

西葫芦果实整齐度主基因-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  $P_1$ 、 $F_1$ 、 $P_2$ 、 $B_1$ 、 $B_2$  和  $F_2$  6 个家系世代群, 应用植物数量性状主基因-多基因混合遗传模型对该 6 个世代群体果实整齐度进行多世代联合分析。结果表明: 2 个组合的西葫芦的果实整齐度性状遗传均为 1 对加性主基因+加性-显性多基因 (D-2) 遗传模型, 以显性效应为主; 2 个组合  $F_2$  的基因遗传率较高, 环境影响相对较小; 因此, 西葫芦果实整齐度育种宜早代选择。

**关键词:** 西葫芦; 果实整齐度; 主基因-多基因

**中图分类号:** S 642. 603. 3 **文献标识码:** A **文章编号:** 1001—0009(2011)05—0159—04

西葫芦, 即美洲南瓜 (*Cucurbita pepo* L.) 是冬春设施栽培的主要蔬菜作物之一。果实整齐度是西葫芦重要的商品性状。李建友等<sup>[1]</sup>采用经典遗传学对西葫芦果形性状进行了遗传分析。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; 成颖等利用主基因-多基因混合遗传方法对樱桃番茄的果长和果形指数进行了研究<sup>[2-3]</sup>; 苏小俊等研究了普通丝瓜果实性状的遗传分析<sup>[4]</sup>; 关于西葫芦果实整齐度的遗传分析未见报道。现利用盖均镒<sup>[5]</sup>的主基因-多基因混合分析方法, 对西葫芦果实整齐度的遗传开展进一步的研究, 旨在对杂种优势产生的机理进一步进行研究, 并为开展西葫芦的果实整齐度育种提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

选用蔓生和矮生 2 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’自交分离选育而成。

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  $F_1$  代, 组合 1:  $q_1 (\text{♀}) \times 23-4G (\text{♂})$ , 组合 2:  $q_1 (\text{♀}) \times A-7 (\text{♂})$ 。2005 年 10 月在日光温室中获得  $F_2$  世代、回交世代  $BC_1 (F_1 \times q_1)$  和  $BC_2 (F_1 \times 23-4G \text{ 和 } F_1 \times A-7)$ 。

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,  $F_2$  世代定植 90 株, 行距 60 cm, 株距 50 cm; 3 次重复, 每组小区采用完全随机区组设计。单干整枝, 落蔓管理, 其它管理同一般生产田。拔秧时测定株高及统计叶片数, 并对数据进行统计分析。于盛瓜期待果实成熟后, 用游标卡尺测果实的最宽处的长度作为果实横径, 果实的前部宽度作为果柄宽度, 记载并计算果实整齐度 = 果实横径/果柄宽度。

1.3 统计分析方法

采用植物数量性状主基因-多基因混合遗传模型<sup>[5]</sup>对西葫芦 6 个世代的株型性状进行联合分析, 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 西葫芦整齐度的表型分布

从表 1 可知, 在组合 1 中  $P_1$  平均整齐度为  $1.025 \pm 0.009$ ,  $P_2$  平均整齐度为  $1.177 \pm 0.015$ , 双亲之间差异显著; 在组合 2 中,  $P_1$  平均整齐度为  $1.025 \pm 0.009$ ,  $P_2$  平均整齐度为  $1.126 \pm 0.024$ , 双亲之间差异显著; 2 个组合

作者简介: 陈凤真(1980-), 女, 博士, 讲师, 现从事蔬菜遗传育种与生物技术研究工作。E-mail: duoduo12008@163.com。

基金项目: 济南市 2006 年科学技术发展计划资助项目 (064034)。

收稿日期: 2010-12-17

F<sub>1</sub>、F<sub>2</sub>、BC<sub>1</sub>、BC<sub>2</sub> 的平均整齐度介于双亲之间, 没有超亲现象, 其中 F<sub>1</sub> 偏向与整齐度值低的亲本(P<sub>1</sub>), 说明整齐度值低的基因对整齐度值高的基因为显性; BC<sub>1</sub> 的整齐度接近整齐度值低的亲本(P<sub>1</sub>); BC<sub>2</sub> 的平均值接近整齐

