

黄瓜果肉色的遗传分析

沈 镒, 方智远, 李锡香, 李全辉, 程嘉琪, 宋江萍, 王海平, 邱 杨

(中国农业科学院蔬菜花卉研究所, 北京 100081)

摘要:以 1 份西双版纳黄瓜和 2 份普通黄瓜自交系为试验材料配制 2 个杂交组合, 并构建 4 世代群体 (P_1 、 P_2 、 F_1 、 F_2)。分别采用目测分级、色差仪测定 a 值和 b 值以及 HPLC 方法测定 β -胡萝卜素含量等 4 个指标, 研究黄瓜果肉色性状的遗传规律。结果表明: 2 个杂交组合 F_2 群体的果肉色相关指标呈单峰偏态或双峰分布, 表现为主基因 + 多基因的数量遗传特征。多世代联合分析表明, 黄瓜果肉色遗传基本符合两对主基因 + 多基因模型。两组合 8 个果肉色相关指标最优模型的 F_2 群体主基因遗传率较高, 为 76.0% ~ 99.3%, 多基因遗传率较低, 为 0 ~ 23.7%。对黄瓜橙黄果肉色的选择应在分离早期世代进行。

关键词:西双版纳黄瓜; 果肉色; β -胡萝卜素; 色差仪; 遗传

Inheritance of Fruit Flesh Color in *Cucumis sativus* L.

SHEN Di, FANG Zhi-yuan, LI Xi-xiang, LI Quan-hui,

CHENG Jia-qi, SONG Jiang-ping, WANG Hai-ping, QIU Yang

(Institute of Vegetables and Flowers, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081)

Abstract: Two hybrid combinations and four generations (P_1 、 P_2 、 F_1 、 F_2) were made by one Xishuangbanna cucumber (*Cucumis sativus* L. var. *xishuangbannanensis* Qi et Yuan) and two common cucumber (*Cucumis sativus* L. var. *sativus*) inbred lines. Four indexes including color grade classification, a value and b value determined by color different meter, β -carotene content measurement (HPLC) were determined respectively to study the inheritance of cucumber flesh color traits with joint analysis method of multiple generations. The results showed that F_2 population of the two combinations appeared one asymmetry peak or two peaks distribution, indicating that the trait was quantitative in nature and controlled by major gene plus polygene. The heritance of fruit flesh color fitted the pattern of two major genes plus polygene. For F_2 generation, the major gene heritability was high (76.0% - 99.3%) while the polygenes (0 - 23.7%) was low, which suggested that artificial selection for orange flesh of cucumber could be carried out in the separation of the early generations.

Key words: *Cucumis sativus* L. var. *xishuangbannanensis* Qi et Yuan; Flesh color; β -carotenoid; Color different meter; Inheritance

普通黄瓜的果肉颜色为白色和浅绿色, 类胡萝卜素含量均较低。西双版纳黄瓜 (*Cucumis sativus* L. var. *xishuangbannanensis* Qi et Yuan) 是我国特有的黄瓜变种资源, 果肉色橙黄是其主要特异性状之一^[1]。18 份西双版纳黄瓜种质果肉的平均 β -胡萝卜素含量为 106.58 mg/kg DW, 显著高于普通黄瓜, β -胡萝卜素的大量积累是果肉颜色形成的主要原因。形态和分

子水平的鉴定评价及品质分析结果表明, 西双版纳黄瓜群体内具有一定的遗传多样性^[2-4]。

类胡萝卜素是生物体内通过类异戊二烯途径合成的一类黄色或橙红色色素, 是决定蔬菜、水果产品颜色及内在营养品质的重要指标。其中 β -胡萝卜素是人类及动物体内维生素 A 合成的前体^[5-6], 具有防止夜盲症和视力衰退、促进生长发育、增强人体

收稿日期: 2010-03-20

修回日期: 2010-11-12

基金项目: 国家科技支撑计划 (2006BAD13B06-3-4); 国家自然科学基金项目 (31071797); 农业部园艺作物遗传改良重点开放实验室项目

作者简介: 沈镒, 副研究员, 主要从事蔬菜种质资源收集保存、鉴定评价及优异基因挖掘。E-mail: shendi@mail.caas.net.cn

通讯作者: 李锡香, 研究员。E-mail: lee0612@sina.com

免疫力及防癌等多种生理功能。由于人体自身无法合成 β -胡萝卜素,必须通过外界摄入,而 β -胡萝卜素在许多作物中含量较低。因而,提高重要农作物的 β -胡萝卜素含量是解决问题的主要途径。

大量试验数据和 QTL 作图结果表明,控制数量性状的基因体系中既有遗传效应较大的主基因,又有遗传效应较小的微效多基因,称之为主基因+多基因混合遗传。盖钧镒^[7]认为多数性状由主基因+多基因共同控制是数量性状遗传的基本模型,而纯主基因或纯多基因的遗传模型只是特例。盖钧镒等^[8]研究开发的植物数量性状主基因+多基因混合遗传模型分析法可检测和鉴定数量性状主基因和多基因的存在,并可对基因效应和方差等遗传参数进行估算,可比过去的单世代分析法提供更多的遗传信息而在农作物的多个农艺性状的遗传研究中得到较广泛的应用^[9-14]。

