

甜瓜远缘群体果实糖含量相关性状遗传分析

张 宁¹, 张 显¹, 张 勇¹, 马建祥¹, 杨小振¹, 王永琦^{1,2}, 周小婷¹, 刘晓辉¹, 郑俊骞¹

(¹西北农林科技大学园艺学院/农业部西北地区园艺作物生物学与种质创制重点实验室,

陕西杨凌 712100; ²汉中农业技术推广中心, 陕西汉中 723000)

摘要:以栽培甜瓜 0246 为母本, 野生甜瓜 Y101 为父本, 构建了 P_1 、 P_2 、 F_1 、 F_2 、 B_1 、 B_2 6 个世代, 运用植物数量性状主基因 + 多基因混合遗传模型进行多世代联合分析, 探讨了甜瓜果实糖含量相关性状的遗传特性。结果表明: 果糖含量、葡萄糖含量和总糖含量遗传均受两对加性-显性-上位性主基因 + 加性-显性-上位性多基因模型控制 (E-0), 主基因在 F_2 中的遗传率分别达到 90.32%、82.42% 和 94.66%。蔗糖含量受一对加性主基因 + 加性-显性多基因模型控制 (D-2), 主基因在 F_2 中的遗传率达到 83.76%。甜瓜果实糖含量相关性状遗传体系中主基因具有重要作用且环境方差所占比例较小, 适宜早代选择。

关键词: 甜瓜; 糖含量相关性状; 主基因 + 多基因; 遗传分析

Genetic Analysis of Fruit Sugar Content Correlated Traits in Interspecific Population of Melon

ZHANG Ning¹, ZHANG Xian¹, ZHANG Yong¹, MA Jian-xiang¹, YANG Xiao-zhen¹, WANG Yong-qi^{1,2},

ZHOU Xiao-ting¹, LIU Xiao-hui¹, ZHENG Jun-xian¹

(¹ College of Horticulture, Northwest A & F University/Key Laboratory of Biology and Genetic Improvement of Horticultural Crops (Northwest China), Ministry of Agriculture, Yangling Shaanxi 712100; ² Hanzhong Agricultural Technology Extension Center, Hanzhong Shaanxi 723000)

Abstract: Six generations (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , B_1 , and B_2) derived from a cross of '0246' (cultivated inbred line) and 'Y101' (wild germplasm) were used to study the inheritance of melon (*Cucumis melo* L.) fruit sugar content correlated traits, with joint analysis method of mixed major gene plus polygene inheritance model. The results showed that fructose content, glucose content, and total sugar content were controlled by two pairs of additive-dominant-epistatic major genes plus additive-dominant-epistatic polygene model effects (E-0), and the heritabilities of major genes in F_2 population were estimated as 90.32%, 82.42%, and 94.66%, respectively. The sucrose content was controlled by one pairs of additive major genes plus additive-dominant polygene model effects (D-2), and the heritability of major genes in F_2 population was estimated as 83.76%. This implied that the major genes had strong effects on fruit sugar content correlated traits of melon, while the environment played a little role, so it would be more efficient to be selected in the early generation.

Key words: melon; sugar content correlated traits; major gene plus polygene; genetic analysis

随着生活水平的提高, 消费者对甜瓜 (*Cucumis melo* L.) 品质的要求日益提高, 不仅要商品性好, 也

要具有均衡的营养价值。因此, 对已有甜瓜资源进行营养成分评价, 进而改善营养品质已成为甜瓜品

收稿日期: 2013-12-17 修回日期: 2014-02-11 网络出版日期: 2014-08-07

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20140807.1036.025.html>

基金项目: 国家自然科学基金 (31372086); 陕西省科学技术研究发展计划项目 (2013K01-08)

第一作者研究方向为蔬菜遗传育种与生物技术。E-mail: zning817@126.com

通信作者: 张显, 研究方向为西瓜甜瓜品种选育及高效栽培技术研究与推广、园艺植物种质资源研究与利用。E-mail: zhangxian098@126.com

质育种工作的重要部分。甜瓜营养品质取决于可溶性固形物、可溶性糖、可滴定酸、维生素 C 等物质的含量,其中糖的含量、种类和比率是影响果实品质的重要因素^[1-2]。甜瓜果实中主要含有还原糖(葡萄糖、果糖)和非还原糖(蔗糖)^[3],有研究表明果糖的甜度最高,蔗糖次之,葡萄糖最低^[4]。此外,甜瓜果实总糖性状仅是一个综合性状,对指导果实品质改良育种具有一定的局限性。因此,明确构成总糖的不同种类糖含量的遗传特性,对甜瓜果实品质改良育种具有重要意义。

目前,对甜瓜糖代谢与积累的研究已有报道^[5-9]。M. K. Paris 等^[10]利用甜瓜材料 USDA 846-1 与 TopMark 构建了 81 个株系的重组自交系群体,并对果实可溶性固体含量进行了 QTL 定位;A. J. Monforte 等^[11]利用 93 个 F₂ 单株和 77 个 DH 系单株对甜瓜果实糖分进行了 QTL 定位;R. Harel-Beja 等^[12]利用甜瓜组合 PI414723 (subspecies *agristis*) 与 Dulce (subspecies *melo*) 构建了 99 个株系的重组自交系群体,并对甜瓜果实葡萄糖含量和蔗糖含量进行了 QTL 定位。然而关于甜瓜远缘群体糖含量相关性状的遗传分析,尚未见报道。本研究以糖含量相差较大的甜瓜品系 0246 与野生种质 Y101 为亲本,运用植物数量性状主基因+多基因混合遗传模型分析方法对糖含量相关性状进行遗传分析,以明确甜瓜糖含量相关性状的遗传模型,并估测主基因遗传效应,为提高甜瓜果实品质育种效率、糖含量性状的 QTL 定位提供理论参考。