度值高的亲本(P<sub>2</sub>)。由图 1、2 可看出, 2 个组合 F<sub>2</sub> 世代都呈现 3 峰分布, 说明西葫芦果实整齐度的遗传明显地表现出主基因+多基因遗传特征。

表 1 西葫芦杂交组合各世代果实整齐度的表型特征值

| 组合   | 世代              | 最小值   | 最大值   | 极差    | 均值    | 标准差    | 峰度      | 偏度     |
|------|-----------------|-------|-------|-------|-------|--------|---------|--------|
| 组合 1 | P <sub>1</sub>  | 0.981 | 1.173 | 0.192 | 1.025 | 0.0488 | 1.3988  | 1.0121 |
|      | F <sub>1</sub>  | 0.979 | 1.143 | 0.164 | 1.036 | 0.0484 | 0.0950  | 0.9850 |
|      | P <sub>2</sub>  | 0.972 | 1.390 | 0.418 | 1.177 | 0.0847 | 0.4494  | 1.0730 |
|      | BC <sub>1</sub> | 0.972 | 1.197 | 0.225 | 1.038 | 0.0520 | 0.5136  | 0.9997 |
| 组合 2 | BC <sub>2</sub> | 0.976 | 1.263 | 0.287 | 1.071 | 0.0669 | -0.2525 | 0.6773 |
|      | F <sub>2</sub>  | 0.971 | 1.262 | 0.291 | 1.072 | 0.0652 | -0.1368 | 0.6588 |
|      | P <sub>1</sub>  | 0.981 | 1.173 | 0.192 | 1.025 | 0.0488 | 1.3988  | 1.0121 |
|      | F <sub>1</sub>  | 0.913 | 1.208 | 0.295 | 1.031 | 0.2088 | -0.7838 | 0.1432 |
|      | P <sub>2</sub>  | 0.885 | 1.364 | 0.479 | 1.126 | 0.2414 | -0.8448 | 0.0469 |
|      | BC <sub>1</sub> | 0.884 | 1.293 | 0.409 | 1.049 | 0.1538 | -1.1772 | 0.0804 |
|      | BC <sub>2</sub> | 0.886 | 1.362 | 0.476 | 1.077 | 0.1854 | -1.0797 | 0.4986 |
|      | F <sub>2</sub>  | 0.882 | 1.361 | 0.479 | 1.051 | 0.1124 | 0.1652  | 0.8997 |

