

# 白菜和白菜型油菜角果相关性状遗传分析

王玉刚<sup>1</sup>, 修文超<sup>1</sup>, 沈宝宇<sup>2</sup>, 周泽峰<sup>3</sup>, 古君伶<sup>3</sup>, 聂晓巍<sup>3</sup>, 冯辉<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>沈阳农业大学园艺学院, 沈阳 110866; <sup>2</sup>辽宁省经济作物研究所, 辽阳 111000; <sup>3</sup>北京市顺义区植保植检站, 北京 101300)

**摘要:**以角果差异显著的白菜自交不亲和系( $P_1$ )和白菜型油菜自交系( $P_2$ )为亲本及杂交获得的4个基本世代( $P_1$ 、 $P_2$ 、 $F_1$ 、 $F_2$ )为材料,应用植物数量性状主基因+多基因混合遗传模型对其角果相关性状进行遗传分析。结果表明,芸薹种作物的角果长度(SPL)性状及喙长(SBL)性状均受加性-显性-上位性多基因控制(C-0模型),多基因遗传率分别为83.16%和68.67%;角果宽度(SPW)性状受2对加性-显性-上位性主基因+加性-显性-上位性多基因控制(E-0模型),其主基因遗传率为20.40%,多基因遗传率为78.34%。角果相关各性状均以多基因遗传为主,角果宽度性状受环境因素影响较小,为1.26%;角果长度、喙长受环境因素影响较大,分别达16.08%和25.36%。针对芸薹种作物角果性状的改良要以多基因为主,并注意环境条件影响。

**关键词:**芸薹种;遗传;角果;主基因+多基因

## Genetic Analysis of Pod Correlated Traits in *Brassica campestris*

WANG Yu-gang<sup>1</sup>, XIU Wen-chao<sup>1</sup>, SHEN Bao-yu<sup>2</sup>, ZHOU Ze-feng<sup>3</sup>, GU Jun-ling<sup>3</sup>, NIE Xiao-wei<sup>3</sup>, FENG Hui<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>College of Horticulture, Shenyang Agricultural University, Shenyang 110866;

<sup>2</sup>Liaoning Cash Crop Institute, Liaoyang 111000;

<sup>3</sup>Shunyi District of Plant Protection and Quarantine Station, Beijing 101300)

**Abstract:** Two parents of *Brassica campestris* ( $P_1$ ,  $P_2$ ) with significant difference in silique traits, and their corresponding four basic generations ( $P_1$ ,  $P_2$ ,  $F_1$ , and  $F_2$ ) were used to analyze the inheritance of silique correlated traits by applying mixed major-gene plus poly-gene inheritance model. The results indicated that both the silique length (SPL) and the seed beak length (SBL) were controlled by poly-gene with additive-dominant-epistatic effects (C-0 model), and the heritabilities of poly-gene for SPL and SBL were 83.16% and 68.67%, respectively. The silique width (SPW) was controlled by two major genes with additive-dominant-epistatic effects plus poly-gene with additive-dominant-epistatic effects (E-0 model), and the heritability of major genes was 20.40%, while poly-genes was 78.34%. The silique width (SPW) was less affected by environmental factors, conversely to the SPL and SBL, which influenced by environmental factors were 16.08% and 25.36%, respectively. This implied that in the genetic improvement of silique correlated trait poly-gene was a main factor and environment factors should also be mentioned.

**Key words:** *Brassica campestris*; inheritance; silique; major-gene plus poly-gene

芸薹种(*Brassica campestris* L., AA, 2n=20)是十字花科芸薹属中重要作物,是人类重要的蔬菜、油料和饲料来源,具有重要经济价值,其种类繁多,形态变异丰富<sup>[1]</sup>。角果既是形成种子产量的器官,也是主要

的光合作用器官。白菜角果属于二心室、长角果,关于白菜角果性状研究相对较少。白菜型油菜是重要的油料作物,其角果是直接产品器官,因而对角果性状的研究是栽培和育种工作中均不容忽视的重要工

