

甜瓜果形指数的 F_2 代遗传研究

陈克农¹, 张红卓^{2,3}, 袁丽伟⁴, 盛云燕²

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

3. 黑龙江省二龙山农场, 黑龙江 五大连池 164131; 4. 河北旅游职业学院, 河北 承德 067000)

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长度、宽度及果形指数进行遗传分析。结果表明: 果实长度受到 1 对加性-显性主基因模型控制; 果实宽度受到 2 对加性-显性上位多基因遗传模型控制; 果形指数受到加性-显性-上位效应多基因控制。主基因在 F_2 代群体中遗传率果实长度为 54.5%; 果实宽度为 61.4% 和 58.0%, 显性效应占主要作用; 果形指数主基因遗传效应为 20% 和 11%, 受环境条件影响较大。

关键词:甜瓜; 果实长度; 果实宽度; 果形指数; 主-多基因; 遗传

中图分类号:S 652.603.3 **文献标识码:**A **文章编号:**1001-0009(2016)19-0001-04

甜瓜果实性状类型丰富, 一直是育种工作者的研究重点, 也是甜瓜品质的重要组成部分^[1], 以往的研究结果表明, 甜瓜果形指数受到个别数量性状的控制, 同时受到环境因素的影响^[2-4]。在甜瓜果形遗传研究中, 有研究者认为长形对圆形呈显性遗传^[5], 研究者通过薄皮甜瓜与厚皮甜瓜杂交后代的分离状况进行了果形遗传研究, 认为椭圆形对圆形为不完全显性遗传, 也有关于果形遗传为多基因控制的数量遗传的报道^[6]。李秀秀等^[7]利用不同生态类型的品种, 对甜瓜的果形遗传进行了研究, 结果表明, 甜瓜的果形遗传符合加性-显性遗传模型, 且呈负向部分显性。刘文革^[8]在甜瓜基因目录中指出, 果实形状(果实长度和果实宽度比)在不同杂交组合中分别有 6 个和 2 个 QTL 控制, 而甜瓜的横径在不同组合中分别有 5 个和 6 个 QTL 位点, 果实长度由 4 个 QTL 控制。在其它瓜类作物中, 相继开展了果实长度、宽度及果形指数的遗传分析, 葫芦科其它作物的果形指数也开展了相继的研究^[9-10]。苗晗等^[11]对黄瓜果实性状开展 QTL 研究发现, 黄瓜瓜长具有 5 个 QTL 位点。由此可见, 瓜类作物果实性状的遗传由于材料不同而不具有相同的特点, 但是不难发现, 瓜类果形指数多为数量性状遗传, 因此对于甜瓜果实形状的遗传研究也

具有一定的参考作用。尽管研究者对甜瓜果实形状开展了 QTL 的研究, 但是关于利用主基因-多基因模型分析甜瓜果形的遗传规律的研究, 报道较少。因此, 该研究利用厚皮甜瓜 ms-5(近圆形)与薄皮甜瓜 HM-1(长圆形)配置杂交组合, 获得 P_1 、 P_2 、 F_1 、 F_2 代群体, 采用数量性状主基因+多基因混合遗传模型分析方法, 对甜瓜果实长度、宽度及果形指数进行遗传分析, 以期明确甜瓜果形性状的遗传模型和基因作用方式, 以及估测主基因遗传效应和遗传力, 为甜瓜下一步进行 QTL 精细定位及分子标记辅助育种提供理论参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料

以美国厚皮甜瓜 ms-5(*Cucumis melon* L. Cantalupe)为母本, 该育种材料雄全同株, 雄性不育, 果形近圆形; 黑龙江省薄皮甜瓜 HM-1(*Cucumis melon* L. muskmelon)为父本, 该育种材料雄全同株, 雄性可育, 果形长筒形。2 个亲本 2012 年春季杂交获得 F_1 代, 2013 年春季 F_1 代单株自交收种获得 F_2 代, 2014 年将 P_1 、 P_2 、 F_1 、 F_2 种植于黑龙江八一农垦大学塑料大棚内, 由于母本雄性不育, 未利用回交群体进行遗传分析。

