

## 雌雄同株黄瓜单性结实性遗传分析

闫立英<sup>1,2</sup>, 娄丽娜<sup>1</sup>, 李晓丽<sup>2</sup>, 娄群峰<sup>1</sup>, 冯志红<sup>2</sup>, 陈劲枫<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>南京农业大学园艺学院/作物遗传与种质资源创新国家重点实验室, 南京 210095; <sup>2</sup>河北科技师范学院园艺园林系, 河北昌黎 066600)

**摘要:**【目的】分析雌雄同株黄瓜单性结实性的主基因+多基因混合遗传特点, 为选育强单性结实雌雄同株黄瓜品种提供理论依据。【方法】通过强单性结实雌雄同株黄瓜自交系‘6457’与非单性结实自交系‘6429’和‘6426’构建的6个世代群体, 应用植物数量性状主基因+多基因联合分离分析方法, 分析不同遗传背景和季节雌雄同株黄瓜单性结实性遗传表现。【结果】雌雄同株黄瓜单性结实性遗传受2对主基因+多基因控制(E-1-0, E-1-2)。两主基因的加性效应值均较大, B<sub>1</sub>、B<sub>2</sub>、F<sub>2</sub>主基因遗传率分别为72.2%—88.8%、52.5%—93.1%、88.6%—95.4%, 相应的多基因遗传率分别为0—11.2%、0—43.1%、0—1.5%。【结论】强单性结实性雌雄同株黄瓜品种选育以双亲均为强单性结实为宜, 常规杂交育种早期世代选择有效。

**关键词:** 黄瓜; 雌雄同株; 单性结实; 主基因+多基因; 遗传

## Inheritance of Parthenocarpy in Monoecious Cucumber

YAN Li-ying<sup>1,2</sup>, LOU Li-na<sup>1</sup>, LI Xiao-li<sup>2</sup>, LOU Qun-feng<sup>1</sup>, FENG Zhi-hong<sup>2</sup>, CHEN Jin-feng<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>State Key Laboratory of Crop Genetics and Germplasm Enhancement/College of Horticulture, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095; <sup>2</sup>Department of Horticulture and Gardening, Hebei Normal University of Science & Technology, Changli 066600, Hebei)

**Abstract:** 【Objective】 The mixed major gene plus polygenes inheritance of parthenocarpy in monoecious cucumber were studied to provide a theoretical basis for breeding monoecious cucumber varieties of strong parthenocarpy. 【Method】 Using the model of the major gene plus polygene of quantitative traits, a joint analysis of six-generations from crossing a highly parthenocarpic monoecious lines ‘6457’ with two non-parthenocarpic inbred lines ‘6429’ and ‘6426’ was carried out to investigate the inheritance of the parthenocarpy in cucumber in different backgrounds and seasons. 【Result】 The results showed that inheritance of parthenocarpy was controlled by two major genes and polygenes. The additive effects of the two major genes were great. The major gene heritabilities of B<sub>1</sub>, B<sub>2</sub>, and F<sub>2</sub> were 72.2%-88.8%, 52.5%-93.1%, and 88.6%-95.4%, respectively. While the corresponding polygene heritabilities were 0-11.2%, 0-43.1%, and 0-1.5%, respectively. 【Conclusion】 The breeding of monoecious cucumber with highly parthenocarpy should choose parents that both are highly parthenocarpy. Selection of parthenocarpy can be carried out in the earlier generations of conventional crossing breeding.

**Key words:** cucumber; monoecious; parthenocarpy; major gene plus polygene; inheritance

## 0 引言

【研究意义】单性结实性是黄瓜(*Cucumis sativus* L.)生产中与产量和品质密切相关的经济性状, 是保护地专用黄瓜品种选育的主要目标性状, 强单性结实

品种是低温、弱光、无虫媒棚室生产条件下, 实现黄瓜高产、稳产、优质的重要途径。因此, 深入研究分析黄瓜单性结实的遗传特点对指导黄瓜育种实践具有重要意义。【前人研究进展】目前已有的研究多集中于美国加工型<sup>[1-5]</sup>或欧洲温室型<sup>[6-8]</sup>全雌黄瓜单性结实

收稿日期: 2009-03-06; 接受日期: 2009-07-14

基金项目: 国家自然科学基金重点项目(30830079)、国家自然科学基金项目(30671419, 30700541, 30972007)、国家“863”计划专项(2008AA10Z150、2006AA10Z1A8, 2006AA100108)、国家重点基础研究发展计划(2009CB119001-01)、国家支撑计划(2008BADB105, 2006BAD13B06, 2006BAD01A7-5-11)、江苏省高新技术研究计划项目(BG2007301)、河北省自然科学基金项目(C2007000725)

