

薄皮甜瓜性型分化的遗传分析

吴起顺¹, 杨贵春², 韩永忠¹, 王丽², 刘海龙², 王占海²

(1. 吉林省农业环境保护与农村能源管理总站, 吉林 长春 130021; 2. 吉林省农业科学院 经济植物研究所, 吉林 公主岭 136105)

摘 要:以甜瓜全雌株与两性花株、雌全同株、强雌型雌雄异花同株杂交, 雌全同株与两性花株杂交、强雌型雌雄异花同株与普通雌雄异花同株杂交, 普通雌雄异花同株与普通雄全同株杂交的 6 个组合 6 个世代的种子为试材, 进行了薄皮甜瓜性型分化研究。结果表明: 甜瓜雄花、雌花和两性花的 3 种性别由 f/F 与 s/S 2 对基因互作控制; 甜瓜的性型主要由 $F_1/f_1S_1/s_1$ 与 $F_2/f_2S_2/s_2$ 2 组 4 对基因互作控制, 基因型 $F_1F_1S_1F_2F_2S_2$ 为全雌株; $F_1F_1s_1s_1F_2F_2$ 为两性花株, 其中 $F_1F_1s_1s_1F_2F_2s_2s_2$ 发育部分雄型两性花; $F_1F_1S_1F_2F_2s_2s_2$ 为雌全同株, 其中 $F_1F_1S_1s_1F_2F_2s_2s_2$ 发育部分雌型两性花, $F_1F_1S_1S_1F_2F_2s_2s_2$ 发育大量雌花, 极少量两性花; $F_1F_1s_1s_1f_2f_2$ 为雄全同株; $F_1F_1S_1F_2f_2s_2s_2$ 为三性花株; $F_1F_1S_1f_2f_2$ 、 $F_1F_1S_1F_2f_2S_2s_2$ 为雌雄异花同株。

关键词:甜瓜; 基因型; 性型; 遗传分析; 性激素

中图分类号:S 652 **文献标识码:**A **文章编号:**1001-0009(2013)19-0010-06

甜瓜 (*Cucumis melo* L.) 属葫芦科 (Cucurbitaceae) 甜瓜属 (*Cucumis*) 1 a 生蔓性植物, 通常被分为薄皮甜瓜和厚皮甜瓜两大生态类型。甜瓜的花器可分为雄花 (Staminate flower)、雌花 (Female flower) 和两性花 (Hermaphrodite flower)。依据植株上雄花、雌花、两性花的不同着生组合可将甜瓜植株分为: 雌雄异花同株 (Monoecious); 雄全同株 (Andromonoecious); 全雌株 (Gynoeceous); 两性花株 (Hermaphrodite); 雌全同株 (Gynomonoecious) 和三性花株 (Trimonoecious)^[1]。薄皮甜瓜绝大多数为普通雄全同株, 子蔓或子蔓以下各级侧蔓 1~2 节着生两性花, 其它节位着生雄花; 少数品种为普通雌雄异花同株, 子蔓或子蔓以下各级侧蔓 1~2 节着生雌花, 其它节位着生雄花^[2]。2002 甜瓜基因目录介绍, 控制甜瓜性型的基因有 A/a 、 G/g 、 M/m 和 AB/ab 4 对。甜瓜性别分化表达主要受 3 个位点 (a 、 g 、 gy) 上等位基因协同控制: 其中 a 基因为隐性基因, 控制雄全同株性状, 作用于大多数单性雄花及少数两性花; 在基因型为 A 的植株上, 发育大量单性雄花和少量雌花, 对 g 上位。 g 基因为隐性基因, 控制雌全同株性状, 作用于大

多数单性雌花及少数两性完全花, g 对 a 上位。基因型和表现型的对应关系为: aaG 雄全同株、 A G 雌雄异花同株、 A gg 雌全同株、 $aagg$ 两性花株。 gy 为隐性基因, 控制全雌株性状, 与 a 和 g 互作; 基因型 A $gggygy$ 为全雌株。 雄全同株突变体 $ababaaG$ 为无侧枝的全雄株^[3-4]。 类似的黄瓜性型主要受 F/f 、 M/m 、 A/a 3 对基因控制, 基因型 ffM A 为雌雄异花同株; $ffaa$ 为全雄或强雄株; F M A 为全雌或强雌株; F mm 为两性花株; $ffmmA$ 为雄花两性花同株^[5]。 2002 年, 在雄全同株薄皮甜瓜特甜蜜中发现两性花株突变株, 用其与薄皮甜瓜“白梨”^[6] 等 3 个雌雄异花同株自交系杂交, 选出 2 个薄皮甜瓜全雌株自交系^[4]。 之后以这 2 个全雌株自交系为亲本, 与雄全同株和雌雄异花同株杂交, 进行全雌株的转育。 全雌株自交系与雄全同株杂交, F_2 代表现为雌雄异花同株、雄全同株、全雌株、普通雌全同株 (大量雌花极少量正常两性花)、雌花雌型两性花同株 (着生大量雌花和少量雌型两性花)、普通两性花株 (只发育正常两性花)、两性花雄型两性花同株 (少量两性花和大量雄型两性花, 有的还有雌型两性花) 和三性花株。 雄型两性花的雌蕊缩小, 自交发育特小畸形果。 雌型两性花的雄蕊缩小, 自交发育较小形果。 为了研究薄皮甜瓜的性型分化, 该试验进一步做了探讨和分析。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试材料共 6 份, 即全雌株高代自交系 B1、普通雌全同株高代自交系 B2、普通两性花株自交系 B3、普通雌

第一作者简介:吴起顺(1963-), 男, 本科, 正高级农艺师, 现主要从事甜瓜育种及农业资源环境等研究工作。 E-mail: jlcwqs10@163.com.