1.2 试验方法

2013 年春季双亲配置杂交组合, 获得 F_1 代种子, 2013 年秋季将 F_1 代自交, 在温室中栽培获得 F_2 代种子。2014 年春季将 P_1 、 P_2 、 F_1 、 F_2 种植于大棚中, 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。测量果实的长度和宽度, 果形利用公式计算: 果形指数 = a/b (a 为果实纵剖面的纵

第一作者简介:陈克农(1955-), 男, 本科, 高级实验师, 研究方向为园艺学。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:2016-04-21

径, b 为果实纵剖面的横径)。

1.3 数据分析

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(U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 、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 $h_{2mg}^2(\%) = \sigma_{mg}^2 / \sigma_p^2 \times 100$, 多基因遗传率 $h_{2pg}^2(\%) = \sigma_{pg}^2 / \sigma_p^2 \times 100$, 数据分析参考南京农业大学盖钧铭^[12]的方法。



图 1 甜瓜亲本, F_1 及 F_2 群体果形

Fig. 1 Parental lines F_1 and F_2 generation for fruit shape

2 结果与分析

2.1 甜瓜四世代果形性状表型分布图

从表 1 可以看出,甜瓜母本 ms-5 果实长度平均值为 8.2 cm,果实宽度平均值为 8.9 cm,果形指数平均值为 0.9。父本 HM-1 果实长度平均值为 11.2 cm,果实宽度平均值为 9.7 cm,果形指数的平均值为 1.25。 F_2 群体分离群体果实长度、宽度与果形指数的统计分析和正态分布检验结果见表 2。果实长度、宽度和果形指数正态性检验 P 值分别为 0.000 1、0.004 和 0.020,均小于 0.05,较偏离正态分布。由图 2 可以看出,果实长度和果形指数属于单峰分布,果实宽度属于双峰分布。由于甜瓜亲本间果实长度、宽度及果形指数性状差异显著,对甜瓜群体可以进行遗传研究。由 F_2 代分离群体正态

分布检验与次数分布可知,果实长度、果实宽度及果形指数表型值在 F_2 代呈偏态分布,符合主基因+多基因控制性状在 F_2 代的表型分布特征。

表 1 亲本及 F_2 代果实性状分析

Table 1 Analysis the character of F_2 population and their parents						
性状 Character	亲本 Parents		F_2 群体 F_2 population		F 值 F value	P 值 P value
	P_1	P_2	标准差 Std	变化范围 Range		
果实长度 Fruit length/cm	8.2	11.2	1.66	7.0~15.4	51.672	0.000 1**
果实宽度 Fruit width/cm	8.9	9.7	1.46	6.7~15.2	8.337	0.004 *
果形指数 Fruit index	0.9	1.25	1.06	0.76~1.44	0.016	0.020 *

