

甜瓜雌雄异花同株杂交 后代雌花率的遗传分析

盛云燕^{1,2}, 纪 鹏¹, 袁丽伟³, 张玉胡¹, 张树远¹

(1. 黑龙江八一农垦大学 农学院, 黑龙江 大庆 163319; 2. 东北农业大学 园艺学院, 黑龙江 哈尔滨 150030;

3. 河北旅游职业学院 园艺系, 河北 承德 067000)

摘 要:利用雌雄异花同株品系 3-2-2 和雄全同株品系 *TopMark* 为亲本, 配置杂交组合, 获得 6 世代群体 ($P_1, P_2, F_1, F_2, BC_1P_1, BC_1P_2$), 调查定植后第 1 朵雌花开放到定植后 60 d 内的雌花率, 通过主-多基因混合模型分析其遗传效应。结果表明: 甜瓜雌雄异花同株植株杂交后代雌花率受到 1 对主效基因控制, 同时存在 2 对微效基因, 主基因遗传率为 83.33%, 微效基因的遗传率为 8.125%, 同时讨论了利用雌花率分析雌雄异花同株遗传规律的可行性。

关键词:甜瓜; 雌雄异花同株; 雌花率; 遗传效应

中图分类号: S 652 文献标识码: A 文章编号: 1001-0009(2011)15-0166-04

甜瓜 ($2n=24$) 是葫芦科的重要经济作物之一, 在世界各个国家都有广泛的种植。根据联合国粮农组织 2010 年的报道指出, 中国是世界上瓜类出口量最多的国家, 占全世界的 52% (FAO, <http://www.fao.org>, 2010)。瓜类作物的性型复杂, 根据雌花、雄花及完全花不同的着生位置, 将甜瓜分雌雄异花同株、雄全同株、完全花植株、全雌系、全雄株、三性植株及雌全同株共 7 个类型。大多数甜瓜的栽培品种均为雄全同株, 在生产过程中由于授粉等人工操作而致使甜瓜产量及品质下降的现象时有发生, 因此甜瓜单性花的培育就显得尤为重要。单性花的遗传研究在黄瓜上研究较深入, 尤其对雌性系基因的定位, 克隆及分离研究取得了很大的研究进展^[1-2]。

甜瓜单性花遗传规律研究还只是停留在表型研究及单个基因定位的基础上^[3-4], 甜瓜全雌系的研究还处于起步阶段^[5]。2009 年刘莉^[6]等利用雌花率研究了西瓜强雌系的遗传效应分析, 为指导西瓜生产提出了重要的理论依据。因而不难看出, 在实际生产过程中, 雌花率是衡量开花性状的重要标准之一, 它可以直接影响甜瓜的质量及产量; 在基础研究中, 黄瓜、西瓜等作物常利用雌花率作为定义植株性别标准, 进而分析瓜类强雌系性状的遗传规律。因此, 甜瓜雌花率的遗传分析, 不仅对甜瓜性别遗传提出重要的理论依据, 而且对甜瓜实际生产, 提高甜瓜品质与产量具有指导作用。

第一作者简介: 盛云燕 (1979-), 女, 博士, 讲师, 研究方向为甜瓜遗传育种。E-mail: shengyunyan12345@163.com。

基金项目: 国家自然科学基金资助项目 (31071812); 黑龙江省教育厅科研资助项目 (11551319)。

收稿日期: 2011-04-13

1 材料与方法

1.1 试验材料

母本: 3-2-2, 薄皮甜瓜, 来源于东北农业大学园艺学院西甜瓜分子育种试验室, 雌雄异花同株, 早熟材料, 瓜皮颜色白色, 有条纹, 果型长圆型, 果肉白色, 雄蕊 3 枚、3 心皮^[7]; 父本: *TopMark*, 厚皮甜瓜, 来源于美国威斯康星大学瓜类遗传育种研究室, 是世界甜瓜遗传图谱构建的常用材料, 雄全同株, 多分枝, 瓜皮颜色金黄色, 网纹, 果型圆型, 果肉桔黄色。配制杂交组合 3-2-2 × *TopMark* 获得 F_1 , 通过进行自交和回交, 获得 F_2, F_3 及 BC_1P_1, BC_1P_2 共 6 个世代材料。