作者简介: 闫立英, 教授, 博士研究生。Tel: 0335-2039297; Fax: 0335-2039297; E-mail: yanliying66@126.com。通信作者陈劲枫, 教授, 博士。Tel: 025-84396279; E-mail: jfchen@njau.edu.cn

性遗传, 由于种植环境、评价指标、所采用的试验方法或统计分析方法的不同导致所得研究结果不同。早期研究认为全雌单性结实性遗传为 1 对不完全显性基因、3 个独立的具有相等加性效应和非等位基因互作的主基因控制的质量性状<sup>[1,6]</sup>。近期多数研究采用经典数量遗传学方法, 认为单性结实性表现为数量性状遗传<sup>[2-5,7-8]</sup>。闫立英等<sup>[9]</sup>采用数量性状主基因+多基因混合遗传模型分析方法<sup>[10]</sup>研究表明, 欧洲温室型全雌单性结实性由 2 对加性-显性-上位性主基因+加性-显性多基因控制。【前人研究进展】而雌雄同株黄瓜单性结实性遗传国内研究报道较少, 最近王莉莉等<sup>[8]</sup>采用完全双列杂交方法研究表明, 雌雄同株黄瓜单性结实遗传符合“加性-显性”模型。而国外虽有报道<sup>[1,6]</sup>, 但均未得出明确结论。de Ponti 等<sup>[6]</sup>认为, 单性结实性与雌性并非独立遗传, 控制单性结实的一个基因和控制雌性的一个基因可能位于同一染色体上。【本研究切入点】中国保护地生产主栽黄瓜品种以雌雄同株长棒的“华北型”品种为主, 已有报道是采用经典数量遗传学方法所得结果, 只能估算基因的总效应, 无法区分主基因和多基因效应。而雌雄同株黄瓜单性结实性的主基因+多基因混合遗传模型分析尚未见报道。【拟解决的关键问题】本试验以雌雄同株强单性结实自交系‘6457’与雌雄同株非单性结实自交系‘6429’和‘6426’为试材, 配制 6 世代联合群体, 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雌雄同株黄瓜单性结实性进行遗传分析, 以期为保护地专用雌雄同株黄瓜新品种选育及种质资源创新提供依据。

## 1 材料与方 法

### 1.1 材 料

以河北科技师范学院黄瓜课题组多代选育雌雄同株型强单性结实自交系‘6457’为母本, 分别与南京农业大学黄瓜课题组多代选育的雌雄同株型非单性结实自交系‘6429’(6457×6429, 简称组合 I)、‘6426’(6457×6426, 简称组合 II) 构建两个 6 世代联合群体 ( $P_1$ 、 $P_2$ 、 $F_1$ 、 $B_1$ 、 $B_2$ 、 $F_2$ )。

### 1.2 试 验 方 法

2006 年春季, 以‘6457’为母本, 分别与父本‘6429’和‘6426’杂交, 获得  $F_1$  的种子; 秋季  $F_1$  单株自交、与双亲回交分别获得  $F_2$  和  $B_1$ 、 $B_2$  的种子。2007 年 3 月 5 日, 将两个群体的 6 个世代的种子分别播种, 4 月 7 日定植于河北科技师范学院日光温室进

行单性结实性鉴定(分别命名为  $I_c$ 、 $II_c$ , 下标‘c’代表春季)。双高垄地膜覆盖栽培, 大行距 80 cm, 小行距 50 cm, 株距 25 cm。 $I_c$  各世代群体样本容量分别为 35 ( $P_1$ )、33 ( $P_2$ )、34 ( $F_1$ )、175 ( $B_1$ )、170 ( $B_2$ )、238 ( $F_2$ );  $II_c$  样本容量分别为 33 ( $P_1$ )、30 ( $P_2$ )、35 ( $F_1$ )、141 ( $B_1$ )、140 ( $B_2$ )、241 ( $F_2$ )。单性结实性鉴定工作于 4 月 18 日开始, 6 月 10 日试验结束。

2007 年 8 月 20 日, 将组合 I 各世代分别播种, 9 月 7 日定植在河北科技师范学院日光温室 ( $I_q$ , 下标‘q’代表秋季), 采用双高垄栽培, 大行距 80 cm, 小行距 50 cm, 株距 25 cm。样本容量分别为 34 ( $P_1$ )、33 ( $P_2$ )、32 ( $F_1$ )、178 ( $B_1$ )、105 ( $B_2$ )、199 ( $F_2$ )。单性结实性鉴定工作于 10 月 18 日开始, 12 月 20 日结束。

