------------------------------------|----------|-------------|-------------------------------------|----------|-------------|-------------------------------------|----------|
| 模型代号<br>Model<br>symbol   | 极大似然值<br>Max<br>likelihood<br>value | AIC      | 模型<br>Model | 极大似然值<br>Max<br>likelihood<br>value | AIC      | 模型<br>Model | 极大似然值<br>Max<br>likelihood<br>value | AIC      |
| A-1   | 295.41                              | - 582.81 | B-5         | 359.22                              | - 710.44 | D-4         | - 362.73                            | - 709.48 |
| A-2   | 231.17                              | - 456.34 | B-6         | 334.68                              | - 663.36 | E           | - 397.97                            | - 759.94 |
| A-3   | 255.81                              | - 505.61 | C           | 364.19                              | - 708.38 | E-1         | - 394.83                            | - 759.67 |
| A-4   | 90.52                               | - 175.05 | C-1         | 359.43                              | - 704.87 | E-2         | - 391.73                            | - 761.46 |
| B-1   | 391.39                              | - 762.76 | D           | 381.12                              | - 738.25 | E-3         | - 371.64                            | - 725.28 |
| B-2   | 387.32                              | - 762.64 | D-1         | 381.58                              | - 745.16 | E-4         | - 359.49                            | - 702.98 |
| B-3   | 195.79                              | - 383.58 | D-2         | 381.58                              | - 747.16 | E-5         | - 391.44                            | - 764.88 |
| B-4   | 267.97                              | - 529.94 | D-3         | 383.99                              | - 751.98 | E-6         | -                                   | -        |

注 :A、B、C、D、E 为 5 类遗传模型。A. 1 对主基因 ;B. 2 对主基因 ;C. 多基因 ;D. 1 对主基因 + 多基因 ;E. 2 对主基因 + 多基因。  
Note :A、B、C、D and E indicate five types of the following mixed inheritance models. A. One major gene ;B. Two major genes ;C. Polygene ;D. One major gene plus polygene ;E. Two major genes plus polygene ,respectively.

表 3 E-5 模型的适合性检验(括号内为概率值)

| Tab.3 Tested fitness of model E-5 (the probabilities in bracket) |                             |                             |                             |                 |                |
|--|-----------------------------|-----------------------------|-----------------------------|-----------------|----------------|
| 世代<br>Generation   | U <sub>1</sub> <sup>2</sup> | U <sub>2</sub> <sup>2</sup> | U <sub>3</sub> <sup>2</sup> | nW <sup>2</sup> | Dn             |
| P <sub>1</sub>   | 0.287(0.591 9)              | 0.221(0.638 2)              | 15.657 *                    | 0.527 0         | 0.216 7        |
| F <sub>1</sub>   | 3.961 *                     | 1.775(0.182 8)              | 5.663 *                     | 0.7448(>0.05)   | 0.328 2(>0.05) |
| P <sub>2</sub>   | 0.175(0.675 5)              | 0.774(0.379 0)              | 3.601(0.057 7)              | 0.110 9         | 0.119 4        |
| B <sub>1</sub>   | 1.506(0.219 8)              | 1.764(0.184 1)              | 0.314(0.575 3)              | 0.272 0         | 0.112 4        |
| B <sub>2</sub>   | 3.550(0.059 5)              | 4.626 *                     | 1.705(0.191 6)              | 0.403 9         | 0.118 8        |
| F <sub>2</sub>   | 2.183(0.139 5)              | 2.426(0.119 3)              | 0.258(0.611 6)              | 0.285 9         | 0.079 6        |

注 :\*.表示达到显著水平。 Note :\*.Means significant differences at a certain probability.

表 4 W403 ×W405 组合果形指数遗传参数估计值

| Tab.4 Estimated of genetic parameters of the fruit shape index in W403 ×W405 |                 |                                 |                |                |                |
|--|-----------------|---------------------------------|----------------|----------------|----------------|
| 一阶参数<br>1st order parameter  | 估计值<br>Estimate | 二阶参数<br>2nd order parameter     | 估计值 Estimate   |                |                |
|  |                 |                                 | B <sub>1</sub> | B <sub>2</sub> | F <sub>2</sub> |
| m  | 1.30            | $\frac{2}{p}$                   | 0.010          | 0.030          | 0.030          |
| d <sub>a</sub>   | - 0.16          | $\frac{2}{pg}$                  | 0.000 3        | 0.002          | 0.001          |
| d <sub>b</sub>   | - 0.08          | $\frac{2}{mg}$                  | 0.001          | 0.026          | 0.020          |
| [d]  | 0.12            | $\frac{2}{e}$                   | 0.005          | 0.005          | 0.010          |
| [h]  | 0.01            | $h_{mg}^2$ (%)                  | 14.990         | 79.050         | 79.700         |
|  |                 | $h_{pg}^2$ (%)                  | 5.340          | 7.310          | 4.890          |
|  |                 | $h_{mg}^2$ (%) + $h_{pg}^2$ (%) | 20.330         | 86.360         | 84.590         |

