

薄凯亮,沈佳,钱春桃,等.‘北京截头’×西双版纳黄瓜重组自交系群体重要农艺性状的遗传分析[J].南京农业大学学报,2011,34(3):20-24

‘北京截头’×西双版纳黄瓜重组自交系群体 重要农艺性状的遗传分析

薄凯亮,沈佳,钱春桃,宋慧,陈劲枫*

(南京农业大学作物遗传与种质创新国家重点实验室/园艺学院,江苏 南京 210095)

摘要:利用‘北京截头’黄瓜×西双版纳黄瓜产生的永久性重组自交系(RIL)群体124个株系,对其苗期株高、第一雌花节位、第一分枝节位、初级分枝数、瓜长、瓜把长、瓜横径、瓜肉厚、瓜腔直径和单瓜重等10个重要农艺性状进行方差分析、相关分析和多元逐步回归分析以及通径分析。结果表明:这些性状在重组自交系群体中均存在双向超亲分离,分布频率大致接近正态分布。10个农艺性状在双亲之间均存在显著或极显著差异。瓜长和瓜横径均与单瓜重具有极显著相关关系,并解释了单瓜重89.0%的表型变异。瓜横径和瓜肉厚对单瓜重的通径分析与相关分析结果之间存在较大差异,表明通径分析更有利于解释性状之间的内在关系。

关键词:黄瓜;重组自交系;农艺性状;相关分析;回归分析;通径分析

中图分类号:Q945.78

文献标志码:A

文章编号:1000-2030(2011)03-0020-05

Genetic analysis of the important agronomic traits on ‘Beijingjietou’ × Xishuangbanna cucumber recombinant inbred lines

BO Kai-liang, SHEN Jia, QIAN Chun-tao, SONG Hui, CHEN Jin-feng*

(State Key Laboratory of Crop Genetics and Germplasm Enhancement/College of Horticulture,
Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China)

Abstract: Some important agronomic traits including seedling stage plant height, the first female flower node position, the first branch node, primary branch number, fruit length, fruit neck length, fruit diameter, flesh thickness, fruit cavity diameter and single fruit weight were investigated by using a set of 124 RIL population derived from an elite hybrid cross of ‘Beijingjietou’ × Xishuangbanna cucumber in variance analysis, correlation analysis, stepwise regression analysis and path analysis. The results showed that the tremendous transgressive segregation for all traits was observed in the population and the frequency of these traits was approximately normally distributed. All traits between parents showed significant differences. The correlations between fruit length, fruit diameter and single fruit weight were significant, and these four traits contributed 89.0% of genetic variation of the single fruit weight. The path coefficient and correlation coefficient between panicle fruit, flesh thickness and single fruit weight were different, which showed that the path coefficient was more beneficial to explanation of their relation.

Key words: cucumber; recombinant inbred line; agronomic trait; correlation analysis; stepwise regression analysis; path analysis

对黄瓜主要农艺性状的遗传已经进行了一些研究,研究方法主要包括遗传力分析^[1-2]、配合力分析^[3-4]、相关分析和通径分析^[5]等,研究材料多为非永久性群体和黄瓜自交系,研究内容主要集中在单株产量及其构成因子等方面,并且发现单瓜重对单株产量的形成有重要作用^[6];但关于单瓜重及其构成因子等相关性状的遗传分析还没有系统的研究报告。同时,前人只针对少数性状进行了初步的遗传分析,而未对黄瓜生长发育过程中所涉及的重要农艺性状的遗传变异及其相关关系等进行全面的研究,这就大大降低了遗传分析数据在育种实践中的应用价值。农艺性状之间的相关关系是表型选择的重要参考指标,而表型选择又是黄瓜育种实践中的有利工具;因此,对诸多农艺性状进行遗传评价将会加速黄瓜育种的进程。

本文以黄瓜半野生变种——西双版纳黄瓜和普通栽培黄瓜‘北京截头’为双亲构建的永久性重组自交系(RIL)群体为材料,研究和评价苗期株高、第一雌花节位、第一分枝节位、初级分枝数、瓜长、瓜把长、