1 材料与方法

1.1 材料

甜瓜亲本材料为高糖栽培厚皮甜瓜 0246 (P₁) 和低糖野生薄皮甜瓜 Y101 (P₂),两亲本果糖、葡萄糖和蔗糖含量差异显著,其中 P₁ 和 P₂ 都是经过多代自交选育的自交系。以两亲本构建的 6 世代远缘群体 (P₁、P₂、F₁、F₂、B₁、B₂) 为试验材料,由西北农林科技大学园艺学院西瓜甜瓜课题组提供。

1.2 方法

1.2.1 试验群体构建 2011 年春季双亲杂交获得 F₁ 种子。2012 年春季将 F₁ 分别与两亲本杂交,获得 B₁、B₂ 种子,同时将 F₁ 自交,获得 F₂ 种子。2013 年春季将 6 世代材料种植于大棚内,其中 P₁、P₂、F₁ 各种植 30 株,3 次重复,每个重复 10 株;F₂ 种植 135 株,B₁、B₂ 各种植 50 株。株距 35 cm,行距 75 cm,吊蔓栽培,单蔓整枝,第 13~15 节子蔓留单果,按常规

栽培管理进行。

1.2.2 糖含量测定 果实收获后,取每个果实的边部直到中心的果肉混合,称取每份 5 g,重复 3 次,放于 -80℃ 冰箱中保存。取 5 g 冻样加入 6 mL 80% 乙醇溶液,混匀后放于 80℃ 水浴锅中浸提 40 min,10000 r/min 离心 20 min,吸取上清液,并将残渣重复上述操作合并上清液,定容至 25 mL 待用。果糖和蔗糖采用蒽酮比色法测定,还原糖采用 3,5-二硝基水杨酸比色法测定,获得的还原糖数值减去果糖数值即为葡萄糖数值,果糖、葡萄糖和蔗糖含量,三者数据相加作为总糖含量,重复 3 次,取平均值。参照刘识等^[13]方法略有改动。

果糖含量 (g/kg) = (0.178A + 0.00018) × f

还原糖含量 (g/kg) = (0.6A + 0.0078) × f

蔗糖含量 (g/kg) = (0.04A - 0.0004) × f

其中,A 为吸光值,f 为稀释倍数,以鲜重计。

葡萄糖含量 (g/kg) = 还原糖含量 - 果糖含量

总糖含量 (g/kg) = 果糖含量 + 葡萄糖含量 + 蔗糖含量

1.2.3 遗传分析 试验数据采用植物数量性状主基因+多基因混合遗传模型分析方法对 6 世代糖含量相关性状进行联合分析,先通过极大似然法和 IECM (Iterated Expectation and Conditional Maximization) 算法对混合分布中的有关成分分布参数做出估计,然后利用 AIC 准则 (Akaike's Information Criterion) 和一组适合性测验,包括均匀性检验 (U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2)、Smirnov 检验 (W^2) 和 Kolmogorov 检验 (D_n),进而选择最优遗传模型,并估计主基因和多基因效应值、方差等遗传参数。主基因遗传率 $h_{mg}^2 = \sigma_{mg}^2 / \sigma_p^2 \times 100\%$,多基因遗传率 $h_{pg}^2 = \sigma_{pg}^2 / \sigma_p^2 \times 100\%$ 。

数据分析采用南京农业大学盖钧铭等^[14]提供的计算软件,在 Lenovo PC 机上运行。

2 结果与分析

2.1 6 世代群体糖含量相关性状的次数分布

将果糖、葡萄糖、蔗糖及总糖含量性状的一致性群体测定结果进行统计 (表 1)。结果表明,4 个糖含量性状 F₁ 平均值均介于双亲之间,其中 F₁ 蔗糖和总糖含量偏向于高值亲本。从 F₂ 群体果糖、葡萄糖、蔗糖及总糖含量的次数分布来看 (图 1),四者呈多峰分布,从 B₁、B₂ 群体的次数分布来看 (图 1),四者呈偏态单峰或多峰分布,表现出主基因+多基因的数量遗传特征。

表 1 果实糖含量相关性状不分离世代的次数分布及平均值

性状	世代	次数分布 Frequency distribution								平均值
		0 ~ 10	10 ~ 20	20 ~ 30	30 ~ 40	40 ~ 50	50 ~ 60	60 ~ 70	70 ~ 80	
果糖 Fructose	P ₁		29	1						16.326
	F ₁	23	7							9.390
	P ₂	30								3.559
葡萄糖 Glucose	P ₁		30							12.462
	F ₁	30								6.307
	P ₂	30								2.420
蔗糖 Sucrose	P ₁					18	12			50.045
	F ₁			3	25	2				33.342
	P ₂	30								2.538
总糖 Total sugar	P ₁								20	78.770
	F ₁					23	6	1		49.039
	P ₂	26	4							8.517