责任作者:杨贵春(1967-), 男, 硕士, 副研究员, 现主要从事植物分子生物学和作物遗传育种等研究工作。 E-mail: yanggch@126.com.

基金项目:长春市科技支撑计划资助项目(11KZ68)。

收稿日期:2013-05-20

雄异花同株自交系 B4、普通雌全同株自交系 B5 和强雌型雌雄异花同株自交系 B6。以上材料均以薄皮甜瓜“白梨”(普通雌雄异花同株系和普通雌全同株系)和薄皮甜瓜“特甜蜜”(两性花株突变株系)为亲本自交或杂交选育而成。

1.2 试验方法

2010 年 4 月,在吉林省九台市播种 $B1 \times B3$ 、 $B1 \times B2$ 、 $B2 \times B3$ 的 3 个杂交组合 P_1 、 P_2 、 F_1 、 F_2 、 BC_1P_1 、 BC_1P_2 的 6 个世代种子;2012 年 9 月,在海南省三亚播种 $B1 \times B6$ 、 $B6 \times B4$ 、 $B4 \times B5$ 3 个杂交组合的 P_1 、 P_2 、 F_1 、 F_2 、 BC_1P_1 、 BC_1P_2 的 6 个世代种子。行距 100 cm,株距 100 cm,露地地膜覆盖栽培。亲本 P_1 、 P_2 及 F_1 分别定植 30 株; BC_1P_1 、 BC_1P_2 定植 90 株; F_2 群体定植 280 株,主蔓留 15 片叶摘心,以后不整枝。从甜瓜植株上第 1 朵花开花及以后 40 d 每 3 d 调查 1 次植株的株型。记录每株雄花、雌花、两性花的有无和数量,分辨普通、雄型两性花和雌型两性花。

1.3 数据分析

依据雄花、雌花和两性花的不同组合确定每株的株型,并统计每种株型的株数,对所得数据进行 χ^2 检验分析。

2 结果与分析

2.1 全雌株与普通两性花株杂交 6 个世代的遗传分析

由表 1 可知, F_1 代皆为全雌株, F_2 代全雌株与普通两性花株符合 3:1 的分离比率; BC_1P_2 代全雌株与普通两性花株符合 1:1 的分离比率。证明全雌株 B1 的雌花与普通两性花株 B3 的两性花由 1 对等位显性基因控制。用 s_1 代表发育两性花雄蕊的雄性基因, S_1 代表发育雌花雌蕊的雌性基因。基因型 s_1s_1 为普通两性花株, S_1S_1 为全雌株。

表 1 全雌株 B1 与普通两性花株 B3 杂交组合 6 个世代的性型表现

Table 1 Sex types of six generations data originated from gyno. B1 \times herma. B3 hybrid combination

世代 Generations	总株数 Total plants /株	观测值 Observation/株		期望比 Expected ratio		χ^2 Value
		全雌株	两性花株	全雌株	两性花株	
		Gyno.	Herma.	Gyno.	Herma.	
P_1 (B1)	30	30	0	1	0	—
P_2 (B3)	30	0	30	0	1	—
F_1	30	30	0	1	0	—
F_2	280	205	75	3	1	0.48
BC_1P_1	90	90	0	1	0	—
BC_1P_2	90	44	46	1	1	0.44

注: $P_{0.05,1}=3.84$, $\chi^2 < P_{0.05,1}$, $P > 0.05$; $P_{0.05,2}=5.99$, $\chi^2 < P_{0.05,2}$, $P > 0.05$ 。以下同。

Note: $P_{0.05,1}=3.84$, $\chi^2 < P_{0.05,1}$, $P > 0.05$; $P_{0.05,2}=5.99$, $\chi^2 < P_{0.05,2}$, $P > 0.05$. The same below.

