

普通丝瓜第1雌花节位遗传研究

苏小俊^{1,2}, 徐海², 袁希汉², 陈劲枫¹

(1. 南京农业大学作物遗传与种质创新国家重点实验室, 江苏南京 210095;

2. 江苏省农业科学院蔬菜研究所, 江苏南京 210014)

摘要: 选用第1雌花节位有梯度差异的普通丝瓜品种L001与L023配制组合, 调查P₁、P₂、F₁、B₁和B₂第1雌花节位, 利用植物数量性状主基因+多基因混合遗传模型联合分离分析了第1雌花节位遗传规律。结果表明: 普通丝瓜第1雌花节位遗传符合2对加性主基因+加性-显性多基因遗传模型; B₁、B₂和F₂群体遗传率(主基因+多基因)分别为54.45%、61.88%和58.91%, 且以加性效应为主; 环境方差占总表型方差的38.02%~45.1%。结论: 对第1雌花节位进行定向选择具有较为明显的效果; 早熟性不太可能通过杂优育种来实现; 以第1雌花节位均较低的材料作为双亲, 才能提高早熟育种效率。环境对第1雌花节位的遗传影响较大, 要不断地对第1雌花节位进行选择。

关键词: 普通丝瓜; 第1雌花节位; 遗传; 环境

中图分类号: S 642.4

文献标识码: A

Genetics of the first female flower bud's node position in Luffa (*Luffa cylindrical* L.)

SU Xiao-jun^{1,2}, XU Hai², YUAN Xi-han², CHEN Jing-feng¹

(1. State Key Laboratory of Crop Genetics and Germplasm Enhancement, Nanjing Agricultural University, Nanjing, Jiangsu 210095, China; 2. Institute of Vegetable Crops, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing, Jiangsu 210014, China)

Abstract: Multiple generations of Luffa (*Luffa cylindrical* L.) from the cross between an inbred line 'L001' and 'L023' were used to investigate the genetics of the first female flower bud in the main vine. A major gene plus a polygene model of the quantitative traits was applied for the analysis. The results showed that the genetics of the crossed plants fitted the model of "two adding major gene plus adding-dominance polygene." Heritability of the genes (major genes+ polygene) of B₁, B₂ and F₂ population were estimated to be 54.45%, 61.88%, and 58.91%, respectively. And the additive effect appeared to be dominant. The environmental effect contributed 38.02%~45.1% of the total VAR. It is concluded that selection of node of the first female flower bud in luffa produced significant effect and that selecting the two cultivated varieties as parents for crossing using the nodes of the first female flower bud at low position as a criterion was effective for early-maturation breeding purpose. The environment affected greatly on the genetics of the node of the first female flower bud in luffa. Therefore, continuous selection on the first nodes seemed necessary.

Key words: Luffa (*Luffa cylindrical* L.); node of the first female flower bud; genetics; environment

普通丝瓜 (*Luffa cylindrical* L.) 是中国重要的蔬菜作物之一, 一般以早期产量作为主要栽培目的。普通丝瓜主蔓第1雌花节位(以下简称第1雌花节位)是影响早熟性的主要性状之一^[1]。笔者曾对第1雌花节位与熟性的相关性进行了初步研究, 结果发现第1雌花节位能较好地反映普通丝瓜

熟性的早晚; 早熟材料的第1雌花节位≤8.0, 中熟材料的第1雌花节位为8.1~12.9^[2]。关佩聪等研究认为, 普通丝瓜第1雌花节位除受遗传基因的控制外, 也受光周期和温度的影响, 其中以光周期的影响为主; 长日照能显著升高第1雌花节位, 而短日照能显著降低第1雌花节位^[3], 可见普通丝瓜

收稿日期: 2007-04-04 初稿; 2007-05-10 修改稿

作者简介: 苏小俊(1969-), 男, 在读博士, 副研究员, 主要从事十字花科和瓜类蔬菜遗传育种研究。

通讯作者: 陈劲枫(1959-), 男, 博士, 教授, 博导, 研究方向为蔬菜遗传育种及生物技术(E-mail: jfchen@njau.edu.cn)。

基金项目: 国家863计划项目(2004AA241120); 江苏省高技术研究计划(BG2007301)