本试验以 1 份西双版纳黄瓜自交系和 2 份普通黄瓜自交系为试验材料,采用目测分级、色差仪和 β -胡萝卜素含量 3 种不同测定方法,利用 4 世代主基因与多基因联合分析方法系统研究了黄瓜果肉色性状的遗传规律,为提高黄瓜品质的种质创新及育种效率提供理论依据。

1 材料与方 法

1.1 供试材料及群体构建

试验材料为中国农业科学院蔬菜花卉研究所资源组经过多代自交的黄瓜品系。利用 2 份普通黄瓜(果肉色白色,低 β -胡萝卜素含量)G5224(RH2P₁)和 JD7(RH6P₁)分别与西双版纳黄瓜 32 号(P₂,果肉色橙黄,高 β -胡萝卜素含量)杂交获得 F₁,F₁自交获得 F₂。其中 RH2P₁×P₂及后代为 RH2 组合各世代群体,RH6P₁×P₂及后代为 RH6 组合各世代群体。

RH2 和 RH6 组合的 4 个世代材料均于 2008 年 2 月 20 日播种育苗,3 月 15 日定植于日光温室,株行距 0.65 m×0.35 m。P₁、P₂、F₁世代均种植 20 株,F₂种植 280 株。田间栽培管理按常规进行。4 世代联合分析试验的 4 个群体分别单株自交授粉。

1.2 方 法

1.2.1 果肉色相关指标测定方法 自授粉之日起 60d 时分别按单株采收老瓜,剖瓜取种后,用肉眼观察果肉近胎座部分的颜色,按下述分级标准将各单瓜的果肉色分为 6 级。目测果肉色分级标准:0 级,黄白色,与普通黄瓜无差异;1 级:浅橙黄色;2 级:橙黄或黄色;3 级:浅橙红色,果肉变色范围小;4 级:橙

红,果肉变色范围居中;5 级:橙红,果肉变色范围大,与亲本西双版纳黄瓜相近。采用日本 Minolta 公司生产的 CR-400 探头和 DP-400 数据处理器组成的色彩色差仪测定果肉色的 a 值(红、绿色度指数)和 b 值(黄、蓝色度指数)。在单瓜纵剖面近胎座端取上、中、下 3 点分别测定 a 值和 b 值,取平均值。取单瓜混样、冻干,采用 HPLC 方法测定 β -胡萝卜素含量^[3]。

在 RH2 组合的 F₂,共测定了 170 个单株的目测分级和色差仪 a、b 值,122 个单株的 β -胡萝卜素含量。在 RH6 组合的 F₂,共测定了 206 个单株的目测分级,209 个单株的色差仪 a、b 值,90 个单株的 β -胡萝卜素含量。

1.2.2 遗传规律分析方法 利用 P₁、P₂和 F₁3 个同质群体与 F₂单个分离世代共同进行 4 世代的联合分析。采用章元明等^[15]建立的分析方法,假设数量性状分别受 1 对主基因、2 对主基因、多基因、1 对主基因+多基因和 2 对主基因+多基因控制,分别建立 A-E 类 24 个遗传模型。根据 AIC 检验及相应模型适合性检验来确定最适遗传模型,极大似然估计采用 IECM 算法。将 F₂及亲本和 F₁纳入统一的似然函数,综合估计遗传参数。24 个模型的 AIC 值及模型适合性检验分别采用“MG2AD”和“MG2BE”程序,B 类和 E 类模型一级遗传参数估算采用“LSE4GF₂”程序。A、C 和 D 类模型的一级遗传参数和 24 个模型的二级参数估算参照盖钧镒等^[8]的方法。

2 结果与分析

2.1 果肉色相关指标的植株次数分布

用目测分级、色差仪和 HPLC 方法分别测定 RH2 和 RH6 组合的 4 世代(P₁、P₂、F₁和 F₂)单株的果肉色相关指标。结果表明,RH2P₁和 RH6P₁的果肉均为黄白色,目测均为 0 级,色差仪测定 a 值分别为 -2.690 和 -2.589,b 值为 12.911 和 12.118, β -胡萝卜素含量为 0.973mg/kgDW 和 0.733mg/kgDW。共用亲本 P₂果肉色橙黄,目测均为 5 级,色差仪测定 a 值 10.760,b 值 51.320, β -胡萝卜素含量 92.657mg/kgDW。3 个亲本的果肉色相关性状表现稳定一致。两组合 F₁的不同单株间表现出一定的性状分离。RH2F₁和 RH6F₁的平均果肉色分级为 0.37 和 1.60,a 值为 -3.886 和 -3.157,b 值 17.843 和 27.966, β -胡萝卜素含量 0.837mg/kgDW 和 2.220mg/kgDW。上述 3 个不分离世代的分析数据

显示,两组合亲本间的果肉色相关指标差异显著,环境条件对F₁不同单株的果肉色有一定影响。

表1 亲本及F₁的果肉色相关指标

Table 1 Flesh color related indexes of parents and F₁ generation

测定指标 Index	RH2P ₁	RH2F ₁	P ₂	RH6P ₁	RH6F ₁
目测分级	0	0.37	5	0	1.60
色差仪 a 值	-2.690	-3.886	10.760	-2.589	-3.157
色差仪 b 值	12.911	17.843	51.320	12.118	27.966
β-胡萝卜素含量 (mg/kgDW)	0.973	0.837	92.657	0.733	2.220