2.2 全雌株与普通雌全同株杂交 6 个世代的遗传分析

由表 2 可知, F_1 代皆为全雌株, F_2 代全雌株与普通

雌全同株符合 3:1 的分离比率, BC_1P_2 代全雌株与普通雌全同株符合 1:1 的分离比率。证明全雌株 B1 的雌花与普通雌全同株 B2 的两性花由 1 对等位显性基因控制。B1 与 B3 杂交组合 6 个世代的遗传分析结果表明, B1 基因型为 S_1S_1 。用 s_2 代表第 2 个发育两性花雄蕊的雄性基因, S_2 代表第 2 个发育雌花雌蕊的雌性基因。基因型 $S_1S_1s_2s_2$ 为普通雌全同株, $S_1S_1S_2S_2$ 为全雌株。

表 2 全雌株 B1 与普通雌全同株 B2 杂交组合 6 个世代的性型表现

Table 2 Sex types of six generations data originated from gyno. B1 \times gynomono. B2 hybrid combination

世代 Generations	总株数 Total plants /株	观测值 Observation/株		期望比 Expected ratio		χ^2 Value
		全雌株	雌全同株	全雌株	雌全同株	
		Gyno.	Gynomono.	Gyno.	Gynomono.	
P_1 (B1)	30	30	0	1	0	—
P_2 (B2)	30	0	30	0	1	—
F_1	30	30	0	1	0	—
F_2	280	216	64	3	1	0.48
BC_1P_1	90	90	0	1	0	—
BC_1P_2	90	47	43	1	1	0.18

2.3 普通雌全同株与普通两性花株杂交 6 个世代的遗传分析

由表 3 可知, F_1 代皆为全雌株, F_2 代表现为全雌株、普通雌全同株、雌花雌型两性花同株、普通两性花株和两性花雄型两性花同株, F_2 代全雌株、雌全同株(雌花雌型两性花同株和普通雌全同株)、两性花株(普通两性花株和两性花雄型两性花同株)。符合 2 对基因互作 9:3:4 的分离比率; BC_1P_1 代全雌株与雌全同株符合 1:1 的分离比率; BC_1P_2 代全雌株与两性花株符合 1:1 的分离比率。证明普通雌全同株 B2 的雌花和两性花与普通两性花株 B3 的两性花由 2 对基因互作控制,由此判断 $S_1S_2S_2$ 为全雌株; $S_1S_2s_2$ 为雌全同株,其中 $S_1S_1s_2s_2$ 为雌花雌型两性花同株, $S_1S_1S_2s_2$ 为普通雌全同株; s_1s_1 为两性花株,其中 $s_1s_1S_2S_2$ 为普通两性花株, $s_1s_1s_2s_2$ 为两性花雄型两性花同株。

表 3 雌全同株 B2 与普通两性花株 B3 杂交组合 6 个世代的性型表现

Table 3 Sex types of six generations data originated from gynomono. B2 \times herma. B3 hybrid combination

世代 Generations	总株数 Total plants /株	观测值 Observation/株			期望比 Expected ratio			χ^2 Value
		全雌株	雌全同株	两性花株	全雌株	雌全同株	两性花株	
		Gyno.	Gynomono.	Herma.	Gyno.	Gynomono.	Herma.	
P_1 (B2)	30	0	30	0	0	1	0	—
P_2 (B3)	30	0	0	30	0	0	1	—
F_1	30	30	0	0	1	0	0	—
F_2	280	162	46	72	9	3	4	0.99
BC_1P_1	90	46	44	0	1	1	0	0.04
BC_1P_2	90	43	0	47	1	0	1	0.18

2.4 全雌株与强雌型雌雄异花株杂交 6 个世代的遗传分析

由表 4 可知, F_1 代为全雌株, F_2 代全雌株与强雌型雌雄异花同株符合 3 : 1 的分离比率, BC_1P_2 代强雌型雌雄异花同株与全雌株符合 1 : 1 的分离比率。证明全雌株 B1 的雌花与强雌株 B6 的雄花由 1 对等位显性基因控制。B1 与 B2、B3 杂交组合 6 个世代的遗传分析结果表明, B2 基因型为 $S_1S_1S_2S_2$ 。用 F_2 代表发育雌花的雌性基因, f_2 代表发育雄花的雄性基因。因而基因型 $S_1S_1F_2_S_2S_2$ 为全雌株, $S_1S_1f_2f_2S_2S_2$ 为强雌型雌雄异花同株。

表 4 全雌株 B1 与强雌型雌雄异花同株 B6 杂交组合 6 个世代的性型表现

Table 4 Sex types of six generations data originated from gyno. B1 \times ubmono. B6 hybrid combination

世代 Generations	总株数 Total plants /株	观测值 Observation/株		期望比 Expected ratio		χ^2 Value
		全雌株 Gyno.	强雌型雌雄 异花同株 Submono.	全雌株 Gyno.	强雌型雌雄 异花同株 Submono.	
P ₁ (B1)	30	30	0	1	0	—
P ₂ (B6)	30	0	30	0	1	—
F ₁	30	30	0	1	0	—
F ₂	280	202	78	3	1	1.21
BC ₁ P ₁	90	90	0	1	0	—
BC ₁ P ₂	90	42	48	1	1	0.40

2.5 强雌型雌雄异花同株与普通雌雄异花同株杂交 6 个世代的遗传分析

由表 5 可知, F_1 代皆为普通雌雄异花同株, 但植株雌花数量较亲本 B4 多。 F_2 代普通雌雄异花同株与强雌型雌雄异花同株符合 3 : 1 的分离比率; BC_1P_1 代普通雌雄异花同株与强雌型雌雄异花同株符合 1 : 1 的分离比率。证明强雌型雌雄异花同株 B6 的强雌性状由 1 对隐性基因控制。B1 与 B6 杂交组合 6 个世代的遗传分析结