单性结实性鉴定方法: 每天下午逐株检查并对次日将开的雌花进行束花隔离, 次日上午挂牌标记雌花节位及开花日期, 花后 8—10 d 调查坐果情况, 在挂牌上注明日期及表现类型:

正常瓜: 花后 8—10 d 能够发育成具有正常商品瓜形状与大小的果实。

化瓜: 花后 5—7 d 子房表现为黄化, 然后脱落或干枯成线状。

僵瓜: 表现为停滞生长或稍有生长而未化瓜的果实, 对僵瓜持续观察至花后 15 d, 直至其成为化瓜或商品瓜。

尖嘴瓜: 瓜把处正常膨大而瓜顶部发育速度极慢而呈尖嘴状, 失去商品性。

试验结束后, 逐株逐牌调查统计单株单性结实坐果情况, 计算单株单性结实坐果率(正常瓜数/标记雌花数×100%), 用单株单性结实坐果率表示单性结实性的强弱<sup>[6]</sup>。

### 1.3 统 计 分 析

对各世代单株单性结实坐果率进行反正弦转换<sup>[10]</sup>。采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<sup>[10]</sup>, 通过极大似然法(maximum likelihood method)和 IECM 算法(iterated expectation and conditional maximization)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, AIC)选择 AIC 值最小或较小的 1 个或几个备选模型, 再通过一组适合性测验( $U_1^2$ 、 $U_2^2$ 、 $U_3^2$ 、 $nW^2$  和  $D_n$ )选择统计量达到显著水平个数最少的模型作为最优模型, 并估计主基因

和多基因效应值、方差等遗传参数<sup>[12-17]</sup>。分析软件由南京农业大学国家大豆改良中心提供。

## 2 结果

### 2.1 各组合 6 个世代单性结实性的次数分布

表 1 各组合 6 世代单性结实坐果率的次数分布

Table 1 Frequency of the parthenocarpic fruit setting percentage in six generations

组合 Crosses	世代 Generations	单性结实坐果率的次数分布 Frequency of the parthenocarpic fruit setting percentage (%)										总株数 Total	单性结实坐果率均值 Average (%)	
		≥0	≥10	≥20	≥30	≥40	≥50	≥60	≥70	≥80	≥90			
I <sub>c</sub>	P <sub>1</sub>											35	35	100.0
	P <sub>2</sub>	33										33	0	
	F <sub>1</sub>			1	2	3	5	9	5	9		34	64.0	
	F <sub>2</sub>	22	5	17	19	14	34	29	18	38	42	238	58.6	
	B <sub>1</sub>						3	10	5	41	116	175	92.7	
	B <sub>2</sub>	102	19	15	16	7	6	2	2	1	0	170	13.3	
II <sub>c</sub>	P <sub>1</sub>									1	32	33	99.5	
	P <sub>2</sub>	27	0	1	1	0	1					30	3.6	
	F <sub>1</sub>							2	8	10	15	35	87.3	
	F <sub>2</sub>	3	1	9	4	5	18	37	17	43	104	241	79.1	
	B <sub>1</sub>								1	3	25	112	141	96.2
	B <sub>2</sub>	19	5	16	14	15	16	17	6	12	20	140	49.2	
I <sub>q</sub>	P <sub>1</sub>							6	7	2	19	34	87.5	
	P <sub>2</sub>	33										33	0	
	F <sub>1</sub>	7	9	14	2							32	18.0	
	F <sub>2</sub>	66	17	16	14	21	26	19	9	6	5	199	30.9	
	B <sub>1</sub>	6	10	28	23	13	26	31	10	12	19	178	51.4	
	B <sub>2</sub>	64	3	6	5	3	14	4	1		5	105	19.3	

I<sub>c</sub>: '6457'×'6429', 春季播种; II<sub>c</sub>: '6457'×'6426', 春季播种; I<sub>q</sub>: '6457'×'6429', 秋季播种。下同

I<sub>c</sub>: '6457'×'6429', Spring seeding; II<sub>c</sub>: '6457'×'6426', Spring seeding; I<sub>q</sub>: '6457'×'6429', Fall seeding. The same as below

### 2.2 主基因+多基因遗传模型确定

用植物数量性状主基因+多基因混合遗传模型的多世代联合分析方法对各组合的 6 个世代群体单性结实性进行分析, 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 值。根据 AIC 准则, 选择 AIC 值较小且相近的为备选遗传模型(表 2)。B-1-2 和 E-1-2 为组合 I<sub>c</sub> 的备选模型, E-1-0 和 E-1-2 为 II<sub>c</sub> 的备选模型, E-1-1 与 E-1-0 为组合 I<sub>q</sub> 的备选模型。