两组合F₂的果肉色相关指标均表现明显的性状分离(图1)。RH2F₂的目测肉色分级、a值、b值、

β-胡萝卜素含量的平均值分别为1.488、-1.427、26.165、6.145,方差1.731、24.95、140.573、123.505。RH6F₂的目测肉色分级、a值、b值、β-胡萝卜素含量的均值分别为1.813、-1.251、24.575、11.617,方差2.095、51.183、216.138、270.549。从F₂次数分布图可以看出,两组合的8个果肉色相关指标均向浅肉色、低值亲本偏移,呈现较为明显的单峰偏态分布(图2~图5),表明黄瓜果肉色性状符合具主基因效应的数量性状遗传规律。浅色对深色为显性,且可能存在基因间互作或有主基因作用并有多基因的修饰。两组合的b值次数分布图还显示,高值区域分布较为散乱,总体分布规律较a值更为复杂,可能多基因作用更显著。

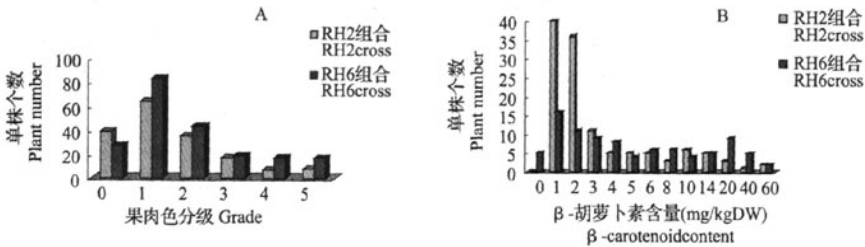


图1 两组合F₂群体的果肉色分级(A)和β-胡萝卜素含量(B)的植株次数分布图

Fig. 1 Plant number distribution of F₂ generation of flesh grade (left) and β-carotenoid content (right) in two crosses

