

西葫芦产量性状主基因-多基因混合遗传分析

陈凤真

(菏泽学院 园林工程系, 山东 菏泽 274000)

摘要: 选用蔓生和矮生的西葫芦自交系配制 $q-1 \times 23-4G$ (组合1) 和 $q-1 \times A-7$ (组合2) 2个组合, 构建 P_1 、 F_1 、 P_2 、 BC_1 、 BC_2 和 F_2 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对该6个世代群体单株结果数和单果质量进行多世代联合分析。结果表明: 2个组合的西葫芦的单株结果数遗传符合一对加性主基因+加性-显性多基因(D-2)模型, 单果质量遗传为加性-显性-上位性两对主基因(B-1)遗传模型; 组合1的单株结果数以基因的加性效应为主, 而组合2除了加性效应之外, 还有显性效应的影响; 而西葫芦2个组合单果质量起主要作用的是显性效应与显性 \times 显性互作效应。单株结果数的 F_2 的基因遗传率较高, 环境影响相对较小, 表明对西葫芦单株结果数育种宜早代选择。2个组合单果质量的 F_2 主基因遗传率较低, 环境影响较大, 表明对西葫芦单果质量的育种宜分离晚代进行。

关键词: 西葫芦; 单株结果数; 单果质量; 主基因-多基因

中图分类号: S642.6 文献标识码: A 文章编号: 1000-7091(2011)03-0079-07

Analysis of Yield Traits Using Mixed Major Gene and Polygene Inheritance Model in Summer Squash

CHEN Feng-zhen

(Department of Landscape Engineering, Heze University, Heze 274000, China)

Abstract: Inheritance of the fruit number per plant and individual fruit mass of summer squash in P_1 , P_2 , F_1 , BC_1 , BC_2 and F_2 from two crosses $q-1 \times 23-4G$ (cross 1) and $q-1 \times A-7$ (cross 2) was investigated by the mixed major gene and polygene inheritance model of quantitative traits. The results showed that the fruit number per plant was controlled by D-2 model and the individual fruit mass was controlled by B-1 model. Additive effect mainly played role on cross 1 of fruit number per plant, while additive effect and dominant effect both played role on cross 2; But genetic effect of the individual fruit mass of two crosses were mainly dominant effect of major gene and dominant \times dominant epistasis. Heritability value of the genes of F_2 was relatively high and environmental effect was relatively low; These results indicated that fruit number per plant breeding of summer squash should be selected in early generation selection. To the individual fruit mass of summer squash, heritability values of the genes of F_2 was relatively low and environmental effect was relatively high; So high separated generations was effective on the individual fruit mass.

Key words: Summer squash; Fruit number per plant; Individual fruit mass; Major gene and polygene

单株结果数和单果质量是西葫芦(*Cucurbita pepo* L.)丰产性状的重要指标。何启伟等^[1]采用经典遗传学已对这两个性状的遗传效应进行了研究。经典遗传学虽然能估计基因总体效应,但不能区分主基因、多基因效应;陈凤真等^[2]采用主基因-多基因研究混合遗传方法对西葫芦株型性状进行了研究,目前未发现有关产量性状主基因-多基因混合遗传

方法的研究报道。

本研究利用盖均镒^[3]的主基因-多基因混合分析方法,对西葫芦单株结果数和单果质量的遗传开展进一步的研究,旨在对丰产性状杂种优势产生的机理进一步研究,并为开展西葫芦的丰产育种提供理论依据。

收稿日期: 2011-02-10

基金项目: 济南市2006年科学技术发展计划项目(064034)

作者简介: 陈凤真(1980-),女,山东郓城人,讲师,博士,主要从事蔬菜遗传育种与生物技术研究。

1 材料和方法

1.1 试验材料

选用蔓生和矮生两种不同株型,果形差异较大且经 6 代以上自交选育的 3 个西葫芦自交系 q-1(蔓生、白皮/长棒形)、23-4G(矮生、墨绿皮/粗短形)和 A-7(矮生、深绿皮/粗短形)为试材。其中 q-1 和 A-7 分别来自奇台和阿尔及利亚的引进品种,23-4G 由双丰特早自交分离选育而来。

