

结球甘蓝植株相关主要农艺性状的遗传及相关性分析

王万兴, 刘玉梅, 袁素霞, 方智远, 杨丽梅, 庄木, 张扬勇, 李占省, 孙培田

(中国农业科学院蔬菜花卉研究所, 北京 100081)

摘要:利用主要农艺性状上具有显著差异的结球甘蓝高代纯合自交系 01-88 和 02-12 杂交获得 F_1 , 通过游离小孢子培养获得含有 189 个基因型的 DH 群体为试验材料, 采用主基因 + 多基因混合遗传模型对结球甘蓝外叶数、开展度、株高、外叶颜色、外叶长和外叶宽 6 个与植株相关的主要农艺性状进行遗传和相关性分析。结果表明, 在 DH 分离群体中 6 个主要农艺性状呈连续的、单峰、偏态分布, 说明这些性状为多基因控制的数量性状。除外叶宽和外叶颜色性状受多基因控制外, 其余 4 个农艺性状均受 2 对主基因 + 多基因控制。主基因遗传率大小顺序为株高(59.16%) > 外叶长(56.56%) > 外叶数(55.67%) > 开展度(19.56%)。株高、外叶长和外叶数性状具有较高的主基因遗传率, 早代选择效果较好。这 6 个农艺性状间存在一定的相关性, 其中外叶数与开展度、外叶长与外叶宽等成对性状呈极显著正相关; 外叶数与外叶宽成对性状呈极显著负相关, 在育种实践中可利用其相关性实行间接选择。

关键词:结球甘蓝; 主基因 + 多基因; 遗传分析; 相关性分析

Genetic and Correlation Analysis of Main Agronomic Traits Related to Plants in *Brassica oleracea* L. var. *capitata*

WANG Wan-xing, LIU Yu-mei, YUAN Su-xia, FANG Zhi-yuan, YANG Li-mei, ZHUANG Mu,

ZHANG Yang-yong, LI Zhan-sheng, SUN Pei-tian

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

Abstract: Two diverse advanced homozygous inbred lines of cabbage, named 01-88 and 02-12 with the significant difference on the main agronomic traits related to plants, were used as the parents to develop a double haploid (DH) population containing 189 lines through microspore culture. Using mixed major gene plus polygene inheritance model, the traits of number of outer leaf (Nol), plant breadth (Pb), plant height (Ph), primary color of outer leaf (Pcl), length of outer leaf (Lol), and width of outer leaf (Wol) in *B. oleracea* were investigated. The results showed that all the 6 main agronomic traits were continuous, single peak, and partial distribution. This demonstrated that 6 main agronomic traits related to plants were quantitative. Except Wol and Pcl, the inheritances of other 4 traits were in agreement with two major genes plus polygenes. The heritability of major genes in descending order were following as Ph(59.16%) > Lol(56.56%) > Nol(55.67%) > Pb(19.56%). Due to the high major gene heritability of Ph, Lol, and Nol, they were efficiently used for early-generation selection. Nol-Pb and Lol-Wol etc paired traits were significantly positive correlation. Nol-Wol was significantly negative correlation. The results were facilitated to indirectly select in breeding.

Key words: Cabbage; major gene plus polygene; genetic analysis; correlation analysis

收稿日期: 2013-05-21 修回日期: 2013-06-17 网络出版日期: 2013-12-19

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20131219.1114.009.html>

基金项目: 国家“863”课题(2012AA100105); 国家科技支撑计划课题(2013BAD01B04); 现代农业产业技术体系建设专项资金(CARS-25-A);

农业部园艺作物生物学与种质创制重点实验室项目

第一作者研究方向为蔬菜遗传育种。E-mail: wangwanxing10@163.com

通信作者: 刘玉梅, 研究方向为蔬菜遗传育种。E-mail: liuyumei@caas.cn

结球甘蓝 (*Brassica oleracea* L. var. *capitata*) 是我国重要的蔬菜作物之一,富含多种维生素和矿物质,并含有丰富的膳食纤维和抗癌物质,是一种营养价值很高的蔬菜^[1]。甘蓝的外叶数、株高、外叶长、外叶宽和外叶颜色等与植株相关的性状直接影响光合作用的强弱,从而影响产量的高低,同时还影响甘蓝叶球的食用品质。