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

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

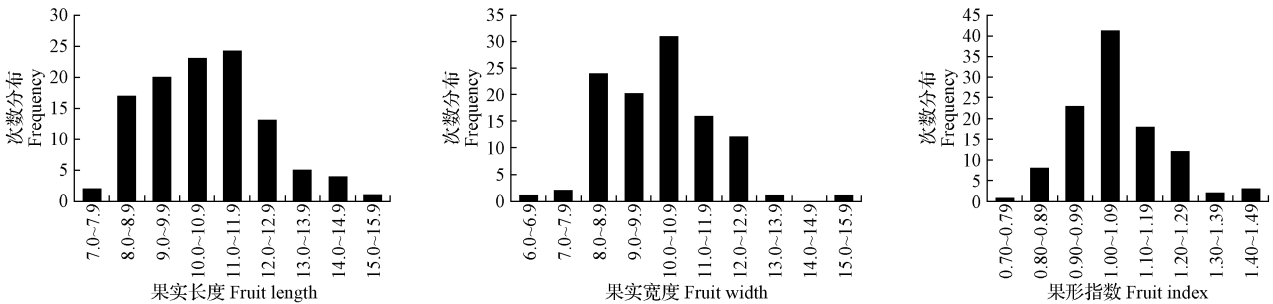


图 2 甜瓜 F_2 群体果实长度、宽度及果形指数分布

Fig. 2 Fruit length, width and index distribution of melon F_2 generation

2.2 遗传模型的选择和检测

由表 2 可以看出,对 F_2 代甜瓜的果实长度进行主基因+多基因遗传模型分析,得到 11 种遗传模型,根据最小 AIC 值原则,初步确定备选遗传模型为 A-1、A-2、B-4 和 B-6。对 F_2 代甜瓜的果实宽度进行主基因+多基因遗传模型分析,得到 11 种遗传模型,根据 AIC 值最小原则,初步确定备选遗传模型为 A-0、A-2、B-1 及 B-6。同理,对 F_2 代群体的果形指数进行检测,根据 AIC 值最小原则,选择 AIC 值最小和与最小值接近的为备选模型,模型 B-1 的 AIC 值最小,A-1、B-2 与最小 AIC 值接近,因此 A-1、B-1 及 B-2 为备选最适模型。

通过对备选模型进行适合性检验(表 3),其统计量达到显著水平的个数均为 1,所以在适合性检验的结果是一样的,因此选择 AIC 值最小的 A-1 为最优模型。说明甜瓜的果实长度受 1 对加性-显性主基因控制。对 F_2

代甜瓜的果实宽度进行主基因+多基因遗传模型分析,得到 11 种遗传模型(表 2),根据 AIC 值最小原则,初步确定备选遗传模型为 A-0、A-2、B-1 及 B-6。通过对备选模型进行适合性检验(表 3),其统计量达到显著水平的个数均为 2 个,所以在适合性检验的结果是一样的,因此选择 AIC 值最小的 B-1 为最优模型。说明甜瓜的果实宽度受 2 对加性-显性-上位性主基因控制。对果形指数的适合性检验结果显示,根据 AIC 值最小原则,选择 AIC 值最小和与最小值接近的为备选模型,模型 B-1 的 AIC 值最小,A-1、B-2 与最小 AIC 值接近,因此 A-1、B-1 及 B-2 为备选最适模型;其中模型 A-1 达到显著水平的为 0 个,B-1 达到显著水平的为 0 个,B-2 达到显著水平的为 0 个,所以 3 个均未达到显著水平,但 B-1 的模型的 AIC 值最小,因此 B-1 为最适模型。为 2 个基因位点主基因遗传的加性-显性-上位效应。

表 2 甜瓜果肉果实性状的极大似然值和 AIC 值

Table 2 The maximum likelihood model and AIC values of muskmelon fruit traits

模型 Model	果实长度 Fruit length		果实宽度 Fruit width		果形指数 Fruit index	
	极大对数似然值 LML	AIC	极大对数似然值 LML	AIC	极大对数似然值 LML	AIC
A-0	-241.944	487.888	-258.633	521.265	82.923	-161.847
A-1	-240.932	489.863	-258.287	524.574	87.878	-167.756 *
A-2	-241.942	489.884	-258.633	523.265	82.919	-159.838
A-3	-241.944	491.888	-258.287	524.574	82.923	-157.848
A-4	-241.944	491.888	-258.287	524.574	82.923	-157.848
B-1	-236.685	493.370	-233.928	487.856	94.828	-169.657 *
B-2	-239.249	490.497	-257.967	527.933	87.878	-163.758 *
B-3	-241.942	491.884	-258.633	525.265	82.907	-157.816
B-4	-241.942	489.884	-258.634	523.267	82.920	-159.842
B-5	-241.945	491.889	-257.967	523.933	82.923	-157.847
B-6	-241.945	489.889	-257.967	521.933	82.923	-159.847

注: * 表示备选模型。

Note: * means candidate models.