对以上备选模型的选优是在一组(U<sub>1</sub><sup>2</sup>、U<sub>2</sub><sup>2</sup>、U<sub>3</sub><sup>2</sup>、nW<sup>2</sup>和 D<sub>n</sub>) 适合性检验中, 选择统计量达到显著水平

由表 1 可知, I<sub>c</sub>、II<sub>c</sub> 组合 F<sub>1</sub> 单性结实性均趋向于单性结实亲本, 而 I<sub>q</sub> 的 F<sub>1</sub> 单性结实性均趋向于非单性结实亲本。F<sub>2</sub>、B<sub>1</sub>、B<sub>2</sub> 单株单性结实坐果率次数分布表现为连续变异, 为双峰或多峰的混合分布, 呈明显的主基因+多基因遗传特征。

表 2 各组合单性结实性不同遗传模型的 AIC 值

Table 2 The AIC values of different genetic models of parthenocarpy from the crosses

组合 Crosses	模型 Models	极大似然值 Max likelihood value	AIC 值 AIC value
I <sub>c</sub>	B-1-2	-2644.70	5301.40
	E-1-2	-2640.44	5302.87
II <sub>c</sub>	E-1-0	-2486.32	5008.65
	E-1-2	-2498.02	5018.04
I <sub>q</sub>	E-1-0	-2472.61	4981.22
	E-1-1	-2485.06	5000.11

个数最少的模型作为最优模型(表3)。由表3可知,  $I_c$  组合的备选模型 B-1-2 和 E-1-2 达到显著水平的统计量分别为 24 个和 21 个, 因此, E-1-2 模型为  $I_c$  最优模型, 即单性结实性受 2 对加性-显性主基因+加性-显性多基因控制;  $II_c$  组合的备选模型 E-1-0 和 E-1-2

达到显著水平的统计量分别为 18 个和 24 个,  $I_q$  组合的备选模型 E-1-0 和 E-1-1 达到显著水平的统计量分别为 17 个和 21 个。在  $II_c$  和  $I_q$  组合的 E-1-0 模型达到显著水平的统计量个数最少,  $II_c$  和  $I_q$  的最优模型为 E-1-0, 即单性结实性受 2 对加性-显性-上位性主基

表 3 遗传模型的适合性检验

Table 3 Test for goodness-of-fit about genetic model of parthenocarp

组合 Crosses	模型 Models	世代 Generations	$U_1^2$	$U_2^2$	$U_3^2$	$nW^2$	$D_n$
$I_c$	E-1-2	$P_1$	29.379* (0.0000)	30.401* (0.0000)	1.128(0.2881)	5.3649* (<0.05)	0.7645* (<0.05)
		$F_1$	2.764(0.0964)	0.001(0.9809)	42.706* (0.0000)	1.0008* (<0.05)	0.3576* (<0.05)
		$P_2$	0.005(0.9441)	2.800(0.0943)	41.238* (0.0000)	2.7504* (<0.05)	0.5035* (<0.05)
		$B_1$	30.907* (0.0000)	22.475* (0.0000)	6.595* (0.0102)	7.4527* (<0.05)	0.4344* (<0.05)
		$B_2$	68.738* (0.0000)	60.684* (0.0000)	0.903(0.3420)	8.073* (<0.05)	0.3774* (<0.05)
		$F_2$	0.027(0.8691)	0.095(0.7573)	0.358(0.5498)	0.7748* (<0.05)	0.1244* (<0.05)
$II_c$	E-1-0	$P_1$	0.527(0.4678)	0.495(0.4816)	31.661* (0.0000)	2.5543* (<0.05)	0.5230* (<0.05)
		$F_1$	1.157(0.2822)	3.569(0.0589)	137.394* (0.0000)	2.5258* (<0.05)	0.4749* (<0.05)
		$P_2$	6.216* (0.0127)	9.638* (0.0019)	7.631* (0.0057)	2.6095* (<0.05)	0.6098* (<0.05)
		$B_1$	0.192(0.6616)	2.403(0.1211)	62.337* (0.0000)	5.9917* (<0.05)	0.3977* (<0.05)
		$B_2$	0.050(0.8237)	0.357(0.5500)	2.336(0.1264)	0.4636* (<0.05)	0.1124(>0.05)
		$F_2$	2.275(0.1314)	0.346(0.5563)	12.171* (0.0005)	2.0671* (<0.05)	0.2306* (<0.05)
$I_q$	E-1-0	$P_1$	0.898(0.3433)	12.727* (0.0004)	112.361* (0.0000)	2.3428* (<0.05)	0.5190* (<0.05)
		$F_1$	0.002(0.9640)	0.185(0.6673)	3.588(0.0582)	0.2197(>0.05)	0.1876(>0.05)
		$P_2$	0.000(1.0000)	2.578(0.1083)	41.250* (0.0000)	2.7500* (<0.05)	0.5000* (<0.05)
		$B_1$	6.694* (0.0097)	9.364* (0.0022)	4.930* (0.0264)	0.8718* (<0.05)	0.1523* (<0.05)
		$B_2$	0.137(0.7116)	0.034(0.8543)	4.691* (0.0303)	1.9017* (<0.05)	0.2996* (<0.05)
		$F_2$	0.004(0.9500)	0.296(0.5866)	3.734(0.0533)	0.7272* (<0.05)	0.1736* (<0.05)