收稿日期:2012-06-29 修回日期:2012-08-11 网络出版日期:2013-04-02

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20130402.1737.020.html>

基金项目:国家自然科学基金(30900981)

作者简介:王玉刚,副教授,主要从事白菜遗传育种与生物技术研究。E-mail: lmr7864@163.com

通信作者:冯辉,教授,主要从事白菜遗传育种与生物技术研究。E-mail: fenghuiaaa@263.net

作<sup>[2-5]</sup>。盖钧镒等<sup>[6]</sup>、王建康等<sup>[7]</sup>提出的植物数量性状主基因与多基因的遗传分析方法把控制数量性状效应大的基因作为主基因,把效应小的基因作为多基因,这样不仅可以鉴别主基因,而且可以检测多基因效应,并估计相应的遗传参数。该方法已在黄瓜、番茄、不结球白菜、青花菜、萝卜、茄子及甘蓝型油菜等作物上得到广泛应用<sup>[8-14]</sup>,在芸薹种作物角果相关性状上未见报道。本研究采用主基因+多基因多世代联合分析方法,对控制其角果性状的基因效应进行分析,旨在为此类作物品种改良提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

$P_1$ :角果短小、二心室、黄心结球大白菜(*B. campestris* L. ssp. *pekinensis*)高代自交不亲和系。

$P_2$ :角果长而饱满、三心室、极易抽薹开花的欧洲白菜型油菜自交系 Rapid Cycling (*B. campestris* L. ssp. *dichotoma*)。

2010 年春至 2010 年冬配制获得  $F_1$  ( $P_2 \times P_1$ ) 及  $F_2$  种子。2011 年 2 月 1 日将  $P_1$ 、 $P_2$ 、 $F_1$ 、 $F_2$  种子直播于 50 孔育苗盘中,3 月 20 日移植到较大花盆中,株行距 20cm × 40cm。 $P_1$ 、 $P_2$ 、 $F_1$  均种植 30 株, $F_2$  种植 200 株,自然春化,花期破蕾授粉,常规田间管理。

### 1.2 方法

**1.2.1 性状调查** 植株结果期选取无继续膨大生长迹象、完全发育成熟的角果,参照 P. Lou 等<sup>[1]</sup>方法,利用数显游标卡尺测量并记录数据。单株在主花序和上中下各部位花序取大小相对均匀一致的 10 个角果进行测量,各性状均取其平均值作为该株的数据用于遗传模型分析。

**1.2.2 数据分析** 采用南京农业大学盖钧镒等<sup>[6]</sup>提出的植物数量性状主基因+多基因混合遗传多世

代联合分析方法,对白菜 4 世代材料角果相关性状进行遗传分析。通过极大似然法和 IECM (iterated expectation and conditional maximization) 算法估计各世代、各成分分布的参数,然后通过 AIC (akaike information criterion) 值选择最佳模型,同时进行一组适合性检验,包括均匀性  $U_1^2$ 、 $U_2^2$  和  $U_3^2$  检验,Smimov 检验( ${}_nW^2$ )和 Kolmogorov 检验( $D_n$ ),根据检验结果选择最优遗传模型。最后采用最小二乘法从最优模型各成分分布参数估计各基因效应值、方差等遗传参数<sup>[5-6]</sup>。

主基因遗传率  $h_{mg}^2 = \sigma_{mg}^2 / \sigma_p^2$ ,多基因遗传率  $h_{pg}^2 = \sigma_{pg}^2 / \sigma_p^2$ ,群体环境变异为  $1 - h_{mg}^2 + h_{pg}^2$ ,其中  $\sigma_{mg}^2$  为主基因方差, $\sigma_{pg}^2$  为多基因方差, $\sigma_p^2$  为表型方差。