1.2 试验方法

6 个世代材料于 2008 年 3 月播种育苗, 定植于东北农业大学香坊实验农场露地, 株行距为 35 cm × 120 cm, 地膜覆盖栽培, 自然生长, 按照常规的栽培方式管理。2008 年 5 月 25 日, 将 3-2-2 (30)、*TopMark* (30)、 F_1 (30)、 F_2 (452)、 $BC_1P_1 (P_2)$ (各 30 株) 移栽在田间, 从第 1 朵雌花开花时进行田间调查, 调查到定植 60 d 后结束, 统计数据。

参考王建康等^[8]对杂种世代数量性状主基因-多基因混合遗传模型的鉴定方法, 对 F_2 世代采用盖钧益等^[9]单个分离世代的数量性状分离分析软件和方法进行。其方法是用 IECM 算法估计各种遗传模型的极大对数似然函数值和 AIC 值, 从这些模型中选择 AIC 值较低的模型进行适合性检验, 适合性检验参数达到显著差异个数最少的模型即为最优模型。

利用盖钧益等^[9]的单个分离世代数量性状分离软件分析方法, 得到 F_2 分离群体雌花节率数的成分分布方差及环境方差, 计算二者的比值, 进行差异显著性测验。

$F = \sigma^2 / \sigma_e^2$, σ^2 、 σ_e^2 分别表示成分方差和环境方差, $\sigma_e^2 = V_E = 0.25 V_{pl} + 0.25 V_{p2} + 0.5 V_{F1}$, V_{P1} 、 V_{P2} 、 V_{F1} 分别是 2 个亲本和杂种 F_1 的方差。并估算主基因与多基因遗传率, 主基因遗传率: $H_{mg}^2 = \sigma_{mg}^2 / (\sigma_{mg}^2 + \sigma^2)$, $\sigma_{mg}^2 = 0.75 d^2$, d 为主基因的加性效应。多基因遗传率: $h_{pg}^2 = \sigma_{pg}^2 / (\sigma_{pg}^2 + \sigma^2)$, $\sigma_{pg}^2 = \sigma^2 - \sigma_e^2$, $H_{pg}^2 = \sigma_{pg}^2 / (\sigma_{pg}^2 + \sigma^2)$ 。

2 结果与分析

2.1 甜瓜 6 个世代雌花率的分布

表 1 3-2-2×TopMark 六世代雌花率分布

Distribution of female flower ratio in six generation of 3-2-2×TopMark mating											
世代 Generation	平均值 Average/%	雌花率 Female flower proportion/%									
		0~9	10~19	20~29	30~39	40~49	50~59	60~69	70~79	80~89	90~100
P ₁	66.67					5	4	7	8	4	2
P ₂	0										
F ₁	50.32	1	2	3	5	7	8	3	1	0	0
BC ₁ P ₁	49.50	0	2	4	7	8	5	4	1	0	0
BC ₁ P ₂	30.88	2	3	4	4	1	1	2	0	0	0
F ₂		9	10	92	60	124	16	0	0	0	0

2.2 F₂ 世代雌花率的遗传规律分析

从图 1 可看出, F_2 代的数量分布, 呈双峰状态, 说明雌雄异花同株雌花率受到主效基因的控制, 同时, 可能存在微效基因的影响。进一步用 F_2 代遗传模型分析方法分析雌雄异花植株雌花率的遗传规律。