研究表明,甘蓝与植株相关的主要农艺性状,如株高和外叶长等同属于多基因控制的数量性状^[2]。方智远等^[3]于1979年和1980年分别对3个甘蓝组合的几个农艺性状进行分析,得到了开展度和外叶数2个与植株相关性状的狭义遗传率。徐彦军等^[4]和陈锦秀等^[5]均以甘蓝为试验材料,分别采用不完全双列杂交和完全双列杂交的方法对甘蓝主要农艺性状进行遗传分析。但是这些研究只是从总的基因遗传率入手,没有说明主基因的个数和对基因效应进行遗传参数估计。虽然缪体云等^[6]对结球甘蓝8个主要农艺性状遗传率进行估计和分析,但是对与植株相关性状研究的数目有限,特别是外叶颜色等重要性状没有进行分析。前人研究所得的结果有的相似,有的差异较大,这可能是由于不同性状在不同材料间是由不同的等位基因所控制,充分利用自然界中针对同一性状变异较大的遗传资源,可为甘蓝遗传改良奠定丰富的材料基础。

目前,植物数量性状主基因+多基因混合遗传模型^[7-9]已经广泛应用于植物数量性状的遗传分析研究中。在大田作物的研究中,如水稻稻曲病^[10]、小麦产量^[11]、棉花品质遗传^[12]等方面有相关报道。在蔬菜作物中,该模型也在萝卜^[13]、不结球白菜^[14]、甘蓝^[6,15]、茄子^[16]等蔬菜作物中得到应用。

本研究利用结球甘蓝高代纯合自交系01-88与02-12杂交获得 F_1 ,通过游离小孢子培养获得加倍单倍体群体(DH),采用主基因+多基因混合遗传模型^[7-9],对植株相关的主要农艺性状进行遗传及相关性分析,以期为该性状的深入研究和育种实践中进行有效选择提供理论支持。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试材料选用中国农业科学院蔬菜花卉研究所甘蓝、青花菜课题组的2个结球甘蓝高代纯合自交系01-88(P_1)和02-12(P_2)为亲本配制 F_1 ,通过游离

小孢子培养方法,获得含有189个基因型的DH群体。

1.2 田间调查

试验于2012年春在中国农业科学院蔬菜花卉研究所顺义试验基地进行。采用重复内分组随机区组设计方法^[17],将DH群体分为10个区组,每个区组包含约20个家系,随机排列,设置3次重复,每重复每个DH系定植21株。成熟期每次重复随机选取10株进行调查,逐个测量植株的下列性状,具体方法参照《结球甘蓝种质资源描述规范和数据标准》进行^[18]。

外叶数:甘蓝叶球达到商品成熟期时,调查其脱落莲座叶的叶痕以及尚存莲座叶的叶数,计算其和,精确到整数位。

株高:在叶球正常收获期,测量植株在自然生长状态下,地面茎基部至植株最高处的垂直高度,单位为cm,精确到0.1cm。

开展度:测量收获时植株外叶开展最大距离,单位为cm,精确到0.1cm。

外叶长:调查外叶数的植株后,测量最大莲座叶叶柄基部至叶片先端的长度,即叶柄长和叶片长之和,单位为cm,精确到0.1cm。

外叶宽:测量外叶长的最大莲座叶后,再测量叶片或叶身最宽处的宽度,单位为cm,精确到0.1cm。

外叶颜色:选取最大外叶,应用CR-400色彩色差仪(KNOIC MINOLTA)测定每个外叶的3个固定的点(顶端、水平最宽处正对着的2个点),记录L、a和b值,取其平均值后利用公式: $E = [(L)^2 + (a)^2 + (b)^2]^{1/2}$ 反应样品的综合色差情况^[19]。

1.3 数据分析

采用植物数量性状主基因+多基因混合遗传模型^[7-9],对01-88(P_1)、02-12(P_2)及DH群体189个DH系(家系)的6个与植株相关的主要农艺性状进行遗传分析。首先通过极大似然法和IECM(iterated expectation and conditional maximization)算法估计各成分分布的参数,然后通过AIC(Akaike's information criterion)值选择最佳模型,同时进行适合性检验,包括均匀性 U_1^2 、 U_2^2 和 U_3^2 检验,Smirnov检验(${}_nW^2$)和Kolmogorov检验(D_n),根据检验结果选择最优遗传模型。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。主基因遗传率为 $h_{mg}^2 = \sigma_{mg}^2 / \sigma_p^2$;多基因遗传率为 $h_{pg}^2 = \sigma_{pg}^2 / \sigma_p^2$,其中 σ_p^2 为表型方差, σ_{mg}^2 为主基因方差, σ_{pg}^2 为多

基因方差^[20]。

采用 SAS V8^[21] 统计分析软件进行数据的方差分析, IBM SPSS Statistics 19^[22] 软件的偏相关性分析方法对农艺性状进行相关性分析。

2 结果与分析

2.1 6 个主要农艺性状在亲本及杂交后代的分布

通过非配对设计两样本差异显著性检验(t 检验), 发现 01-88(P_1) 和 02-12(P_2) 在与植株相关的 6 个主要农艺性状方面均存在极显著差异, 这为对这些性状进行遗传分析提供了良好的亲本材料。