## 2 结果与分析

### 2.1 不同世代角果相关性状次数分布及相关分析

从  $P_1$ 、 $P_2$ 、 $F_1$ 、 $F_2$  4 个世代角果性状的基本参数分布表(表 1)可知,双亲在角果长度、宽度及喙长性状上均表现极显著差异, $F_1$  角果相关性状均介于 2 个亲本之间,其平均值高于低值亲本  $P_1$  而低于高值亲本  $P_2$ ,更接近于  $P_1$  平均值。 $F_2$  分离群体的各角果相关性状平均值均介于双亲之间,更接近于  $P_1$  平均值,各相关性状均成单峰或双峰分布(图 1),表明控制芸薹种角果相关性状的基因明显表现出数量性状的遗传特征,故推测有主基因和多基因的存在。

对角果长度、角果宽度及角果喙长性状的相关性分析结果表明:角果长度和角果喙长呈显著正相关,相关系数达 0.99;角果长度和角果宽度、角果宽度和角果喙长也表现出显著正相关,相关系数分别达 0.89 和 0.90。

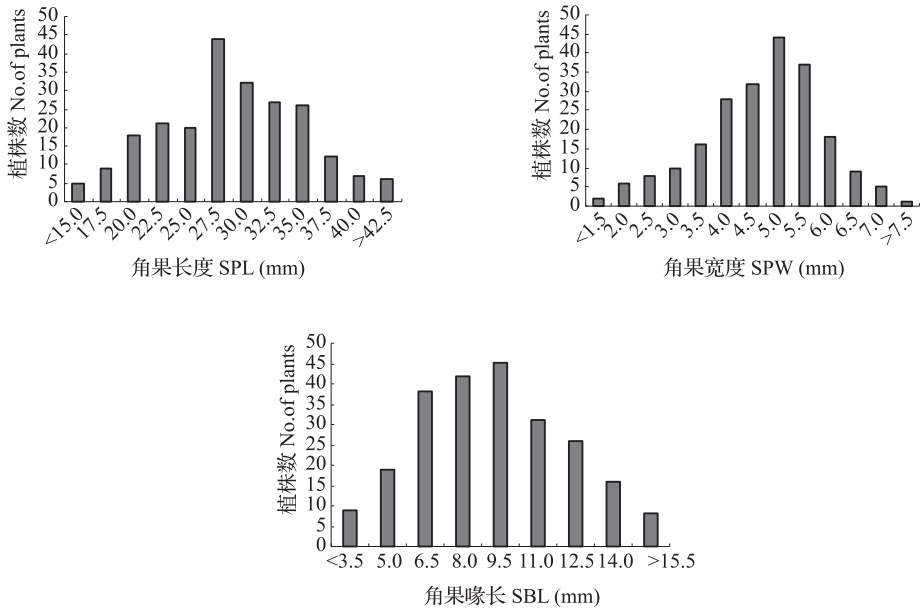
表 1 不同世代角果相关性状的基本参数

Table 1 Basic parameters for silique correlated traits in different generations

世代 Generations	(mm)								
	角果长度 SPL			角果宽度 SPW			角果喙长 SBL		
	平均数 Mean	标准差 s	双亲 t-测验 t-test for parents	平均数 Mean	标准差 s	双亲 t-测验 t-test for parents	平均数 Mean	标准差 s	双亲 t-测验 t-test for parents
$P_1$	21.888	4.110	13.88**	4.344	1.181	9.64**	8.780	1.541	10.05**
$P_2$	37.274	4.464		7.388	1.263		16.450	3.884	
$F_1$	27.294	2.368		5.140	0.682		8.938	2.298	
$F_2$	28.030	5.906		4.984	1.632		9.156	4.564	

\*\* 表示 1% 的显著水平

\*\* shows significance level at 1% level

图1 F<sub>2</sub>角果相关性状次数分布图Fig 1. Frequency distribution for silique correlated traits in F<sub>2</sub> generation

## 2.2 遗传模型适应性测验

**2.2.1 遗传模型的选择** 应用植物数量性状主基因+多基因混合遗传模型对P<sub>1</sub>、P<sub>2</sub>、F<sub>1</sub>、F<sub>2</sub> 4个世代进行联合分析,通过IECM算法,分别获得角果长度(SPL)、角果宽度(SPW)、角果喙长(SBL)3个性状在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(E)等5类共24种备选模型下的极大似然函数值和AIC值。以AIC值较小的作为候选模型,从各模型(最小5个)中初步确定备选遗传模型(表2)。