1.2 试验方法

试验在山东农业大学蔬菜试验站进行,2005 年春配制 F_1 组合 1: q-1(♀) × 23-4G(♂),组合 2: q-1(♀) × A-7(♂)。2005 年 10 月在日光温室中获得 F_2 、回交世代 BC_1 (F_1 × q-1)和 BC_2 (F_1 × 23-4G 和 F_1 × A-7)。2006 年 3 月 12 日 28℃ 恒温催芽,3 月 16 日播种,3 月 30 日定植到拱圆大棚(长 60 m,跨度 10 m)。亲本及 F_1 各定植 30 株,回交世代分别定植 60 株, F_2 定植 90 株,行距 60 cm,株距 50 cm;3 次重复,每组小区采用随机区组设计。单干整枝,落蔓管理,其他管理同一般生产田。

1.3 统计分析方法

采用植物数量性状主基因-基因混合遗传模型^[3]对西葫芦 6 个世代的产量性状进行联合分析,通过极大似然法(Maximum likelihood method)和 IECM 算法(Iterated expectation and conditional

maximization)对混合分布中的有关成份分布参数做出估计;然后利用 AIC 准则(Akaike's information criterion)选择 AIC 值最小或较小的 1 个或几个备选模型,再通过一组适合性测验,共有 5 个统计量,即 U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 、 nW^2 和 D_n ,其中 U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 为均匀性检验, nW^2 为 Smirnov 检验, D_n 为 Kolmogorov 检验,根据结果选择最优模型即选择统计量达到显著水平个数最少的模型作为最优模型;并估计主基因和多基因效应值、主基因遗传率等遗传参数。分析软件由南京农业大学国家大豆改良中心提供。

2 结果与分析

2.1 产量性状测定值的次数分布

2.1.1 单株结果数测定值的次数分布 将各个世代的单株结果数次数分布列于表 1。组合 1 的 F_1 的单株结果数的平均值介于双亲之间,表现出超亲现象,其中 F_1 偏向于结果数多的亲本(P_1);组合 2 的 F_1 的单株结果数的平均值高于高亲值,存在超亲现象。2 个组合 F_2 、 BC_1 、 BC_2 的单株结果数的平均值介于双亲之间;2 个组合的 BC_1 、 BC_2 和 F_2 单株结果数都呈双峰分布,说明西葫芦单株结果数的遗传明显地表现出主基因 + 多基因遗传特征。

表 1 各世代单株结果数表型值次数分布

Tab. 1 Frequency distribution of fruit number per plant phenotypic value of the generations

组合 Cross	世代 Generation	单株结果数/个 Fruit number per plant						总株数/株 Total plant	平均结果数/个 Average of fruit number
		2	3	4	5	6	7		
组合 1 Cross 1	P_1			9	12	5	4	30	5.13
	F_1		8	14	5	3		30	4.27
	P_2	6	13	10	1			30	3.20
	BC_1	2	20	18	30	12	8	90	4.60
	BC_2	12	47	20	4	7		90	3.41
	F_2	17	54	80	8	13	8	180	3.83
组合 2 Cross 2	P_1			9	12	5	4	30	5.13
	F_1			2	8	11	9	30	5.90
	P_2	2	11	12	5			30	3.67
	BC_1	1	12	30	18	23	6	90	4.73
	BC_2	12	37	17	20	3	1	90	3.57
	F_2	14	21	41	35	48	21	180	4.81

2.1.2 单果质量测定值的次数分布 将各个世代的单果质量次数分布分别列于表 2。从表 2 可知 2 个组合 F_1 的单果质量性状存在超亲优势。2 个组合 F_2 、 BC_1 、 BC_2 的单果质量的平均值介于双亲之间;2 个组合的 F_2 单果质量都呈单峰较明显的偏态分布,表明主基因可能控制 2 个组合单果质量的

遗传。

2.2 单株结果数和单果质量遗传模型

以 2 个组合的 6 个不同世代材料单株结果数和单果质量为基础,利用植物数量性状主基因-多基因混合遗传模型的多世代联合分析方法对 6 个世代群体进行分析,计算不同遗传模型的 AIC 值(表 3)。