在结球甘蓝 6 个主要农艺性状中, 外叶数性状

F_1 的平均值超出了双亲值, 其他 5 个性状的 F_1 为双亲中间型。在 DH 群体中, 所有性状的变异幅度都超出了双亲的范围(表 1)。说明控制该性状的增效基因和减效基因在双亲中呈分散分布, 通过基因重组可产生正向和负向 2 个超亲 DH 系。

将与植株相关的 6 个主要农艺性状在 DH 群体中调查的结果, 绘制次数分布图(图 1)。由图中可以看出, 所有性状的分布是连续的, 且都呈现单峰分布, 峰度系数和偏度系数显示所有次数分布图呈偏态分布, 说明 6 个主要农艺性状均属于数量性状, 可以进行数量性状遗传效应分析, 同时可能存在遗传效率较高的主基因。

表 1 结球甘蓝与植株相关的 6 个主要农艺性状在双亲、 F_1 及 DH 群体中的分布

Table 1 Distributions of 6 main agronomic traits related to plants in parents, F_1 , and DH population in cabbage

性状 Traits	亲本和 F_1 均值 Parents and F_1 mean			表型值在 DH 群体中的分布 Distribution in DH population				
	01-88	02-12	F_1	平均值 Mean	标准差 Standard deviation	变异幅度(%) Variation range	峰度 Kurtosis	偏度 Skewness
外叶数 Nol	22.81	16.83	22.97	21.44	4.73	12.00 ~ 40.50	2.33	1.22
开展度 Pb(cm)	40.51	34.26	39.15	41.10	4.81	28.63 ~ 57.37	0.18	0.33
株高 Ph(cm)	24.46	19.74	22.34	26.07	4.70	15.00 ~ 40.67	0.03	0.44
外叶长 Lol(cm)	25.55	20.62	22.94	26.46	3.91	15.80 ~ 37.42	-0.36	-0.06
外叶宽 Wol(cm)	20.72	18.34	19.55	22.11	3.28	13.91 ~ 31.36	-0.39	0.12
外叶颜色 Pel	56.81	45.02	53.21	52.84	4.62	38.17 ~ 66.92	0.10	0.02

Nol: 外叶数; Pb: 开展度; Ph: 株高; Lol: 外叶长; Wol: 外叶宽; Pel: 外叶颜色, 下同

Nol: Number of outer leaf, Pb: Plant breadth, Ph: Plant height, Lol: Length of outer leaf, Wol: Width of outer leaf, Pel: Primary color of outer leaf, the same as below

2.2 DH 群体分离分析遗传模型

采用植物数量性状主基因 + 多基因混合遗传模型, 对结球甘蓝 DH 群体植株相关的 6 个主要农艺性状进行遗传分析。通过极大似然数和 IECM 算法计算 7 种类型 38 种遗传模型的 AIC 值, 其中包括 1 对主基因(A 类模型)、2 对主基因(B 类模型)、多基因(C 类模型)、1 对主基因 + 多基因(D 类模型)、2 对主基因 + 多基因(E 类模型)、3 对主基因(F 类模型)和 3 对主基因 + 多基因(G 类模型)。最后, 通过 AIC 准则和适合性检验, 从这 38 种遗传模型中选出最优遗传模型。

以外叶数性状为例, 根据 AIC 值准则(表 2), E-2-0、E-1-0、F-1 3 个模型的 AIC 值最低, 分别为 1902.31、1905.23、1906.26。对备选的 3 个模型进行一组适合性检验(均匀性检验、Smirnov 检验和 Kolmogorov 检验的 5 个统计量 U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 、 W^2 和

D_n), 选择统计量达到显著水平个数最少的模型为最适模型。在 15 个统计量中, E-2-0 模型有 3 个统计量达到差异显著水平, E-1-0 模型和 F-1 模型分别有 7 个和 4 个(表 3)。通过 AIC 值准则和适合性检验结果表明, E-2-0 模型为最优遗传模型。因而得出该结球甘蓝 DH 群体外叶数性状符合 E-2-0 模型, 即 2 对连锁的并有加性—加性 × 加性上位性作用的主基因 + 多基因模型。

同理可以推算出其他 5 个主要农艺性状的最优遗传模型(表 4), 其中开展度性状的 AIC 值最低的 3 个模型分别是 C-0(1871.52)、E-2-8(1873.53)和 E-2-7(1873.54), 对应达到显著性差异统计量个数分别为 3 个、1 个和 2 个。根据适合性检验中达到显著差异水平的数目越少越接近真实分布的原则, 得出该结球甘蓝 DH 群体开展度性状符合 E-2-8 模型, 即 2 对连锁的并有重叠作用的主基因 + 多基因模型。