表 5 强雌型雌雄异花同株 B6 与普通雌雄异花同株 B4 杂交组合 6 个世代的性型表现

Table 5 Sex types of six generations data originated from submono. B6 \times mono. B4 hybrid combination

世代 Generations	总株数 Total plants /株	观测值 Observation/株		期望比 Expected ratio		χ^2 Value
		普通雌雄 异花同株 Mono.	强雌型雌雄 异花同株 Submono.	普通雌雄 异花同株 Mono.	强雌型雌雄 异花同株 Submono.	
P ₁ (B6)	30	0	30	0	1	—
P ₂ (B4)	30	30	0	1	0	—
F ₁	30	30	0	1	0	—
F ₂	280	211	69	3	1	0.02
BC ₁ P ₁	90	43	47	1	1	0.18
BC ₁ P ₂	90	90	0	1	0	—

果表明, B6 基因型为 $S_1S_1f_2f_2S_2S_2$, 因而基因型 $S_1S_1f_2f_2s_2s_2$ 为普通雌雄异花同株。

2.6 普通雌雄异花同株与普通雄全同株杂交 6 个世代的遗传分析

由表 6 可知, F_1 代为普通雌雄异花同株, F_2 代普通雌雄异花同株与普通雄全同株的分离符合 3 : 1 的分离比率; BC_1P_2 代普通雌雄异花同株与普通雄全同株符合 1 : 1 的分离比率。证明普通雌雄异花同株 B4 的雌花与普通雄全同株 B5 的两性花由 1 对等位显性基因控制。B6 与 B4 杂交组合 6 个世代的遗传分析结果表明, B4 基因型为 $S_1S_1f_2f_2s_2s_2$, 因而推测 $S_1_f_2f_2s_2s_2$ 为普通雌雄异花同株, $s_1s_1f_2f_2s_2s_2$ 为普通雄全同株。

表 6 普通雌雄异花同株 B4 与普通雄全同株 B5 杂交组合 6 个世代的性型表现

Table 6 Sex types of six generations data originated from mono. B4 \times andromono. B5 hybrid combination

世代 Generations	总株数 Total plants /株	观测值 Observation/株		期望比 Expected ratio		χ^2 Value
		普通雌雄 异花同株 Mono.	普通雄 全同株 Andromono.	普通雌雄 异花同株 Mono.	普通雄 全同株 Andromono.	
P ₁ (B4)	30	30	0	1	0	—
P ₂ (B5)	30	0	30	0	1	—
F ₁	30	30	0	1	0	—
F ₂	280	215	65	3	1	0.48
BC ₁ P ₁	90	90	0	1	0	—
BC ₁ P ₂	90	47	43	1	1	0.18

比较普通雄全同株 ($s_1s_1f_2f_2s_2s_2$)、普通雌雄异花同株 ($S_1S_1f_2f_2s_2s_2$)、普通雌全同株 ($S_1S_1F_2F_2s_2s_2$) 和全雌株 ($S_1S_1F_2F_2S_2S_2$) 植株上雄花、雌花、两性花的排列方式, 发现 f_2/F_2 与 s_2/S_2 组成 1 组发育雄花、雌花和两性花的组合, 基因型 $f_2f_2s_2s_2$ 发育雄花, $F_2F_2s_2s_2$ 发育两性花, $F_2F_2S_2S_2$ 发育雌花。由此推测普通雌雄异花同株和普通雄全同株甜瓜上还存在 F_1F_1 与 s_2/S_2 组成 1 组发育雌花和两性花组合, 控制普通雄全同株发育少量两性雌花, 普通雌雄异花同株发育少量雌花。由于该试验及甜瓜全雌株选育过程中均未发现全雌株, 据此推测相关的薄皮甜瓜材料 F_1/f_1 位点均为 F_1F_1 。根据该试验的研究结果以及全雌株转育过程, 全雌株自交系与普通雌雄异花同株自交系杂交、全雌株自交系与普通雄全同株自交系杂交 F_1 、 F_2 代、三性花株自交后代、雌全同株自交后代、全雌株自交后代各种株型的分离规律, 初步确定薄皮甜瓜有上游(1号)与下游(2号)2个发育花器官的基因座(以下简称花器官基因座)。每个花器官基因座有 f/F 与 s/S 2 个决定花器官性别的位点。甜瓜雄花、雌花和两性花的 3 种性别由 f/F 与 s/S 2 对性别决定基因互作控制。其中 f/F 决定发育雄花的雄蕊, 还是