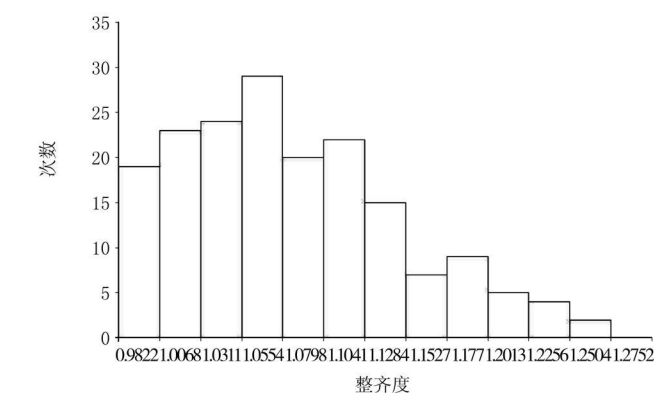


图 1 组合 1 的 F<sub>2</sub> 世代果实整齐度次数分布

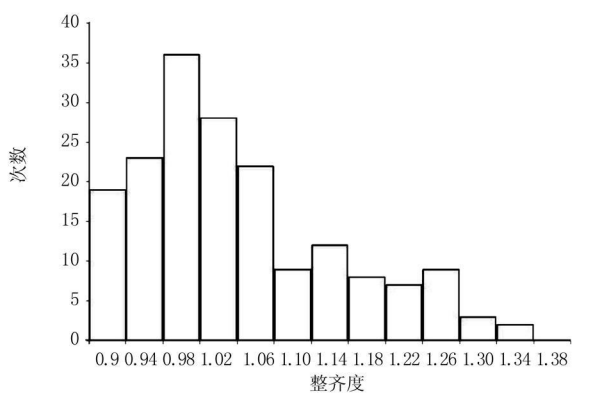


图 2 组合 2 的 F<sub>2</sub> 世代果实整齐度次数分布

2.2 果实整齐度遗传模型

以 2 个组合的 6 个不同世代材料果实整齐度观测值为基础, 利用 SIN、EXE 软件进行处理, 计算不同遗传模型的极大似然值和 AIC 值列于表 2。根据 AIC 准则, 组合 1 的果实整齐度 D-2 模型有最小值, D-1 模型的 AIC 值与最小值接近, 作为备选模型; 组合 2 的 D-2 模型 AIC 值最小, B-6 模型的 AIC 值与最小值接近, 作为备选模型, 然后对 2 个组合的 D-2 模型与备选模型进行适合性

检验, 结果见表 3。选择统计量达到显著水平个数较少的模型作为最优模型。结果表明, 2 个组合的 D-2 模型各参数值及统计量均不显著, 2 个组合备选模型的 6 个世代的 30 个统计量中, 分别有 12 个和 14 个统计量达到显著水平, 说明 2 个组合的果实整齐度 D-2 模型不仅最佳而且最适。因此, 2 个组合的西葫芦的果实整齐度性状遗传均符合 1 对加性主基因+加性-显性多基因(D-2)遗传模型。

表 2 果实整齐度模型的极大对数似然值和 AIC 值

| 模型  | 组合 1    |        | 组合 2    |        | 模型  | 组合 1    |        | 组合 2    |        |
|-----|---------|--------|---------|--------|-----|---------|--------|---------|--------|
|     | 极大对数似然值 | AIC    | 极大对数似然值 | AIC    |     | 极大对数似然值 | AIC    | 极大对数似然值 | AIC    |
| A-1 | -73.42  | 154.84 | -138.46 | 252.94 | D   | -59.91  | 143.83 | -125.46 | 242.91 |
| A-2 | -73.85  | 153.70 | -138.20 | 258.40 | D-1 | -55.99  | 132.97 | -124.31 | 242.61 |
| A-3 | -103.23 | 212.46 | -138.20 | 260.60 | D-2 | -50.89  | 125.98 | -103.70 | 201.54 |
| A-4 | -93.60  | 193.20 | -130.69 | 245.38 | D-3 | -57.21  | 136.83 | -123.07 | 240.14 |
| B-1 | -65.65  | 151.29 | -138.75 | 257.50 | D-4 | -57.21  | 136.83 | -129.89 | 243.77 |
| B-2 | -67.38  | 146.76 | -135.54 | 259.07 | E   | -59.62  | 139.24 | -138.67 | 241.34 |
| B-3 | -114.54 | 237.08 | -128.82 | 243.64 | E-1 | -59.63  | 139.26 | -138.41 | 246.82 |
| B-4 | -69.94  | 145.88 | -121.59 | 237.19 | E-2 | -60.89  | 143.78 | -136.48 | 250.97 |
| B-5 | -96.98  | 201.95 | -103.93 | 199.85 | E-3 | -60.83  | 139.67 | -134.24 | 250.48 |
| B-6 | -96.97  | 199.95 | -103.72 | 201.68 | E-4 | -60.91  | 137.82 | -132.00 | 248.00 |
| C   | -59.93  | 139.86 | -135.68 | 251.35 | E-5 | -60.94  | 139.86 | -131.73 | 245.46 |
| C-1 | -60.94  | 139.86 | -129.34 | 244.67 |     |         |        |         |        |

表 3 果实整齐度的适合性检验(括号内为概率值)