由表2可知,对于角果长度性状,C-0模型和E-2模型的AIC值最小,分别为1102.096680和1102.222534,根据AIC值准则,可以初步选取C-0和E-2这2个模型为该组合遗传分析的候选模型。同样分析可知,角果宽度性状可以初步选取E-0和E-1模型为其候选模型;角果喙长性状可以初步选取C-0和E-1模型为其候选模型。

**2.2.2 候选模型的适应性测验** 进一步对各性状候选模型进行适应性测验,包括均匀性检验、Smirnov检验和Kolmogorov检验,获得5个统计量 $U_1^2$ 、 $U_2^2$ 、 $U_3^2$ 、 $W^2$ 和 $D_n$ 。对角果相关性状在候选遗传模型下进行适应性测验,分别计算4个基本世代5个统计量的值,并比较达到显著的统计量的个数。关于均匀性检验显著性的问题,括号内数值为无效假设或零值假设下其概率值,比较显著性时,只需要看括号内数字与0.05比较即可,数值越小越显著。Smirnov

检验 $nW^2$ 显著性比较方法为统计值与0.461比较,数值越大越显著。Kolmogorov检验显著性,括号内数值为0.05水平显著标准,比较方法为括号外数值与括号内比较,括号外数值越大越显著。将统计量达到显著水平个数最少的模型确定为最适模型(表3)。

表2 角果相关性状各模型的极大似然值和AIC值

Table 2 Maximum log likelihood values (MLV) and AIC values of different genetic models

性状 Traits	模型代号 Code	极大对数似然值 MLV	AIC值 AICvalue
角果长度 SPL	C-0	-545.048340	1102.096680
	C-1	-546.566711	1103.133423
	E-2	-542.111267	1102.222534
	E-4	-546.566711	1105.133423
	E-6	-546.566650	1105.133301
	角果宽度 SPW	C-0	-331.635590
角果宽度 SPW	E-0	-293.914703	615.829407
	E-1	-299.432770	624.865540
	E-2	-328.178650	674.357300
	E-5	-334.570984	683.141968
	角果喙长 SBL	C-0	-419.353180
角果喙长 SBL	E-0	419.353180	866.706360
	E-1	-417.929047	861.858093
	E-2	-430.685791	879.371582
	E-6	-437.714447	887.428894