发育雌花和两性花的雌蕊,雌性基因 F 对雄性基因 f 呈不完全显性。 s/S 决定发育两性花的雄蕊,还是发育雌花的雌蕊,雄性基因 s 对雌性基因 S 呈隐性。薄皮甜瓜的性型主要由上游 $F_1/f_1 S_1/s_1$ 与下游 $F_2/f_2 S_2/s_2$ 2 组 4 对性别决定基因互作控制。 $s_1 s_1$ 具有将 $F_2 F_2 S_2 S_2$ 分化的雌花发育成两性花, $F_2 F_2 s_2 s_2$ 分化的两性花发育成雄型两性花的功能, s_1 具有将 $F_2 F_2 s_2 s_2$ 分化的两性花发育成雌型两性花的功能。少数簇生雄花的品种至少还存在 1 个花器官基因座,其上的 $f_3/F_3 s_3/S_3$ 与 $S_1/s_1 F_1/f_1$ 和 $S_2/s_2 F_2/f_2$ 互作控制簇生花器官性状。2002 甜瓜基因目录中介绍,雄全同株($AB_aaG_$)突变体 $ababaaG_$ 为无侧枝的全雄株,用 F_1/f_1 取代 AB/ab ,用 $s_1 s_1$ 取代 aa ,用 $f_2_s_2_$ 取代 $G_$,则 $f_1 f_1 s_1 s_1 f_2_s_2_$ 为全雄株, $F_1_s_1 s_1 f_2_s_2_$ 为雌全同株。薄皮甜瓜性型分化的基因型与对应表现型见表 7。

表 7 薄皮甜瓜性型分化的基因型与对应表现型

Table 7 Genotype and corresponding phenotype of sex differentiation in oriental sweet melons

花器官基因座 1 No. 1 Floral organ locus		花器官基因座 2 No. 2 Floral organ locus		对应表现型 Corresponding phenotype
$F_1 F_1$	$S_1_$	$F_2 F_2$	$S_2_$	全雌株
$F_1 F_1$	$s_1 s_1$	$F_2 F_2$	$S_2 S_2$	普通两性花株
$F_1 F_1$	$s_1 s_1$	$F_2 F_2$	$s_2_$	两性花雄型两性花同株
$F_1 F_1$	$S_1 S_1$	$F_2 F_2$	$s_2 s_2$	普通雌全同株
$F_1 F_1$	$S_1 s_1$	$F_2 F_2$	$s_2 s_2$	雌花雌型两性花同株
$F_1 F_1$	$s_1 s_1$	$f_2 f_2$	$______$	雌全同株
$F_1 F_1$	$s_1 s_1$	$F_2 f_2$	$s_2_$	雌全同株
$F_1 F_1$	$s_1 s_1$	$F_2 f_2$	$S_2 S_2$	着生少量雄花的雌全同株或两性花株
$F_1 F_1$	$S_1_$	$f_2 f_2$	$______$	雌雄异花同株
$F_1 F_1$	$S_1_$	$F_2 f_2$	$S_2 s_2$	雌雄异花同株
$F_1 F_1$	$S_1_$	$F_2 f_2$	$S_2 S_2$	着生少量雄花的雌雄异花同株或全雌株
$F_1 F_1$	$S_1_$	$F_2 f_2$	$s_2 s_2$	两性花株(部分植株两性花极少)
$F_1 f_1$	$s_1 s_1$	$f_2_$	$s_2_$	雌全同株
$f_1 f_1$	$s_1 s_1$	$f_2_$	$s_2_$	全雄株

3 讨论

2002 甜瓜基因目录介绍,甜瓜性别分化表达主要受 3 个位点(a 、 g 、 gy)上等位基因协同控制。该研究用 $F_2 F_2 s_2 s_2$ 取代了原雌花两性花基因 g ;用 $f_2_s_2_$ 取代原 $G_$;用 $F_1 F_1 s_1 s_1$ 取代原普通雌全同株基因 a ;用 $F_1 F_1 S_1_$ 取代原普通雌雄异花同株基因 A 。甜瓜雄花、雌花和两性花的 3 种性别由 f/F 与 s/S 2 对性别决定基因互作控制,薄皮甜瓜的性型主要由 $F_1/f_1 S_1/s_1$ 与 $F_2/f_2 S_2/s_2$ 2 组 4 对性别决定基因互作控制。研究结果认定,雌全同株存在于全雌株中,而前人的研究均认为全雌株存在于雌全同株中^[3,7],推测这种差别是由于前人的试验

中使用的全雌株材料不是基因型纯合的全雌株,没有对着生雄型两性花的植株进行科学归类,统计分析时又将雌全同株和三性花株划分为一类株型,误判所致。

黄瓜的性型决定基因有 7 个,分别为 a (增强雄性)、 F (显性雌性)、 gy (隐性雌性)、 $n-F$ (加强雌性的表达,用赤霉素诱导不出雄花)、 m (两性花)、 $m-2$ (有正常子房的两性花)和 T (3 种花性:雄花、子房滞育两性花、雌花)基因^[8-9]。该研究认为黄瓜的性型决定基因 A/a 、 M/m 、 F/f 和 $M-2/m-2$ 分别相当于甜瓜的 f_1/F_1 、 s_1/S_1 、 f_2/F_2 和 s_2/S_2 。黄瓜除 A/a 与 M/m 、 F/f 与 $M-2/m-2$ 花器官基因座外,同 1 节位着生 2 个以上雌花或簇生雄花的黄瓜品种,至少还存在 1 个花器官基因座。基因 F 、 a 、 gy 、 $n-F$ 的实质是不同基因型的表现。基因 $n-F$ 为植株上所有性别位点雌性基因纯合时的表现; T 为 m 和 $m-2$ 同时存在的表现; F 、 a 可以分别理解为 $A/aM/mF_M-2M-2$ 、 $a_M/mf/FM-2M-2$ 。