\* 在 0.05 水平上差异显著 Significance at 0.05 level

因+加性-显性-上位性多基因控制。

### 2.3 遗传参数的估计

各组合的遗传参数列于表 4。由表 4 可以看出, 两主基因的加性效应值均较大,  $I_c$ 、 $II_c$ 、 $I_q$  的第 1 对主基因加性效应值分别为 32.2、21.3、29.1, 相应第 2 对主基因加性效应值分别为 10.3、21.3、13.8; 其次为多基因显性效应。在组合  $II_c$  和  $I_q$  中存在着基因的上位性作用, 且主基因加性×加性互作效应及多基因显性×显性互作效应值均较大; 而组合  $I_c$  中未检测到基因的上位性作用。

组合  $I_c$  中  $B_1$ 、 $B_2$ 、 $F_2$  主基因的遗传率分别为 88.8%、93.1%、95.4%, 相应多基因的遗传率分别为 0、0、1.5%, 而主基因+多基因遗传率分别为 88.8%、

93.1%、96.8%; 组合  $II_c$  中  $B_1$ 、 $B_2$ 、 $F_2$  主基因的遗传率分别为 72.2%、52.5%、93.2%, 相应多基因的遗传率分别为 0、43.1%、0, 而主基因+多基因遗传率分别为 72.2%、95.6%、93.2%; 组合  $I_q$  中  $B_1$ 、 $B_2$ 、 $F_2$  主基因的遗传率分别为 73.2%、74.4%、88.6%, 相应多基因的遗传率分别为 11.2%、15.6%、0, 而主基因+多基因遗传率分别为 83.5%、90.0%、88.6%。说明雌雄同株黄瓜单性结实遗传主要受主基因控制, 环境影响较小。

### 3 讨论

采用经典遗传学方法, Pike & Peterson<sup>[1]</sup>以单株单性结实能力为评价指标, 认为雌雄同株黄瓜单性结实

表 4 单性结实性的遗传参数估计值

Table 4 Estimates of the parameters of parthenocarpy

一阶参数 1st order parameter	估计值 Estimates			二阶参数 2nd order parameter	估计值 Estimates								
					I <sub>c</sub>			II <sub>c</sub>			I <sub>q</sub>		
	I <sub>c</sub>	II <sub>c</sub>	I <sub>q</sub>		B <sub>1</sub>	B <sub>2</sub>	F <sub>2</sub>	B <sub>1</sub>	B <sub>2</sub>	F <sub>2</sub>	B <sub>1</sub>	B <sub>2</sub>	F <sub>2</sub>
d <sub>a</sub>	32.2	21.3	29.1	$\sigma_p^2$	180.40	293.60	632.30	107.30	683.70	438.70	392.16	643.44	567.88
d <sub>b</sub>	10.3	21.3	13.8	$\sigma_{mg}^2$	160.30	273.40	602.90	77.30	359.10	408.90	283.57	478.57	503.12
h <sub>a</sub>	3.4	-2.1	-14.6	$\sigma_{pg}^2$	0.00	0.00	9.30	0.00	294.80	0.00	43.82	100.10	0.00
h <sub>b</sub>	10.3	-5.9	-8.1	$\sigma_e^2$	20.20	20.20	20.20	29.80	29.80	29.80	64.76	64.76	64.76
i		-21.7	14.1	$h_{mg}^2$ (%)	88.8	93.1	95.4	72.2	52.5	93.2	72.3	74.4	88.6
j <sub>ab</sub>		5.7	-8.1	$h_{pg}^2$ (%)	0.0	0.0	1.5	0.0	43.1	0.0	11.2	15.6	0.0
j <sub>ba</sub>		-1.9	0.6	$h^2$ (%)	88.8	93.1	96.8	72.2	95.6	93.2	83.5	90.0	88.6
l		-2.0	42.7										
[d]	4.0	0.7	-5.0										
[h]	-3.4	50.6	62.5										
[i]		23.3	6.5										
[j]		-11.0	6.6										
[l]		-14.7	-75.2										