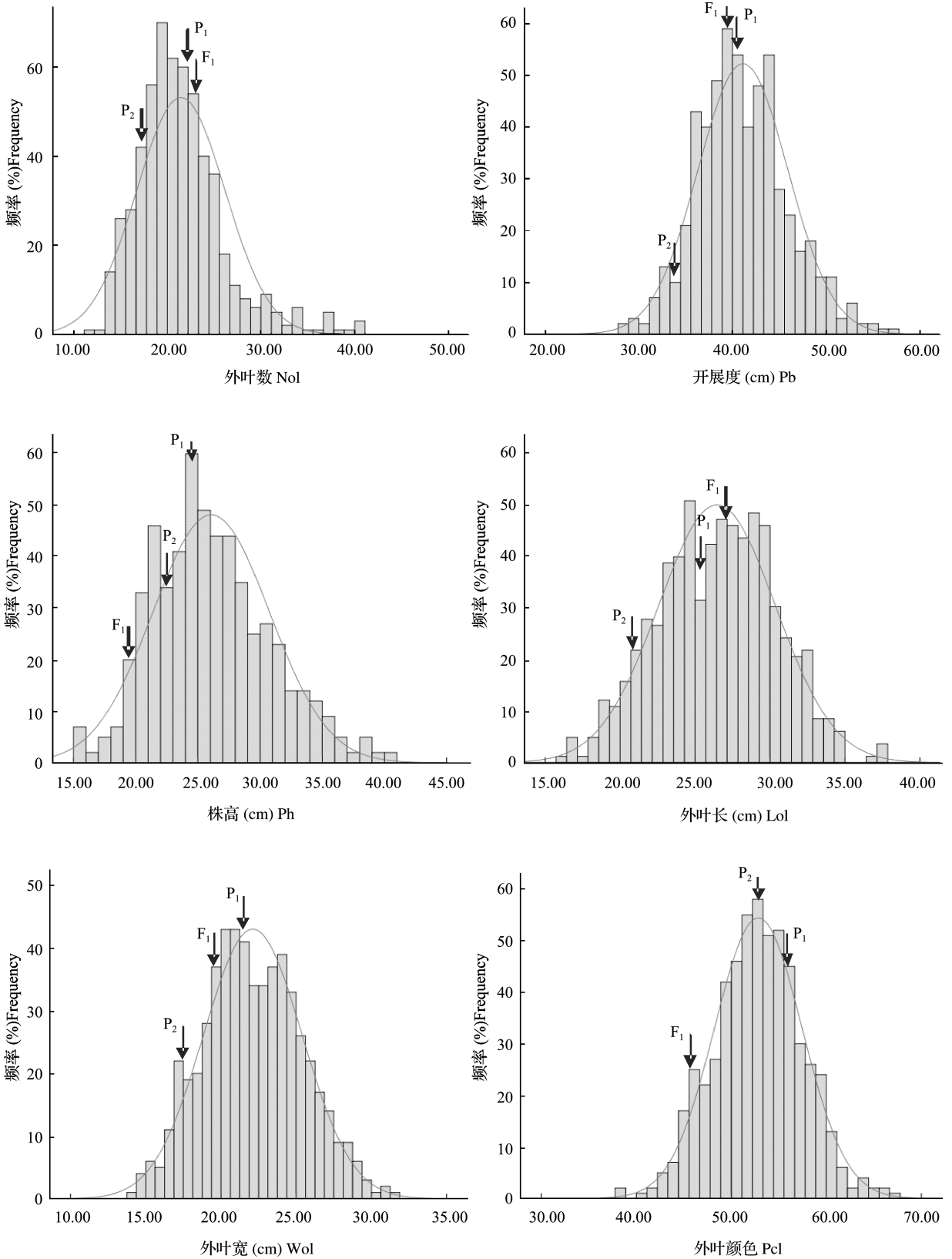


图 1 结球甘蓝与植株相关的 6 个主要农艺性状在双亲、F₁ 和 DH 群体中次数分布

Fig. 1 Frequency distribution of 6 main agronomic traits related to plants in parents, F₁, and DH population

表 2 外叶数性状不同遗传模型的 AIC 值

Table 2 AIC value of different genetic models in number of outer leaf

模型 Model	AIC 值 AIC value	模型 Model	AIC 值 AIC value	模型 Model	AIC 值 AIC value	模型 Model	AIC 值 AIC value
A-0	2031.15	E-1-1	1906.80	E-2-1	1912.80	F-2	2090.65
A-1	2068.77	E-1-2	1994.59	E-2-2	1996.58	F-3	2062.49
B-1-1	1922.85	E-1-3	1992.57	E-2-3	1994.57	F-4	2002.73
B-1-2	2060.49	E-1-4	1916.69	E-2-4	1917.56	G-0	1908.41
B-1-3	2058.49	E-1-5	1916.69	E-2-5	1917.56	G-1	1907.23
C-0	1948.24	E-1-6	1957.13	E-2-6	1952.25	G-2	1994.60
C-1	1990.71	E-1-7	1967.19	E-2-7	1950.24	G-3	1962.30
D-0	1950.25	E-1-8	1967.19	E-2-8	1950.24	G-4	1994.54
D-1	1992.63	E-1-9	1952.06	E-2-9	1950.25		
E-1-0	1905.23	E-2-0	1902.31	F-1	1906.26		