人类已经成功克隆了黄瓜的 F 、 f 、 M 基因和甜瓜的 $A(S_1 S_1)$ 基因,分别为 $CsACS1G$ 、 $CsACS1$ 、 $CsACS2$ 和 $CmACS7$ 。其化学实质均为乙烯生物合成途径中的限速酶 ACC(1-氨基环丙烷-1-羧酸)合成酶^[3,5,10]。甜瓜和黄瓜的性型主要由 2 组 4 对性别决定基因互作控制的,具有相同的性型遗传机制,为此研究推断甜瓜和黄瓜的 2 组 4 对性别决定基因为同源基因或直源基因,具有相同的化学实质,甜瓜和黄瓜的雌性基因均为 ACC 合成酶基因。应振土等^[11]报道,ACC 能改变离体瓠瓜“特定两性期”潜在雄花芽性别分化的方向而发育成雌花,较高浓度的 ACC 能使一半左右的潜在雄花芽改变其原来的发育方向而形成雌花。谢学民等^[12]以 ^{14}C -ACC 饲喂瓠瓜幼苗基部叶片,其放射性在植株各部位呈不均匀分布,大部分集中于生长旺盛的生长点与正在形成的花芽。雌性基因为 ACC 合成酶基因,ACC 是 ACC 合成酶基因的产物。为此研究判断 ACC 诱导了雌蕊的生长,而不是乙烯诱导了雌蕊的生长;ACC 这种具有独特生物活性的非蛋白氨基酸才是人类寻找多年的雌性激素。

生物体以甲硫氨酸为底物在 S-腺苷甲硫氨酸合成酶(S-adenosylmethionine synthase)的催化下产生 S-腺苷甲硫氨酸(SAM)。后者在 ACC(1-氨基环丙烷-1-羧酸, 1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid)合成酶的催化下产生 ACC 和 5'-甲硫基腺苷(MTA)。ACC 在 ACC 氧化酶(ACO)的催化下产生乙烯。而 MTA 通过另一循环合成新的甲硫氨酸,以维持乙烯合成对底物甲硫氨酸的需求^[13-14]。该试验结果表明,甜瓜雄花、雌花和两性花的 3 种性别由 2 对性别决定基因互作控制,基因型 $ff_$ 发育雄花, $FFSS$ 发育雌花, $FFss$ 发育两性花。由此推断:

S-腺苷甲硫氨酸→ACC 这个过程, f/F 位点 ACC 合成酶不存在时, 一种酶将 S-腺苷甲硫氨酸转化为一种雄性激素, 诱导雄花的雄蕊生长。ACC→乙烯过程, s/S 位点 ACC 合成酶不存在时, 另外一种酶将 ACC 转化为雄性激素, 诱导两性花的雄蕊生长。2006 年 Ronit Rimmon Knopf 等^[15]证实, 在 F_- 、 ff 基因型黄瓜品种基因组 DNA 中均存在 $CsACS1$ 、 $BCAT$ 基因(拟南芥侧链氨基酸转氨酶基因)序列, $CsACS1G$ 基因是 $CsACS1$ 基因经过一次复制后, 与 $BCAT$ 基因重组, 产生高效特异表达的 ACC 合成酶基因^[13,15-16]。张西露等^[16]对 $CsACS1G$ 基因序列进行分析, 发现 $CsACS1G$ DNA 序列是由 $BCAT$ 基因反义序列插入 $CsACS1$ 基因启动子上游形成, 就公布的序列来看, $CsACS1G$ 与 $CsACS1$ 之间的序列差异就在 $BCAT$ 基因反义序列。当将已知的 ACC 合酶与 2 种氨基转移酶的氨基酸序列进行比较时, 发现有高度相似性^[17]。该试验由此推测雄性基因 f 为 $BCAT$ 基因。通过对 S-腺苷甲硫氨酸转化为雄性激素, ACC 转化为雄性激素的步骤推测, 雄性基因 f 为环丙烷羧酸合成酶; 雄性基因 s 为 ACC 转氨酶。ACC 合成酶催化 S-腺苷甲硫氨酸产生雌性激素 ACC, 诱导雌蕊生长发育雌蕊; 环丙烷羧酸合成酶催化 S-腺苷甲硫氨酸产生雄性激素环丙烷羧酸, 诱导雄花的雄蕊生长发育雄花的雄蕊; ACC 转氨酶催化 ACC 产生雄性激素环丙烷羧酸, 诱导两性花的雄蕊生长发育两性花的雄蕊。