收稿日期:2010-04-14

基金项目:国家自然科学基金项目(30972007);江苏省科技基础设施建设计划项目(BM2008008)

作者简介:薄凯亮,博士研究生。*通讯作者:陈劲枫,教授,从事蔬菜遗传育种与生物技术研究,E-mail:jfchen@njau.edu.cn。

瓜横径、瓜肉厚、瓜腔直径、单瓜重等农艺性状的遗传变异及其相关性,为这些数量性状育种、QTL精细定位以及分子遗传学研究提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 供试材料

‘北京截头’黄瓜:华北型黄瓜新品种选育的骨干亲本,苗期植株较高、寡分枝、果型细长、果实表面带密刺、成熟果实表皮为绿色,实验室高代自交保存。

西双版纳黄瓜:原产于我国云南西双版纳地区的珍贵黄瓜变种,耐弱光、苗期植株矮壮、多分枝、果型短粗、果实表面光滑、成熟果实表皮为棕红色,实验室高代自交保存。

1.2 群体构建与田间设计

2005年春季于南京农业大学温室内进行杂交获得 F_1 ,其中以西双版纳黄瓜作为父本,‘北京截头’黄瓜作为母本。2006年至2009年通过单粒传的方式获得了一套包括124个稳定株系的永久重组自交系群体(F_7)。

2009年8月10日,于南京农业大学江浦试验站选择土壤条件一致的塑料大棚种植重组自交系群体及其双亲(‘北京截头’黄瓜和西双版纳黄瓜)。大棚所在地块的前茬作物为小麦,于2008年春季改建为塑料大棚种植黄瓜,且采用黄瓜与大豆轮作的栽培方式来排除连作障碍。试验采用随机区组设计,2次重复,小区长3.0 m、宽0.8 m,每个小区种植14株黄瓜,采用统一的浇水(滴灌)、施肥等田间栽培管理措施,使植株在均匀一致的环境条件下生长。

1.3 测量与分析方法

重组自交系的全部植株及其双亲均采用单株自交的方式留瓜,且每个植株座1个瓜,从同一株系的14株中选取10株正常座瓜的植株进行苗期株高、第一雌花节位、第一分枝节位、初级分枝数、老熟瓜的瓜长、瓜把长、瓜横径、瓜肉厚、瓜腔直径和单瓜重等农艺性状的调查。其中,苗期株高的数据采集于植株的第5片真叶全部展开时期,采集时间为9月20日。授粉50 d后调查老熟瓜的相关性状。各性状的具体记载方法参照《黄瓜种质资源描述规范和数据标准》^[7]。利用SPSS 16.0软件中的方差分析、相关分析、逐步回归分析和通径分析程序对上述性状数据进行统计分析,各性状的数据均为小区内的平均值。

2 结果与分析

2.1 亲本及重组自交系(RIL)群体主要农艺性状的评价

RIL群体及其双亲的主要农艺性状表现见表1。方差分析表明,试验所调查的10个农艺性状在双亲之间均达到了显著或极显著差异。同时,供试材料之间也存在着较大的性状差异,变异范围较大。群体间变异系数最大的为初级分枝数(54.3%),其次为瓜把长(47.1%),再次为单瓜重(45.7%),而变异系数最

表1 亲本和重组自交系群体主要农艺性状的表现与分布

Table 1 Performance and distributions of agronomic traits in the RIL population and its parents