$\sigma_p^2$ : 表型方差;  $\sigma_{mg}^2$ : 主基因方差;  $\sigma_{pg}^2$ : 多基因方差;  $\sigma_e^2$ : 环境方差;  $h_{mg}^2$  (%): 主基因遗传率;  $h_{pg}^2$  (%): 多基因遗传率;  $h^2$  (%): 主基因+多基因遗传率

$\sigma_p^2$ : Phenotypic variance;  $\sigma_{mg}^2$ : Major gene variance;  $\sigma_{pg}^2$ : Polygene variance;  $\sigma_e^2$ : Environmental variance;  $h_{mg}^2$  (%): Heritability of major gene;  $h_{pg}^2$  (%): Heritability of polygene;  $h^2$  (%): Heritability of major gene plus polygene

性可能受 1 对基因控制, 但分离世代所得试验数据与理论期望值不完全相符而未得出明确结论。采用经典数量遗传学方法, de Ponti & Garretsen<sup>[6]</sup>研究全雌和雌雄同株单性结实遗传特性, 由于育种需要, 定植前曾对雌雄同株杂种后代雌性单株进行选择, 导致群体缺陷而未能得出结论, 但性状连锁分析认为, 单性结实性与雌性并非独立遗传, 控制单性结实的一个基因和控制雌性的一个基因可能位于同一染色体上。王莉莉等<sup>[8]</sup>同样采用经典数量遗传学方法研究表明, 雌雄同株黄瓜单性结实遗传符合“加性-显性”模型, 但经典数量遗传学方法只能估测基因总体效应, 无法区分主基因和多基因的存在及其效应。

近年来发展起来的植物数量性状主基因+多基因混合遗传模型分析方法在番茄<sup>[18-19]</sup>、辣椒<sup>[20-21]</sup>、甘蓝<sup>[22]</sup>、不结球白菜<sup>[23]</sup>、黄瓜<sup>[24-27]</sup>等蔬菜作物的重要经济性状遗传分析方面得到了广泛应用。本研究首次采用这一分析方法, 明确了雌雄同株单性结实性遗传受 2 对主基因+多基因控制, 这与本课题组前期研究的全雌黄瓜单性结实性遗传基本一致<sup>[9]</sup>; 但雌雄同株黄瓜与全雌黄瓜单性结实性的遗传模型不同, 雌雄同株黄瓜单性结实性符合 E-1-2 和 E-1-0 模型, 受 2 对加性-

显性主基因+加性-显性多基因和 2 对加性-显性-上位性主基因+加性-显性-上位性多基因控制, 而全雌黄瓜单性结实性遗传符合 E-1-1 模型, 受 2 对加性-显性-上位性主基因+加性-显性多基因控制。可见雌性虽然对单性结实有一定影响, 但影响不大。Sun 等<sup>[28]</sup>采用区间作图和复合区间作图方法检测到了控制美国加工型全雌黄瓜单性结实性的 10 个 QTL, 主要分布在 3 个连锁群上, 其遗传效应大小不同, 其中区间作图检测到 2 个效应较大的 QTL, 分别解释了表型变异的 23.6%和 16.7%, 复合区间作图检测到 3 个效应较大的 QTL, 分别解释了表型变异的 25.5%、17%和 16.5%, 证实了控制黄瓜单性结实性遗传存在至少 2 个效应值较大的主基因, 与本研究结果一致。此外, 还证实了位于第 1 连锁群上的 1 个单性结实 QTL 在雌性基因 F 位点附近, 但为非主效 QTL, 因此单性结实性与雌性虽不是独立遗传, 但连锁似乎较弱<sup>[6]</sup>。‘6457’×‘6429’群体在不同栽培季节 F<sub>1</sub> 单性结实性的遗传倾向不同, 说明季节对黄瓜单性结实性有一定影响, 但未改变 2 对主基因+多基因遗传特性。