注 :m. 6 世代群体平均值 ;d<sub>a</sub>. 第一对主基因加性和显性效应值 ;d<sub>b</sub>. 第二对主基因加性和显性效应值 ;[d]. 多基因加性效应值 ;[h]. 多基因显性效应值 ; $\frac{2}{p}$ . 表型方差 ; $\frac{2}{pg}$ . 多基因方差 ; $\frac{2}{mg}$ . 主基因方差 ; $\frac{2}{e}$ . 环境方差 ; $h_{mg}^2$ . 主基因遗传率 ; $h_{pg}^2$ . 多基因遗传率。  
Note :m. Average value of six generations ;d. Additive effective value of major gene ;h. Dominant effective value of major gene ;[d]. Additive effective value of polygene ;[h]. Dominant effective value of polygene ; $\frac{2}{p}$ . Phenotypic ariance ; $\frac{2}{pg}$ . Polygene variance ; $\frac{2}{mg}$ . Major gene variance ; $\frac{2}{e}$ . Environmental variance ; $h_{mg}^2$ . Major gene heritability ; $h_{pg}^2$ . Polygene heritability.

3 讨论

本研究应用植物数量性状主基因 + 多基因混合遗传模型多世代联合分析方法 ,明确了樱桃番茄果形遗传的主基因和多基因效应 ,表明樱桃番茄果形的遗传主要受 2 对主基因的控制 ,伴有多基因的修饰作用但效应较小 ,环境影响较大。发现主基因与

多基因间的基因效应存在一定差异 ,主基因的加性效应和显性效应相等 ,主基因表现为完全显性 ,这些都是过去采用传统分析方法所不能获得的结果。

F<sub>2</sub> 群体主基因遗传率为 79.70 % ,表明早期世代选择是有效的。基于经典数量遗传学分析法 ,不同研究者对番茄果形遗传率进行了估测 ,与其结果较为接近<sup>[4,14]</sup> ,就市场需求及加工贮运而言 ,长果形

品种选育更应受到重视<sup>[5]</sup>。本研究结果显示,如果对樱桃番茄果形性状改良,可利用其主基因遗传率相对较高的特点选用长果形的材料,通过杂交、回交转移主基因,选育较长果形的后代。

本研究首次将植物数量性状主基因 + 多基因混合遗传模型分析体系应用于樱桃番茄果长遗传分析。

#### 参考文献:

- [1] Sami,Frary A, Ku H M, *et al.* Mapping quantitative trait loci in inbred backcross lines of *Lycopersicon pimpinellifolium* (LA1589) [J]. *Genome*, 2002, 45 (6) :1189 - 1203.
- [2] 穆 欣. 番茄果实硬度相关性状及遗传规律的研究 [D]. 沈阳:沈阳农业大学, 2004.
- [3] 薛 俊,等. 番茄品质性状的遗传多样性研究[J]. *华北农学报*, 2004, 19 (4) :7 - 10.
- [4] 孙保娟. 樱桃番茄主要数量性状的遗传效应研究[D]. 长春:吉林农业大学, 2002.
- [5] 齐乃敏. 番茄主要品质性状的遗传研究[D]. 扬州:扬州农业大学, 2005.
- [6] 李 悦,李天来,王 丹. 番茄心室数相关性状的遗传效应分析[J]. *中国蔬菜*, 2007 (9) :12 - 15.
- [7] 盖钧镒,章元明,王建康. 植物数量性状遗传体系 [M]. 北京:科学出版社, 2003.
- [8] Zhang Y M, Gai J, Yang Y. The EIM algorithm in the joint segregation analysis of quantitative traits [J]. *Genetical Research*, 2003, 81 (2) :157 - 163.
- [9] 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.
- [10] 陈学军,陈劲枫,方 荣,等. 辣椒始花节位遗传研究 [J]. *园艺学报*, 2006, 33 (1) :152 - 154.
- [11] 盖钧镒,章元明,王建康. QTL 混合遗传模型扩展至 2 对主基因 + 多基因时的多世代联合分析 [J]. *作物学报*, 2000, 26 (4) :385 - 391.
- [12] Gai J Y, Wang J K. Identification and estimation of a QTL model and its effects [J]. *Theor Appl Genet*, 1998, 97 :1162 - 1168.
- [13] 戚存扣,盖钧镒,章元明. 甘蓝型油菜芥酸含量的主基因 + 多基因遗传 [J]. *遗传学报*, 2001, 28 (2) :182 - 187.
- [14] Peter K V, Rai B. Combining ability analysis in tomato [J]. *India J Gen plant Breeding*, 1980, 40 (10) :1 - 6.