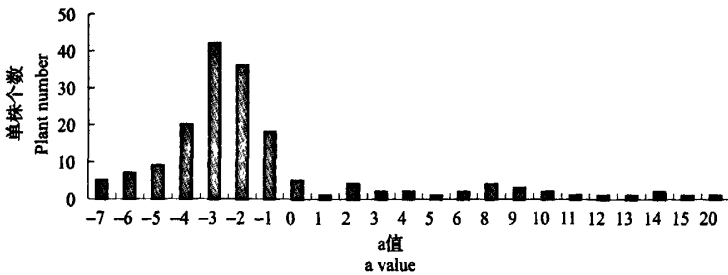


图2 RH2 F₂ a值植株次数分布图

Fig. 2 Plant number distribution of a value in RH2 F₂ generation

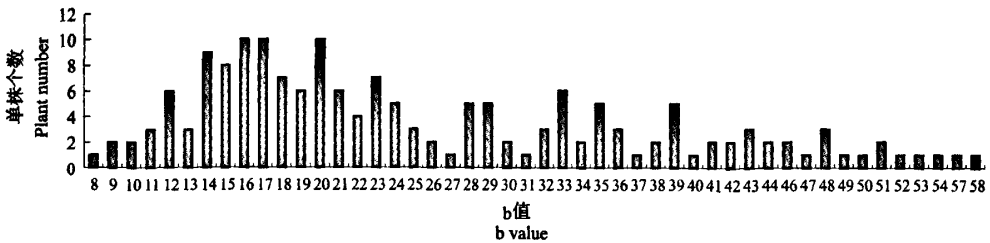


图3 RH2 F₂ b值植株次数分布图

Fig. 3 Plant number distribution of b value in RH2 F₂ generation

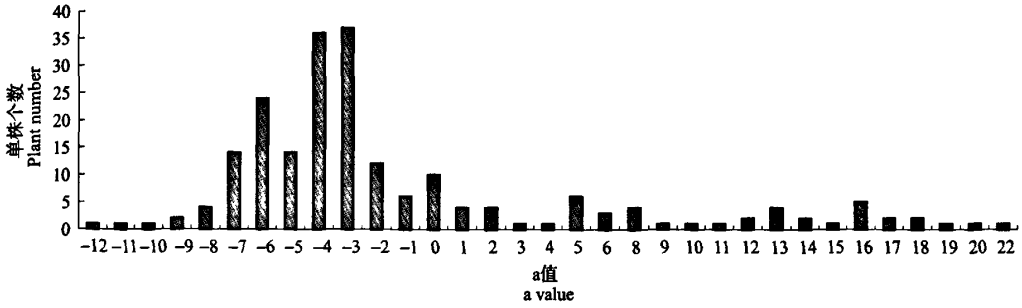


图 4 RH6 F₂ a 值植株次数分布图

Fig. 4 Plant number distribution of a value in RH6 F₂ generation

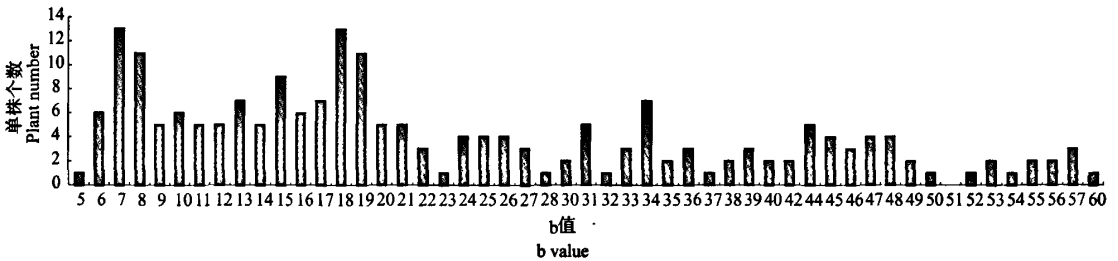


图 5 RH6 F₂ b 值植株次数分布图

Fig. 5 Plant number distribution of b value in RH6 F₂ generation

2.2 黄瓜果肉色相关指标的主基因 + 多基因混合遗传分析

2.2.1 遗传模型 利用主基因 - 多基因混合遗传模型的多世代联合分析方法对两组合 4 世代黄瓜果肉色相关指标进行遗传分析, 分别计算 1 对主基因(A)、2 对主基因(B)、多基因(C)、1 对主基因 + 多基因(D)和 2 对主基因 + 多基因控制(E)共 5 类 24 种遗传模型的最大似然函数值和 AIC 值, 从中分别选出 3 个 AIC 值较小的遗传模型(表 2)。

表 2 初选各遗传模型的 AIC 值

测定指标 Index	模型 Model	RH2 组合 RH2 cross	模型 Model	RH6 组合 RH6 cross
色泽分级	E_0*	399.92	B_2	377.58
	E_1	409.40	E_1	233.22
	E_2	448.98	E_3	286.35
	A_1	1057.07	E_0	1326.79
a 值	D_0	950.70	E_1	1317.52
	D_1	953.66	E_2	1347.12
	E_1	1419.63	D_0	1808.33
b 值	E_2	1414.48	E_0	1779.17
	E_6	1419.00	E_1	1766.60
β-胡萝卜素含量	B_1	901.84	B_1	754.84
	E_0	852.96	E_0	746.42
	E_1	854.89	E_1	740.75

*: 入选的最优模型; *: Fitted genetic model

对初选遗传模型进行群体适合性检验, 分别统计各模型中达到 0.05 显著性的统计量个数, 按照试验群体的适合性检验统计量与模型差异越少越优的原则, 结合 AIC 值确定不同组合各测定指标的最优模型(表 2)。结果表明, RH2 组合的肉色分级和 β-胡萝卜素含量均为两对加性 - 显性 - 上位性主基因 + 加性 - 显性 - 上位性多基因模型(E_0), 色差仪测定 a 值为 1 对加性 - 显性主基因 + 加性 - 显性 - 上位性多基因模型(D_0), b 值为两对加性 - 显性主基因 + 加性 - 显性多基因模型(E_2)。RH6 组合肉色分级的最优模型为两对主基因加性 - 显性模型(B_2), a 值、b 值和 β-胡萝卜素含量均为两对加性 - 显性 - 上位性主基因 + 加性 - 显性多基因模型(E_1)。由此可见, 黄瓜果肉色相关指标的最优模型基本为 2 对主基因 + 多基因模型, 只是在不同杂交组合估算不同测定指标的主基因和多基因是否存在上位性作用中略有不同。但 RH2 组合的色差仪测定 a 值为 1 对主基因 + 多基因模型。

2.2.2 遗传参数的估算 通过一阶分布参数与一阶遗传参数的相互关系, 估算出黄瓜果肉色相关指标的一阶遗传参数, 二阶遗传参数通过对群体表型方差的剖分进行估算(表 3)。

表3 果肉色相关指标的遗传参数估计值

Table 3 Genetic parameters estimates of flesh color related indexes

遗传参数 Genetic parameter	RH2				RH6			
	肉色分级 Flesh grade	a 值 a value	b 值 b value	β -胡萝卜 β -carotenoid content	肉色分级 Flesh grade	a 值 a value	b 值 b value	β -胡萝卜 β -carotenoid content
d_a	-1.633	6.668	-10.943	-18.344	-1.499	-9.515	-1015.000	-23.075
d_b	-0.633	-	-6.179	-12.589	-0.966	-3.980	0.078	-13.751
h_a	-0.133	-6.633	-10.770	-18.343	-0.539	-357.000	-8.576	-23.454
h_b	-0.133	-	-411.000	-3.285	-0.035	1.582	-4.676	-3.996
h_a/d_a	0.081	-0.995	0.984	1.000	0.360	0.563	0.571	1.016
h_b/d_b	0.210	-	0.876	0.261	0.035	0.397	-59.949	0.291
i	0.633	-	-	12.589	-	2.322	8.698	14.139
j_{ab}	0.133	-	-	3.285	-	0.074	-4.100	3.609
j_{ba}	0.133	-	-	12.588	-	1.480	-9.755	13.742
l	-0.367	-	-	3.284	-	3.920	-0.141	4.343
$[d]$	-	-	-4.030	-	-	6.832	-6.249	-9.136
$[h]$	-	-	-0.015	-	-	2.769	16.289	-7.770
$[h]/[d]$	-	-	0.004	-	-	0.405	-2.607	0.850
σ_p^2	1.488	24.952	140.573	123.505	2.095	51.183	216.138	270.549
σ^2	0.033	0.094	3.563	12.038	0.014	0.607	459.000	26.319
σ_{pg}^2	0	903.000	14.340	0	0	2.446	0	0
σ_{mg}^2	1.455	18.955	122.670	111.467	2.081	48.130	210.679	244.230
h_{mg}^2 (%)	97.800	76.0	87.300	90.200	99.300	94.000	97.500	90.300
h_{pg}^2 (%)	0	23.6	10.200	0	0	4.800	0	0