表 2 各世代单果质量表型值次数分布

Tab.2 Frequency distribution of individual fruit mass phenotypic value of the generations											
组合 Cross	世代 Generation	单果质量/g Individual fruit mass								总株数/株 Total plant	平均单果质量/g Average mass of individual fruit
		200 ~250	250 ~300	300 ~350	350 ~400	400 ~450	450 ~500	500 ~550	550 ~600		
组合 1 Cross 1	P ₁				3	13	7	5	2	30	468
	F ₁				5	10	8	7		30	489
	P ₂		1	10	12	4	3			30	365
	BC ₁		2	12	18	21	24	8	5	90	425
	BC ₂		4	18	25	17	15	7	4	90	402
组合 2 Cross 2	F ₂		8	23	53	42	26	17	11	180	418
	P ₁				3	13	7	5	2	30	468
	F ₁				4	6	11	8		30	490
	P ₂	3	9	13	4	1				30	330
	BC ₁	1	6	12	36	13	10	8	4	90	413
	BC ₂	4	6	32	16	13	11	5	3	90	367
	F ₂	2	3	8	30	53	44	29	11	180	409

表 3 单株结果数和单果质量遗传模型的 AIC 值

Tab.3 AIC value of fruit number per plant and individual fruit mass					
模型	单株结果数 Fruit number per plant		模型	单果质量 Individual fruit mass	
	组合 1 Cross 1	组合 2 Cross 2		组合 1 Cross 1	组合 2 Cross 2
A-1	1 835.54	1 539.34	A-1	5 138.89	5 542.09
A-2	1 836.55	1 547.54	A-2	5 138.72	5 573.37
A-3	1 836.28	1 563.24	A-3	5 127.82	5 563.19
A-4	1 824.89	1 531.25	A-4	5 142.03	5 539.76
B-1	1 840.70	1 511.37	B-1	5 108.71	5 508.00
B-2	1 827.28	1 512.07	B-2	5 114.90	5 527.53
B-3	1 836.59	1 631.37	B-3	5 199.73	5 569.03
B-4	1 830.08	1 549.55	B-4	5 141.12	5 573.37
B-5	1 828.39	1 560.10	B-5	5 139.84	5 563.05
B-6	1 828.39	1 564.21	B-6	5 139.82	5 561.05
C	1 806.84	1 509.84	C	5 158.30	5 725.59
C-1	1 806.84	1 524.46	C-1	5 154.36	5 737.30
D	1 803.26	1 512.22	D	5 126.45	5 684.24
D-1	1 450.91	1 504.06	D-1	5 126.26	5 984.01
D-2	1 429.45	1 492.06	D-2	5 126.26	5 684.00
D-3	1 806.84	1 503.34	D-3	5 126.32	5 688.48
D-4	1 806.84	1 511.69	D-4	5 126.29	5 688.31
E	1 807.56	1 520.66	E	5 126.19	5 586.29
E-1	1 811.74	1 517.72	E-1	5 126.23	5 682.78
E-2	1 814.28	1 522.65	E-2	5 137.46	5 688.11
E-3	1 814.36	1 512.42	E-3	5 126.38	5 585.27
E-4	1 815.28	1 525.09	E-4	5 126.26	5 686.96
E-5	1 815.30	1 517.85	E-5	5 138.45	5 689.98
E-6	1 815.30	1 518.95	E-6	5 138.14	5 677.85

根据 AIC 准则,组合 1 的单株结果数 D-2 模型和 D-1 模型 AIC 值较小,D-2 和 D-1 模型可作为备选模型;组合 2 的单株结果数 D-2 模型的 AIC 值最小,D-1 模型和 D-3 模型的 AIC 值与最小值接近,D-1 和 D-3 模型可作为备选模型。然后对单株结果数性状的 D-2 模型与其他备选模型进行适合性检验,结果见表 4,选择统计量达到显著水平个数较少的模型作为最优模型。表 4 结果表明:在 6 个世代的 30 个统计量中,组合 1 的单株结果数 D-2 模型有 6 个统计量达到显著水平,而 D-1 模型有 14 个统计量达到

显著水平;组合 1 的单株结果数 D-2 模型达到显著水平的统计量个数少于 D-1 的个数;组合 2 的单株结果数 D-2 模型的各统计量均不显著,而 D-1 和 D-3 模型分别有 10 个和 6 个统计量达到显著水平;说