性状 Trait	亲本 Parent			重组自交系 RIL				
	北京截头 Beijingjietou	西双版纳 Xishuangbanna	F 值 F value	$\bar{x} \pm SD$	变异系数/% Variation coefficients	变异范围 Range	偏度 Skewness	峰度 Kurtosis
苗期株高/cm PH	27.9	10.7	65.9**	16.0±6.6	41.3	6.1~31.8	0.54	-0.24
第一雌花节位 1st FFNP	10.3	14.3	17.4**	13.5±5.6	41.5	5.0~28.7	0.71	0.23
第一分枝节位 1st BN	4.4	3.0	7.9*	5.1±2.1	41.2	1.0~11.1	0.63	0.73
初级分枝数 PBN	5.8	16.1	49.1**	7.0±3.8	54.3	0.5~16.6	0.34	-0.28
瓜长/cm FL	52.3	28.4	40.9**	29.6±7.3	24.7	16.2~47.8	0.28	-0.36
瓜把长/cm FNL	12.2	2.8	158.1**	3.4±1.6	47.1	1.4~7.2	0.81	-0.23
瓜横径/cm FD	6.7	12.5	70.8**	7.2±1.4	19.4	4.9~11.5	0.69	0.81
瓜肉厚/cm FT	1.6	2.7	10.8**	1.5±0.4	26.7	0.8~2.8	0.44	0.29
瓜腔直径/cm FCD	3.4	7.2	39.0**	4.1±1.0	24.4	1.4~6.9	0.08	-0.07
单瓜重/kg SFW	1.6	1.1	35.5**	1.1±0.5	45.7	0.2~2.9	0.47	0.62

注:1) *和**分别表示5%和1%的显著水平。* and ** indicate the significant level at 5% and 1% levels, respectively.

2) PH=Plant height; 1st FFNP=The first female flower node position; 1st BN=The first branch node; PBN=Primary branch number; FL=Fruit length; FNL=Fruit neck length; FD=Fruit diameter; FT=Flesh thickness; FCD=Fruit cavity diameter; SFW=Single fruit weight. The same as follows.

小的为瓜横径(19.4%),各性状的平均变异系数为36.6%,这表明本试验所构建的RIL群体各株系之间存在很大差异,但变异程度因性状不同而异。

各农艺性状的表型值在RIL群体中的分布频率见图1。所有性状均呈连续变异,表明所研究的性状为多基因控制的数量性状。它们的偏度和峰度均小于1(表1),分布频率大致接近正态分布,且存在明显的双向超亲分离。8个性状在RIL群体中的平均表型值介于双亲之间,此外,第一分枝节位在RIL群体中的平均值超过双亲,而瓜肉厚在RIL群体中的平均值小于双亲。