d_a : 第1主基因加性效应; d_b : 第2主基因加性效应; h_a : 第1主基因显性效应; h_b : 第2主基因显性效应; h_a/d_a : 第1主基因的显性度; h_b/d_b : 第2主基因的显性度; i , j_{ab} , j_{ba} 和 l 分别为两主基因的加性 \times 加性、加性 \times 显性、显性 \times 加性、显性 \times 显性的互作效应; $[d]$: 多基因加性效应; $[h]$: 多基因显性效应; $[h]/[d]$: 多基因的显性度; σ_p^2 : 表型方差; σ_{pg}^2 : 多基因方差; σ_{mg}^2 : 主基因方差; σ^2 : 误差方差; h_{mg}^2 : 主基因遗传率; h_{pg}^2 : 多基因遗传率

d_a : Additive effects of the first major genes; d_b : Additive effects of the second major genes; h_a : Dominant effects of the first major genes; h_b : Dominant effects of the second major genes; h_a/d_a : Dominant degree of the first major genes; h_b/d_b : Dominant degree of the second major genes; i , j_{ab} , j_{ba} and l : The epistemic effect of additive \times additive, additive \times dominant, dominant \times additive, dominant \times dominant between two major genes respectively; $[d]$: Additive effects of polygenes; $[h]$: Dominant effects of polygenes; $[h]/[d]$: Dominant degree of polygenes; σ_p^2 , σ_{mg}^2 , σ_{pg}^2 and σ^2 : Variance of phenotypic, major genes, polygenes and error, respectively; h_{mg}^2 and h_{pg}^2 : signify inheritabilities of major genes and polygene, respectively

从表3数据可以看出, RH2和RH6组合的果肉色目测分级均受两对主基因控制, 且均以加性效应为主, 第1对主基因的加性作用更明显。在上位性作用中, RH2组合两主基因的加性 \times 加性互作效应较大, 显性 \times 显性效应次之。两组合果肉 β -胡萝卜素含量的遗传效应基本一致。第1主基因均具有明显的加性效应和显性效应, 第2主基因呈不完全显性, 以加性效应为主。RH6组合多基因的显性效应和加性效应均较明显。在上位性作用中, 两主基因的加性 \times 加性和显性 \times 加性互作效应较大。

对黄瓜果肉色的色差仪测定a值和b值的遗传分析表明, RH2组合a值为一对主基因+多基因遗传模型, 其主基因的加性效应和显性效应均较明显。

RH6组合a值和两组合b值均为两对主基因+多基因遗传模型。RH6组合a值的两对主基因和多基因均呈不完全显性, 以加性效应为主。在上位性作用中, 两主基因的加性 \times 加性和加性 \times 显性互作效应较大。RH2组合b值两对主基因的加性效应和显性效应均较明显, 多基因以加性效应为主。RH6组合b值的第1主基因以加性效应为主, 第2主基因的显性效应极为显著。多基因以显性效应为主, 加性效应也较明显。在上位性作用中, 两主基因的显性 \times 显性互作效应较大, 加性 \times 加性效应次之。

从表中二阶遗传参数值可以看出, RH2和RH6组合的果肉色相关指标最优模型的 F_2 主基因遗传率较高, 为76.0%~99.3%, 多基因遗传率较低, 为

0~23.7%。两组合 β -胡萝卜素含量的环境方差占总表型方差的9.7%,说明环境条件对黄瓜果实 β -胡萝卜素含量有一定影响。

3 讨论

3.1 黄瓜果肉色相关指标的遗传分析

类胡萝卜素是决定蔬菜、水果内在营养品质的重要指标。普通黄瓜中缺少高胡萝卜素含量的种质资源,因而相关方面的研究报道较少。Kooistra^[16]以NPI(果肉橙黄)、PI200815(果肉黄色)和Natsufushinari(果肉白色)为试验材料进行黄瓜果肉色遗传规律分析,认为黄瓜果肉色由V和W两对基因控制,如果两对基因均为隐性,果肉表现为橙黄色,如果两对基因均为显性则果肉为灰白色。戚春章等^[1]认为Kooistra发表的橙色果肉 yf 、 wf 基因是隐于常态对性的变态基因,即 yf 和 wf 是隐性基因,又是突变基因,一般很少出现,因此认为西双版纳黄瓜的橙黄果肉对普通栽培黄瓜的白色果肉是显性,由另外的基因控制。