明 2 个组合的单株结果数 D-2 模型不仅最佳而且最适,西葫芦单株结果数性状符合一对加性主基因 + 加性 - 显性多基因(D-2) 混合模型。

表 4 单株结果数的适合性检验(括号内为概率值)

Tab. 4 Fitness test of fruit number per plant (Probability in parentheses)

组合 Cross	模型 Model	世代 Generation	统计量 Statistic				
			U_1^2	U_2^2	U_3^2	nW^2	D_n
组合 1 Cross 1	D-1	P_1	0.00(0.99)	0.00(0.97)	0.03(0.87)	0.11(<0.05)*	0.15(<0.05)*
		F_1	9.36(0.00)*	7.13(0.01)*	1.37(0.24)	0.12(<0.05)*	0.13(<0.05)*
		P_2	0.01(0.93)	0.34(0.56)	3.98(0.05)*	0.15(<0.05)*	0.14(<0.05)*
		BC_1	0.48(0.49)	1.72(0.19)	6.49(0.01)*	0.79(>0.05)	0.21(>0.05)
		BC_2	0.00(0.97)	3.51(0.06)*	14.22(0.00)*	0.93(>0.05)	0.31(>0.05)
		F_2	0.14(0.71)	9.38(0.00)*	16.97(0.00)*	0.95(>0.05)	0.35(>0.05)
	D-2	P_1	0.00(0.99)	0.88(0.35)	14.10(0.00)*	0.80(>0.05)	0.27(>0.05)
		F_1	2.70(0.10)	5.20(0.02)*	7.56(0.01)*	0.77(>0.05)	0.35(>0.05)
		P_2	0.00(0.99)	1.26(0.26)	19.78(0.00)*	0.72(>0.05)	0.35(>0.05)
		BC_1	0.83(0.36)	1.20(0.27)	0.70(0.40)	0.74(>0.05)	0.23(>0.05)
		BC_2	0.06(0.81)	0.03(0.86)	0.05(0.82)	0.23(>0.05)	0.28(>0.05)
		F_2	1.74(0.19)	5.15(0.02)*	5.80(0.02)*	0.65(>0.05)	0.35(>0.05)
	D-3	P_1	0.28(0.59)	0.09(0.77)	0.76(0.38)	0.17(<0.05)*	0.18(<0.05)*
		F_1	0.09(0.76)	0.28(0.06)	0.86(0.35)	0.12(<0.05)*	0.14(<0.05)*
		P_2	0.00(0.98)	0.01(0.91)	0.15(0.70)	0.22(<0.05)*	0.20(<0.05)*
		BC_1	7.08(0.01)*	0.72(0.40)	0.39(0.53)	0.70(>0.05)	0.24(>0.05)
		BC_2	0.09(0.76)	0.03(0.87)	0.07(0.79)	0.11(<0.05)*	0.13(<0.05)*
		F_2	0.15(0.70)	0.30(0.58)	0.45(0.50)	0.61(>0.05)	0.01(<0.05)*
组合 2 Cross 2	D-1	P_1	0.28(0.59)	0.09(0.77)	0.76(0.38)	0.17(<0.05)*	0.18(<0.05)*
		F_1	0.09(0.76)	0.28(0.06)	0.86(0.35)	0.12(<0.05)*	0.14(<0.05)*
		P_2	0.00(0.98)	0.01(0.91)	0.15(0.70)	0.22(<0.05)*	0.20(<0.05)*
		BC_1	7.08(0.01)*	0.72(0.40)	0.39(0.53)	0.70(>0.05)	0.24(>0.05)
		BC_2	0.09(0.76)	0.03(0.87)	0.07(0.79)	0.11(<0.05)*	0.13(<0.05)*
		F_2	0.15(0.70)	0.30(0.58)	0.45(0.50)	0.61(>0.05)	0.01(<0.05)*
	D-2	P_1	0.27(0.60)	0.11(0.73)	0.45(0.50)	0.28(>0.05)	0.26(>0.05)
		F_1	0.08(0.78)	0.31(0.57)	1.35(0.24)	0.33(>0.05)	0.29(>0.05)
		P_2	0.00(0.99)	0.03(0.87)	0.40(0.52)	0.29(>0.05)	0.27(>0.05)
		BC_1	1.14(0.28)	0.76(0.38)	0.40(0.52)	0.70(>0.05)	0.24(>0.05)
		BC_2	0.09(0.76)	0.03(0.86)	0.07(0.79)	0.44(>0.05)	0.17(>0.05)
		F_2	0.01(0.91)	0.03(0.86)	0.08(0.78)	0.57(>0.05)	0.13(>0.05)
	D-3	P_1	0.60(0.44)	0.68(0.41)	0.09(0.76)	0.20(<0.05)*	0.18(<0.05)*
		F_1	0.19(0.66)	0.00(0.97)	5.38(0.02)*	0.27(>0.05)	0.14(<0.05)*
		P_2	0.00(0.96)	0.06(0.80)	0.70(0.40)	0.28(>0.05)	0.13(<0.05)*
		BC_1	0.40(0.53)	1.02(0.31)	2.56(0.11)	0.59(>0.05)	0.19(>0.05)
		BC_2	0.43(0.51)	0.68(0.41)	0.57(0.45)	0.47(>0.05)	0.12(<0.05)*
		F_2	0.92(0.34)	1.41(0.24)	1.08(0.30)	0.68(>0.05)	0.15(>0.05)