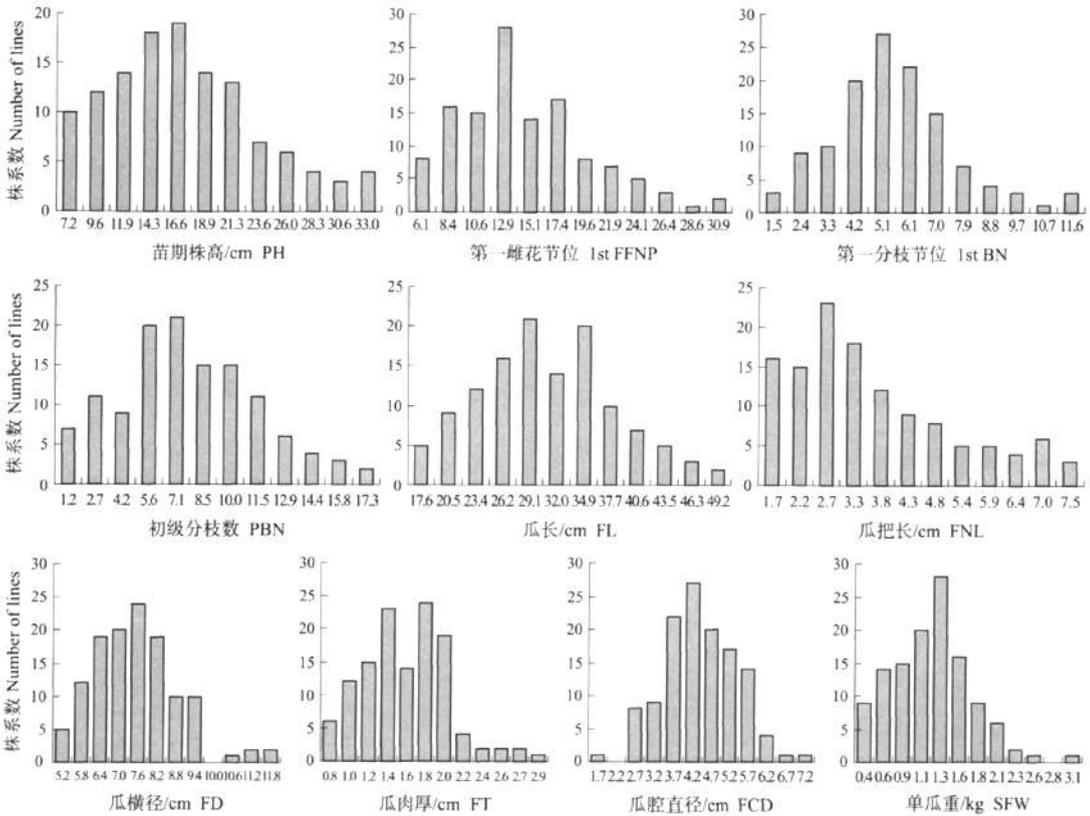


图1 农艺性状在重组自交系中的分布

Fig.1 Frequency distribution of phenotypes for agronomic traits in the recombinant inbred lines

2.2 RIL群体主要农艺性状的相关分析

由表2可见,除了苗期株高、第一雌花节位和初级分枝数外,RIL群体的单瓜重与其他6个农艺性状均具有显著或极显著相关关系,其中与瓜长的相关系数最大,其次是瓜肉厚、瓜把长、瓜横径、瓜腔直径和第一分枝节位。第一雌花节位与第一分枝节位、初级分枝数、瓜长以及瓜腔直径之间也显著或极显著相关。这些性状之间具有复杂的相关关系,通过表型相关分析难以揭示它们之间的遗传关系。

表2 单瓜重及相关性状在RIL群体中的相关分析

Table 2 Correlation coefficients among single fruit weight and related traits in the RIL population

性状 Trait	PH	1st FFNP	1st BN	PBN	FL	FNL	FD	FT	FCD	SFW
PH	1									
1st FFNP	0.041	1								
1st BN	-0.181*	0.211**	1							
PBN	0.108	0.256**	0.009	1						
FL	0.401**	-0.198*	-0.040	-0.062	1					
FNL	0.264**	-0.118	0.041	-0.061	0.591**	1				
FD	0.107	0.050	0.189*	0.061	-0.003	0.345**	1			
FT	0.061	-0.130	0.119	-0.117	0.273**	0.378**	0.651**	1		
FCD	0.116	0.155*	0.169*	0.176*	-0.242**	0.128	0.783**	0.106	1	
SFW	0.135	-0.079	0.162*	-0.053	0.515**	0.468**	0.427**	0.473**	0.173*	1

2.3 RIL 群体单瓜重与农艺性状的逐步回归分析

对单瓜重与苗期株高、第一雌花节位、第一分枝节位、初级分枝数、瓜长、瓜横径等 9 个农艺性状进行多元逐步回归分析,求得回归方程为: $\hat{y} = -1.090 + 0.036X_1 + 0.161X_3$ 。其中, \hat{y} 为单瓜重, X_1 为瓜长, X_3 为瓜横径,该方程可以解释单瓜重 89.0% 的表型变异。瓜长和瓜横径分别解释 55.6% 和 33.4% 的单瓜重的表型变异,这说明瓜长对单瓜重具有重要作用,与相关分析的结果吻合。

2.4 RIL 群体单瓜重与其构成因子的通径分析

表 3 结果表明,瓜长、瓜横径、瓜肉厚(X_4)和瓜把长(X_2)对单瓜重的效应依次减弱,且瓜横径对单瓜重的效应显著大于瓜肉厚和瓜把长的效应,这与相关分析的结果不尽一致。主要是由于瓜把长、瓜横径和瓜肉厚之间存在着极显著的正相关,致使 X_2 通过 X_1 、 X_3 和 X_4 的间接效应总和高达 0.464,因而掩盖了 X_2 对 \hat{y} 的真实作用;同时 X_4 通过 X_1 、 X_2 和 X_3 的间接效应总和高达 0.373,掩盖了 X_4 对 \hat{y} 的真实作用。这都表明相关系数有时会造成一些假象,因此在选择过程中,性状之间表型相关系数及遗传关系复杂,不能仅凭相关系数的大小作为选育依据。通径系数更有利于解释其复杂的表型关系(图 2)。