前人分别采用了单株单性结实能力<sup>[1]</sup>、单株单性结实产量或单性结实果数<sup>[2-5,7]</sup>以及单性结实坐果

率<sup>[6,8-9]</sup>等评价指标进行单性结实性遗传研究。单株单性结实能力是基于将单性结实作为质量性状,只要单株坐住1个单性结实果实,即具有单性结实能力,这种评价指标对实际育种的指导意义不大。单株单性结实产量、单性结实果数、单株单性结实坐果率等指标是基于育种目的将单性结实作为数量性状,即单株具有能结一定数量的单性结实果实的能力。其中,单性结实坐果率是单性结实性最适宜的评价指标<sup>[6]</sup>。

不同遗传背景和异季条件下,雌雄同株黄瓜单性结实性均符合2对主基因+多基因混合遗传(E-1-0, E-1-2)。在AIC值最小或较小的备选模型中,适合性检验最适模型E-1-0和E-1-2达到显著水平的统计量个数虽最少,但多数统计量不符合,这一方面可能是所考虑的遗传模型的局限,不少数量性状可能具有较复杂的遗传模型,近年分子标记研究表明,4主基因占主要变异成分的情况较多,因此分离分析法有待于拓展至2对以上的主基因+多基因的遗传模型<sup>[10]</sup>;另一方面也可能是试验误差所致,尽管在日光温室试验过程中严格控制了试验误差,但以分离世代单株为基础比以有重复的家系平均数为基础的遗传分析精确度低些。因此有必要将这些群体再衍生成相应的家系群体,以有重复的家系平均数为基础进行主基因+多基因混合遗传分析或者QTL定位研究。

## 4 结 论

雌雄同株黄瓜单性结实性为主基因和多基因控制的数量性状,其主要受2对主基因+多基因(E-1-2、E-1-0模型)控制,主基因加性效应值较大,各世代主基因遗传率均较高,因此,强单性结实雌雄同株黄瓜品种选育以双亲均为强单性结实为宜,杂交育种早期世代选择有效。

## References

- [1] Pike L M, Peterson C E. Inheritance of parthenocarpy in the cucumber (*Cucumis sativus* L.). *Euphytica*, 1969, 18: 101-105.
- [2] El-Shawaf I I S, Baker L R. Inheritance of parthenocarpic yield in gynoeocious pickling cucumber for once-over mechanical harvest by diallel analysis of six gynoeocious lines. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 1981, 106: 359-364.
- [3] El-Shawaf I I S, Baker L R. Combining ability and genetic variances of G×H F<sub>1</sub> hybrids for parthenocarpic yield in gynoeocious pickling cucumber form once-over mechanical harvest. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 1981, 106: 365-370.
- [4] Sun Z Y, Lower R L, Staub J E. Analysis of generation means and components of variance for parthenocarpy in cucumber (*Cucumis sativus* L.). *Plant Breeding*, 2006, 125: 277-280.
- [5] Sun Z Y, Lower R L, Staub J E. Variance component analysis of parthenocarpy in elite U. S. processing type cucumber (*Cucumis sativus* L.) lines. *Euphytica*, 2006, 148: 331-339.
- [6] de Ponti O M B, Garretsen F. Inheritance of parthenocarpy in pickling cucumbers (*Cucumis sativus* L.) and linkage with other characters. *Euphytica*, 1976, 25: 633-642.
- [7] 曹碯生, 陈学好, 徐 强, 顾春山. 黄瓜单性结实性世代遗传效应的初步研究. *园艺学报*, 1997, 24(1): 53-56.  
Cao B S, Chen X H, Xu Q, Gu C S. The genetic effects of parthenocarpic generations of cucumber. *Acta Horticulturae Sinica*, 1997, 24 (1): 53 - 56. (in Chinese)
- [8] 王莉莉, 司龙亭, 邹芳斌. 黄瓜单性结实的遗传分析. *湖北农业科学*, 2008, 47(4): 437-439.  
Wang L L, Si L T, Zou F B. Genetic analysis of parthenocarpy in cucumber. *Hubei Agricultural Sciences*, 2008, 47(4): 437-439. (in Chinese)
- [9] 闫立英, 娄丽娜, 娄群峰, 陈劲枫. 全雌黄瓜单性结实性遗传分析. *园艺学报*, 2008, 35(10): 1441-1446.  
Yan L Y, Lou L N, Lou Q F, Chen J F. Inheritance of parthenocarpy in gynoeocious cucumber (*Cucumis sativus* L.). *Acta Horticulturae Sinica*, 2008, 35(10): 1441-1446. (in Chinese)
- [10] 盖钧镒, 章元明, 王建康. 植物数量性状遗传体系. 北京: 科学出版社, 2003: 224-260.  
Gai J Y, Zhang Y M, Wang J K. *Genetic System of Quantitative Traits in Plants*. Beijing: Science Press, 2003: 224-260. (in Chinese)
- [11] 盖钧镒. 试验统计方法. 北京: 中国农业出版社, 2000: 125-127.  
Gai J Y. *Experimentation Statistical Methods*. Beijing: China Agriculture Press, 2000: 125-127. (in Chinese)
- [12] 盖钧镒. 植物数量性状遗传体系的分离分析方法研究. *遗传*, 2005, 27(1): 130-136.  
Gai J Y. Segregation analysis of genetic system of quantitative traits in plants. *Hereditas* (Beijing), 2005, 27(1): 130-136. (in Chinese)
- [13] 章元明, 盖钧镒. 数量性状分离分析中分布参数估计的 IECM 算法. *作物学报*, 2000, 26(6): 699-706.  
Zhang Y M, Gai J Y. The IECM algorithm for estimation of component distribution parameters in segregating analysis of quantitative traits. *Acta Agronomica Sinica*, 2000, 26(6): 699-706. (in Chinese)
- [14] 章元明, 盖钧镒, 戚存扣. 数量性状分离分析的精确度及其改善途径. *作物学报*, 2001, 27(6): 787-793.