| 组合   | 模型  | 群体              | 统计量            |                |                |                             |                |
|------|-----|-----------------|----------------|----------------|----------------|-----------------------------|----------------|
|      |     |                 | U <sub>1</sub> | U <sub>2</sub> | U <sub>3</sub> | <sub>n</sub> W <sup>2</sup> | D <sub>n</sub> |
| 组合 1 | D-1 | P <sub>1</sub>  | 0.00(0.99)     | 0.30(0.58)     | 4.94(0.03)*    | 0.15(<0.05)*                | 0.18(<0.05)*   |
|      |     | F <sub>1</sub>  | 0.15(0.69)     | 0.21(0.65)     | 0.10(0.75)     | 0.13(<0.05)*                | 0.15(<0.05)*   |
|      |     | P <sub>2</sub>  | 0.06(0.81)     | 0.14(0.70)     | 0.34(0.56)     | 0.07(<0.05)*                | 0.18(<0.05)*   |
|      |     | BC <sub>1</sub> | 0.22(0.64)     | 0.20(0.66)     | 0.00(0.98)     | 0.09(<0.05)*                | 0.10(<0.05)*   |
|      |     | BC <sub>2</sub> | 0.07(0.93)     | 0.00(0.99)     | 0.07(0.79)     | 0.03(<0.05)*                | 0.06(<0.05)*   |
|      |     | F <sub>2</sub>  | 0.03(0.87)     | 0.29(0.59)     | 2.29(0.13)     | 0.16(>0.05)                 | 0.06(<0.05)*   |
|      | D-2 | P <sub>1</sub>  | 0.11(0.74)     | 0.77(0.38)     | 0.58(0.44)     | 0.34(>0.05)                 | 0.28(>0.05)    |
|      |     | F <sub>1</sub>  | 0.60(0.44)     | 0.60(0.44)     | 0.01(0.91)     | 0.27(>0.05)                 | 0.29(>0.05)    |
|      |     | P <sub>2</sub>  | 0.02(0.88)     | 0.08(0.78)     | 0.30(0.59)     | 0.34(>0.05)                 | 0.32(>0.05)    |
|      |     | BC <sub>1</sub> | 0.01(0.94)     | 0.00(0.96)     | 0.01(0.93)     | 0.18(>0.05)                 | 0.17(>0.05)    |
|      |     | BC <sub>2</sub> | 0.00(0.99)     | 0.00(0.99)     | 0.00(0.99)     | 0.19(>0.05)                 | 0.22(>0.05)    |
|      |     | F <sub>2</sub>  | 0.03(0.87)     | 0.29(0.59)     | 2.29(0.13)     | 0.16(>0.05)                 | 0.15(>0.05)    |
|      | B-6 | P <sub>1</sub>  | 1.53(0.23)     | 2.27(0.13)     | 1.55(0.21)     | 0.19(<0.05)*                | 0.15(<0.05)*   |
|      |     | F <sub>1</sub>  | 5.01(0.03)*    | 4.97(0.03)*    | 0.07(0.80)     | 0.55(>0.05)                 | 0.21(<0.05)*   |
|      |     | P <sub>2</sub>  | 0.44(0.51)     | 0.58(0.45)     | 0.23(0.63)     | 0.08(<0.05)*                | 0.13(<0.05)*   |
|      |     | BC <sub>1</sub> | 5.51(0.02)*    | 5.24(0.02)*    | 0.01(0.95)     | 0.55(>0.05)                 | 0.13(<0.05)*   |
|      |     | BC <sub>2</sub> | 0.09(0.76)     | 0.08(0.78)     | 0.00(0.97)     | 0.03(<0.05)*                | 0.06(<0.05)*   |
|      |     | F <sub>2</sub>  | 0.02(0.90)     | 0.05(0.83)     | 0.13(0.72)     | 0.03(<0.05)*                | 0.04(<0.05)*   |
|      | D-2 | P <sub>1</sub>  | 1.02(0.31)     | 1.34(0.25)     | 0.51(0.48)     | 0.34(>0.05)                 | 0.33(>0.05)    |
|      |     | F <sub>1</sub>  | 2.68(0.10)     | 2.06(0.15)     | 0.36(0.55)     | 0.33(>0.05)                 | 0.29(>0.05)    |
|      |     | P <sub>2</sub>  | 0.12(0.72)     | 0.11(0.26)     | 0.00(0.95)     | 0.28(>0.05)                 | 0.27(>0.05)    |
|      |     | BC <sub>1</sub> | 0.21(0.65)     | 2.08(0.15)     | 2.16(0.14)     | 0.85(>0.05)                 | 0.18(>0.05)    |
|      |     | BC <sub>2</sub> | 0.28(0.59)     | 0.21(0.65)     | 0.05(0.82)     | 0.17(>0.05)                 | 0.19(>0.05)    |
|      |     | F <sub>2</sub>  | 0.88(0.35)     | 0.62(0.43)     | 0.23(0.63)     | 0.12(>0.05)                 | 0.13(>0.05)    |