AIC: AIC 准则值; MLV: 最大似然值

AIC: Akaike's information criterion value, MLV: Maximum log-likelihood value

表 3 外叶数性状的 E-2-0、E-1-0 和 F-1 模型的适合性检验

Table 3 Test for fit goodness of model E-2-0, E-1-0, and F-1 in outer leaf trait

模型 Model	世代 Generation	U_1^2	U_2^2	U_3^2	${}_nW^2$	D_n
E-2-0	P ₁	0.00(0.96)	0.38(0.54)	6.98(0.01)*	0.27(>0.05)	0.12(>0.05)
	P ₂	0.40(0.53)	1.28(0.26)	4.35(0.04)*	0.34(>0.05)	0.17(<0.05)*
	DH	0.02(0.88)	0.00(0.94)	0.06(0.80)	0.02(>0.05)	0.03(>0.05)
E-1-0	P ₁	0.18(0.67)	0.06(0.80)	6.94(0.01)*	0.29(>0.05)	0.13(>0.05)
	P ₂	0.07(0.80)	0.62(0.43)	4.56(0.03)*	0.30(>0.05)	0.15(>0.05)
	DH	9.11(0.00)*	12.01(0.00)*	4.70(0.03)*	1.11(<0.05)*	0.15(<0.05)*
F-1	P ₁	0.18(0.68)	0.09(0.76)	8.08(0.00)*	0.31(>0.05)	0.13(>0.15)
	P ₂	1.57(0.21)	3.04(0.08)	4.51(0.03)*	0.48(<0.05)*	0.20(<0.05)*
	DH	1.54(0.21)	2.72(0.10)	3.21(0.07)	0.23(>0.05)	0.08(>0.05)

U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 : 均匀性检验统计量; ${}_nW^2$: Smirnov 检验统计量; D_n : Kolmogorov 检验统计量; ${}_nW^2$ ($P < 0.05$) 的临界值为 0.461; * 表示 0.05 水平上差异显著

U_1^2 、 U_2^2 、and U_3^2 : Statistic of Uniformity test, ${}_nW^2$: Statistic of Smirnov test, D_n : Statistic of Kolmogorov test. The critical of ${}_nW^2$ is 0.461 at 0.05 level, * indicates the different significance at $P < 0.05$ level

表 4 结球甘蓝与植株相关的 6 个主要农艺性状的最优遗传模型

Table 4 The best models of 6 main agronomic traits related to plants in cabbage

性状 Traits	最优模型 The best model	模型分析 Model analysis
外叶数 Nol	E-2-0	2 对连锁的并有加性—加性 × 加性上位性作用的主基因 + 多基因模型
开展度 Pb	E-2-8	2 对连锁的并有重叠作用的主基因 + 多基因模型
株高 Ph	E-2-7	2 对连锁的并有互补作用的主基因 + 多基因模型
外叶长 Lol	E-1-9	2 对独立的并有重叠作用的主基因 + 多基因模型
外叶宽 Wol	C-0	只有多基因存在
外叶颜色 Pel	C-0	只有多基因存在

株高性状 AIC 值最低的 3 个模型分别是 C-0 (1589.81)、D-0 (1591.81) 和 E-2-7 (1591.82), 对上述 3 个模型进行适合性检验, 达到差异显著水平的统计量个数分别为 5 个、4 个和 2 个。所以确定 E-2-7 模型为最优遗传模型。因此该结球甘蓝 DH 群体株高性状符合 E-2-7 模型, 即 2 对连锁的并有互补作用的主基因 + 多基因模型。

外叶长性状中 E-1-9 (1818.34)、E-2-9 (1819.97) 和 E-2-6 (1821.97) 3 个模型的 AIC 值最低, 其达到显著性差异统计量个数均为 3 个。由于 E-1-9 模型的 AIC 值最低, 所以 E-1-9 为最优遗传模型, 即 2 对独立的并有重叠作用的主基因 + 多基因模型。