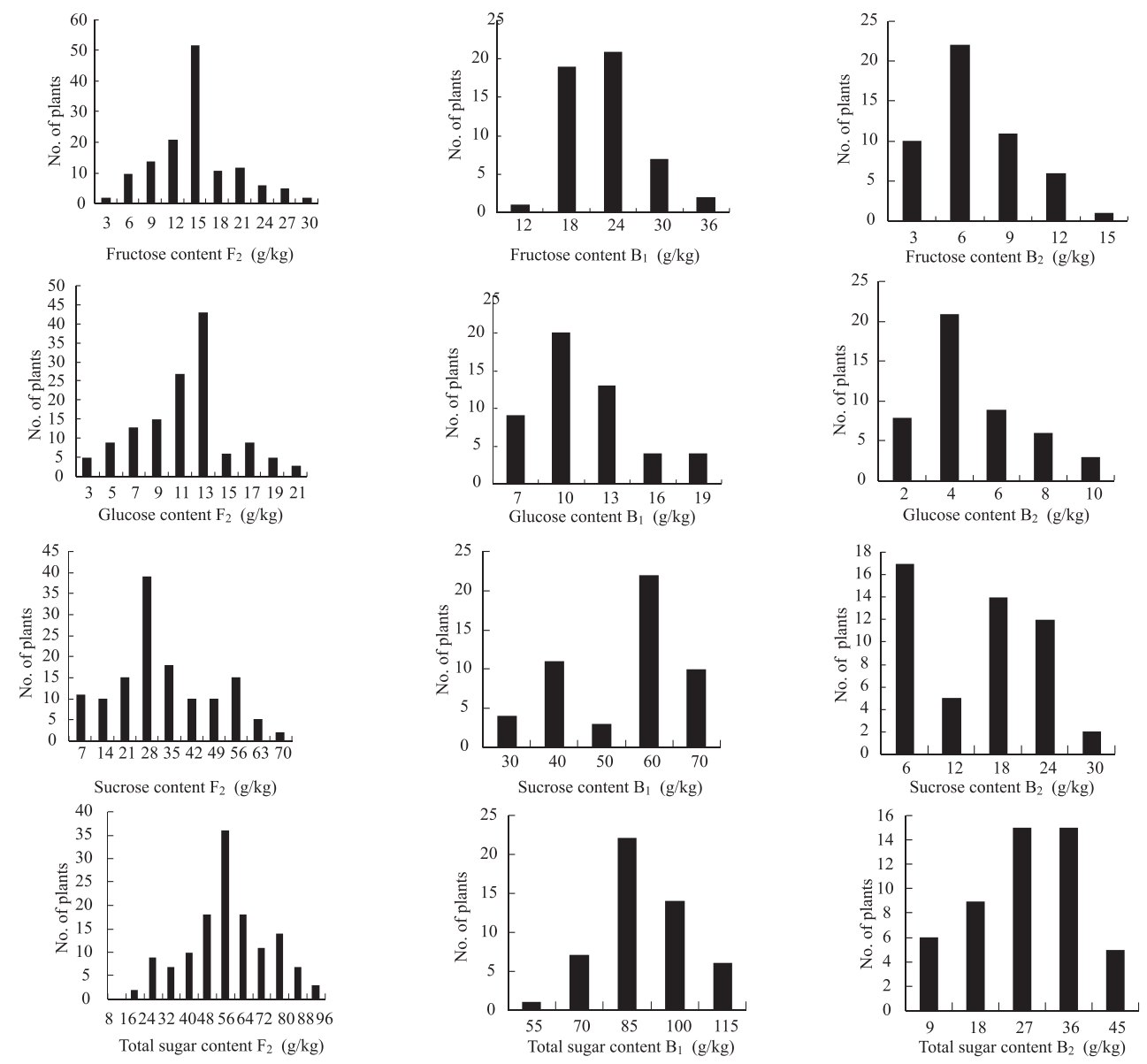


图 1 分离世代群体果实糖含量相关性状的次数分布

Fig. 1 Frequency distribution for fruit sugar content correlated traits in segregation population

2.2 最优模型的选择和适合性检验

根据遗传模型的选取原则,即 AIC 值最小准则,选取 AIC 值较小的模型及与最小 AIC 值差异不大的遗传模型作为备选模型。对备选模型进行适合性检验,选择参数达到显著差异数量最少的模型为最优模型。果糖含量遗传模型中 E-0 模型和 E-1 模型 AIC 值较小且差异不大(表 2)。通过对上述两模型进行适合性检验表明:E-0 模型有 1 个统计量达到显著水平,E-1 模型有 4 个统计量达到显著水平,E-0 模型 AIC 值最小且达到显著差异的统计量最少(表 3),因此 E-0 模型为最优模型;同理,葡萄糖含量遗传模型中 E-0 模型有 2 个统计量达到显著水