第1雌花节位的遗传属数量性状。由于国内外开展丝瓜遗传育种的工作较晚, 至今其遗传方式尚不清楚, 制约了普通丝瓜育种工作的开展。

植物数量性状混合遗传模型主基因+多基因多世代联合分析方法解决了孟德尔经典遗传学不能说明的数量性状遗传规律, 在农作物的多个数量性状遗传研究中应用, 较好地解释了数量性的遗传方式和表达效果^[4-5], 本试验采用该方法来研究普通丝瓜第1雌花节位的遗传机制, 以期为普通丝瓜早熟资源的利用、创新和早熟品种的选育提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

L001是早熟丝瓜品种南京蛇形丝瓜经7~8代自交选育的高代自交系, 第1雌花节位一般为3.5~6.5; L023是中熟丝瓜品种长沙肉丝瓜经8~9代自交选育的高代自交系, 第1雌花节位一般为7.8~10.8^[2]; 供试材料由江苏省农业科学院蔬菜研究所提供。本研究以L001(P₁)为母本, 以L023(P₂)为父本, 构建F₁、F₂、B₁(F₁×P₁)和B₂(F₁×P₂)群体, 对第1雌花节位进行了遗传分析。

试验于2006年春季将6个世代种植于塑料大棚内, 其中P₁、P₂、F₁分别种植32株、35株和64株, B₁、B₂、F₂分别种植152株、145株和160株, 株距40 cm, 大小行距分别为80 cm和60 cm。

1.2 农艺性状

在多年观察的基础上, 2006年春季考察双亲材料的形态学特性, 主要包括功能叶长和叶宽、分枝数、商品果果柄长、第1雌花节位、商品果长和果直径及单瓜质量。成株期测量主茎中部3片叶的纵径和横径, 取平均数; 成株期统计长度超过10 cm侧枝, 计为分枝数; 在雌花开花前调查第1雌花节位, 以第1片真叶所在节位为第1节位, 以此为基数计算第1雌花所在的节位数^[6]; 取盛果期生长正常的商品瓜, 测量果纵径和横径及单瓜质量、

果柄长。

1.3 第1雌花节位

在雌花开放前调查L001×L023组合6个世代所有植株的第1雌花节位。

1.4 植物数量性状混合遗传模型

本试验为缩小环境误差对遗传分析的影响, 将所调查到的数据进行对数转换后, 采用盖钧镒等的多世代联合的数量性状分离分析II—P₁、P₂、F₁、B₁、B₂和F₂联合分析方法研究各组合6个世代的第1雌花节位的数量性状^[4]。研究获得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24种遗传模型的极大似然函数值和AIC(Akaike's Information Criterion, AIC)值。根据AIC准则, 初步选定AIC值最小的适合模型, 对个备选模型的选优是在进行一组适应性检验(包括均匀性检验、Smirnov检验和Kolmogorov检验)后, 选择统计量达到显著水平个数较少的模型为最优模型。植物数量性状主基因+多基因遗传体系的分离分析软件由南京农业大学国家大豆改良中心提供。

2 结果与分析

2.1 农艺性状

由表1可知, L001(P₁)和L023(P₂)在除第1雌花节位外的部分农艺性状方面也有较大差异; F₁单瓜质量有一定的杂种优势、其他性状介于双亲之间, 表现出一定的超中优势, 但没有达到超亲优势; F₁第1雌花节位有一定的负向优势。

2.2 亲本及F₁第1雌花节位的表现

整理亲本及各世代第1雌花节位表现数据, 其平均数及标准差列于表2。从表2可知, F₁第1雌花节位平均值为5.5, 低于两亲本的平均值(7.1), 接近低值亲本的平均值(5.3)。由此可见, L001×L023组合第1雌花节位的遗传表现出一定的负向杂种优势。

表1 L001×L023组合双亲的部分农艺性状

Table 1 Some agronomic features in the cross of L001×L023

材料	叶长 (cm)	叶宽 (cm)	分枝数 (个)	第1雌花节位 (节)	果柄长 (cm)	果长 (cm)	果直径 (cm)	单瓜质量 (cm)
P ₁	27.9	37.7	8.3	5.1	19.4	69.3	2.86	168.7
P ₂	23.2	32.7	3.5	8.9	23.9	17.8	3.4	157.0
F ₁	25.5	35.3	5.4	5.5	22.6	42.9	3.19	169.3