表 3 甜瓜 F_2 代果实性状备选模型的适合性检验参数估计值

Table 3 The estimated value of adaptability parameters of muskmelon fruit traits models

性状 Character	模型 Model	U_1^2	U_2^2	U_3^2	nW^2	D_n
果实长度 Fruit length	A-1	0.000 1(0.848 6)	0(0.885 7)	0.000 1(0.866 0)	0.003 7(>0.05)	0.005 7(<0.05)
	A-2	0.010 0(0.565 1)	0.007 7(0.588 3)	0(0.936 6)	0.003 5(>0.05)	0.006 3(<0.05)
	B-4	0.010 0(0.565 1)	0.007 7(0.588 7)	0(0.934 7)	0.003 5(>0.05)	0.006 3(<0.05)
	B-6	0.010 1	0.007 7(0.588 9)	0(0.931 8)	0.003 5(>0.05)	0.006 3(<0.05)
果实宽度 Fruit width	A-0	0.036 8(0.437 5)	0.013 8(0.535 7)	0.884 5(0)	0.074 2(<0.05)	0.005 9(<0.05)
	A-2	0.037 0(0.436 7)	0.011 9(0.549 7)	0.831 3(0)	0.070 5(<0.05)	0.006 0(<0.05)
	B-1	0.000 2(0.819 7)	0(0.994 4)	0.004 0(0.429 7)	0.003 5(<0.05)	0.007 0(<0.05)
果形指数 Fruit index	B-6	0.016 9(0.515 8)	0.026 9(0.470 0)	0.828 7(0.007 0)	0.068 4(<0.05)	0.006 3(<0.05)
	A-1	0.001 0(0.940 9)	0.002 0(0.688 9)	0.240 1(0.230 4)	0.001 7(>0.05)	0.000 6(>0.05)
	B-1	0.000 1(0.990 2)	0.000 1(0.980 1)	0.000 1(0.963 1)	0.000 2(>0.05)	0.006 7(>0.05)
	B-2	0.000 1(0.941 2)	0.000 2(0.691 3)	0.249 0(0.230 4)	0.000 2(>0.05)	0.006 2(>0.05)

注: U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 、 nW^2 、 D_n 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。

Note: U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 、 nW^2 、 D_n fitness test parameters, obtained by multiple genes of major gene and calculation software.

2.3 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,对甜瓜果实长度、宽度及果形指数进行遗传参数测定。甜瓜果实 F_2 代果实长度的平均数 $m=11.12$,主基因加性-

显性效应为 $da(d)=1.066$,主基因的遗传率为 0.545。说明甜瓜果实长度以第 1 对主基因为主。甜瓜果实宽度群体间平均数 $m=9.265$,2 对主基因加性-显性-上位效应 0.614 及 0.580。果形指数受到 2 对主基因的控制,

2 对主基因效应分别为 0.2 和 0.11,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_2 群体中主基因的遗传率为 0.11。

3 讨论

葫芦科作物的果实相关性状的 QTL 一直是育种工作者研究的重点,但是目前甜瓜方面对果实性状研究尤其是果形指数方面的研究相对较少。高军等^[10]对应用植物数量性状主基因+多基因混合遗传模型和经典遗传学方法对短果形的沅江肉丝瓜(L0091)与长果形的蛇形丝瓜(L0069)杂交组合多个世代群体的果长进行了联合分析,结果表明,L0091×L0069 果长遗传由 1 对加性主基因控制,并由加性-显性多基因修饰。张长远等^[9]对苦瓜 6 个世代果长性状的遗传效应结果表明,果长性状的基因效应符合加性-显性遗传模型,且以加性效应为主,加性效应占总遗传成分的 98.6%。在葫芦科作物中研究黄瓜果形指数的较多,多数的研究结果认为黄瓜果长属于多基因控制的遗传模型,主要为加性-显性效应,以加性效应为主,显性效应较低^[11,13-16]。张宁等^[17]利用甜瓜远缘群体研究果实性状的遗传分析认为甜瓜果实纵径、横径和果形指数均受 2 对加性-显性-上位性主基因+加性-显性-上位性多基因模型控制,这与该研究结果相似。该研究中,由于母本 ms-5 为雄性不育植株,没有获得回交群体,因此在研究上还需要进一步的验证,但是通过 F_2 代的研究分析,也表明果形指数遗传模型与前人研究结果相同。研究结果显示显性基因占主导作用,且容易受环境影响,早期选择时应注意环境的影响因素。

参考文献

[1] 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]. Theor Appl Genet, 2011, 121(3): 511-533.