外叶宽性状中 C-0 (1670.84)、D-0 (1671.18) 和 E-1-9 (1671.96) 3 个模型的 AIC 值最低, 其达到显

著性差异统计量个数分别为 1 个、4 个和 1 个。由于 C-0 模型的 AIC 值最低,且达到显著差异的统计量个数也是最少的,所以 C-0 为最优遗传模型,即外叶宽性状受多基因和环境共同控制。

外叶颜色性状的 AIC 值最低的 3 个模型分别是 C-0(1423.74)、E-1-9(1425.43)和 E-2-7(1425.74),其中分别有 0 个、1 个和 1 个统计量达到显著性差异。由于 C-0 模型的 AIC 值最小,且达到显著差异的统计量个数也是最少的,所以选取该模型为最优遗传模型,即只有多基因存在的主基因 + 多基因模型。

2.3 DH 群体最适遗传模型遗传参数的估计

根据最优模型参数和极大似然估计值计算一阶遗传参数和二阶遗传参数(表 5)。

(1)控制外叶数性状的 2 对主基因中,第 1 对主基因的加性效应为 3.03,第 2 对主基因的加性效应为 3.02,且 2 对主基因都为正向作用,加性与加性 × 加性互作效应值为 3.01。主基因遗传率为 55.67%,多基因遗传率为 35.33%,剩下的 9% 由环境因素控制。

(2)开展度性状中,均值为 41.10,2 对主基因的加性与加性 × 加性互作效应值为 -4.19,主基因方

差为 4.28,多基因方差为 15.60,主基因和多基因方差占表型方差的比率分别为 19.56% 和 71.34%,其主基因遗传率属于低遗传率,环境方差占表型方差的 9.1%。

(3)株高性状中,均值为 26.07,2 对主基因的加性与加性 × 加性互作效应值为 -4.40,主基因方差为 12.57,遗传率为 59.16%,属于中等偏上遗传率,多基因方差为 7.48,遗传率为 35.19%,剩下的 5.65% 由环境因素控制。

(4)外叶长性状均值为 26.46,2 对主基因的加性与加性 × 加性互作效应值为 -2.68,主基因 + 多基因的遗传率为 88.05%,说明株高性状是由主基因与多基因共同作用的结果,且由主基因主导,主基因遗传率为 56.56%,多基因遗传率为 31.49%,剩下的 11.95% 由环境因素控制。

(5)外叶宽性状相关的基因中,没有主基因存在,遗传变异由多基因控制,表型方差为 10.06,多基因方差为 8.07,环境方差为 1.99。多基因方差和环境方差占表型方差的比率分别为 80.22% 和 19.78%。

(6)外叶颜色同外叶宽性状相同,也是由多基因控制,多基因方差为 10.75,遗传率为 44.38%,环境方差为 13.47,占表型方差的比率为 55.62%。

表 5 结球甘蓝与植株相关的 6 个农艺性状的遗传参数估计

Table 5 The estimated genetic parameters of 6 main agronomic traits related to plants in cabbage

性状 Traits	模型 Model	一阶参数 1st order parameter				二阶参数 2nd order parameter					
		m	d_a	d_b	i	σ_p^2	σ_{mg}^2	σ_{pg}^2	σ^2	$h_{mg}^2(\%)$	$h_{pg}^2(\%)$
外叶数 Nol	E-2-0	21.44	3.03	3.02	3.01	21.04	11.71	7.43	1.90	55.67	35.33
开展度 Pb	E-2-8	41.10	-	-	-4.19	21.87	4.28	15.60	1.99	19.56	71.34
株高 Ph	E-2-7	26.07	-	-	-4.40	21.25	12.57	7.48	1.20	59.16	35.19
外叶长 Lol	E-1-9	26.46	-	-	-2.68	14.09	7.97	4.44	1.68	56.56	31.49
外叶宽 Wol	C-0	22.11	-	-	-	10.06	-	8.07	1.99	-	80.23
外叶颜色 Pcl	C-0	52.84	-	-	-	24.22	-	10.75	13.47	-	44.38

m : 群体平均数; d_a : 第 1 对主基因的加性效应; d_b : 第 2 对主基因的加性效应; i : 加性 × 加性; σ_p^2 : 表型方差; σ_{mg}^2 : 主基因方差; σ_{pg}^2 : 多基因方差; σ^2 : 环境方差; h_{mg}^2 : 主基因遗传率; h_{pg}^2 : 多基因遗传率; - : 不存在

m : Average of population, d_a : Additive effect of the first pair major gene, d_b : Additive effect of the second pair major gene, i : Additive effect plus additive of the two major genes, σ_p^2 : Phenotypic variance, σ_{mg}^2 : Major gene variance, σ_{pg}^2 : Polygenic variance, σ^2 : Environment variance, h_{mg}^2 : Major gene heritability, h_{pg}^2 : Polygenic heritability, - : Not exist