表 2 L001×L023 组合 6 个世代第 1 雌花节位的次数分布

Table 2 Frequency distribution of the first female flower node in 6 generations derived from the cross of L001×L023

世代	节位(株)										平均节位 (个)	标准差	总株数(株)
	3	4	5	6	7	8	9	10	11				
P ₁	2	6	12	12						5.1	1.00	32	
P ₂					3	9	12	11		8.9	0.96	35	
F ₁	3	5	25	21	7	2	1			5.5	1.14	64	
B ₁	7	8	49	30	10	45	3			6.2	1.54	152	
B ₂					4	47	37	18	33	6	8.3	1.32	145
F ₂	5	8	36	21	15	24	36	12	3	7.0	2.01	160	

2.3 6 个世代第 1 雌花节位的次数分布及最适宜的遗传模型

从表 2 可知, B₁、B₂ 和 F₂ 世代的第 1 雌花节位的次数呈多峰和准连续分布, 说明普通丝瓜第 1 雌花节位的遗传是数量性状遗传且由主基因控制, 适宜用数量性状遗传理论来进行分析^[4]。

采用盖钩锰等^[4]的方法初步选定 AIC 值最小的 D-1、D-2 和 E-1-3 模型为 L001×L023 组合第 1 雌花节位的适合模型, 其 AIC 值分别为 -532.217、-534.219 和 -527.230。D-1 为 1 对加性-显性主基因+加性-显性多基因模型, D-2 为 1 对加性主基因+加性-显性多基因模型, E-1-3 为 2 对加性主基因+加性-显性多基因遗传模型。这 3 个模型均属主基因+多基因范畴。可见, L001×L023 组合第 1 雌花节位的遗传受主基因和多基因共同控制。

对上述 3 个备选模型的选优是在进行一组适合性检验后, 选择统计量达到显著水平个数较少的模

型作为最优模型。在 6 个世代的 30 个统计量中, D-1、D-2 和 E-1-3 模型分别有 13、14 和 9 个统计量达到显著水平(数据未列出), 说明 E-1-3 模型更优。因此, E-1-3 模型为 L001×L023 组合第 1 雌花节位遗传的最优模型。即 2 对加性主基因+加性-显性多基因遗传模型。

2.4 普通丝瓜第 1 雌花节位的遗传效应

从表 3 结果可知, 控制 L001×L023 组合第 1 雌花节位遗传的 2 对主基因都没有显性效应, 2 对主基因之间的互作也不表达; 2 对主基因均为加性效应; 多基因的加性效应明显(-0.128), 显性效应不明显(-0.078), 多基因显性度([h]/[d])为 0.609, 为部分显性。L001×L023 组合分离世代第 1 雌花节位主基因遗传率 9.01%~61.88%, 多基因遗传率 0~45.44%。第 1 雌花节位的遗传率达到了 53.45%~61.88% (主基因遗传率+多基因遗传率), 且以加性效应为主。

表 3 L001×L023 组合第 1 雌花节位遗传参数估计值

Table 3 Estimated genetic parameters of the first female flower node derived from the cross of L001×L023

一阶参数	估计值	二阶参数	估计值		
			B ₁	B ₂	F ₂
m(6 世代群体平均值)	0.8345	σ_p^2	0.0102	0.0121	0.0113
da(主基因 a 加性效应值)	0.0654	σ_{mg}^2	0.0009	0.0075	0.0049
db(主基因 b 加性效应值)	-0.0460	σ_{pg}^2	0.00462	0	0.00175
[d](多基因加性效应值)	-0.1280	σ_e^2	0.0046	0.0046	0.0046
[h](多基因显性效应值)	-0.0780	$h_{mg}^2(\%)$	9.01	61.88	43.35
		$h_{pg}^2(\%)$	45.44	0	15.56
		σ_e^2/σ_p^2	0.4510	0.3802	0.4071

3 讨论

3.1 环境对普通丝瓜第 1 雌花节位遗传的影响

关佩聪等研究认为光周期和温度能显著影响普

通丝瓜第 1 雌花节位的升高和降低^[3]。笔者^[6]在生产过程中发现同一普通丝瓜品种(如江蔬 1 号丝瓜)的幼苗和营养生长期在不同的自然日照条件下, 长日照不但能显著提高第 1 雌花节位(也显著