平,E-1 模型有 8 个统计量达到显著水平,E-0 模型 AIC 值最小且达到显著差异的统计量最少(表 3),因此 E-0 模型为最优模型;蔗糖含量遗传模型中 D-1 和 D-2 模型有 10 个统计量达到显著水平,E-3 模型有 11 个统计量达到显著水平,虽然 D-1、D-2 模型达到显著水平的统计量相同,但 D-2 模型的 AIC 值较小(表 3),因此 D-2 模型为最优模型;总糖含量遗传模型中 D-2 模型有 8 个统计量达到显著水平,E-0 模型有 3 个统计量达到显著水平,E-1 模型有 10 个统计量达到显著水平,E-0 模型 AIC 值最小且达到显著差异的统计量最少(表 3),因此 E-0 模型为最优模型。

表 2 果实糖含量相关性状遗传模型的 AIC 值

Table 2 AIC value in various genetic models of sugar content correlated traits

模型 Model	果糖 Fructose	葡萄糖 Glucose	蔗糖 Sucrose	总糖 Total sugar	模型 Model	果糖 Fructose	葡萄糖 Glucose	蔗糖 Sucrose	总糖 Total sugar
A-1		1664.258	2444.899	2591.669	D-0	1679.714	1523.390	2287.617	2436.245
A-2		1660.710	2444.645	2590.336	D-1	1706.403	1561.746	2287.226 *	2423.312
A-3		1757.410	2608.824	2805.606	D-2	1704.407	1559.748	2285.617 *	2421.312 *
A-4		1761.877	2633.455	2860.510	D-3	1727.962	1560.000	2345.153	2495.280
B-1	1693.880	1532.785	2309.768	2450.742	D-4	1704.410	1559.700	2315.236	2452.500
B-2	1795.885	1648.811	2286.146	2531.192	E-0	1646.139 *	1483.591 *	2293.600	2413.114 *
B-3	1909.619	1707.638	2401.067	2554.571	E-1	1656.607 *	1493.568 *	2290.991	2420.872 *
B-4		1659.492	2394.500	2546.374	E-2	1784.200	1603.513	2322.360	2445.497
B-5		1758.427	2561.483	2770.924	E-3	1702.243	1516.818	2286.244 *	2449.429
B-6		1760.435	2559.483	2768.924	E-4	1779.969	1601.590	2308.786	2475.964
C-0	1677.708	1519.373	2331.662	2446.535	E-5	1780.846	1608.814	2326.838	2501.042
C-1	1778.691	1631.520	2364.628	2523.784	E-6	1838.068	1637.655	2364.476	2512.203

* 表示备选遗传模型 * shows the candidate genetic models

表 3 果实糖含量相关性状备选模型适合性检验

Table 3 Test for goodness of fit to candidate models of fruit sugarcontent related traits

性状 Traits	模型 Model	世代 Generation	U_1^2	U_2^2	U_3^2	$n W^2$	D_n
果糖 Fructose	E-0	P ₁	0.077(0.7812)	0.015(0.9015)	2.467(0.1162)	0.0743	0.1276
		F ₁	0.089(0.7657)	0.017(0.8965)	0.402(0.5259)	0.0699	0.1200
		P ₂	0.033(0.8567)	0.955(0.3286)	10.295(0.0013) *	0.3594	0.1894
		B ₁	0.230(0.6312)	0.495(0.4816)	0.914(0.3391)	0.1041	0.1053
		B ₂	1.544(0.2140)	2.047(0.1525)	0.827(0.3631)	0.2103	0.1313
		F ₂	1.272(0.2595)	1.426(0.2325)	0.167(0.6827)	0.1771	0.0765
	E-1	P ₁	0.302(0.5825)	0.017(0.8948)	2.561(0.1095)	0.0967	0.1350
		F ₁	0.398(0.5283)	0.188(0.6647)	0.502(0.4786)	0.1045	0.1363
		P ₂	0.053(0.8183)	1.047(0.3063)	10.259(0.0014) *	0.3628	0.1923
		B ₁	3.261(0.0709)	0.738(0.3902)	12.653(0.0004) *	0.7452 *	0.2265 *
		B ₂	1.011(0.3147)	1.342(0.2467)	0.547(0.4594)	0.1542	0.1139
		F ₂	0.048(0.8268)	0.022(0.8832)	0.067(0.7951)	0.1557	0.0784

表 3(续)