[2] DANIN-POLEG Y, TADMOR Y, TZURI G, et al. Construction of a genetic map of melon with molecular markers and horticultural traits, and localization of genes associated with ZYMV resistance[J]. Euphytica, 2002, 125(3): 373-384.

[3] ZALAPA J E, STAUB J E, MCREIGHT 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(7): 1185-1201.

[4] 王贤磊, 高兴旺, 李冠, 等. 甜瓜遗传图谱的构建及果实与种子的 QTL 分析[J]. 遗传, 2011, 33(12): 1398-1408.

[5] WALL D, GUILLARD R R L, DALE B. Marine dinoflagellate cultures from resting spores[J]. Phycologia, 1967(6): 83-86.

[6] RAMASWAMY H S, RANGANNA S. Unpublished data from central food technological research institute[M]. India: Mysore, 1978.

[7] 李秀秀, 吕敬刚, 薛毅柳, 等. 甜瓜果形遗传的初步研究[J]. 华北农学报, 2002, 17(3): 80-83.

[8] 刘文革. 甜瓜(*Cucumis melo*)基因目录[J]. 中国西瓜甜瓜, 2000(2): 37-40.

[9] 张长远, 罗少波, 郭巨先, 等. 苦瓜果长的遗传效应分析[J]. 广东农业科学, 2006(1): 34-36.

[10] 高军, 徐海, 苏小俊, 等. 普通丝瓜果长遗传规律分析[J]. 江苏农业科学, 2007(5): 123-125.

[11] 苗晗, 顾兴芳, 张圣平, 等. 黄瓜果实相关性状 QTL 定位分析[J]. 中国农业科学, 2011, 44(24): 5031-5040.

[12] 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.

[13] 孙洪涛, 秦智伟, 周秀艳, 等. 黄瓜果实横径的遗传分析及分子标记[J]. 中国农学通报, 2010, 26(20): 38-42.

[14] 王成. 黄瓜果实长度的遗传分析及分子标记[D]. 哈尔滨: 东北农业大学, 2010.

[15] 李效尊. 黄瓜重要性状的 QTL 定位与分析[D]. 上海: 上海交通大学, 2007.

[16] 程周超, 顾兴芳, 张圣平, 等. 黄瓜果长性状的 QTL 定位分析[J]. 中国蔬菜, 2010(12): 20-25.

[17] 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.

Genetic Inheritance Analysis on Melon Fruit Index in F_2 Generation

CHEN Kenong¹, ZHANG Hongzhuo^{2,3}, YUAN Liwei⁴, SHENG Yunyan²

(1. Horticultural College, Northeast Agricultural University, Harbin, Heilongjiang 150030; 2. Agricultural College, Heilongjiang Bayi Agricultural University, Daqing, Heilongjiang 163319; 3. Two Dragon Farm of Heilongjiang, Wudalianchi, Heilongjiang 164131; 4. Hebei Tourist Vacation College, Chengde, Hebei 067000)

Abstract: Two parental lines which were ms-5 from American thickness peel melon and Chinese thin peel melon HM-1 were used to cross F_1 and F_2 generation. Using mixed major gene plus polygene inheritance model to investigate the inheritance of fruit length, fruit width and fruit diameter. The results showed fruit length was controlled by one pair of additive-dominant major gene model, fruit width was controlled by two major gene with additive-dominance and epistatic effect, fruit index was controlled by two major additive-dominant-epistatic polygene model effect. And the habitability of major genes in F_2 population were estimated as 54.5% in fruit length, 61.4% and 58.0% in fruit width, and 20% and 11% in fruit index, respectively. It indicated fruit index was easily influenced by environment.

Keywords: melon; fruit length; fruit width; fruit index; major-plus polygene; inheritance