提高了第1雄花节位), 而且能显著提高开放的第1朵雌、雄花节位(一般不是第1雌、雄花节位), 却显著缩短了第1雌、雄花从出苗到开放所需时间(雄花4~54 d、雌花6~59 d), 同时高温强化了长日照促进雄、雌花提早开放的效果, 雌、雄花的形成和以后的发育所需的条件不一致, 说明环境对雌、雄花的影响比较复杂。

本试验中环境方差占总表型方差(σ_e^2/σ_p^2)的比例较高(38.01%~45.09%), 进一步验证了环境对普通丝瓜第1雌花节位的遗传影响较大; 同时3个分离世代的第1雌花节位次数呈准连续分布, 证明普通丝瓜第1雌花节位是数量性状, 且遗传不稳定。因此在普通丝瓜种植过程中, 不同地区、季节和年份间种植要考虑到光周期、温度等生态环境因素的影响, 不要盲目引种, 进行生态育种应为较好的选择。

3.2 普通丝瓜早熟品种育种的策略

第1雌花节位是影响普通丝瓜早期产量的最主要因素之一^[1], B_1 、 B_2 和 F_2 世代的第1雌花节位的次数呈多峰分布, 说明普通丝瓜第1雌花节位的遗传有主基因控制, 与数量性状混合遗传模型得到的结论相一致。

本试验结果表明第1雌花节位的遗传率较高, 且以加性效应为主。在普通丝瓜早熟品种选育过程中, 对第1雌花节位进行人工定向选择具有较为明显的效果, 且宜在早世代选择。同时其早熟性不太可能通过杂优育种来实现, 因此定型品种的选择也是一条有效的途径; 在 F_1 代早熟育种中, 除考虑单瓜质量等因素外, 双亲都应选择早熟性好的材料, 即以第1雌花节位较低的材料作为双亲, 才能提高早熟育种效率。

考虑到环境因素对第1雌花节位的遗传影响较大, 在双亲第1雌花节位的遗传基本稳定之后, 每次扩繁还要不断地对其第1雌花节位进行筛选。

3.3 植物数量性状混合遗传模型分析方法

植物数量性状主基因+多基因遗传体系分析方法能分析主基因与多基因的存在及其效应, 目前该方法已在大豆、油菜、玉米、水稻、辣椒等作物的多个性状遗传研究中得到应用, 弥补了孟德尔经典方法的不足^[5]。本研究首次将植物数量性状主基因+多基因遗传体系分析方法应用于普通丝瓜第1雌花节位遗传分析, 比较好地解释了育种过程中, 人工选择对早熟性的提高有较好的效果, 同时其早熟性受环境影响大、不太稳定、要不断选择的原因。

普通丝瓜第1雌花节位遗传率不太高、不稳定, 可能与其主基因间及主基因与多基因间遗传效应有正、负之分, 相互间有抵消作用有关, 同时基因的表达除受温度、光照影响外, 可能还与植物生长物质^[7~8]的调控有关, 具体的原因还有待进一步的研究。

参考文献:

- [1] 袁希汉, 汪玉清, 侯喜林, 等. 丝瓜主要农艺性状的相关及通径分析 [J]. 江苏农业学报, 2006, 22 (1): 64~67.
- [2] 苏小俊, 陈劲枫, 袁希汉, 等. 普通丝瓜雌花节率与早熟性的相关性研究 [J]. 中国蔬菜, 2005 (9): 23~24.
- [3] 关佩聪. 丝瓜的光周期反应 [J]. 园艺学报, 1990, 17 (2): 126~132.
- [4] 盖钧镒, 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: 224~260.
- [5] 陈学军, 陈劲枫, 方荣, 等. 辣椒始花节位遗传研究 [J]. 园艺学报, 2006, 33 (1): 152~154.
- [6] 苏小俊, 陈劲枫, 卢成苗, 等. 光周期和温度对江蔬一号丝瓜花芽发生和发育的影响 [J]. 江苏农业科学, 2007 (2): 95~97.
- [7] 汪俏梅, 曾广文. 高等植物性别分化研究 [J]. 植物杂志, 1994, 6: 11~12.
- [8] 谭云峰, 苏小俊, 宋波, 等. 普通丝瓜性别分化的化学调控 [J]. 江苏农业学报, 2006, 22 (4): 439~442.

(责任编辑: 翁志辉)