

甜瓜  $F_2$  代群体果实性状的遗传分析盛云燕<sup>1</sup>, 陈克农<sup>2</sup>, 矫士琦<sup>2</sup>, 戴冬洋<sup>1</sup>

(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)

**摘 要:**以果实性状差异较大的来源于美国的厚皮甜瓜 ms-5 和黑龙江省薄皮甜瓜 HM-1 为亲本, 构建  $P_1$ 、 $P_2$ 、 $F_1$  和  $F_2$  群体, 采用植物数量性状主基因-多基因混合模型对甜瓜果实单果重、果肉厚度和果肉颜色进行遗传分析。结果表明: 单果重受到 2 对加性-显性多基因模型控制; 果肉厚度受到 1 对主基因控制; 果肉颜色受到 2 对加性-显性-上位效应多基因控制。主基因在  $F_2$  代群体中遗传率分别为 73.79%、73.90%、88.85%。控制这 3 个性状的遗传率在  $F_2$  代中表现较高, 说明适合早代进行选择, 受环境影响小。

**关键词:**甜瓜; 单果重; 果肉厚度; 果肉颜色; 主-多基因; 遗传分析

**中图分类号:**S 652.603.6 **文献标识码:**A **文章编号:**1001-0009(2016)07-0009-04

甜瓜(*Cucumis melo* L) 是葫芦科甜瓜属重要的经济作物之一, 在世界范围内被广泛种植。甜瓜的果实多样性丰富, 是构成甜瓜品质和决定消费趋势的重要指标之一, 也是近年来育种工作者的研究重点。由于消费群体及甜瓜生产具有地域性, 造成了消费者对甜瓜果实多样性的追求。甜瓜由于果肉的厚度不同可以分为薄皮甜瓜、厚皮甜瓜和中间型, 丰富的变异类型为研究甜瓜果肉厚度提供了研究基础。近年来, 国内外的研究者对甜瓜果实性状开展了遗传规律的研究<sup>[1]</sup>, 并对甜瓜果实性状进行了 QTL 的定位分析<sup>[2-5]</sup>。2014 年张宁等<sup>[6]</sup>利用栽培甜瓜与野生甜瓜构建的 6 世代群体对甜瓜果实性状开展遗传分析, 认为单果重、果实纵径、果实横径和果形指数均受到 2 对加性显性-上位性主基因+加性-显性-上位性多基因模型的控制。虽然前人开展了相关的研究, 但是关于薄皮甜瓜与厚皮甜瓜杂交的  $F_2$  代群体, 其果实的单果重、果肉厚度及果肉颜色方面的研究报道较少。该研究采用美国厚皮甜瓜 ms-5 与黑龙江省特有的薄皮甜瓜(二者果实性状具有较大差异)利用数量性状-质量性状遗传模型进行分析, 以确定甜瓜果实性状的遗传模型, 并估测遗传参数, 以期对甜瓜选配杂交组合及性状的 QTL 定位提供理论参考基础。

## 1 材料与方法

## 1.1 试验材料

选用美国研究人员 MCCREIGHT 提供的雄性不育突变厚皮甜瓜 ms-5(厚皮、果肉厚度 3.2 cm、果肉橘黄色)为母本, 黑龙江八一农垦大学提供的薄皮甜瓜品系 HM-1(薄皮、果肉厚度 1.6 cm、果肉白色)为父本配置杂交组合, 得到  $F_1$ 、 $F_2$  群体(表 1), 由于母本为雄性不育材料, 因此未配置回交群体。

表 1 试验所用材料

代号 Code	拉丁名 Latin name	来源 Origin	名称 Name
$P_1$	<i>Cucumis melo</i> L. Cantaloupe	美国农业部	ms-5
$P_2$	<i>Cucumis melo</i> L. Muskmelon	黑龙江八一农垦大学	HM-1
$F_1$			ms-5 × HM-1
$F_2$			$F_1$ 自交

## 1.2 试验方法

2013 年春季双亲配置杂交组合, 获得  $F_1$  种子, 2013 年秋季将  $F_1$  自交, 在温室中栽培获得  $F_2$  种子。2014 年春季将  $P_1$ 、 $P_2$ 、 $F_1$ 、 $F_2$  种植与大棚中, 其中  $P_1$ 、 $P_2$ 、 $F_1$  各 30 株,  $F_2$  种植 150 株。株行距为 35 cm × 60 cm, 单干整枝, 常规管理。