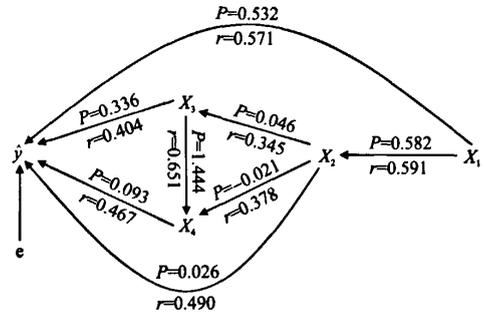


图 2 单瓜重及其构成因子的通径关系
Fig. 2 Path relationship on single fruit weight and its components

表 3 黄瓜瓜长(X_1)、瓜把长(X_2)、瓜横径(X_3)和瓜肉厚(X_4)对单瓜重(\hat{y})的通径分析

Table 3 Path analysis on cucumber single fruit weight with its components

通径组合 Path combination	直接通径系数 Direct path coefficient P_{ni}	间接通径系数 Indirect path coefficient $r_{ij}P_{ni}$	相关系数 Correlation coefficient r_{ni}	通径组合 Path combination	直接通径系数 Direct path coefficient P_{ni}	间接通径系数 Indirect path coefficient $r_{ij}P_{ni}$	相关系数 Correlation coefficient r_{ni}
X_1 对 \hat{y} 直接效应 DE $_{y1}$	0.532			X_3 对 \hat{y} 直接效应 DE $_{y3}$	0.336		
X_1 通过 X_2 的间接效应 IE $_{y12}$		0.015		X_3 通过 X_1 的间接效应 IE $_{y31}$		-0.002	
X_1 通过 X_3 的间接效应 IE $_{y13}$		-0.001		X_3 通过 X_2 的间接效应 IE $_{y32}$		0.009	
X_1 通过 X_4 的间接效应 IE $_{y14}$		0.025		X_3 通过 X_4 的间接效应 IE $_{y34}$		0.061	
总计 Total			0.571	总计 Total			0.404
X_2 对 \hat{y} 直接效应 DE $_{y2}$	0.026			X_4 对 \hat{y} 直接效应 DE $_{y4}$	0.093		
X_2 通过 X_1 的间接效应 IE $_{y21}$		0.314		X_4 通过 X_1 的间接效应 IE $_{y41}$		0.145	
X_2 通过 X_3 的间接效应 IE $_{y23}$		0.115		X_4 通过 X_2 的间接效应 IE $_{y42}$		0.010	
X_2 通过 X_4 的间接效应 IE $_{y24}$		0.035		X_4 通过 X_3 的间接效应 IE $_{y43}$		0.219	
总计 Total			0.490	总计 Total			0.467

Note: DE=Direct effects, IE=Indirect effects

3 讨论

本研究以具有西双版纳黄瓜遗传背景的重组自交系群体为材料,对黄瓜果实的单瓜重及相关性状进行了方差分析、相关分析、逐步回归分析以及通径分析等研究。发现单瓜重与几个主要构成因子的相关顺序由大到小依次为:瓜长、瓜肉厚、瓜把长、瓜横径。而逐步回归分析和通径分析则表明,这些性状对单瓜重的贡献效应由大到小依次为:瓜长、瓜横径、瓜肉厚、瓜把长,这与相关分析的结果不尽一致,回归分析和通径分析之所以能够更加确切地发现性状之间的关系,这可能与杂交后代基因型的偏分离有关,此类结果在水稻研究上也有报道^[8]。此外,西双版纳黄瓜老熟果实的肉质较为致密、紧实,试验选择了果肉同样致密、紧实的‘北京截头’黄瓜与其杂交进行 RIL 群体的构建,以该群体为材料进行单瓜重的遗传分析可以排除肉质对单瓜重的影响。试验结果为黄瓜单瓜重的 QTL 分析奠定了坚实的基础,通过进一步试验有望利用 RIL 群体实现单瓜重的精细定位,这将大大加速黄瓜高产育种的进程。