性状 Traits	模型 Model	世代 Generation	U_1^2	U_2^2	U_3^2	$_nW^2$	D_n	
葡萄糖 Glucose	E-0	P ₁	1.524(0.2171)	0.999(0.3175)	0.612(0.4340)	0.3422	0.1925	
		F ₁	0.017(0.8952)	0.009(0.9237)	0.016(0.8989)	0.0480	0.0918	
		P ₂	0.004(0.9483)	1.285(0.2569)	18.353(0.0000)*	0.6147*	0.2431	
		B ₁	1.219(0.2696)	1.592(0.2070)	0.595(0.4406)	0.1750	0.1414	
		B ₂	0.106(0.7444)	0.142(0.7062)	0.060(0.8064)	0.1153	0.1174	
		F ₂	2.480(0.1153)	1.724(0.1891)	0.717(0.3973)	0.4115	0.1013	
	E-1	P ₁	2.308(0.1287)	1.448(0.2288)	1.146(0.2843)	0.4419	0.2149	
		F ₁	0.358(0.5497)	0.280(0.5965)	0.040(0.8420)	0.0807	0.1202	
		P ₂	0.083(0.7730)	1.795(0.1803)	17.997(0.0000)*	0.6175*	0.2317	
		B ₁	2.413(0.1203)	0.507(0.4765)	10.042(0.0015)*	0.6231*	0.2473*	
		B ₂	5.169(0.0230)*	5.601(0.0179)*	0.437(0.5085)	0.6121*	0.1770	
		F ₂	2.395(0.1218)	2.333(0.1267)	0.014(0.9074)	0.3868	0.1089	
	蔗糖 Sucrose	D-1	P ₁	1.142(0.2851)	0.156(0.6926)	6.544(0.0105)*	0.3144	0.1919
			F ₁	2.669(0.1023)	1.597(0.2063)	1.619(0.2032)	0.5197*	0.2643*
			P ₂	0.032(0.8587)	2.690(0.1010)	34.470(0.0000)*	1.6911*	0.4162*
B ₁			14.586(0.0001)*	13.705(0.0002)*	0.000(0.9868)	1.5302*	0.2997*	
B ₂			1.069(0.3012)	1.073(0.3004)	0.019(0.8898)	0.1887	0.1357	
F ₂			0.209(0.6478)	0.061(0.8052)	0.613(0.4337)	0.0919	0.0710	
D-2		P ₁	1.142(0.2851)	0.156(0.6926)	6.544(0.0105)*	0.3144	0.1919	
		F ₁	2.669(0.1023)	1.597(0.2063)	1.619(0.2032)	0.5197*	0.2643*	
		P ₂	0.032(0.8587)	2.690(0.1010)	34.470(0.0000)*	1.6911*	0.4162*	
		B ₁	14.587(0.0001)*	13.706(0.0002)*	0.000(0.9867)	1.5302*	0.2997*	
		B ₂	1.069(0.3012)	1.073(0.3004)	0.019(0.8898)	0.1887	0.1357	
		F ₂	0.209(0.6478)	0.061(0.8053)	0.613(0.4337)	0.0918	0.0710	
E-3		P ₁	1.080(0.2986)	0.064(0.8004)	9.089(0.0026)*	0.3492	0.1893	
		F ₁	1.393(0.2380)	0.712(0.3988)	1.429(0.2319)	0.3601	0.2239	
		P ₂	0.290(0.5904)	0.859(0.3541)	33.543(0.0000)*	1.6708*	0.4489*	
	B ₁	21.609(0.0000)*	21.995(0.0000)*	0.571(0.4499)	2.2200*	0.3572*		
	B ₂	3.767(0.0523)	2.640(0.1042)	1.036(0.3087)	0.4412	0.1887		
	F ₂	3.884(0.0488)*	2.387(0.1223)	2.109(0.1465)	0.4983*	0.1295*		
总糖 Total sugar	D-2	P ₁	0.242(0.6228)	0.006(0.9362)	2.512(0.1130)	0.1338	0.1446	
		F ₁	1.993(0.1580)	0.911(0.3399)	2.724(0.0989)	0.5004*	0.2430	
		P ₂	0.007(0.9347)	1.853(0.1735)	26.288(0.0000)*	1.0137*	0.3402*	
		B ₁	33.834(0.0000)*	31.796(0.0000)*	0.001(0.9785)	3.6314*	0.4278*	
		B ₂	0.080(0.7777)	0.114(0.7356)	0.066(0.7969)	0.0781	0.0939	
		F ₂	0.583(0.4450)	0.096(0.7573)	2.966(0.0851)	0.1919	0.0852	
	E-0	P ₁	0.015(0.9016)	0.121(0.7282)	3.492(0.0617)	0.1253	0.1472	
		F ₁	1.149(0.2837)	0.418(0.5178)	2.448(0.1177)	0.3860	0.2178	
		P ₂	0.001(0.9738)	1.666(0.1967)	25.367(0.0000)*	0.9640*	0.3355*	
		B ₁	0.005(0.9413)	0.007(0.9334)	0.002(0.9607)	0.0162	0.0524	
		B ₂	1.347(0.2458)	1.704(0.1917)	0.528(0.4672)	0.1913	0.1271	
		F ₂	0.534(0.4649)	0.372(0.5421)	0.153(0.6956)	0.0740	0.0612	
	E-1	P ₁	0.255(0.6138)	0.001(0.9788)	3.415(0.0646)	0.1530	0.1517	
		F ₁	3.579(0.0585)	1.528(0.2165)	5.680(0.0172)*	0.7158*	0.2811*	
		P ₂	0.576(0.4478)	3.874(0.0491)*	24.330(0.0000)*	1.0275*	0.3018*	
B ₁		5.291(0.0214)*	3.152(0.0758)	3.267(0.0707)	0.6740*	0.2261*		
B ₂		0.253(0.6148)	0.397(0.5288)	0.325(0.5686)	0.0804	0.0992		
F ₂		0.547(0.4596)	0.278(0.5983)	0.573(0.4492)	0.1130	0.0774		

* 表示在 0.05 水平上差异有统计学意义, U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 为均匀性检验统计量, ${}_nW^2$ 为 Smirnov 检验统计量, D_n 为 Kolmogorov 检验统计量, ${}_nW^2$ ($P < 0.05$) 的临界值为 0.461

* means significant difference at 0.05. U_1^2 , U_2^2 and U_3^2 are the statistic of Uniformity test, ${}_nW^2$ is the statistic of Smirnov test, D_n is the statistic of Kolmogorov test, The critical of ${}_nW^2$ is 0.461 at 0.05 level