## 1.3 项目测定

将果实采摘后, 用天平称量每个果实的重量并记录。之后将甜瓜纵向切开, 用游标卡尺测量甜瓜的厚度(果皮到果肉中心的厚度), 测量 3 次, 取平均值; 果肉颜色根据  $F_2$  果实不同的颜色级别自行划分标准, 分别为: 黄色为 1、绿色为 2、黄色偏绿为 3、黄偏白为 4、白色为 5。

**第一作者简介:**盛云燕(1979-), 女, 博士, 副教授, 研究方向为甜瓜分子育种。E-mail: shengyunyan12345@163.com.

**基金项目:**国家自然科学基金资助项目(31401892); 教育部归国留学科研资助项目; 黑龙江八一农垦大学博士科研启动资助项目(2031011003)。

**收稿日期:**2015-12-18

## 1.4 遗传分析

采用 DPS 程序进行方差分析,用植物数量性状混合遗传模型主基因+多基因分析方法进行联合分析,利用 AIC(Akaike's information criterion)准则和一组适应性检验(包括均匀性检验( $U1^2$ 、 $U2^2$ 、 $U3^2$ 、统计量)、Simrov 检验( $nW^2$  统计量)和 Kolmogorov 检验(Dn 统计量)),选择显著水平个数最少的模型作为最优模型。主基因遗传率  $h_{2mg}(\%) = \sigma_{mg}^2 / \sigma_p^2 \times 100$ ,多基因遗传率  $h_{2pg}^2(\%) = \sigma_{pg}^2 / \sigma_p^2 \times 100$ 。数据分析参照南京农业大学盖钧镒等<sup>[7]</sup>方法。

## 2 结果与分析

2.1 甜瓜  $F_2$  群体果实性状的分布

根据调查结果说明,父本和母本在果实重量和果肉

厚度上都具有较大差异,母本单果重 1 000.0 g,父本单果重 400.0 g, $F_1$  单果重平均值为 623.1 g;果肉厚度母本 3.20 cm,父本 1.60 cm, $F_1$  果肉厚度平均值为 2.70 cm;母本果肉颜色为黄色(1),父本果肉颜色为白色(5), $F_1$  果肉颜色平均值为 4.2。 $F_2$  单果重、果肉厚度和果肉颜色呈正态分布(图 1、表 2), $F_2$  群体间果实性状差异极显著(表 2),这 3 个性状呈多峰分布,呈现主基因-多基因模型。

## 2.2 甜瓜果实性状的主基因+多基因模型的遗传分析

利用植物数量的主基因+多基因的混合遗传模型对  $F_2$  世代的单果重进行分析,获得 11 种遗传模型的极大对数似然函数值和 AIC 值(表 3)。根据 AIC 准则,甜瓜单果重模型中 B-2 有最小值,A-0 模型和 A-1 模型的 AIC 值与最小值接近。根据 AIC 准则,甜瓜单果重模型

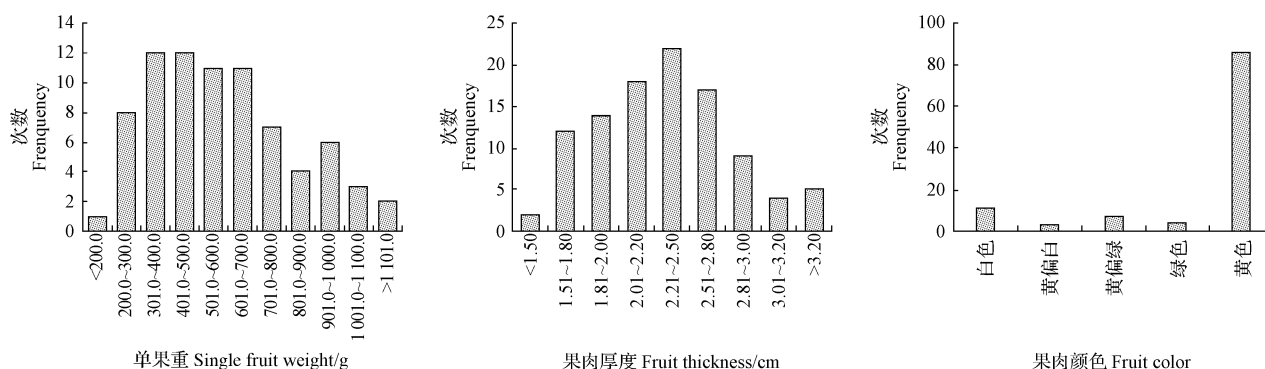
图 1  $F_2$  代甜瓜果实性状的次数分布Fig. 1 Frequency distribution of fruit traits in  $F_2$  generation