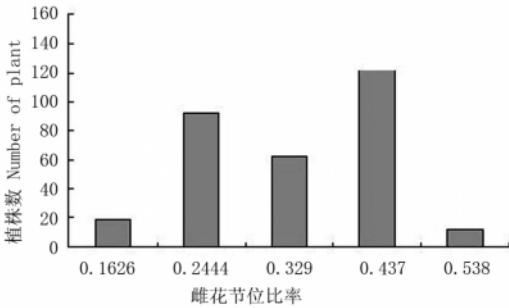


图 1 F₂ 雌花率分布

Fig. 1 The female flower proportion distribution on F₂

2.3 F₂ 群体遗传模型的选择与检验

由 F_2 代分离世代分析结果(表 2), A-1、A-3、B-1、B-5 模型的 AIC 值均相对较小, 从中选出最优模型。

具体方法是将低的 AIC 值和适合性检验结果相结合选择一组适合性检验(表 3)可知, B-1 模型有 1 个达到显著差异, 即有 1 个适合性检验统计量表明 B-1 模型与分离群体的分布是不一致的; B-5 模型有 2 个达

由表 1 可知, P_1 、 P_2 雌花率的分布具有明显的差异, 从材料的选择中也可以看出, P_1 具有明显分布的雌花率, P_2 由于是雄全同株类型, 不存在雌花率。 F_1 的平均值为 50.32%, BC_1P_1 呈现单峰分布, BC_1P_2 世代雌雄异花同株与雄全同株分离比率为 17:13, 在 17 个雌雄异花同株单株中, 雌花率分布较均匀, 而 F_2 呈明显的双峰分布, 说明控制该性状存在主效基因, 需要进一步的开展遗传分析。

到显著差异, 即有 2 个适合性检验统计量表明 B-5 模型与分离群体的分布是不一致; A-1 模型和 A-3 模型没有适合性检验统计量达到显著差异, 即没有适合性检验统计量表明 A-1 模型或 A-3 模型与分离群体的分布是不一致的。 A-1 模型的主基因表现为加性和部分显性或超显性。 A-3 模型的主基因表现为完全显性, 即显性效应等于加性效应。 A-3 模型比 A-1 模型简单。 根据选择最简单模型的原则, 即在有不止一个模型符合适合性检验时, 选择最简单的模型。 且根据图 1, F_2 代的雌花率分布是由 2 个正态分布混合而成, 而 A-1 模型的 F_2 群体由 3 个正态分布混合而成, A-3 模型的 F_2 群体由 2 个正态分布混合而成。 基于以上 2 个原因, 认为 1 对完全显性基因的模型(即 A-3 模型)是最适合的。

表 2 用 IECM 算法估计

3-2-2×TopMark F₂ 代各种遗传模型的 AIC 值

The estimation of AIC value of the different genetic model by IECM in F ₂ of combination 3-2-2×TopMark			
模型 Model	AIC 值 AIC	模型 Model	AIC 值 AIC
A-0	1 203.56	B-1	1 026.83
A-1	1 002.75	B-2	1 136.72
A-2	1 128.96	B-3	1 130.81
A-3	1 003.16	B-4	1 083.24
A-4	1 132.44	B-5	1 027.05
		B-6	1 132.67

表 3

模型适合性检验

Table 3

The fitness testing of model

模型 Model	U ₁ ²	U ₂ ²	U ₃ ²	nW ²	Dn
A-1	0.013(0.9351)	0.052(0.8476)	0.371(0.6290)	0.1756(<0.05)	0.089(<0.05)
A-3	0.013(0.9350)	0.052(0.8475)	0.371(0.6289)	0.1756(<0.05)	0.089(<0.05)
B-1	0.002(0.9046)	0.0076(0.8953)	0.306(0.6482)	0.1283(<0.05)	0.1286(>0.05)
B-5	2.4318(0.2176)	2.1365(0.1570)	0.095(0.7988)	1.5049(>0.01)	0.1895(>0.05)

注: U₁²、U₂²、U₃² 检测统计量中括号内为相应的概率。
Note: The relevant probability of U₁², U₂², U₃² in the bracket.