本试验结果表明:黄瓜果肉色相关指标的最优模型主要为两对主基因+多基因控制模型。 F_1 均为中间值偏向浅肉色亲本,且浅肉色(低 β -胡萝卜素含量)对橙黄肉色(高 β -胡萝卜素含量)为显性。这一结果与Kooistra一致,与戚春章相反。黄瓜果肉色的主基因+多基因效应决定了相关变异的90.3%~99.3%,还有一小部分变异由环境因素决定。 F_2 主基因遗传率较高(79.7%~99.3%),多基因遗传率(0~23.66%)较低。因此,对黄瓜果肉色的性状改良应在早代进行选择, F_2 的选择效率高。

西双版纳黄瓜变种群不仅在形态和分子水平具有一定的遗传多样性^[2-3],其 β -胡萝卜素含量也表现出较大差异。HPLC分析结果显示,老瓜肉色同为橙黄的2份西双版纳黄瓜的 β -胡萝卜素含量相差近7倍之多^[4]。在植物果实等器官的发育过程中,不同种类胡萝卜素的积累受一系列合成酶基因的调控。在本试验中,2个不同组合的黄瓜果肉色相关指标,特别是色差仪测定a值的遗传模型和b值的遗传效应等有明显不同,说明不同西双版纳黄瓜种质在胡萝卜素含量的遗传调控方面可能存在差异,有待进一步研究。

3.2 黄瓜果肉色相关性状的遗传规律

对于农作物颜色性状的遗传研究开展得较早,大多是将其视为质量性状,获得的研究结果基本是

质量性状遗传^[15]。但从多种作物的遗传规律研究中可以明显看出,果实等颜色遗传常常表现出连续变异的特点,呈现许多中间型的过渡色,不是简单的质量性状^[9]。在本试验中,针对黄瓜果肉色性状,采用了目测分级、色差仪测定a值和b值、 β -胡萝卜素含量4个检测指标进行遗传分析。目测分级是对果色等研究采用的传统方法,优点是测定成本低,简便易行,但受外界和人为因素影响较大,对相近颜色较难分辨,因而只能粗略描述颜色间的差异。量化农作物的颜色性状,将为更准确地描述颜色性状、推进其遗传规律和QTL定位等研究提供便利条件。Lab色彩模型是由亮度L和有关色彩的a和b3个要素组成。L表示亮度,a表示从红色至绿色的范围,b表示从蓝色至黄色的范围。a和b的值域都是由+120至-120。所有颜色就以这3个值交互变化所组成。色差仪利用这一原理定量测定农作物颜色的相关数据,具有简便、快捷、可量化等优点,适用于基本均一的颜色性状测定。色彩色差仪自带光源,能够辨别极细微的颜色差别。但由于测定值为L、a和b3个值,仍难以与所有颜色完全数量化并一一对应,直接进行比较。在本试验中,西双版纳黄瓜的果肉为橙黄色,是红色与黄色的复合色。因而a值和b值均与果肉色深浅有较强的关联。HPLC分析结果表明, β -胡萝卜素的大量积累是导致西双版纳黄瓜果肉色橙黄的主要原因,因而采用 β -胡萝卜素含量对黄瓜果肉色进行遗传分析更为准确,但其操作复杂,成本较高。

利用不同指标进行遗传分析有助于我们更全面地了解黄瓜果肉色的遗传规律。目测分级是对不同果肉色类型的粗略划分,人为缩小了各世代单株间的颜色差异,减小了对环境方差的估算,因而主基因遗传率非常高。色差仪a值和b值是对黄瓜果肉色的量化测定,果肉中类胡萝卜素的不同种类和含量对其有一定影响。在类胡萝卜素中,除 β -胡萝卜素(橙黄色)具有黄色成份外,叶黄素等也呈现黄色。在西双版纳黄瓜和普通黄瓜中均含有少量的叶黄素。遗传分析结果也显示了不同组合的遗传效应有一定差异,特别是RH6组合b值第2主基因的显性效应极为明显,与RH2组合及其他测定指标分析结果不同。因而不同种类的类胡萝卜素含量使b值的遗传规律更为复杂。HPLC方法能够较为精确地测定果肉中的 β -胡萝卜素含量。当果肉中 β -胡萝卜素含量积累到一定程度时,目测已无法区分其颜色的差异。

3.3 单个分离世代与不分离世代联合分析方法的 应用

基于表型差异,人们通常将植物性状分为质量性状和数量性状。数量性状通常表现为数量化、连续性的特征。研究证实,大量数量性状的遗传属于主基因和多基因的混合遗传模式,即由一对或若干对主基因控制,同时受微效多基因修饰。从分子水平看,不同性状量的差异应理解为不同基因在结构和功能上表现的量的差异。

利用单个分离世代与不分离世代共同分析具有以下两个优点:能检测数量性状的多基因体系是否存在以提高一阶参数的估计精度。联合方法有两种处理方法,一是仅用亲本和 F_1 等不分离世代估计环境变异,从而分解出多基因变异;二是将单个分离世代及亲本和 F_1 纳入统一的似然函数,从而综合地估计遗传参数^[8]。本文采用了第二种分析方法,结果表明,在2个组合的8个检测指标分析中,除RH6组合目测肉色分级外,其他指标均为主基因+多基因混合遗传模型,即影响黄瓜果肉色的遗传作用中存在着明显的多基因修饰作用。