2.3 最适模型的遗传参数估计

利用软件分析得到各最适模型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5)。由表4可知,控制果糖含量的2对主基因加性效应分别为5.943和2.740,表明第1对主基因的加性效应显著。2对主基因的显性效应分别为-5.526和-6.504,说明2对主基因负向显性效应明显,其显性效应以第2对为主。上位作用中,2对主基因之间的加性×显性和显性×显性互作效应明显。由表5可知,在B₁、B₂、F₂3世代,主基因遗传率分别为71.00%、79.70%、90.32%,表明主基因在F₂中对控制果糖含量遗传作用较大。控制葡萄糖含量的2对主基因加性效应分别为4.279和1.954,表明加性效应以第1对主基因为主。2对主基因显性效应分别为-4.407和-4.409,说明第2对主基因显性效应比第1对主基因的稍大,其显性效应以第2对主基因为主。上位作用中,2对主基因之间的加性×显性和显性×显性互作效应明显。

在B₁、B₂、F₂3个世代,主基因遗传率分别为67.86%、74.50%、82.42%,表明主基因在F₂中对控制葡萄糖含量遗传作用较大。控制蔗糖含量的1对主基因加性效应为19.946,多基因加性效应值为19.201,表明主基因加性效应比多效基因的稍大。由于主基因起加性作用,因此,主基因的显性效应为0。在B₁、B₂、F₂3个世代,主基因遗传率分别为66.32%、78.82%、83.76%,表明主基因在F₂中控制蔗糖含量遗传作用较大。控制总糖含量的2对主基因加性效应分别为16.334和-0.919,表明第一主效基因的加性效应明显。2对主基因显性效应分别为-14.939和-9.867,说明2对主基因负向显性效应明显,其显性效应以第1对主基因为主。上位作用中,2对主基因之间的加性×加性、加性×显性和显性×加性互作效应明显。在B₁、B₂、F₂3个世代,主基因遗传率分别为53.30%、89.84%、94.66%,表明主基因在F₂中对控制总糖含量遗传作用较大。

表4 果实糖含量相关性状的一阶遗传参数估值

Table 4 The estimates of first order genetic parameters fruit sugar content correlated traits

一阶遗传参数	果糖含量	葡萄糖含量	蔗糖含量	总糖含量
1 st order parameters	Fructose content	Glucose content	Sucrose content	Total sugar content
	E-0	E-0	D-2	E-1
m_1	7.717	7.071		72.713
m_2	12.473	8.057		56.840
m_3	12.449	9.429		33.293
m_4	19.761	13.825		79.039
m_5	14.874	10.178		47.038
m_6	16.136	12.200		57.796
m			25.353	
d			19.946	
d_a	5.943	4.279		16.334
d_b	2.740	1.954		-0.919
h_a	-5.526	-4.407		-14.939
h_b	-6.504	-4.409		-9.867
i	-0.207	-0.775		-9.362
j_{ab}	-1.290	-1.412		11.317
j_{ba}	-0.044	0.910		8.551
l	5.057	4.967		0.724
$[d]$			19.201	
$[h]$			6.114	

m, m_{1-6} :群体均方; d_a :第1对主基因加性效应值; d_b :第2对主基因加性效应值; d :主基因加性效应值; h_a :第1对主基因显性效应值; h_b :第2对主基因显性效应值; i :加性×加性互作; j_{ab} :加性×显性互作; j_{ba} :显性×加性互作; l :显性×显性互作; $[d]$:多基因加性效应值; $[h]$:多基因显性效应值
 m, m_{1-6} :Population mean square variance, d_a :Additive effect value of the first major gene, d_b :Additive effect value of the second major gene, d :Additive effect value of the second major gene, h_a :Dominant effect value of the first major gene, h_b :Dominant effect value of the second major gene, i :Epistasis effect value between d_a and d_b , j_{ab} :Epistasis effect value between d_a and h_b , j_{ba} :Epistasis effect value between h_a and d_b , l :Epistasis effect value between h_a and h_b , $[d]$:Additive effect value of ploygene, $[h]$:Dominant effect value of ploygene

表 5 果实糖含量相关性状的二阶遗传参数估值

Table 5 The estimates of second order genetic paramters of fruit sugar content correlated traits

性状 Traits	模型 Mdoel	世代 Genration	二阶遗传参数 2 nd order genetic parameters					
			σ^2	σ_p^2	σ_{mg}^2	σ_{pg}^2	h_{mg}^2 (%)	h_{pg}^2 (%)
果糖含量	E-0	B ₁	1.220	23.281	16.532	5.530	71.00	23.75
Fructose		B ₂	1.220	8.562	6.824	0.519	79.70	6.06
content		F ₂	1.220	29.262	26.432	1.610	90.32	5.50
葡萄糖含量	E-0	B ₁	0.940	11.642	7.901	2.801	67.86	24.06
Glucose		B ₂	0.940	7.410	5.521	0.949	74.50	12.81
content		F ₂	0.940	15.426	12.715	1.771	82.42	11.48
蔗糖含量	D-2	B ₁	8.925	152.165	100.923	42.316	66.32	27.81
Sucrose		B ₂	8.925	59.013	46.513	3.575	78.82	6.06
content		F ₂	8.925	240.638	201.557	30.155	83.76	12.53
总糖含量	D-2	B ₁	11.635	185.352	98.803	74.914	53.30	40.42
Total sugar		B ₂	11.635	114.517	102.882	0.000	89.84	0.00
content		F ₂	11.635	321.608	304.514	5.526	94.66	1.72