2.4 雌花率多基因存在的鉴定

$F(n_{4-1}, n_1 + n_2 + n_{3-1})_{0.01} = F(451, 89)_{0.01} = 1.52$ 。
 $F = \delta^2 / \delta_e^2 = 1.3947 / 0.25 \times 0.9441 + 0.25 \times 0 + 0.5 \times 1.433 = 1.46 < F(500, 80)$ 。说明差异极显著,多基因存在的假设成立,因此,雌雄异花同株雌花率除了受1对显性主基因控制外,还受微效多基因的调控。

2.5 主基因与多基因遗传率分析

主基因遗传率: $d = 1/2(\mu_1 - \mu_2) = 1/2(38.28 - 32.19) = 3.045$; $\delta_{mg}^2 = 0.75$ $d^2 = 6.95$; $h_{mg}^2 = \delta_{mg}^2 / (\delta_{mg}^2 + \delta_e^2) \times 100\% = 83.33\%$; 多基因遗传率: $\delta_{pg}^2 = \delta^2 - \delta_e^2 = 1.5947 - 0.9526 = 0.6421$; $H_{pg}^2 = \delta_{pg}^2 / (\delta_{mg}^2 + \delta_e^2) \times 100\% = 8.125\%$ 。

2.6 修饰基因数目的估算

按照公式: $n = (X_{p1} - X_{p2})^2 / (S_{F2}^2 - S_{F1}^2) = (0.3632 - 0.2716)^2 / (0.019 - 0.0141) = 1.7 \approx 2$ 。

按照数量性状进行统计,修饰基因数为2,即有2对修饰基因调控甜瓜雌雄异花同株植株的雌花率。

3 讨论与结论

甜瓜由于其性别的复杂性,一直以来作为葫芦科的研究热点,但是鲜有突破性的研究成果公布于世。从1928年 Rosa 等^[10]开始对甜瓜雌雄异花同株开展遗传规律的研究,数十年来,对于甜瓜性别分化的研究始终采取质量性状的研究方法(F_2 代分离为雌雄异花同株:雄全同株=3:1, Rosa, 1928; 雌雄异花同株:雄全同株:(雌全同株+全雌株+三性混合株):完全株=9:3:3:1^[3,11]),分析方法的单一性无法区分多基因的遗传效应^[11]。在实际的育种工作中,葫芦科的黄瓜、西瓜或是甜瓜的性别表现都不是有简单的单基因遗传来控制的^[6],多数性别分化除了主效基因控制外,还存在修饰基因及其它的因素均能影响瓜类的性别分化,例如乙烯、光照、土壤肥力等^[12]。黄瓜一直利用雌花率研究强雌系的遗传研究,并利用主多基因模型分析了全雌性性状和强雌性性状均是由1对主基因控制,而且存在微效多基因,全雌性和强雌性组合中主基因的遗传率分别为83.8%和82.1%,微效基因的遗传率分别为8.5%和8.6%^[14]。刘莉等^[6]利用主-多基因混合模型世代联合分析法研究西瓜强雌系性状的遗传规律,结果显示西瓜强雌系性状遗传受2对主基因的加性-显性-上位性模型控制,主基因表现为隐性。

甜瓜的性别分化,尤其是雌雄异花同株数十年来一直沿用利用质量性状分析方法分析,大量结果显示,雌雄异花同株只受到1对显性基因的控制,但是,刘威等^[5]等利用甜瓜全雌系研究甜瓜性别分化研究结果显示,至少存在2对基因控制甜瓜性别分化,同时存在微效基因与环境互作,而前人的研究也表明,甜瓜性别分化存在微效基因的调控^[14-15],关于微效基因遗传率的研究,还未见报道。该研究运用六世代对