参考文献

- [1] 戚春章,袁珍珍,李玉湘. 黄瓜新类型:西版纳纳黄瓜[J]. 园艺学报,1983,10(4):259-264
- [2] 沈镛,方智远,戚春章,等. 西版纳纳黄瓜群体遗传多样性的SSR分析[J]. 园艺学报,2009,36(10):1457-1464
- [3] Reif J C, Hamrit S, Heckenberger M, et al. Trends in genetic diversity among European maize cultivars and their parental components during the past 50 years [J]. *Theor Appl Genet*, 2005, 111: 838-845
- [4] 贾继增,黎裕. 植物基因组学与种质资源新基因发掘[J]. 中国农业科学,2004,37(11):1585-1592
- [5] 李建生. 玉米分子育种研究进展[J]. 中国农业科技导报,2007,9(2):10-13
- [6] 卢柏山,王荣焯,王凤格,等. 基于DUS测试性状的玉米自交系形态多样性分析[J]. 植物遗传资源学报,2010,11(1):103-107
- [7] 陈静,胡晓辉,苗华荣,等. SSR标记分析国家北方花生区试品种的遗传多样性[J]. 植物遗传资源学报,2009,10(3):360
- [8] 袁力行,傅骏骅,Warburton M,等. 利用RFLP、SSR、AFLP、和RAPD标记分析玉米自交系遗传多样性的比较研究[J]. 遗传学报,2000,27(8):725-733
- [9] 肖木辑,李明顺,孙有位,等. 辽宁省主要玉米自交系的SSR遗传多样性分析[J]. 玉米科学,2006,14(1):33-36
- [10] 段运平,陈卫国,李明顺,等. 利用SSR标记分析27个玉米群

- [3] 沈镛,李锡香,方智远,等. 西版纳纳黄瓜种质资源形态鉴定和亲缘关系的初步研究[J]. 中国蔬菜,2010(2):21-27
- [4] 沈镛,李锡香,方智远,等. 不同类型西版纳纳黄瓜果实成熟期营养成分分析[J]. 植物遗传资源学报,2009,10(4):594-598
- [5] van Vliet T, van Schaik F, Schreurs W H, et al. *In vitro* measurement of β -carotene cleavage activity; methodological considerations and the effect of other carotenoids on β -carotene cleavage [J]. *Int J Vitam Nutr Res*, 1996, 66 (1):77-85
- [6] von Lintig J, Wyss A. Molecular analysis of vitamin A formation: cloning and characterization of β -carotene 15, 15'-dioxygenase [J]. *Arch Biochem Biophys*, 2001, 385 (1):47-52
- [7] 盖钧镛. 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] 盖钧镛,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
- [9] 张洁夫,戚存扣,浦惠明,等. 甘蓝型油菜花瓣缺失性状基因的主基因+多基因遗传分析[J]. 中国油料作物学报,2007,29(3):227-232
- [10] 庞文龙,刘富中,陈钰辉,等. 茄子果色性状的遗传研究[J]. 园艺学报,2008,35(7):979-986
- [11] 李广军,程利国,张国政,等. 大豆对豆卷叶螟抗性的主基因+多基因混合遗传[J]. 大豆科学,2008,27(1):33-37
- [12] 马雪霞,丁业掌,蒋峰,等. 亚洲棉纤维品质和产量性状的主基因与多基因遗传分析[J]. 植物遗传资源学报,2008,9(2):212-217
- [13] 禹山林,杨庆利,潘丽娟,等. 花生种子含油量的遗传分析[J]. 植物遗传资源学报,2009,10(3):453-456
- [14] 李红双,李锡香,沈镛,等. 萝卜优异种质对芜菁花叶病毒抗性的遗传分析[J]. 植物遗传资源学报,2010,11(2):152-156
- [15] 章元明,盖钧镛,张孟臣. 利用 P_1 、 P_2 、 F_1 和 F_2 或 $F_{2,3}$ 世代联合的数量性状分离分析[J]. 西南农业大学学报,2000,22(1):6-9
- [16] Kooistra E. Inheritance of fruit flesh and skin colours in powdery mildew resistant cucumbers (*Cucumis sativus* L.) [J]. *Euphytica*, 1971, 20:521-523

(上接第215页)

- [3] Reif J C, Hamrit S, Heckenberger M, et al. Trends in genetic diversity among European maize cultivars and their parental components during the past 50 years [J]. *Theor Appl Genet*, 2005, 111: 838-845
- [4] 贾继增,黎裕. 植物基因组学与种质资源新基因发掘[J]. 中国农业科学,2004,37(11):1585-1592
- [5] 李建生. 玉米分子育种研究进展[J]. 中国农业科技导报,2007,9(2):10-13
- [6] 卢柏山,王荣焯,王凤格,等. 基于DUS测试性状的玉米自交系形态多样性分析[J]. 植物遗传资源学报,2010,11(1):103-107
- [7] 陈静,胡晓辉,苗华荣,等. SSR标记分析国家北方花生区试品种的遗传多样性[J]. 植物遗传资源学报,2009,10(3):360
- [8] 袁力行,傅骏骅,Warburton M,等. 利用RFLP、SSR、AFLP、和RAPD标记分析玉米自交系遗传多样性的比较研究[J]. 遗传学报,2000,27(8):725-733
- [9] 肖木辑,李明顺,孙有位,等. 辽宁省主要玉米自交系的SSR遗传多样性分析[J]. 玉米科学,2006,14(1):33-36
- [10] 段运平,陈卫国,李明顺,等. 利用SSR标记分析27个玉米群