表 2

亲本及  $F_2$  果实性状分析

Table 2

Analysis the traits of  $F_2$  population and their parents

性状 Traits	亲本 Parents		标准差 Std	$F_2$ 群体 $F_2$ population		P 值 P value
	$P_1$	$P_2$		变化范围 Range	F 值 F value	
单果重 Single fruit weight/g	300	1 120	245.10	160.8~1 210.0	10.64	0.001 4**
果肉厚度 Fruit thickness/cm	1.60	3.20	0.47	1.45~3.40	22.28	0.000 1**
果肉颜色 Fruit color	5	1	4.18	1~5	80.88	0.000 1**

注: \* 表示差异显著( $P < 0.05$ ); \*\* 表示差异极显著( $P < 0.01$ )。

Note: \* show significant difference ( $P < 0.05$ ); \*\* show extremely significant difference ( $P < 0.01$ ).

表 3

甜瓜单果实性状的极大似然值和 AIC 值

Table 3

The maximum likelihood model and AIC values of muskmelon fruit traits

模型 Model	极大对数似然值 LML	AIC 值 AIC value	极大对数似然值 LML	AIC 值 AIC value	极大对数似然值 LML	AIC 值 AIC value
A-0	-625.911	1 255.820	-79.001	162.003	-245.089	494.178
A-1	-621.462	1 250.920 *	-74.165	156.330 *	-178.462	364.924 *
A-2	-625.908	1 257.816 *	-75.842	157.685 *	-242.642	491.284
A-3	-625.910	1 259.819	-79.002	166.004	-245.088	498.177
A-4	-625.910	1 259.819	-79.002	166.004	-245.088	498.177
B-1	-620.080	1 260.160	-73.253	166.506	-76.230	172.461 *
B-2	-620.105	1 250.210 *	-74.165	160.330	-178.462	368.925
B-3	-625.906	1 259.813	-73.695	155.391 *	-64.414	136.828 *
B-4	-625.907	1 257.813	-75.995	157.991 *	-225.300	456.601
B-5	-625.910	1 259.821	-79.002	166.005	-245.089	498.178
B-6	-625.910	1 257.822	-79.002	164.005	-245.089	496.178

注: \* 表示备选模型。

Note: \* means candidate models.

中 B-2 为最小值,A-0 模型和 A-1 模型的 AIC 值与最小值接近。其中 A-0 为 1 个基因遗传位点的加-显性主基因模型,A-1 为 1 个基因遗传位点加性主基因模型,B-2 为 2 个遗传位点的加性模型。对甜瓜果肉厚度进行主-多基因的模型分析,B-2 模型 AIC 值最小,A-0 与 A-1 作为与 AIC 最小值接近,可作为候选模型。

2.3 甜瓜果实性状的最优模型的选择和适合性检验

对甜瓜单果重备选模型进行适应性检验,结果见表 4。选择达到显著水平较少的统计量模型为最优模型。结果表明,A-0 甜瓜的单果重为显著水平的统计量为 0 个,A-1 模型为显著水平的统计量为 0 个,B-2 为显著水平的统计量为 0。因此 3 个模型均未达到显著水平。但

B-2 模型的 AIC 值最小,因此选择 B-2 模型为最优模型,甜瓜果实单果重为 2 对基因控制的数量遗传性状,且主基因为加性-显性模型。

对备选模型进行适应性检验结果见表 5。选择达到显著水平较少的统计量模型为最优模型。结果表明,A-1 甜瓜的果肉厚度为显著水平的统计量为 0 个,A-2 模型为显著水平的统计量为 0 个,B-3 为显著水平的统计量为 2 个。B-4 为显著水平的统计量有 1 个。因此 A-1 和 A-2 达到的显著水平的统计量最少。但 A-1 模型的 AIC 值最小,因此选择 A-1 模型为最优模型,且甜瓜果实厚度的果实性状为 1 个基因位点的,受加-显性主基因控制。

表 4 甜瓜单果重整齐度的适应性检验

Table 4 Test for goodness of fit to candidate models of single fruit weight in melon

模型 Model	群体 Group	$U_1^2$	$U_2^2$	统计量 Statistic $U_3^2$	$nW^2$	Dn
A-0	F <sub>2</sub>	0.171 6(0.270 1)	0.113 6(0.297 6)	0.000 1(0.000 4)	0.021 0(>0.05)	0.007 8(>0.05)
A-1	F <sub>2</sub>	0.000 9(0.551 0)	0.000 1(0.845 4)	0.000 4(0.608 4)	0.000 1(<0.05)	0.006 6(>0.05)
B-2	F <sub>2</sub>	0.000 1(0.750 3)	0.000 1(0.899 9)	0.000 1(0.812 6)	0.000 1(<0.05)	0.006 2(>0.05)

注: $U_1^2$ 、 $U_2^2$ 、 $U_3^2$ 、 $nW^2$ 、Dn 适合性检验参数,由主基因+多基因软件计算得出。括号内数字为适合性检验标准值。以下同。  
Note: $U_1^2$ 、 $U_2^2$ 、 $U_3^2$ 、 $nW^2$ 、Dn fitness test parameters,obtained by multiple genes of major gene and calculation software. The same as below.