2.4 6 个主要农艺性状的相关性分析

应用 IBM SPSS Statistics 19 软件^[14]偏相关统计分析方法,即先固定其他变量不变而研究某两个变量间相关性,同理对每两个性状进行相关性分析。针对多个相关变量间的关系,偏相关分析比直线相关分析能够消除其他变量取值的影响,更能真实反

映两个相关变量间的相关关系。

利用偏相关分析的 Pearson 方法对植株相关的 6 个主要农艺性状进行相关性分析(表 6),结果表明,外叶数分别与开展度、株高、外叶颜色性状呈极显著正相关,相关系数分别为 0.346、0.305 和 0.237,与外叶宽性状分别呈极显著负相关,相关系

数为 -0.561。开展度分别与外叶数、外叶长和外叶宽性状呈极显著正相关,相关系数分别为 0.346、0.241 和 0.356,与其他性状的相关性不显著。与株高呈极显著正相关的性状有外叶数(0.305)和外叶长(0.547)。外叶长与开展度、株高、外叶宽和外叶颜

色性状呈极显著正相关性,没有检测出与其他性状的相关性。外叶宽与开展度(0.356)和外叶长(0.331)性状呈极显著正相关,与外叶数(-0.561)性状呈极显著负相关。外叶颜色与外叶数和外叶长性状呈极显著正相关,相关系数分别为 0.237 和 0.201。

表 6 DH 群体植株相关的 6 个农艺性状的表型相关分析

Table 6 Correlation analysis of 6 main agronomic traits related to plants in DH population

性状 Traits	外叶数 Nol	开展度 Pb	株高 Ph	外叶长 Lol	外叶宽 Wol	外叶颜色 Pcl
外叶数 Nol	1					
开展度 Pb	0.346 **	1				
株高 Ph	0.305 **	0.011	1			
外叶长 Lol	-0.065	0.241 **	0.547 **	1		
外叶宽 Wol	-0.561 **	0.356 **	0.087	0.331 **	1	
外叶颜色 Pcl	0.237 **	-0.023	-0.059	0.201 **	-0.0749	1

* 表示在 0.05 水平上显著性差异(双侧); ** 表示在 0.01 水平上的显著差异(双侧)

* Correlation is significant at the 0.05 level(2-tailed), ** Correlation is significant at the 0.01 level(2-tailed)

3 讨论

本研究中采用主基因 + 多基因混合遗传模型对结球甘蓝外叶数、开展度、株高、外叶长、外叶宽和外叶颜色 6 个与植株相关的主要农艺性状进行遗传和相关性分析。其中除外叶宽和外叶颜色性状受多基因控制外,其余 4 个主要农艺性状均受 2 对主基因 + 多基因控制。方智远等^[3]分别对 3 个甘蓝组合的几个农艺性状进行分析,其中开展度和外叶数的狭义遗传率分别为 65% ~ 79% 和 64% ~ 89%。徐彦军等^[4]对 8 个甘蓝自交系的主要经济性状进行遗传率估计,其中开展度和外叶数的狭义遗传率分别为 73.17% 和 82.50%。陈锦秀等^[5]以 6 个甘蓝亲本进行完全双列杂交,采用加性 - 显性遗传模型对结球甘蓝主要农艺性状进行遗传分析,结果显示开展度的狭义遗传率为 24.73%,外叶数为 48.96%,株高为 52.75%。缪体云等^[6]分析了结球甘蓝 8 个主要农艺性状,其中与植株相关的性状中,株高主基因遗传率为 31.74%,外叶长为 67.22%,外叶宽为 23.32%,开展度受多基因控制,多基因遗传率为 18.65%。本研究中,各主要农艺性状的主基因遗传率大小顺序为株高(59.16%) > 外叶长(56.56%) > 外叶数(55.67%) > 开展度(19.56%),这与前人的结论基本一致,但也有不同之处,如开展度主基因遗传率低于方智远和徐彦军的研究,与陈锦秀的研究相近,株高的主基因遗传率高于缪体云的研究结果,

并且开展度为 2 对主基因 + 多基因控制,外叶宽为多基因控制,这与缪体云的研究结果不一致。与前人的试验结果不同可能是由于所用试验材料以及栽培环境不同所导致,此外前人的研究大多是从总的基因遗传率入手,不能区分主基因和多基因遗传效应。本研究率先对结球甘蓝外叶颜色性状进行了遗传分析,并对 6 个与植株相关主要农艺性状的主基因、多基因的遗传效应和遗传方差进行估计,可为育种实践中对这些性状的准确选择提供理论依据。外叶数、株高和外叶长性状的主基因遗传率都大于 50%,说明其性状受环境条件影响较小,根据表现型进行早代选择能够获得较好的效果。而开展度、外叶宽和外叶颜色性状的主基因遗传率低,早代选择效果较差,前期应放宽选择条件,扩大选择群体,在高代进行选择。