甜瓜雌雄异花同株雌花率的遗传效应进行分析,结果显示雌雄异花同株植株雌花率受1对主效基因控制,存在2对微效基因,主效基因的遗传率为83.33%,微效基因的遗传率为8.125%。通过模型的分析,增加了对微效基因的了解,这对于确定甜瓜性别分化基因型提供了参考依据。该研究首次结合质量性状和数量性状的方法,利用雌花率作为研究雌雄异花同株性状遗传规律的衡量标准,分析结果验证了以往的科研结果,并充分进行了全面的论证。甜瓜雌雄异花同株性状遗传规律的研究,不仅为将来甜瓜单性花性状广泛的应用提供理论基础,而且利用对微效基因的了解,通过对雌花率的控制,将单性花性状转育到优良的雄全同株甜瓜材料中,通过常规杂交的方法也可迅速获得综合性状优良、单性花性状稳定遗传的甜瓜杂种一代。

参考文献

- [1] Kamachi S, Sekimoto H, Kondo N, et al. Cloning of a cDNA for a 1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase that is expressed during development of female flowers at the apices of *Cucumis sativus* L. [J]. Plant Cell Physiol, 1997, 38(11): 1197-1206.
- [2] Knopf R R, Trebitsh T. The female specific Cs-ACS1G gene of cucumber. A case of gene duplication and recombination between the non-sex-specific 1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase gene and a branched chain amino acid transaminase gene [J]. Plant Cell Physiol, 2006, 47: 1217-1228.
- [3] 盛云燕. 甜瓜遗传图谱的构建及雌雄异花同株基因定位的研究[D]. 哈尔滨: 东北农业大学, 2009.
- [4] Ma H Y, Luan F S, Sheng Y Y, et al. Inheritance and Molecular Mapping of Andromonoecious and Gynoecious Sex Determining Genes in Melon (*Cucumis melo* L.) [C]. Acta Hort, 2010: 871.
- [5] 刘威, 盛云燕, 马鸿艳, 等. 甜瓜雄全同株与纯雌株基因遗传分析及初步定位[J]. 中国蔬菜, 2010(4): 24-30.
- [6] 刘莉, 刘翔, 焦定量, 等. 西瓜强雌系性状的遗传效应分析[J]. 园艺学报, 2009, 36(9): 1299-1304.
- [7] Luan F S, Sheng Y Y, Wang Y H, et al. Performance of melon hybrids derived from parents of diverse geographic origin [J]. Euphytica, 2010, 173: 1-16.
- [8] 王建康, 盖钧镒. 利用杂种 F_2 世代鉴定数量性状主基因—多基因混合遗传模型并估计其遗传效应[J]. 遗传学报, 1997, 24(5): 432-440.
- [9] 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: 224-260.
- [10] Rosa J T. Inheritance of flower types in *Cucumis* and *Citrullus* [J]. Hilgardia, 1928(3): 333-350.
- [11] Pool C F, Grimball P C. Inheritance of new sex forms in *Cucumis melo* L. [J]. J Hered, 1939, 30: 21-25.
- [12] 张秦英, 刘军伟, 刘莉, 等. 西瓜强雌性性状的遗传分析及分子标记研究[J]. 华北农学报, 2009, 24(1): 138-142.
- [13] 邹晓艳. 黄瓜性别遗传规律及性别决定相关基因的分布和表达研究[D]. 北京: 中国农业科学院, 2007.
- [14] Kubicki B. Inheritance of some characters in muskmelon (*Cucumis melo* L.) [J]. Genet, 1962, 3: 265-274.
- [15] Zalapa J E, Staub J E, McCreight J D, et al. Detection of QTL for yield related traits using recombinant inbred lines derived from exotic and elite US Western Shipping melon germplasm [J]. Theor Appl Genet, 2007, 114: 1185-1201.