表 3 角果相关性状的适应性测验

Table 3 Fitness tests of different models for silique correlated traits

性状 Traits	模型 Model	世代 Generations	统计量 Statistic				
			$U_1^2$	$U_2^2$	$U_3^2$	${}_nW^2$	$D_n$
角果长度 SPL	C-0	P <sub>1</sub>	0.034(0.8547)	0.152(0.6966)	0.723(0.3950)	0.0724	0.1763(0.4101)
		P <sub>2</sub>	0.224(0.6361)	0.767(0.3811)	2.793(0.0947)	0.2032	0.2331(0.3120)
		F <sub>1</sub>	0.004(0.9471)	0.010(0.9208)	0.428(0.5128)	0.0950	0.1704(0.3298)
		F <sub>2</sub>	0.249(0.6178)	0.291(0.5898)	0.050(0.8227)	0.1189	0.0642(0.1197)
	E-2	P <sub>1</sub>	0.128(0.7204)	0.015(0.9011)	0.790(0.3741)	0.0831	0.1630(0.4101)
		P <sub>2</sub>	0.020(0.8862)	0.122(0.7265)	3.817(0.0507)	0.1524	0.2203(0.3400)
		F <sub>1</sub>	0.014(0.9054)	0.025(0.8756)	0.028(0.8682)	0.0880	0.1590(0.3512)
		F <sub>2</sub>	0.000(0.9931)	0.007(0.9310)	0.098(0.7544)	0.2502	0.0312(0.1197)
角果宽度 SPW	E-0	P <sub>1</sub>	0.013(0.9083)	0.394(0.5300)	4.269(0.0388)	0.1954	0.2588(0.4101)
		P <sub>2</sub>	0.203(0.6523)	0.016(0.8981)	1.520(0.2176)	0.1059	0.1526(0.3120)
		F <sub>1</sub>	0.005(0.9449)	0.007(0.9352)	0.352(0.5530)	0.0499	0.1261(0.3298)
		F <sub>2</sub>	0.004(0.9474)	0.011(0.9183)	0.443(0.5056)	0.0740	0.0647(0.1197)
	E-1	P <sub>1</sub>	1.127(0.2884)	2.087(0.1485)	2.778(0.0955)	0.3023	0.3006(0.4101)
		P <sub>2</sub>	0.651(0.4196)	0.191(0.6619)	1.895(0.1687)	0.1657	0.1830(0.3120)
		F <sub>1</sub>	0.465(0.4954)	0.240(0.6246)	0.466(0.4949)	0.1037	0.1867(0.3298)
		F <sub>2</sub>	0.027(0.8705)	0.050(0.8231)	2.328(0.1271)	0.1224	0.0717(0.1197)
角果喙长 SBL	C-0	P <sub>1</sub>	0.000(0.9842)	0.418(0.5177)	7.098(0.0077)	0.2849	0.2756(0.4101)
		P <sub>2</sub>	0.000(0.9874)	0.003(0.9564)	0.078(0.7794)	0.0477	0.1338(0.3400)
		F <sub>1</sub>	0.003(0.9582)	0.067(0.7961)	0.690(0.4062)	0.0303	0.0968(0.3512)
		F <sub>2</sub>	0.112(0.7373)	0.141(0.7068)	0.042(0.8372)	0.0426	0.0494(0.1197)
	E-1	P <sub>1</sub>	0.002(0.9671)	0.396(0.5289)	7.172(0.0074)	0.2829	0.2527(0.4101)
		P <sub>2</sub>	0.018(0.8933)	0.006(0.9390)	0.046(0.8310)	0.0553	0.1429(0.3120)
		F <sub>1</sub>	0.075(0.7835)	0.204(0.6512)	0.554(0.4565)	0.0526	0.1381(0.3298)
		F <sub>2</sub>	0.003(0.9538)	0.000(0.9970)	0.057(0.8108)	0.0203	0.0359(0.1197)

$U_1^2$ 、 $U_2^2$ 、 $U_3^2$  栏中括号内数字为  $P(H_0)$ , 括号外为均匀性检验统计值; Smirnov 检验  ${}_nW^2$  ( $P < 0.05$ ) 的临界值为 0.461;  $D_n$  栏中括号内数字为  $P < 0.05$  显著性标准值, 括号外为 Kolmogorov 检验统计值

The values in brackets of  $U_1^2$ ,  $U_2^2$ ,  $U_3^2$  columns are the probability of hypothesis  $H_0$  and out of brackets are the statistics of uniformity test. The critical value of smirnov test  ${}_nW^2$  is 0.461 at 0.05 level. The value in brackets of  $D_n$  column are significance level at 0.05 level and out of brackets are the statistics of kolmogoroy test

由表 3 可知, 角果长度性状在 C-0 模型和 E-2 模型下达到显著统计量均为 0, 进一步比较显著水平及 AIC 值大小, 选择 C-0 模型为最适模型; 同理, 角果宽度性状在 E-1 模型下达到显著统计量个数为 0, 在 E-0 模型下达到显著统计量仅为 1 个, 进一步比较显著水平 (E-0 中 19 个统计量显著水平低于 E-1) 及 AIC 值大小 (E-0 较低), 选择 E-0 模型为