体的遗传关系[J]. 中国农业科学,2006,39(6):1102-1113

- [11] 刘宗华,汤继华,王庆东,等. 河南省主要玉米品种杂种优势利用模式分析[J]. 中国农业科学,2006,39(8):1689-1696
- [12] Liu K, Muse S V. PowerMarker: Integrated analysis environment for genetic marker data [J]. *Bioinformatics*, 2005, 21(9):2128-2129
- [13] Hubisz M J, Falush D, Stephens M, et al. Inferring weak population structure with the assistance of sample group information [J]. *Molec Eco Resour*, 2009, 9:1322-1332
- [14] Tamura K, Dudley J, Nei M, et al. MEGA4: Molecular evolutionary genetics analysis (MEGA) software version 4.0 [J]. *Molec Bio Evolu*, 2007, 24:1596-1599
- [15] Excoffier L, Laval G, Schneider S. Arlequin (version 3.0): An integrated software package for population genetics data analysis [J]. *Evolu Bioinform Online*, 2005, 1:47-50
- [16] Xie C, Zhang S, Li M, et al. Inferring Genome Ancestry And Estimating Molecular Relatedness Among 187 Chinese Maize Inbred Lines [J]. *Genet Genom*, 2007, 34(8):738-748
- [17] 姜伟,李新海,李明顺,等. opaque2 基因微卫星标记与玉米籽粒赖氨酸含量的关系[J]. 作物学报,2004,30(8):739-744

黄瓜果肉色的遗传分析

作者: 沈镛, 方智远, 李锡香, 李全辉, 程嘉琪, 宋江萍, 王海平, 邱杨, SHEN Di, FANG Zhi-yuan, LI Xi-xiang, LI Quan-hui, CHENG Jia-qi, SONG Jiang-ping, WANG Hai-ping, QIU Yang
作者单位: 中国农业科学院蔬菜花卉研究所, 北京, 100081
刊名: 植物遗传资源学报 
英文刊名: JOURNAL OF PLANT GENETIC RESOURCES
年, 卷(期): 2011, 12(2)

参考文献(16条)

1. 李红双;李锡香;沈镛 萝卜优异种质对芜菁花叶病毒抗性的遗传分析[期刊论文]-植物遗传资源学报 2010(02)
2. 禹山林;杨庆利;潘丽娟 花生种子含油量的遗传分析[期刊论文]-植物遗传资源学报 2009(03)
3. 马雪霞;丁业掌;蒋峰 亚洲棉纤维品质和产量性状的主基因与多基因遗传分析[期刊论文]-植物遗传资源学报 2008(02)
4. 李广军;程利国;张国政 大豆对豆卷叶螟抗性的主基因+多基因混合遗传[期刊论文]-大豆科学 2008(01)
5. 庞文龙;刘富中;陈钰辉 茄子果色性状的遗传研究[期刊论文]-园艺学报 2008(07)
6. 张洁夫;戚存扣;浦惠明 甘蓝型油菜花瓣缺失性状基因的主基因+多基因遗传分析[期刊论文]-中国油料作物学报 2007(03)
7. 盖钧镒 植物数量性状遗传体系的分离分析方法研究[期刊论文]-遗传 2005(01)
8. von Lintig J;Wyss A Molecular analysis of vitamin a formation:cloning and characterization of β -carotene 15,15'-dioxygenase[外文期刊] 2001(01)
9. van Vliet T;van Schaik F;Schreurs W H In vitro measurement of β -carotene cleavage activity:methodological considerations and the effect of other carotenoids on β -carotene cleavage 1996(01)
10. 沈镛;李锡香;方智远 不同类型西双版纳黄瓜果实成熟期营养成分分析[期刊论文]-植物遗传资源学报 2009(04)
11. Kooistra E Inheritance of fruit flesh and skin colours in powdery mildew resistant cucumbers (*Cucumis sativus* L.) 1971
12. 章元明;盖钧镒;张孟臣 利用P1、P2、F1和F2或F2:3世代联合的数量性状分离分析[期刊论文]-西南农业大学学报 2000(01)
13. 沈镛;李锡香;方智远 西双版纳黄瓜种质资源形态鉴定和亲缘关系的初步研究[期刊论文]-中国蔬菜 2010(02)
14. 沈镛;方智远;戚春章 西双版纳黄瓜群体遗传多样性的SSR分析[期刊论文]-园艺学报 2009(10)
15. 戚春章;袁珍珍;李玉湘 黄瓜新类型:西双版纳黄瓜 1983(04)
16. 盖钧镒;章元明;王建康 植物数量性状遗传体系 2003

本文链接: http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201102008.aspx