σ^2 :环境方差; σ_p^2 :表型方差; σ_{mg}^2 :主基因方差; σ_{pg}^2 :多基因方差; h_{mg}^2 :主基因遗传率; h_{pg}^2 :多基因遗传率
 σ^2 :Environmental variance, σ_p^2 :Phenotypic variance, σ_{mg}^2 :Major gene variance, σ_{pg}^2 :Polygene variance, h_{mg}^2 :Major gene heritability, h_{pg}^2 :Polygene heritability

3 讨论

植物数量性状受少数主基因或(和)大量微效多基因控制,盖钧镒等^[14]认为品质的某种成分含量性状一般为数量性状。近年发展起来的多世代联合的数量性状主基因+多基因遗传分析方法已在萝卜、不结球白菜、白菜、辣椒、番茄、黄瓜、西瓜及甜瓜等园艺作物上得到应用^[15-24]。然而,对瓜类果实糖含量遗传分析的研究还相对较少。目前仅有林碧英等^[25]对甜瓜可溶性固形物含量进行遗传分析。但该试验仅从总体上估测了基因综合效应,并未研究构成甜瓜品质性状因子的遗传特性,对指导甜瓜品质育种具有局限性。陈银根^[26]对黄瓜果实果糖含量进行遗传分析,并认为果糖含量受1对加性-显性主基因+加性-显性多基因(D-1)控制,这与本试验结果不同,可能由于研究材料的遗传背景或生物环境的不同造成。Y. Burger 等^[27]研究认为存在1对主基因控制甜瓜果实蔗糖含量。还有 R. Harel-Beja 等^[12]对甜瓜果实蔗糖含量进行 QTL 定位研究,发现了与蔗糖含量相关的 QTL 位点,并认为位点的遗传以加性效应为主。上述结论与本试验结果一致。张红等^[28]对甜瓜酸味突变自交系和黄皮脆杂交组合进行糖酸性状的遗传分析,得出总糖含量遗传受2对等加性主基因+加性-显性多基因模型(E-4)控制,该结论与本试验相近,都表明主要是2对主基因

的加性效应发挥作用。

本研究结果表明,果糖、葡萄糖和总糖含量受2对加性-显性-上位性主基因+加性-显性-上位性多基因控制;蔗糖含量受1对加性主基因+加性-显性多基因控制。果糖、葡萄糖和总糖含量性状均为2对主基因+多基因遗传模型,且遗传主基因间普遍存在互作效应。T. M. Choo 等^[29]研究认为,如果基因间存在互作,为增加基因间重组的概率,在育种早期阶段不宜进行严格选择,但果糖、葡萄糖和总糖含量主效基因遗传力较高,且受环境影响较小,因此,综合考虑可对果糖、葡萄糖和总糖进行早代适度的定向选择;蔗糖含量主基因遗传力较高,且受环境影响较小,因此在育种过程中也适宜早代选择。综上所述,甜瓜果实糖含量性状适宜早代选择。

虽有研究认为数量性状主基因+多基因混合遗传模型分离分析法与 QTL 定位检测主基因的数量相对一致^[30],但分离分析所推论的基因仅是理论上的基因,难以作具体分析,且 QTL 分析不仅可找到控制数量性状的主基因数目,还可将基因定位到连锁群的具体位置^[17],因此,有必要对甜瓜远缘群体果实糖含量相关性状进行 QTL 定位研究。分离分析与定位可共用同一组数据,并为 QTL 定位提供相互验证的手段^[31]。因此,笔者正应用 SSR 等分子标记开展对甜瓜糖含量相关性状的分析,以期进一步阐明甜瓜糖含量的遗传效应。