注: * . 表示 0.05 水平上差异显著。表 5 同。

Note: * . Indicates the different significance at $P < 0.05$ level. The same as Tab. 5

同样 2 个组合的单果质量 B-1 模型 AIC 值最小, B-2 的 AIC 值均与最小值接近, 因此 2 个组合的 B-2 模型可作为备选模型。进一步对单果质量的 B-1 模型与备选模型进行适合性检验, 结果见表 5, 选择统计量达到显著水平个数较少的模型作为最优模型。表 5 结果表明: 在 6 个世代的 30 个统计量中 2 个组合的 B-1 模型各统计量均不显著, 组合 1 的单果质量 B-2 模型有 12 个统计量达到显著水平, 组合 2 的 B-2 模型有 9 个统计量达到显著水平; 因此 2 个组合的单果质量 B-1 模型不仅最佳而且最适。

2.3 产量性状遗传参数估计

2.3.1 单株结果数遗传参数估计 将 2 个组合的单株结果数性状的遗传参数估计值列于表 6。根据 2 个组合适合模型各参数估计值分析控制组合单株结果数的基因效应及杂种优势产生的原因。结果表明: 组合 1 由主基因与多基因共同控制, 主基因加性效应值与多基因加性效应值之和与多基因显性效应值均为正值, 且加性效应值远大于显性效应值, 说明这个性状在遗传中 F_1 有倾向大值亲本的倾向, 表现出杂种优势, 且组合 1 单株结果数由加性效

表 5 单果质量的适合性检验(括号内为概率值)
Tab.5 Fitness test of individual fruit mass(Probability in parentheses)