其最适模型; 角果喙长性状在 C-0 模型和 E-1 模型下达到显著统计量均为 1 个, 进一步比较显著水平及 AIC 值大小, 选择 C-0 模型为最适模型。

**2.2.3 最适模型下的遗传参数估计** 在各性状最适遗传模型下, 根据成分分布计算出其各个参数的极大似然估计值, 并由此估计出一阶遗传参数和二阶遗传参数 (表 4)。

表 4 角果相关性状在最适模型下各遗传参数估计值

Table 4 Estimates of genetic parameters of silique correlated traits in fitting model

性状 Traits	模型 Model	一阶参数 1 <sup>st</sup> order parameter	估计值 Estimate	一阶参数 1 <sup>st</sup> order parameter	估计值 Estimate	二阶参数 2 <sup>st</sup> order parameter	估计值 Estimate
角果长度 SPL	C-0	m	29.581			$\sigma_p^2$	34.885
		[d]	-7.693			$\sigma_{mg}^2$	0.266
		[h]	-2.287			$\sigma_{pg}^2$	29.009
						$\sigma^2$	5.609
						$h_{mg}^2$	0.76%
角果宽度 SPW	E-0	$m_1$	7.670537	$h_a$	-2.480751	$\sigma_p^2$	2.667
		$m_2$	6.351278	$h_b$	-1.101058	$\sigma_{mg}^2$	0.544
		$m_3$	0.040116	i	2.52764	$\sigma_{pg}^2$	2.091
		$m_4$	6.660707	$j_{ab}$	1.101057	$\sigma^2$	0.0324
		$d_a$	-2.529768	$j_{ba}$	2.480747	$h_{mg}^2$	20.40%
		$d_b$	-2.529765			$h_{pg}^2$	78.34%
角果喙长 SBL	C-0	m	12.615			$\sigma_p^2$	20.837
		[d]	-7.67			$\sigma_{mg}^2$	1.243
		[h]	-3.677			$\sigma_{pg}^2$	14.309
						$\sigma^2$	5.285
						$h_{mg}^2$	5.97%
				$h_{pg}^2$	68.67%		

结果表明:角果长度性状(SPL)在C-0模型下,加性效应(d)比显性效应(h)相对较大,主基因遗传率 $h_{mg}^2$ 为0.76%,多基因遗传率 $h_{pg}^2$ 为83.16%,多基因遗传率显著大于相应世代的主基因遗传率,可见角果长度的遗传表现为多基因效应,群体的环境变异为16.08%,环境对角果长度有一定影响。

角果宽度性状(SPW)在E-0模型下,第1对主基因的加性效应( $d_a$ )为-2.529768,第2对基因的加性效应( $d_b$ )为-2.529765,即 $|d_b| < |d_a|$ ,说明第1对主基因的加性作用比第2对主基因的稍大,其加性效应以第1对主基因为主;第1对主基因的显性效应( $h_a$ )为-2.480751,第2对基因的显性效应( $h_b$ )为-1.101058,即 $|h_a| > |h_b|$ ,说明第1对主基因的显性作用比第2对主基因的大,其显性效应以第1个主基因为主;2对主基因的显性度( $h_a/d_a$ 、 $h_b/d_b$ )分别为0.9806和0.4352,  $|h_a/d_a| < 1$ ,  $|h_b/d_b| < 1$ ,即第1对主基因的显性效应值小于相应的加性效应值,第2对主基因的显性效应值小于相应的加性效应值,说明控制角果宽度的第1对主基因和第2对主基因均以加性效应为主。

角果喙长性状在C-0模型下,加性效应(d)比

显性效应(h)相对较大,主基因遗传率 $h_{mg}^2$ 为5.97%,多基因遗传率 $h_{pg}^2$ 为68.67%,多基因遗传率显著大于相应世代的主基因遗传率,可见角果喙长的遗传表现为多基因效应,群体的环境变异为25.36%,环境对角果喙长也有一定影响。