Chen 等^[9]于 1994 年首次在国际上对西双版纳黄瓜进行了报道,并相继对其细胞学、系统发育学以及多项生理指标对环境胁迫的反应等方面进行了研究^[10-14]。西双版纳黄瓜原产于我国云南西双版纳地区,是一个珍贵的黄瓜半野生变种,它具有耐低温、耐弱光、果型大、单瓜质量大等特点,其老熟果实单瓜重一般 2~3 kg,最大果重 5 kg 左右,且果肉显示橙色^[15],类胡萝卜素含量可达 700 $\mu\text{g}\cdot 100\text{g}^{-1}$,可以直接食用

或作为加工原料,是黄瓜高产育种和品质育种的重要资源。近20多年来,随着黄瓜分子连锁图谱的构建和不断饱和^[16-17],有关产量、品质、抗性以及许多重要农艺性状的 QTL 定位已经取得了一定进展^[18-20]。株系间变异大、株系内性状稳定的典型性状群体是 QTL 作图的基础。黄瓜 QTL 定位的群体类型已经从 F₂ 群体逐渐发展成为 RIL 群体,但是群体双亲的选择多集中在生态型以及品种之间的差异^[21],双亲间亲缘关系较近,DNA 多态性欠丰富,同时黄瓜的遗传基础较为狭窄,遗传多样性水平低^[22-23],这就使得黄瓜 QTL 精细定位研究发展十分缓慢。因此,利用一些亲缘关系较远的亲本杂交所产生的群体进行评价或 QTL 定位,也许将更有利于黄瓜的育种研究。

西双版纳黄瓜与‘北京截头’黄瓜亲缘关系较远,各性状在其后代重组自交系群体中均发生了剧烈分离,同时也获得了一些农艺性状优良、单瓜重显著增加的株系,它们具有苗期株高较低,第一雌花节位较低,初级分枝数较少,瓜长、瓜横径和瓜肉厚均较 F₁ 显著增加,瓜把长和瓜腔直径都明显小于 F₁ 等有利于黄瓜育种的特点。通过进一步试验,可育成一系列携带有西双版纳黄瓜优良性状的骨干亲本材料。由此可见,重组自交系的构建过程本身也是一个不断选育优异材料的过程。

参考文献:

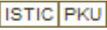
- [1] 郭凤鸣,刘永香. 黄瓜几种主要经济性状相对遗传力的初步分析[J]. 吉林农业大学学报,1981(3):5-8
- [2] 赵庆媛,白波. 春大棚黄瓜主要产量性状遗传力的初步研究[J]. 吉林农业科学,1996(3):34-35
- [3] 崔鸿文,邓军均. 黄瓜亲本自交系几个数量性状配合力及其遗传分析[J]. 西北农业大学学报,1987,15(3):63-71
- [4] 王玉怀,崔日山. 大棚春黄瓜主要农艺性状的配合力分析[J]. 东北农学院学报,1989,20(1):18-27
- [5] 何欢乐,蔡润,潘俊松. 单性结实黄瓜主要农艺性状的遗传相关和通径分析[J]. 北方园艺,2005(6):54-55
- [6] 曹齐卫,张卫华,王志峰,等. 黄瓜产量性状的 Hayman 遗传分析[J]. 西北农业学报,2008,17(5):252-256
- [7] 李锡香,朱德蔚,杜永臣,等. 黄瓜种质资源描述规范和数据标准[M]. 北京:中国农业出版社,2005
- [8] Xiao J, Li J, Yuan L, et al. Identification of QTLs affecting traits of agronomic importance in a recombinant inbred population derived from a sub-specific rice cross[J]. Theor Appl Genet, 1996, 92:230-244
- [9] Chen J F, Zhang S L, Zhang X G. The Xishuangbanna gourd (*C. sativus* L. var. *xishuangbannanensis* Qi et Yuan), a traditionally cultivated plant of the Hanai people, Xishuangbanna, Yunnan, China[C]. Cucurbit Genetics Cooperative Report, 1994, 17:18-20
- [10] 钱春桃,陈劲枫,娄群峰,等. 黄瓜花粉母细胞减数分裂行为的研究[J]. 武汉植物学研究,2003,21(3):193-197
- [11] 陈劲枫,庄飞云,逯明辉,等. 采用 SSR 和 RAPD 标记研究黄瓜属(葫芦科)的系统发育关系[J]. 植物分类学报,2003,41(5):427-435
- [12] 庄飞云,陈劲枫. 黄瓜栽培种、近缘野生种、种间杂种及其回交后代的 RAPD 分析[J]. 园艺学报,2003,30(1):47-50
- [13] Zhuang F Y, Chen J F, Staub J E, et al. Assessment of genetic relationship among *Cucumis* spp. by SSR and RAPD marker analysis[J]. Plant Breeding, 2004, 123:167-172
- [14] 杨黄桂,娄群峰,庄勇,等. 黄瓜幼苗热胁迫响应基因的分离[J]. 生态学杂志,2007,26(7):1034-1037
- [15] 戚春章,袁珍珠,李玉湘. 黄瓜新类型——西双版纳黄瓜[J]. 园艺学报,1983,10(4):259-264
- [16] Yuan X J, Pan J S, Cai R, et al. Genetic mapping and QTL analysis of fruit and flower related traits in cucumber (*Cucumis sativus* L.) using recombinant inbred lines[J]. Euphytica, 2008, 164:473-491
- [17] Ren Yi, Zhang Zhonghua, Liu Jinhua, et al. An integrated genetic and cytogenetic map of the cucumber genome[J]. Plosone, 2009, 4(6):1-8
- [18] Serquen F C, Bacher J, Staub J E. Mapping and QTL analysis of horticultural traits in a narrow cross in cucumber (*Cucumis sativus* L.) using random-amplified polymorphic DNA markers[J]. Molecular Breeding, 1997, 3:257-268
- [19] Fazio G, Staub J E, Stevens M R. Genetic mapping and QTL analysis of horticultural traits in cucumber (*Cucumis sativus* L.) using recombinant inbred lines[J]. Theor Appl Genet, 2003, 107:864-874
- [20] Li Zheng, Pan Junsong, Guan Yuan, et al. Development and fine mapping of three co-dominant SCAR markers linked to the *M/m* gene in the cucumber plant (*Cucumis sativus* L.) [J]. Theor Appl Genet, 2008, 117:1253-1260
- [21] 张洁,陈学好,张海英. 黄瓜遗传图谱研究进展[J]. 分子植物育种,2006,4(3):23-29
- [22] Knerr L D, Staub J E, Holder D J, et al. Genetic diversity in *Cucumis sativus* L. assessed by variation at 18 allozyme coding loci[J]. Theor Appl Genet, 1989, 78:119-128
- [23] Dijkhuizen A, Kennard W C, Havey M J, et al. RFLP variation and genetic relationships in cultivated cucumber[J]. Euphytica, 1996, 90:79-87

责任编辑:范雪梅

遗传分析

作者: [薄凯亮](#), [沈佳](#), [钱春桃](#), [宋慧](#), [陈劲枫](#), [BO Kai-liang](#), [SHEN Jia](#), [QIAN Chun-tao](#),
[SONG Hui](#), [CHEN Jin-feng](#)

作者单位: [南京农业大学作物遗传与种质创新国家重点实验室/园艺学院, 江苏, 南京, 210095](#)

刊名: [南京农业大学学报](#) 

英文刊名: [JOURNAL OF NANJING AGRICULTURAL UNIVERSITY](#)

年, 卷(期): 2011, 34(3)

本文链接: http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_njnydxxb201103004.aspx