表 5 甜瓜果肉厚度备选模型的适应性检验

Table 5 Test for goodness of fit to candidate models of fruit thickness in melon

模型 Model	群体 Group	$U_1^2$	$U_2^2$	统计量 Statistic $U_3^2$	$nW^2$	Dn
A-1	F <sub>2</sub>	0.000 1(0.891 0)	0.000 1(0.963 9)	0.016 8(0.516 7)	0.001 6(>0.05)	0.009 4(>0.05)
A-2	F <sub>2</sub>	0.004 9(0.493 6)	0.001 7(0.643 2)	0.000 4(0.664 2)	0.009 1(>0.05)	0.006 3(>0.05)
B-3	F <sub>2</sub>	0.000 2(0.802 8)	0.845 7(0.000 2)	0.863 0(0.001 5)	0.001 7(>0.05)	0.000 6(>0.05)
B-4	F <sub>2</sub>	0.003 1(0.667 1)	0.000 1(0.837 6)	0.441 3(0.406 7)	0.004 8(>0.05)	0.012 0(>0.05)

甜瓜果肉颜色备选模型进行适应性检验结果见表 6,其中 A-1 达到显著水平的有 2 个,B-1 达到显著水平的有 4 个,B-3 达到显著水平的有 4 个,选择显著水平最

少的为最优模型,但 A-1 的 AIC 值有些大,所以选择 B-1 为最优模型,因此说明果皮颜色是为 2 个主基因位点的加性-显性上位效应模型。

表 6 甜瓜颜色备选模型的适应性检验参数估计值

Table 6 Test for goodness of fit to candidate models of fruit color in melon

模型 Model	群体 Group	$U_1^2$	$U_2^2$	统计量 Statistic $U_3^2$	$nW^2$	Dn
A-1	F <sub>2</sub>	0.000 2(0.814)	0.155 4(0.280 9)	17.197 6(0.001 7)	3.208 1(<0.05)	0.030 2(>0.05)
B-1	F <sub>2</sub>	3.525 3(0.029)	8.156 7(0.008 2)	4.455 0(0.021 4)	3.344 9(<0.05)	0.088 5(>0.05)

2.4 遗传参数的估算

根据已经确定的最优模型和 IECM 的估算方法,对甜瓜果实性状进行遗传参数测定。甜瓜果实单果重群体的平均数  $m=634.9$ ,主基因加性-显性效应为  $da(d)=205.6$ ,主基因的遗传率为 73.79%和 0.76%。说明甜瓜果肉厚度以第 1 对主基因为主。甜瓜果肉厚度群体间平均数  $m=2.41$ ,主基因加性-显性效应  $da(d)=0.551$ ,

主基因遗传率为 73.90%。果肉颜色受到 2 对主基因的控制,2 对主基因效应分别为 1.476 和 0.502,表明 2 对主基因的加性效应以第 1 对主基因为主,上位效应中,2 对主基因的加性×加性,显性×显性的互作效应明显,F<sub>2</sub> 群体中主基因的遗传率为 88.85%,表明在 F<sub>2</sub> 中果肉颜色遗传表现为主基因效应。

## 3 讨论

近年来,利用主多基因模型研究作物数量性状遗传在萝卜、白菜、辣椒、茄子、番茄、黄瓜、西葫芦等作物上得到广泛的应用<sup>[8-13]</sup>。但是,归于瓜类果实性状的遗传研究相对较少。张宁等<sup>[6]</sup>认为控制甜瓜果实单果重为2对主基因加性效应,这与该研究认为1对主基因加性-显性效应研究结果不同,说明不同的研究材料对研究结果具有一定的影响。果皮颜色在瓜类中研究较少,林明宝等<sup>[14]</sup>使用有棱丝瓜2个深绿果色的自交系 UR1472 和 CS2513 分别与2个赤麻果色自交系 KN1318 和 SZ1413 进行正交、反交、自交及回交后,对各世代果色的遗传表现进行分析,结果表明丝瓜赤麻果色的遗传受1个显性核基因控制,为质量遗传。据刘文革<sup>[15-16]</sup>研究表明,控制果皮底色的基因有 Y(外果皮黄色,对白色果皮呈显性)和 Wi(嫩果果皮白色,对嫩果果皮绿色呈显性);果肉颜色基因有 gf(绿肉)和 wf(白色果肉,对橘红色果肉呈隐性)。该试验表明,甜瓜单果重及果肉颜色受到2对基因控制,分别为加性-显性效应及加性-显性-上位效应;而果肉厚度为1对主基因控制的加性-显性效应。该研究中果实性状的在 F<sub>2</sub> 中的主基因遗传力均大于70%,受环境影响较小,可在早代对这3个果实性状进行适度的定向选择。