### 3 讨论

本研究利用4个世代联合的数量性状分离分析方法,对角果相关性状的分析结果表明,控制角果长度及喙长的基因表现为多基因遗传效应,多基因遗传率分别达到了83.16%和68.67%;控制角果宽度的第1对主基因和第2对主基因均以加性效应为主,但其主基因遗传率仅为20.40%,多基因遗传率亦较高,达78.34%。环境条件对角果长度及喙长影响较大,分别达16.89%和25.36%。针对此类芸薹种作物角果性状的改良应以多基因为主,适宜采取聚合回交或轮回选择的方法来累积增效基因,提高选择效率,并且注意环境条件的影响。

主基因+多基因分析可以估计主基因和多基因各解释多少遗传变异,还可估计可能存在的主基因数目,但却无从知道主基因位于何处。QTL分析不仅可以找到控制数量性状的基因数目,估计每个

QTL 解释的遗传变异,还可将基因(QTL)定位到染色体或连锁群的具体位置,目前 QTL 分析已在作物遗传育种实践中得到了日益广泛的应用。在芸薹属其他作物上,T. Mahmood 等<sup>[15]</sup>利用 112 个芥菜型油菜双单倍体群体,对角果长度、每角果种子数、每主枝角果数和千粒重等与产量构成相关的性状进行了相关分析及 QTL 定位研究。结果表明角果长度与每角果种子数及千粒重呈显著正相关,与每主枝角果数和单位面积产量呈显著负相关,但相关系数均较小,角果长度及其他与产量相关性状的 QTL 分析中均未发现主效 QTL,单个 QTL 解释的表型变异均较小,本试验中角果长度性状主基因遗传率仅为 0.76%,与上述 QTL 分析研究结论类似。相关研究在甘蓝型油菜上进行的较为深入,L. W. Zhang 等<sup>[16]</sup>利用 140 个双单倍体群体对直接或间接与产量相关的角果长度、每角果种子数及千粒重进行了 QTL 定位及相关分析,结果表明角果长度与每角果种子数呈显著正相关,与种子千粒重呈显著负相关,结合多年多点表型结果 QTL 分析,定位了 1 个效应相对较大的 QTL(解释表型变异 8.93%~18.8%)。P. Yang 等<sup>[17]</sup>利用 186 个重组自交系对角果长度性状及千粒重性状进行 QTL 定位,在 A9 连锁群上检测到了 1 个控制角果长度及千粒重性状主效 QTL,解释表型变异超过 50%,并证明上述两个性状呈显著正相关。关于角果长度与千粒重的相关性,不同种间及同种内不同材料<sup>[15-18]</sup>未得出一致结论。L. W. Zhang 等<sup>[18]</sup>利用近等基因系将控制每角果种子数及角果长度性状的主效 QTL 定位在 C9 连锁群上,解释的表型变异分别为 85.8%和 55.7%。上述研究表明,甘蓝型油菜角果长度性状的遗传存在主基因遗传效应或以主基因遗传效应为主。在甘蓝型油菜(*Brassica napus*, AACC)的 A 基因组<sup>[17]</sup>及 C 基因组<sup>[18]</sup>中均发现了控制角果长度的主效 QTL,推测芸薹种(*Brassica campestris*, AA)中极有可能也含有控制角果长度的主基因,本试验中未能检测到效应较大的主基因存在,可能与所用试验材料有关,也可能不同种间控制同一性状的基因不同所致。

对于此类作物,种子产量是重要的农艺性状,但产量性状本质上由多基因控制,不容易测量和改良,受环境影响较大<sup>[15]</sup>。种子产量与单株角果数、单角果种子数、种子千粒重等性状相关,利用与产量构成相关的性状进行间接选择,与直接选择产量性状相比更有效率<sup>[19]</sup>。在白菜型油菜、芥菜型油菜及甘蓝型

油菜相关研究中均证明,角果长度与单荚种子数呈显著正相关<sup>[4,15-18]</sup>,与种子千粒重、单位面积产量、单株角果数等相关性未得出一致结论。在甘蓝型油菜中利用不同作图群体均定位了控制角果长度及单荚种子数性状的主效 QTL<sup>[16-18]</sup>,相关研究在白菜及白菜型油菜上进行的较少,本研究仅用 P<sub>1</sub>、P<sub>2</sub>、F<sub>1</sub>、F<sub>2</sub> 4 世代进行了遗传分析,相关 QTL 研究及近等基因系构建正在进行中。