4 结论

甜瓜雄花、雌花和两性花的 3 种性别由花器官基因座上 f/F 与 $s/S2$ 对性别决定基因互作控制。其中 f/F 决定发育雄花的雄蕊, 同时还是发育雌花和两性花的雌蕊, 雌性基因 F 对雄性基因 f 呈不完全显性。 s/S 决定发育两性花的雄蕊, 同时还是发育雌花的雌蕊, 雄性基因 s 对雌性基因 S 呈隐性。薄皮甜瓜的性型主要由上游 $F_1/f_1 S_1/s_1$ 与下游 $F_2/f_2 S_2/s_2$ 2 组 4 对性别决定基因互作控制。 $s_1 s_1$ 具有将 $F_2 F_2 S_2 S_2$ 分化的雌花发育成两性花, $F_2 F_2 s_2 s_2$ 分化的两性花发育成雄型两性花的功能; s_1 具有将 $F_2 F_2 s_2 s_2$ 分化的两性花发育成雌型两性花的功能。少数簇生雄花的薄皮甜瓜品种还存在第 3 个花器官基因座, 其上的 $f_3/F_3 s_3/S_3$ 与 $S_1/s_1 F_1/f_1$ 和 $S_2/s_2 F_2/f_2$ 互作控制簇生花器官性状。

5 展望

近年来, 对植物性别决定的研究已经进入到分子水平^[18], 但植物的性别决定仍未有可以广泛接受的理论体系^[19], 植物的性别决定和分化机制仍然是植物学领域最

为深奥的问题之一^[20]。甜瓜几乎涵盖被子植物的所有花型和株型, 甜瓜性型遗传机制的阐明, 特别是雄花、雌花、两性花、雌型两性花和雄型两性花遗传机制的阐明, 为人类开启植物性别决定的大门提供了新的钥匙。

(该文作者还有张海燕, 单位为吉林省农业科学院经济植物研究所。)

参考文献

- [1] 马德伟, 陈年来, 王鸣. 甜瓜优质栽培理论与实践[M]. 北京: 中国农业出版社, 2001: 26-29.
- [2] Pitrat M. Gene List for Melon [R]. Cucurbit Genetics Cooperative Report, 2002(25): 76-93.
- [3] 张慧君, 王学征, 高鹏, 等. 甜瓜性别分化的研究进展[J]. 园艺学报, 2012, 39(9): 1773-1780.
- [4] 吴起顺, 张毅, 孙河山, 等. 吴创 1 号、2 号薄皮甜瓜全雌系选育简报[J]. 中国瓜菜, 2009(6): 29-30.
- [5] 陶倩怡, 李征, 何欢乐, 等. 黄瓜单性花决定基因 M 的表达分析[J]. 遗传, 2010(1): 1-12.
- [6] 吴起顺. 单性花白梨薄皮甜瓜的选育及其利用研究简报[J]. 中国瓜菜, 2003(1): 13-14.
- [7] Kenigsbuch D, Cohen Y. The inheritance of gynoecy in muskmelon[J]. Genome, 1990, 33(3): 317-327.
- [8] 陈惠明, 卢向阳, 许亮, 等. 黄瓜性别决定相关基因和性别表达机制[J]. 植物生理学通讯, 2005, 41(1): 7-13.
- [9] 陈惠明, 卢向阳, 刘晓虹, 等. 两个新发现的黄瓜性别决定基因遗传规律的研究[J]. 园艺学报, 2005, 32(5): 895-898.
- [10] 梁永宏, 李广林, 郭韬, 等. 黄瓜性型分化的分子机制[J]. 生命科学, 2010, 22(11): 1177-1183.
- [11] 应振土, 李曙轩. 乙烯控制瓠瓜性别分化的机理研究[J]. 中国科学(B 卷), 1991(3): 276-283.
- [12] 谢学民, 杨祥发. 瓠瓜幼苗的乙烯释放与 ACC、乙烯利的吸收和运转[J]. 植物生理学报, 1989, 15(3): 321-327.
- [13] 李征司, 龙亭. 黄瓜植株花性型决定主效基因研究进展[J]. 分子植物育种, 2007(S1): 75-79.
- [14] 韩德元. 植物生长调节剂-原理与应用[M]. 北京: 北京科学出版社, 1997: 35-37.
- [15] Knopf R R, Trebitsh T. The female-specific $CsACS1G$ 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(9): 1217-1228.
- [16] 张西露, 刘峰, 戴雄泽, 等. 黄瓜 $CsACS1G$ 基因分子标记及其快速检测[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2010, 36: 512-515.
- [17] 陈浩, 曹仪植, 杨素钊. 植物激素乙烯生物合成与乙烯感受的分子机理[J]. 1997, 9(3): 119-122.
- [18] 陈书燕, 安黎哲. 植物性别决定的研究进展[J]. 西北植物学报, 2004, 24(10): 1959-1965.
- [19] 高武军, 姬艳克, 肖理会, 等. 雌雄异株植物性别决定相关功能基因研究进展[J]. 植物遗传资源学报, 2008, 9(1): 125-129.
- [20] 邓传良, 贾彦彦, 张准超, 等. 雌雄异株植物性染色体演化研究进展[J]. 安徽农业科学, 2009, 37(27): 12917-12920.