三角梅组培苗试管内外生根研究

叶 顶 英

(四川农业大学 风景园林学院, 四川 温江 611130)

摘 要:以紫花三角梅和紫红重瓣三角梅组培苗为试材,研究其在试管内、外的生根情况。结果表明:试管内生根以 $1/4$ MS+IBA 1.5 mg/L+NAA 0.05 mg/L 处理的生根情况最好,生根率为 92.53%,平均生根数量 11 条,平均根长 4.75 cm;试管外的生根率为 43%。

关键词:三角梅组培苗;试管内生根;试管外生根

中图分类号:S 685.99 **文献标识码:**A **文章编号:**1001-0009(2011)15-0169-03

三角梅(*Bougainvillea glabra*)为紫茉莉科叶子花属常绿木质大藤本植物,属观花树木中的观花灌木类,是重要的观赏花卉和优良的园林绿化植物。三角梅常规繁殖采用扦插繁殖。随着人们对三角梅研究的不断深入和园林绿化建设事业的快速发展,三角梅传统的繁殖方式已不能满足市场的需求,传统的繁殖方式存在繁殖速度慢,增殖系数小、生根时间长、繁殖时间受限制等弊端;而且随着三角梅育种研究工作的进展,培育出了许多观赏价值更高的新品种,有些新品种用传统的繁殖方法繁殖比较困难^[1]。组织培养是快速繁殖三角梅的有效途径,具有再生植株完整、生根率高等优点。该试验在前期工作的基础上,以紫花三角梅和紫红重瓣三角梅组培苗为试材,比较了三角梅无根苗的试管内和试管外的生根情况,以期建立适应园艺生产的三角梅无根苗的生根技术体系奠定基础。

作者简介:叶顶英(1976-),女,硕士,讲师,现主要从事园林植物应用研究工作。E-mail:yege2003@126.com。
收稿日期:2011-05-05

1 材料与方法

1.1 试验材料

选取盆栽紫花三角梅(*B. glabra* cv. Paper flower)和紫红重瓣三角梅(*B. spectabilis* Willd)生长健壮、无病虫害的半木质化枝条茎除去叶,留一小段叶柄,切割成 5~8 mm,用洗洁净浸泡 10 min,用自来水冲洗 15~20 min,将茎段置于 75%酒精中浸没 30 s,再用 0.1%升汞溶液浸泡 6~7 min,无菌水冲洗 5 次后,置于无菌滤纸上,吸干表面水分,接种于诱导培养基 MS+BA 1.0 mg/L+IBA 0.5 mg/L 上。放在温度为 $(25 \pm 1)^{\circ}\text{C}$,湿度 80%,光强 1 500~2 000 lx,16 h/d 的人工气候箱中培养 40~50 d,产生不定芽后,再将丛生芽分割转入继代培养基 MS+BA 3.0 mg/L+IBA 0.1 mg/L 培养 30 d,再经过空白培养基壮苗培养 30 d 后获得无根苗备用。

1.2 试验方法

1.2.1 试管内生根试验 在无菌操作台上,把经过壮苗培养的试管苗切割成单苗,垂直接种入生根培养基 0.2 mm,培养 30 d,统计每瓶生根数、根长、生根率。

Inheritance Analysis of Pistillate Flower on Monoecious Hybrid Generation in Melon

SHENG Yun-yan^{1,2}, JI Peng¹, YUAN Li-wei³, ZHANG Yu-hu¹, ZHANG Shu-yuan¹

(1. College of Agriculture, Heilongjiang Bayi Agricultural University, Daqing, Heilongjiang 163319; 2. College of Horticulture, Northeast Agricultural University, Harbin, Heilongjiang 150030; Department of Horticulture, Hebei Tourism Vocational College, Chengde, Hebei 067000)

Abstract: Using monoecious line 3-2-2 and monoecious line *TopMark* as parental melon(*Cucumis melo* L.) to acquired six generations(P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , BC_1P_1 , BC_1P_2) in this study. Investigated and analyzed the inheritance of female flower proportion from the first female flower opening to 60 days after transplanted using by major gene and polygene mixed inheritance model. The results indicated that female flower proportion on monoecious plant was controlled by a single major gene with 2 minor genes, the major gene effect was 83.33% and the minor gene effects were 8.125%, respectively. And in this study we also discussed the feasibility of using female flower proportion to analysis the inheritance of monoecy on melon.

Key words: melon; monoecious plant; female flower proportion; genetic inheritance