#### 参考文献

- [1] Lou P, Zhao J J, Kim J S, et al. Quantitative trait loci for flowering time and morphological traits in multiple populations of *Brassica rapa* [J]. *J Exp Bot*, 2007, 58 (14): 4005-4016
- [2] 李凤阳,何激光,官春云,等. 油菜叶片和角果光合作用研究进展[J]. *作物研究*, 2011, 25(4): 405-409
- [3] 丁秀琦. 白菜型春油菜角果和种子生长规律研究[J]. *青海大学学报*, 1998, 16(2): 1-4
- [4] 丁秀琦. 白菜型春油菜角果和种子性状研究[J]. *中国油料*, 1996, 18(4): 28-30
- [5] 何余堂,龙卫华,胡进平,等. 白菜型油菜角果多室性状的遗传及解剖学研究[J]. *中国油料作物学报*, 2003, 25(1): 1-4
- [6] 盖钧镒,章元明,王建康. 植物数量遗传体系[M]. 北京:北京科学出版社, 2003: 176-281
- [7] 王建康,盖钧镒. 利用杂种 F<sub>2</sub> 世代鉴定数量性状主基因-多基因混合遗传模型并估计其遗传效应[J]. *遗传学报*, 1997, 24(5): 432-440
- [8] 张洁夫,威存扣,浦惠明,等. 甘蓝型油菜主要脂肪酸的主基因+多基因遗传分析[J]. *中国油料作物学报*, 2007, 29(4): 359-364
- [9] 李红双,李锡香,杨宇红,等. 萝卜优异种质对芜菁花叶病毒病抗性的遗传分析[J]. *植物遗传资源学报*, 2010, 11(2): 152-156
- [10] 乔军,刘富中,陈钰辉,等. 茄子果萼色遗传研究[J]. *植物遗传资源学报*, 2011, 12(5): 806-810
- [11] 李全辉,沈楠,李锡香,等. 黄瓜抗黑星不同基因来源的遗传分析[J]. *植物遗传资源学报*, 2011, 12(2): 291-296
- [12] 鲁博,冯辉,王五宏,等. 番茄主要类型参数的主基因加多基因遗传分析[J]. *沈阳农业大学学报*, 2008, 39(3): 351-353
- [13] 陆鹏,李锡香,吴青君,等. 不结球白菜优异种质对小菜蛾抗性的遗传分析[J]. *植物遗传资源学报*, 2011, 12(1): 71-74
- [14] 刘二艳,刘玉梅,方智远,等. 青花菜花球‘莢叶’性状主基因+多基因遗传分析[J]. *园艺学报*, 2009, 36(11): 1611-1618
- [15] Mahmood T, Rahman M H, Stringam G R, et al. Molecular markers for yield components in *Brassica juncea*-do these assist in breeding for high seed yield[J]. *Euphytica*, 2005, 144: 157-167
- [16] Zhang L W, Yang G S, Liu P W, et al. Genetic and correlation analysis of silique-traits in *Brassica napus* L. by quantitative trait locus mapping[J]. *Theor Appl Genet*, 2011, 122(1): 21-31
- [17] Yang P, Shu C, Chen L, et al. Identification of a major QTL for silique length and seed weight in oilseed rape (*Brassica napus* L.) [J]. *Theor Appl Genet*, 2012, 125(2): 285-296
- [18] Zhang L W, Li S P, Chen L, et al. Identification and mapping of a major dominant quantitative trait locus controlling seeds per silique as a single Mendelian factor in *Brassica napus* L. [J]. *Theor Appl Genet*, 2012, 125(4): 695-705
- [19] Thurling N. An evaluation of an index method of selection for high yield in turnip rape, *Brassica campestris* L. ssp. *oleifera* Metzger [J]. *Euphytica*, 1974, 23: 321-331