短梢修剪对葡萄花芽分化及碳氮物质代谢的影响

高秀岩¹, 谢洪刚², 李 坤¹, 刘岩岩¹, 刘国成¹

(1. 沈阳农业大学 园艺学院, 辽宁 沈阳 110866; 2. 辽宁经济管理干部学院, 辽宁 沈阳 110122)

摘 要:以 1 a 生“无核白鸡心”葡萄为试材, 研究了新梢花后不同阶段短梢修剪对葡萄花芽分化及叶片营养物质含量的影响。结果表明:短梢修剪后, 冬芽迅速进入花器官分化阶段, 修剪Ⅱ(花后 30 d 进行短梢修剪)、修剪Ⅲ(花后 40 d 进行短梢修剪)处理效果最好, 提高了叶片可溶性糖含量, 降低了叶片全氮含量, 处理 5 d 后 50% 以上的冬芽进入了花器官分化阶段。

关键词:葡萄; 短梢修剪; 花芽分化; 碳氮代谢

中图分类号:S 663. 1 **文献标识码:**A **文章编号:**1001—0009(2013)19—0015—04

葡萄是我国主要的栽培果树之一, 近年来随着设施葡萄的迅速发展, 越来越多的人工技术措施被用来调控葡萄的生长发育和开花结实, 填补了淡季水果市场, 提高了经济效益。目前关于诱导冬芽结果的人工技术措

施的研究多数集中在评价二次果的品质和产量上, 而对于人工调控后, 葡萄花芽分化进程及其与物质代谢之间的相关性研究却鲜有报道, 该研究以生产上常用的品种“无核白鸡心”为试材, 研究了短梢修剪对葡萄花芽分化进程及营养物质含量的影响, 以期摸清葡萄花芽分化规律, 为生产上更好地进行促成栽培、延迟栽培及一年两熟栽培提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试材料为以“贝达”为砧木的“无核白鸡心”葡萄, 于 2008 年春季定植于露地, 管理水平良好。

第一作者简介:高秀岩(1960-), 女, 本科, 副教授, 研究方向为果树栽培与生理生态。E-mail: xhgbox@163. com.

责任作者:刘国成(1954-), 男, 本科, 教授, 硕士生导师, 现主要从事果树栽培与生理生态等研究工作。E-mail: liuguocheng2000@sina. com.

基金项目:国家现代农业产业体系专项基金资助项目(CARS-30-yz-06)。

收稿日期:2013—05—20

Genetic Analysis of Sex Differentiation in Oriental Sweet Melons (*Cucumis melo* var. *makuwa* Makino)

WU Qi-shun¹, YANG Gui-chun², HAN Yong-zhong¹, WANG Li², LIU Hai-long², WANG Zhan-hai², ZHANG Hai-yan²

(1. Jilin Management Station of Agricultural Environmental Protection and Rural Energy, Changchun, Jilin 130021; 2. Industrial Plant Institute, Jilin Academy of Agricultural Sciences, Gongzhuling, Jilin 136105)

Abstract: Taking seeds of six different crosses, which were gynoecious \times hermaphrodite, gynoecious \times gynomonoecious, gynoecious \times submonoecious, gynomonoecious \times hermaphrodite, submonoecious \times monoecious and monoecious \times andromonoecious respectively as materials, genetic mode of sex types were analyzed. The results showed that the three gender male, female and bisexual flowers of muskmelon were controlled reciprocally by both s/S and f/F genes, and which the sex types of muskmelon were reciprocally controlled mostly by two groups ($F_1/f_1 S_1/s_1$ and $F_2/f_2 S_2/s_2$) containing four pairs of genes. $F_1 F_1 S_1_F_2 F_2 S_2_$ genotype will develop into gynoecious progenies. $F_1 F_1 s_1 s_1 F_2 F_2_$ genotype would generate hermaphrodite progenies, in which $F_1 F_1 s_1 s_1 F_2 F_2 s_2 s_2_$ genotype would develop partially into neuter flower. $F_1 F_1 S_1_F_2 F_2 s_2 s_2$ genotype would be gynomonoecious progenies, in which $F_1 F_1 S_1 s_1 F_2 F_2 s_2 s_2$ genotype would develop partially into neuter flower, whereas $F_1 F_1 S_1 S_1 F_2 F_2 s_2 s_2$ genotype mostly develop into female flowers, but rarely hermaphrodite flowers. $F_1 F_1 s_1 s_1 f_2 f_2_$ and $F_1 F_1 s_1 s_1 F_2 f_2 s_2 s_2_$ genotypes would produce andromonoecious plants. $F_1 F_1 S_1_F_2 f_2 s_2 s_2$ genotypes would produce trimonoecious plants. $F_1 F_1 S_1_f_2 f_2_$ and $F_1 F_1 S_1_F_2 f_2 S_2 s_2 s_2$ genotypes would develop into monoecious sex types.

Key words: melon; genotype; sexual expressive type; genetic analysis; sex hormone