在主要农艺性状的相关性方面,外叶数与外叶长,开展度与外叶颜色等成对性状之间呈不显著正相关或负相关,这些农艺性状的选育可相互独立进行,使同一品种可同时具备多种优良的性状。而外叶数与开展度、株高和外叶数,开展度与外叶长和外叶宽,株高与外叶长,外叶长与外叶宽、外叶颜色等成对性状呈极显著正相关,外叶数与外叶宽成对性状呈极显著负相关,因此对其中任一性状的选择都会影响另一性状的表现,在育种实践中应考虑各性状间的相互协调,也可通过一个性状对另一性状进行间接选择。以上结论只是利用本试验所用的 DH

群体得出的,在今后的研究中有待于增加更多的实验材料,对其结果进行进一步的验证。

主基因 + 多基因混合遗传模型虽然能明确结球甘蓝植株相关主要农艺性状的表型控制遗传机理,但仍不能定位相关基因。下一步需要利用该 DH 群体对控制相关性状的基因进行 QTL 定位,并将遗传分析和 QTL 定位结果进行比较,以验证主效基因的遗传率大小和对数。

参考文献

- [1] Al-Shehbaz I A. The tribes of cruciferae (*Brassicaceae*) in the southeastern United States [J]. *J Arnold Arbor*, 1984, 65: 343-373
- [2] Dickson M H, Carruth A F. The inheritance of core length in cabbage [J]. *J Am Soc Hortic Sci*, 1976, 91: 22-31
- [3] 方智远,孙培田. 甘蓝几个数量性状遗传力研究初报 [J]. *中国蔬菜*, 1981, 1(1): 23-25
- [4] 徐彦军,邹琴,李毅. 甘蓝自交系配合力测定及性状相关分析 [J]. *山地农业生物学报*, 1999, 18(2): 90-94
- [5] 陈锦秀,薄天岳,侯喜林,等. 结球甘蓝主要商品性状与农艺性状的遗传相关性分析 [J]. *上海农业学报*, 2007, 23(2): 57-60
- [6] 缪体云,刘玉梅,方智远,等. 一个结球甘蓝 DH 群体主要农艺性状的遗传效应分析 [J]. *园艺学报*, 2008, 35(1): 59-64
- [7] 盖钧镒,章元明,王健康. 植物数量遗传体系 [M]. 北京: 科学出版社, 2003: 224-260
- [8] 胡中立,章志宏,章元明. 质量-数量性状遗传参数估计的 P_1 、 P_2 、DH 联合分析估计方法 [J]. *作物学报*, 2000, 26(5): 631-634
- [9] 章元明,盖钧镒,王永军. 利用 P_1 、 P_2 和 DH 或 RIL 群体联系分离分析的拓展 [J]. *遗传*, 2001, 23(5): 467-470
- [10] 李余生,朱镇,张亚东,等. 水稻稻曲病抗性的主基因 + 多基因混合遗传模型分析 [J]. *作物学报*, 2008, 34(10): 1728-1733
- [11] 王羽,樊庆琦,张利,等. 小麦 K35 早熟特性的遗传分析 [J]. *麦类作物学报*, 2007, 27(6): 957-960
- [12] 周宝良,朱协飞,郭旺珍,等. 异常棉渐渗的陆地棉高品质种质纤维特性遗传 [J]. *棉花学报*, 2006, 18(1): 60-62
- [13] 李红双,李锡香,沈镒,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
- [14] 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
- [15] 严慧玲,方智远,刘玉梅,等. 甘蓝显性雄性不育材料 DGMS79-399-3 不育性的遗传效应分析 [J]. *园艺学报*, 2007, 34(1): 93-98
- [16] 乔军,刘富中,连勇,等. 茄子果萼遗传研究 [J]. *植物遗传资源学报*, 2011, 12(5): 806-810
- [17] 盖钧镒. 试验设计方法 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2000: 305-306
- [18] 李锡香,方智远. 结球甘蓝种质资源描述规范和数据标准 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2007: 55-58
- [19] 张建中. 手持式智能色度色差仪的设计 [J]. *自动化仪表*, 2010, 31(2): 66-68
- [20] 孙海艳,徐德林,蔡一林,等. 玉米穗部性状的多世代联合遗传分析 [J]. *植物遗传资源学报*, 2012, 13(6): 1005-1010
- [21] 汪嘉彤. SAS V8 基础教程/现代统计分析方法及应用系列丛书 [M]. 北京: 中国统计出版社, 2004: 70-85
- [22] 张力. SPSS 在生物统计中的应用 [M]. 厦门: 厦门大学出版社, 2008: 118-123