注 \*表示 0.05 水平上差异显著。

2.3 果实整齐度遗传参数估计

将 2 个组合果实整齐度的适合模型下的遗传参数列入表 4。由表 4 中的 1 阶遗传参数可知, 2 个组合果实整齐度遗传的多基因显性效应值均为正值, 大于主基因和多基因加性效应值之和, 使得 2 个组合杂种一代果实整齐度值偏向于整齐度值低的亲本, 且 2 个组合的果实整齐度性状均以显性效应为主。

表 4 果实整齐度各参数的遗传估计值

| 组合   | 1 阶参数 | 估计值   | 2 阶参数                 | 估计值             |                 |                |
|------|-------|-------|-----------------------|-----------------|-----------------|----------------|
|      |       |       |                       | BC <sub>1</sub> | BC <sub>2</sub> | F <sub>2</sub> |
| 组合 1 | m     | 1.03  | $\hat{\sigma}_p^2$    | 0.16            | 0.22            | 0.36           |
|      | d     | -0.05 | $\hat{\sigma}_{mg}^2$ | 0.04            | 0.09            | 0.14           |
|      | [d]   | -0.03 | $\hat{\sigma}_{fe}^2$ | 0.10            | 0.11            | 0.20           |
|      | [h]   | 0.05  | $h_{mg}^2 / \%$       | 25.00           | 40.91           | 38.89          |
|      |       |       | $h_{fe}^2 / \%$       | 62.50           | 50.00           | 55.56          |
| 组合 2 | m     | 1.54  | $\hat{\sigma}_p^2$    | 0.32            | 0.33            | 0.56           |
|      | d     | 0.11  | $\hat{\sigma}_{mg}^2$ | 0.10            | 0.09            | 0.19           |
|      | [d]   | -0.10 | $\hat{\sigma}_{fe}^2$ | 0.20            | 0.22            | 0.35           |
|      | [h]   | 0.12  | $h_{mg}^2 / \%$       | 31.25           | 27.27           | 33.93          |
|      |       |       | $h_{fe}^2 / \%$       | 62.50           | 66.67           | 62.50          |

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;  $\hat{\sigma}_p^2$ : 表型方差;  $\hat{\sigma}_{mg}^2$ : 主基因方差;  $h_{mg}^2$ : 主基因的遗传率。

由表 4 中的 2 阶遗传参数可知, 2 个组合果实整齐度性状的遗传均由主基因和多基因共同控制, 但多基因的遗传率较高, 因此分离后代中所产生的变异主要由多基因控制。组合 1 分离世代果实整齐度表型变异( $h_{mg}^2(\%) + h_{fe}^2(\%)$ )分别为 87.50%、90.91%和 94.44%, 还有 5.56%~

12.50%的变异是由环境因素决定的, 组合 2 分离世代 BC<sub>1</sub>、BC<sub>2</sub> 和 F<sub>2</sub> 基因遗传率( $h_{mg}^2(\%) + h_{fe}^2(\%)$ )分别为 93.75%、93.94%和 96.43%; 说明环境条件变化对西葫芦果实整齐度的影响较小, 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。

3 结论与讨论

西葫芦果实性状育种的目的是选择瓜柄长度较短(瓜柄长则果实易弯曲而形成畸形果实), 果实较长, 果形指数适中和果实整齐度要好(1.0 左右)的品种, 西葫芦果实整齐度是反映果实横径和果柄宽度共同作用的结果。因此, 西葫芦育种过程中, 为获得较一致的整齐度, 在兼顾果实横径和果柄宽度的情况下, 1 个亲本应整齐度值在 1 左右, 才能使杂种一代商品瓜外观形状表现更加整齐一致。

试验明确了西葫芦果实整齐度受 1 对加性主基因+加性-显性多基因(D-2)遗传模型控制, 以显性效应为主, 显性效应是由多基因引起的。2 个组合 F<sub>2</sub> 基因遗传率分别为 94.44%和 96.43%, 分别还有 5.56%和 3.57%是由环境控制的, 说明环境条件变化对西葫芦整齐度的影响较小, 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。

参考文献

[1] 李建友, 樊治成, 刘艳梅 等. 西葫芦果实性状的遗传分析[J]. 园艺学报 2005 32(1): 118-120.