组合 Cross	模型 Model	世代 Generation	统计量 Statistic				
			U_1^2	U_2^2	U_3^2	nW^2	D_n
组合 1 Cross 1	B-1	P_1	0.39(0.53)	0.34(0.56)	0.00(0.95)	0.31(>0.05)	0.31(>0.05)
		F_1	1.05(0.31)	1.36(0.24)	0.48(0.49)	0.35(>0.05)	0.35(>0.05)
		P_2	0.78(0.38)	1.13(0.29)	0.69(0.41)	0.26(>0.05)	0.28(>0.05)
		BC_1	0.18(0.67)	0.29(0.59)	0.28(0.60)	0.19(>0.05)	0.18(>0.05)
		BC_2	0.27(0.61)	0.30(0.59)	0.03(0.85)	0.17(>0.05) *	0.18(>0.05)
		F_2	0.06(0.81)	0.11(0.72)	0.18(0.67)	0.24(>0.05)	0.18(>0.05)
	B-2	P_1	0.24(0.62)	0.19(0.67)	0.03(0.86)	0.11(<0.05) *	0.19(<0.05) *
		F_1	0.00(0.91)	0.05(0.83)	0.49(0.49)	0.04(<0.05) *	0.11(<0.05) *
		P_2	0.01(0.91)	0.11(0.74)	0.78(0.38)	0.07(0.05) *	0.14(<0.05) *
		BC_1	0.11(0.74)	0.19(0.67)	0.17(0.68)	0.05(<0.05) *	0.06(<0.05) *
		BC_2	0.01(0.93)	0.01(0.93)	0.00(0.97)	0.05(<0.05) *	0.04(<0.05) *
		F_2	0.00(0.99)	0.01(0.93)	0.11(0.75)	0.01(<0.05) *	0.03(<0.05) *
组合 2 Cross 2	B-1	P_1	0.41(0.52)	0.24(0.62)	0.26(0.61)	0.33(>0.05)	0.34(>0.05)
		F_1	0.39(0.53)	0.26(0.61)	0.16(0.69)	0.30(>0.05)	0.28(>0.05)
		P_2	0.12(0.73)	0.31(0.58)	0.76(0.38)	0.27(>0.05)	0.29(>0.05)
		BC_1	0.29(0.59)	0.30(0.58)	0.01(0.92)	0.28(>0.05)	0.15(>0.05)
		BC_2	0.07(0.79)	0.18(0.67)	0.41(0.52)	0.15(>0.05)	0.15(>0.05)
		F_2	0.89(0.35)	0.37(0.55)	0.02(0.90)	0.13(>0.05)	0.14(>0.05)
	B-2	P_1	1.24(0.26)	2.89(0.09) *	6.22(0.01) *	0.35(>0.05)	0.26(>0.05)
		F_1	21.80(0.00) *	18.44(0.00) *	0.82(0.36)	0.88(>0.05)	0.39(>0.05)
		P_2	1.56(0.21)	0.38(0.53)	5.64(0.02) *	0.35(>0.05)	0.26(>0.05)
		BC_1	6.32(0.01) *	2.22(0.13)	14.26(0.00) *	0.88(>0.05)	0.20(>0.05)
		BC_2	0.18(0.67)	0.56(0.45)	21.43(0.00) *	0.65(>0.05)	0.17(>0.05)
		F_2	1.30(0.25)	0.21(0.64)	38.83(0.00) *	0.73(>0.05)	0.15(>0.05)

表 6 单株结果数各参数的遗传估计值
Tab.6 Estimated value of genetic parameter of fruit number per plant

组合 Cross	1 阶参数 1st order parameter	估计值 Estimated value	2 阶参数 2nd order parameter	估计值 Estimated value		
				BC_1	BC_2	F_2
组合 1 Cross1	m	2.58	δ_p^2	2.33	1.60	3.24
	d	0.07	δ_{mg}^2	1.04	0.60	1.43
	[d]	1.87	δ_{pg}^2	1.08	0.79	1.60
	[h]	0.89	$h_{mg}^2 / \%$	44.64	37.50	44.14
			$h_{pg}^2 / \%$	46.35	49.38	49.38
			$h_{mg}^2 + h_{pg}^2 / \%$	90.99	86.88	93.52
组合 2 Cross 2	m	4.66	δ_p^2	1.48	1.79	2.36
	d	0.72	δ_{mg}^2	0.64	0.73	1.00
	[d]	0.52	δ_{pg}^2	0.65	0.87	1.17
	[h]	0.80	$h_{mg}^2 / \%$	43.24	40.78	42.37
			$h_{pg}^2 / \%$	43.92	48.60	49.58
			$h_{mg}^2 + h_{pg}^2 / \%$	87.16	89.38	91.95

注: m. 6 世代群体平均值; d. 主基因 a 加性效应值 [d]. 多基因加性效应值 [h]. 多基因显性效应值; δ_p^2 . 表型方差; δ_{mg}^2 . 主基因方差; δ_{pg}^2 . 多基因方差; h_{mg}^2 . 主基因的遗传率; h_{pg}^2 . 多基因的遗传率。

Note : m. Average value of six generations ; d. Additive effective value of major gene a [d]. Additive effective value of the polygene; [h]. Dominant effective value of the polygene; δ_p^2 . Phenotypic variance ; δ_{mg}^2 . Major gene variance ; δ_{pg}^2 . Polygene variance ; h_{mg}^2 . Major gene heritability ; h_{pg}^2 . Polygene heritability.