参考文献

- [1] 潜宗伟,唐晓伟,吴震,等.甜瓜不同品种类型芳香物质和营养品质的比较分析[J].中国农学通报,2009,25(12):165-171
- [2] Mccollum T G, Huber D J, Cantliffe D J. Solublesugar accumulation and activity of related enzymes during muskmelon fruit development[J]. J Amer Soc Hort Sci, 1988, 113(3):399-403
- [3] 中国农业科学院郑州果树研究所.中国西瓜甜瓜[M].北京:中国农业出版社,2000:390-391
- [4] Zhang L T. The sweetness of sugars[J]. J South China Univ Tech, 2002, 30(1):89-91
- [5] 张明方,李志凌,陈昆松,等.网纹甜瓜发育果实糖分积累与蔗糖代谢参与酶的关系[J].植物生理与分子生物学学报,2003,29(5):455-462
- [6] 乔永旭,刘栓桃,赵智中,等.甜瓜果实发育过程中糖积累与蔗糖代谢相关酶的关系[J].果树学报,2004,21(5):447-450
- [7] 任雷,胡晓辉,杨振超,等.光照强度对厚皮甜瓜糖分积累与蔗糖代谢相关酶的影响[J].西北农林科技大学学报:自然科学版,2010,38(6):120-126
- [8] 任雷,邹志荣,李鹏飞.不同温度对甜瓜糖分积累与蔗糖代谢酶的影响[J].北方园艺,2010(7):12-16
- [9] 杨世梅,陈年来,康恩祥,等.日光温室秋茬甜瓜果实生长发育与糖分积累的关系分析[J].干旱地区农业研究,2012,30(6):107-112
- [10] Paris M K, Zalapa J E, McCreight J D, et al. Genetic dissection of fruit quality components in melon (*Cucumis melo* L.) using a RIL population derived from exotic x elite US Western Shipping germplasm[J]. Mol Breeding, 2008, 22(3):405-419
- [11] Monforte A J, Oliver M, Gonzalo M J, et al. Identification of quantitative trait loci involved in fruit quality traits in melon (*Cucumis melo* L.)[J]. Theor Appl Genet, 2004, 108(4):750-758
- [12] Harel-Beja R, Tzuri G, Portonoy 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, 2010, 121:511-533
- [13] 刘识.西瓜果实糖含量遗传分析及 QTL 定位[D].哈尔滨:东北农业大学,2012
- [14] 盖钧镒,章元明,王健康.植物数量性状遗传体系[M].北京:科学出版社,2003:224-260
- [15] 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
- [16] 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
- [17] 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,2013,14(3):547-552
- [18] 张晓芬,韩华丽,陈斌,等.甜椒育种材料 N1345 的疫病抗性遗传分析[J].植物遗传资源学报,2011,12(5):816-819
- [19] 孟昭娟,刘妹红,姜品.鲜食番茄果肉中番茄红素含量性状的遗传分析[J].中国农学通报,2011,27(5):452-456
- [20] 沈镒,方智远,李锡香,等.黄瓜果肉色的遗传分析[J].植物遗传资源学报,2011,12(2):216-222
- [21] 李全辉,沈镒,李锡香,等.黄瓜抗黑星病不同基因源的遗传分析[J].植物遗传资源学报,2011,12(2):291-296
- [22] 闫世江,司龙亭,张建军,等.黄瓜苗期低温弱光下耐低温性主基因-多基因联合遗传分析[J].植物遗传资源学报,2011,12(2):281-285
- [23] 刘莉,刘翔,焦定量,等.西瓜强雌性状的遗传效应分析[J].园艺学报,2009,36(9):1299-1304
- [24] 咸丰,张勇,马建祥,等.野生甜瓜‘云甜-930’抗白粉病主基因+多基因遗传分析[J].中国农业科学,2011,44(7):1425-1433
- [25] 林碧英,高山,林峰.甜瓜可溶性固形物含量的遗传表现与基因效应分析[J].中国瓜菜,2007(1):4-6
- [26] 陈银根.黄瓜果实可溶性糖含量遗传效应的初步研究[D].扬州:扬州大学,2009
- [27] Burger Y, Saar U, Katzir N, et al. A single recessive gene for sucrose accumulation in *Cucumis melo* fruit[J]. J Amer Soc Hort Sci, 2002, 127:938-943
- [28] 张红,王怀松,贺超兴,等.甜瓜糖酸性状的遗传研究[J].园艺学报,2009,36(7):989-996
- [29] Choo T M, Reinbergs E, Kasha K J. Use of haploids in breeding barley[J]. Plant Breeding Rev, 1985, 3:219-252
- [30] 王春娥,盖钧镒,傅三雄,等.大豆豆腐和豆乳得率的遗传分析与 QTL 定位[J].中国农业科学,2008,41(5):1274-1282
- [31] 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,2012,32(2):246-251

欢迎订阅 2015 年《中国草地学报》

《中国草地学报》是由中国农业科学院草原研究所和中国草学会共同主办的国家级草学学术期刊。主要包括草原学、牧草学、草地学和草坪学等学科领域内有关草地与牧草资源、草地经营管理与改良利用、牧草遗传育种与引种栽培、牧草生理生化、草地建设与生态保护、草地生产与饲草料加工调制、草坪绿地、草业经济与可持续发展战略等。栏目主要有“专题报告”、“研究报告”、“综述与专论”、“研究简报”等。读者对象为从事草业科研、教学、生产和管理的专家、学者、院校师生、领导及业内中高级科技人员,也适合农学、畜牧学、林学、环境科学、地理科学等相关领域的科技人员阅读参考。

本刊为中国草业领域创办最早的科技期刊,是全国中文核心期刊、中国科技核心期刊、中国农业核心期刊、RCCSE 中国核心学术期刊、中国科学引文数据库来源期刊和全国优秀农业期刊,并被《中国核心期刊(遴选)数据库》、《万方数据—数字化期刊群》、《中文电子期刊资料服务库》、《中国科技论文与引文数据库》、《中国学术期刊综合评价数据库》、《中国期刊全文数据库》、《中国学术期刊(光盘版)》、《中国期刊网》、《中国知网》、《中国生物学文献数据库》和《中国生物学文摘》等多种数据库及二次文献收录。

双月刊,大 16 开 A4 版本,120 页,国内外公开发行,每册定价 15.00 元,全年 90.00 元。国内统一刊号 CN15-1344/S,国内邮发代号 16-32,全国各地邮局(所)均可订阅,错过订期可直接向本刊编辑部补订。

地址:(010010)呼和浩特市乌兰察布东街 120 号

电话:0471-4928361(办公室),0471-4926880(总编室)

E-mail:zgcdxb@126.com