## 参考文献

- [1] 白立华,刘艳,孙喜梅,等. 厚皮甜瓜果实主要性状遗传规律的初步研究[J]. 国际遗传学杂志,2010,33(4):149-152.  
[2] 张雪娇,高鹏,栾非时. 甜瓜果实相关性状 QTL 分析[J]. 中国蔬菜,

2013(18):35-41.

- [3] PARIS M K,ZALAPA J E,Mc CREIGHT J D,et al. Genetic dissection of fruit quality components in melon (*Cucumis melo* L.) using a RIL population derived from exotic×elite US Western Shipping germplasm [J]. Molecular Breeding,2008(3):405-419.  
[4] HAREL-BEJA R,TZURI G,PORTNOY V,et al. A genetic map of melon highly enriched with fruit quality QTLs and EST markers,including sugar and carotenoid metabolism genes[J]. Theoretical and Applied Genetics,2010(3):511-533.  
[5] 王贤磊,高兴旺,李冠,等. 甜瓜遗传图谱的构建及果实与种子 QTL 分析[J]. 遗传,2010(12):1398-1408.  
[6] 张宁,张显,张勇,等. 甜瓜远缘群体果实性状遗传分析[J]. 西北农业学报,2014,23(5):121-128.  
[7] 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.  
[8] 洪雅婷,沈向群,陈永浩,等. 四季萝卜 (*Raphanus sativus* var. *radicula*) 抗根肿病遗传规律[J]. 西北农业学报,2013(7):138-142.  
[9] 王玉刚,修文超,沈宝宇,等. 白菜和白菜型油菜角果相关性状遗传分析[J]. 植物遗传资源学报,2013(3):547-552.  
[10] 张磊,司龙亨,李坤. 黄瓜瓜条长度的遗传分析[J]. 西北农业学报,2012(3):114-117.  
[11] 陈学军,方荣,周坤华,等. 辣椒果实性状主基因+多基因遗传分析[J]. 西北植物学报,2012(2):246-251.  
[12] 乔军,刘富中,陈钰辉,等. 茄子果形遗传研究[J]. 园艺学报,2011,38(11):2121-2130.  
[13] 陈凤真. 西葫芦果径性状主基因-多基因混合遗传分析[J]. 安徽农业科学,2011,39(8):4440-4442.  
[14] 林明宝,胡志群,林师森. 有棱丝瓜果色遗传研究初报[J]. 广东农业科学,2000(2):16-17.  
[15] 刘文革. 甜瓜(*Cucumis melo*)基因目录[J]. 中国西瓜甜瓜,2000(2):37-40.  
[16] 刘文革. 甜瓜基因目录[J]. 中国西瓜甜瓜,2002(4):44-45.

Genetic Inheritance Analysis on Melon Fruit Mass in F<sub>2</sub> Generation

SHENG Yunyan<sup>1</sup>, CHEN Kenong<sup>2</sup>, JIAO Shiqi<sup>2</sup>, DAI Dongyang<sup>1</sup>

(1. Agriculture College, Heilongjiang Bayi University, Daqing, Heilongjiang 163319; 2. Horticulture College, Northeast Agriculture University, Harbin, Heilongjiang 150030)

**Abstract:** Two parental lines which were ms-5 from American thickness peel melon and Chinese thin peel melon HM-1 were used to cross P<sub>1</sub>, P<sub>2</sub>, F<sub>1</sub> and F<sub>2</sub> generation. Using mixed major gene plus polygene inheritance model to investigate the inheritance of fruit mass. The results showed single fruit weight was controlled by two pairs of additive-dominant major gene model, fruit thickness was controlled by one major gene model and fruit color was controlled by two major additive-dominant-epistatic polygene model effect. And the habitability of major genes in F<sub>2</sub> population were estimated as 73.79%, 73.90%, 88.85%, respectively. It indicated that fruit mass were more suitable to conduct selection in early generation as less influence by environment.

**Keywords:** melon; single fruit weight; fruit thickness; fruit color; major plus polygene; inheritance analysis