应为主 ,多基因的加性效应大于主基因的加性效应。组合 2 由主基因和多基因共同控制 ,加性效应值与显性效应值均为正值 ,且与主基因加性效应值和多基因加性效应值之和相差不大 ,说明组合 2 除了加性效应为主外 ,还有显性效应的影响 ,使得杂种一代单株结果数具有超亲优势。

从表 6 中的 2 阶参数可知, 2 个组合的单株结果数性状遗传均由主基因与多基因共同控制, 组合 1 分离世代主基因遗传率平均为 42.09%, 多基因遗传率平均为 48.37%, 组合 2 分离世代主基因遗传率平均为 42.13%, 多基因遗传率平均为 47.37%, 两者的遗传在分离后代遗传中并重, 但多基因的遗传率稍大于主基因的遗传率。组合 1 分离世代单株结果数主基因和多基因遗传率之和 $h_{mg}^2(\%) + h_{pg}^2(\%)$ 分别为 90.99%, 86.88%, 93.52%, 还有 6.48% ~ 13.12% 的变异是由环境因素决定的, 组合 2 分离世代 BC_1 、 BC_2 和 F_2 基因遗传率($h_{mg}^2(\%) + h_{pg}^2(\%)$) 分别为 87.16%, 89.38%, 91.95%; 说明说明环境条件变化对西葫芦单株结果数的影响较小, 容易从表现型鉴别不同的基因型, 可以在杂种早期世代进行选择。

2.3.2 单果质量遗传参数估计 在明确遗传模型

表 7 单果质量的遗传参数估计值

Tab. 7 Estimated value of genetic parameter of individual fruit mass

组合 Cross	1 阶参数 1st order parameter	估计值 Estimated value	2 阶参数 2nd order parameter	估计值 Estimated value		
				BC_1	BC_2	F_2
组合 1 Cross 1	m	405.54	δ_p^2	5 085.36	5 337.55	6 843.94
	d_a	-65.29	δ_{mg}^2	2 821.14	3 073.33	4 579.72
	d_b	95.91	$h_{mg}^2/\%$	55.48	55.58	66.92
	h_a	10.56				
	h_b	63.42				
	i	3.29				
	j_{ab}	12.33				
	j_{ba}	-7.98				
	l	54.73				
组合 2 Cross 2	m	403.61	δ_p^2	6 061.25	5 599.13	7 042.6
	d_a	-7.058	δ_{mg}^2	3 768.98	3 006.86	4 250.33
	d_b	88.65	$h_{mg}^2/\%$	53.93	50.13	60.35
	h_a	41.84				
	h_b	106.20				
	i	-19.12				
	j_{ab}	10.21				
	j_{ba}	-1.33				
	l	106.53				

注: m. 6 世代群体平均值; d_a 、 h_a . 主基因 a 加性和显性效应值; d_b 、 h_b . 主基因 b 加性和显性效应值; i. 两对主基因的加性 × 加性上位性互作效应; j_{ab} . 主基因 a 的加性与主基因 b 的显性上位性互作效应值; j_{ba} . 主基因 b 的加性与主基因 a 的显性上位性互作效应值; l. 两对主基因的显性 × 显性上位性互作效应; δ_p^2 . 表型方差; δ_{mg}^2 . 主基因方差; h_{mg}^2 . 主基因的遗传率。

Note: m. Average value of six generations; d_a 、 h_a . Additive effective value and dominant effective value of major gene a; d_b 、 h_b . Additive effective value and dominant effective value of major gene b; i. Additive × additive epistasis effective value of two major genes; j_{ab} . Additive × dominant epistasis effective value of major gene a and b; j_{ba} . Additive × dominant epistasis effective value of major gene b and a; l. Dominant × dominant epistasis effective value of two major genes; δ_p^2 . Phenotypic variance; δ_{mg}^2 . Major gene variance; h_{mg}^2 . Major gene heritability.