# 氯钾离子共体诱导后黄瓜叶片内几种酶活性的变化

贾俊英<sup>1,2</sup>, 云兴福<sup>2</sup>, 王灵茂<sup>3</sup>

(1. 内蒙古民族大学 农学院 内蒙古 通辽 028000 2. 内蒙古农业大学 农学院, 内蒙古 呼和浩特 010019;

3. 呼和浩特市赛罕区蔬菜局, 内蒙古 呼和浩特 010018)

**摘要:** 在黄瓜幼苗子叶期及第一真叶期用不同浓度的氯钾离子共体液进行诱导处理, 测定黄瓜叶片中的酶活性。结果表明: 诱导后各处理的 SOD 活性均显著高于对照, 且呈先升高后降低的趋势, 到诱导后 10 d 各处理达到最大值; POD 活性也呈先升高后降低的趋势, 诱导初期对照和各处理变化平缓, 10 d 后急剧升高, 15 d 达最大值, 之后下降, 且经诱导后各处理均高于对照; 脲酶活性均高于对照, 随着时间的推移呈先升高后降低的趋势, 诱导后 10 d 达到峰值。在诱导物浓度为 0.5%~1.5% 的范围内, 黄瓜叶片内各生理生化指标较对照差异最大。

**关键词:** 氯钾离子共体; 诱导; 黄瓜叶片; 酶活性

**中图分类号:** S 642.203.4 **文献标识码:** A **文章编号:** 1001-0009(2011)05-0162-05

诱导抗病性是利用物理、化学以及生物的方法预先处理植株, 改变植物对病害的反应, 使原来感病反应产生局部或系统的抗性<sup>[1-3]</sup>。植物在经诱导剂处理后, 体

内发生一系列生理生化的变化, 各代谢途径都发生不同程度的变化。超氧化物歧化酶(SOD)、过氧化物酶(POD)是细胞抵御活性氧伤害的保护酶系统, 脲酶属于蛋白质代谢的一种酶类, 其活性的变化与植物的抗病性反应密切相关<sup>[3]</sup>。试验在前人研究了用氯钾离子共体诱导黄瓜后获得对霜霉病抗性的基础上<sup>[4]</sup>, 进一步从与抗病有关酶活性变化的角度分析其产生抗病性的机理以期更好地研究其抗病机制, 并为该技术的大面积推广奠定理论基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

试材为黄瓜感病品种“山东密刺”。种子在实验室

**第一作者简介:** 贾俊英(1973-), 女, 蒙古族, 在读博士, 讲师, 现主要从事蔬菜病理及栽培生理方面的研究工作。E-mail: jjy509628@163.com。

**通讯作者:** 云兴福(1958-), 男, 硕士, 教授, 博士生导师, 现主要从事蔬菜病理及栽培生理方面的研究工作。

**基金项目:** 内蒙古民族大学硕士科研启动资助项目。

**收稿日期:** 2010-12-21

[2] 成颖, 李海涛, 吕书文, 等. 樱桃番茄果长性状的主基因-多基因混合遗传分析[J]. 沈阳农业大学学报, 2009, 40(1): 88-91.

[3] 成颖, 李海涛, 吕书文. 樱桃番茄果形主基因-多基因混合遗传分析[J]. 华北农学报, 2008, 23(6): 164-167.

[4] 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.

[5] 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.

## Analysis of Fruit Uniformity Using Mixed Major Gene and Polygene Inheritance Model in Summer squash

CHEN Feng-zhen

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

**Abstract:** Inheritance of the fruit uniformity trait of summer squash in P<sub>1</sub>, P<sub>2</sub>, F<sub>1</sub>, B<sub>1</sub>, B<sub>2</sub> and F<sub>2</sub> from two crosses q-1×23-4G (cross 1) and q-1×A-7 (cross 2) was investigated by the mixed major gene and polygene inheritance model of quantitative traits. The results showed that the fruit uniformity trait was controlled by D-2 model; Genetic effect of fruit uniformity of two crosses was mainly dominant effect. Heritability values of the genes of F<sub>2</sub> was relatively high and environmental effect was relatively low. These results indicated that fruit uniformity breeding of summer squash should be selected in early generation selection.

**Key words:** summer squash; fruit uniformity; major gene and polygene