3 讨论

单株结果数和单果质量是构成西葫芦丰产性的主要因素, 决定着西葫芦的产量。因此, 西葫芦育种

的基础上, 根据 B-1 模型的各参数估计值进行分析, 控制各组合单果质量的基因效应。将各组合单果质量遗传参数值列于表 7。结果表明: 组合 1 与组合 2 单果质量性状的两对主基因的显性效应值之和 ($h_a + h_b$) 大于加性效应之和 ($d_a + d_b$), 显性 × 显性互作效应 (l) 为正值, 显性 × 显性互作效应大于加性效应之和; 以上结果说明: 西葫芦单果质量起主要作用的是显性效应与显性 × 显性互作效应 (l), 其次是加性效应, 这使其杂种一代呈现超亲优势。组合 1 与组合 2 单果质量由加性 - 显性 - 上位性两对主基因控制, 2 个组合分离世代的遗传差异是由主基因引起的。2 个组合的 F_2 单果质量的主基因遗传率分别为: 66.92% 和 60.35%, 分别还有 33.08% 和 39.65% 的变异是由环境因素决定的, 说明环境对西葫芦单果质量有较高的影响, 宜分离晚代选择。

过程中, 为获得较高的丰产性, 在兼顾其他因素如单果质量的情况下至少其中 1 个亲本应具有较多的单株结果数, 才能使杂种一代具有较多的单株结果数, 达到西葫芦丰产和高产的目的。通过研究西葫芦各

产量性状的主基因-多基因遗传规律,有助于采用适当的育种方法提高产量。

以往利用经典遗传学对蔬菜产量性状的遗传模型研究较多^[1-4],目前未发现利用主基因-多基因遗传方法关于蔬菜单株结果数研究的报道,利用经典遗传方法只能说明西葫芦单株结果数组合 1 的以基因的加性效应为主,而组合 2 除了加性效应之外,还有显性效应的影响^[1]。通过主基因-多基因分析,可以更确切地显示西葫芦单株结果数的多基因的加性效应大于主基因的加性效应;而组合 2 主基因和多基因的加性效应相差不大,两者并重,并且多基因的显性效应也起着非常重要的作用。2 个组合单株结果数的 F_2 基因遗传率分别为 93.52% 和 91.95%, 分别还有 6.48% 和 8.05% 是由环境控制的,说明说明环境条件变化对西葫芦单株结果数的影响较小,容易从表现型鉴别不同的基因型,可以在杂交早期世代进行选择。因为西葫芦单株结果数是以主基因和多基因遗传并重的性状,但多基因的遗传率稍高于主基因的遗传率,在西葫芦单株结果数的育种过程中,要分别考虑主基因和多基因的遗传效应。

已有学者已采用主基因-多基因混合遗传分析方法对普通丝瓜的单果质量进行了研究,结果表明:普通丝瓜单果质量符合 2 对加性-显性-上位性主基因+加性-显性-上位性多基因(E-0),该性状可以较稳定地遗传给后代,可在分离早世代进行选

择^[5]。本研究研究结果西葫芦单果质量遗传符合加性-显性-上位性两对主基因(B-1)遗传模型;可见不同蔬菜或同一种蔬菜不同基因型第一雌花节位的遗传模型不一致。

西葫芦单果质量起主要作用的是主基因的显性效应与显性×显性互作效应,并且第二对主基因的显性效应大于第一对主基因的显性效应,其次是主基因的加性效应。2 个组合单果质量的 F_2 主基因遗传率分别为 66.92% 和 60.35%,说明环境对西葫芦单果质量有较高的影响,在对单果质量的育种工作中,应采取措施减少环境的影响,宜分离晚代选择,这也与经典遗传模型分析的结果一致。

参考文献:

- [1] 陈凤真,何启伟,樊治成,等.西葫芦 8 个农艺性状的遗传效应分析[J].园艺学报,2007,34(5):1183-1188.
- [2] 陈凤真,何启伟.西葫芦株型性状主基因-多基因混合遗传分析[J].中国蔬菜,2010(22):34-40.
- [3] 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.
- [4] 胡开林,付群梅.苦瓜主要经济性状的遗传效应分析[J].园艺学报,2001,28(4):323-326.
- [5] 苏小俊,徐海,高军,等.普通丝瓜果实性状的遗传分析[J].江苏农业学报,2009,25(5):1112-1118.