- Zhang Y M, Gai J Y, Qi C K. The precision of segregating analysis of quantitative trait and its improving methods. *Acta Agronomica Sinica*, 2001, 27(6): 787-793. (in Chinese)
- [15] 章元明, 盖钧镒, 王建康. 利用回交  $B_1$  和  $B_2$  及  $F_2$  群体鉴定数量性状两对主基因 2 多基因混合遗传模型. *生物数学学报*, 2000, 15(3): 358-366.
- Zhang Y M, Gai J Y, Wang J K. Identification of two major genes plus polygenes mixed inheritance model of quantitative traits in  $B_1$  and  $B_2$  and  $F_2$ . *Journal of Biomathematics*, 2000, 15(3): 358-366. (in Chinese)
- [16] 盖钧镒, 章元明, 王建康. QTL 混合遗传模型扩展到 2 对主基因+多基因时的多世代联合分析. *作物学报*, 2000, 26 (4): 385-391.
- Gai J Y, Zhang Y M, Wang J K. A joint analysis of multiple generations for QTL models extended to mixed two major genes plus polygenes. *Acta Agronomica Sinica*, 2000, 26(4): 385-391. (in Chinese)
- [17] 马育华. 植物育种的数量遗传学基础. 南京: 江苏科学技术出版社, 1982: 54-88.
- Ma Y H. *The Principle of Quantitative Genetics in Plant Breeding*. Nanjing: Jiangsu Science and Technology Press, 1982: 54-88. (in Chinese)
- [18] 冯辉, 王五宏, 徐娜, 鲁博, 张婷, 陈红波. 串番茄主要株型性状的遗传研究. *中国农业科学*, 2008, 41(12): 4134-4139.
- Feng H, Wang W H, Xu N, Lu B, Zhang T, Chen H B. Inheritance of several plant type characters in truss tomato. *Scientia Agricultura Sinica*, 2008, 41(12): 4134-4139. (in Chinese)
- [19] 李纪锁, 沈火林, 石正强. 鲜食番茄果实中番茄红素含量的主基因-多基因混合遗传分析. *遗传*, 2006, 28(4): 458-462.
- Li J S, Shen H L, Shi Z Q. Analysis on the major gene and polygene mixed inheritance of lycopene content in fresh consumptive tomato fruit. *Hereditas* (Beijing), 2006, 28(4): 458-462. (in Chinese)
- [20] 陈学军, 陈劲枫, 方荣, 程志芳, 王述彬. 辣椒始花节位遗传研究. *园艺学报*, 2006, 33(1): 152-154.
- Chen X J, Chen J F, Fang R, Cheng Z F, Wang S B. Inheritance of the node for first flower in pepper (*Capsicum annum* L.). *Acta Horticulturae Sinica*, 2006, 33(1): 152-154. (in Chinese)
- [21] 陈学军, 陈劲枫. 辣椒株高遗传分析. *西北植物学报*, 2006, 26(7): 1342-1345.
- Chen X J, Chen J F. Genetic analysis of plant height in pepper (*Capsicum annum* L.). *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2006, 26(7): 1342-1345. (in Chinese)
- [22] 严慧玲, 方智远, 刘玉梅, 王永健, 杨丽梅, 庄木, 张扬勇, 孙培田. 甘蓝显性雄性不育材料 DGMS79-399-3 不育性的遗传效应分析. *园艺学报*, 2007, 34(1): 93-98.
- Yan H L, Fang Z Y, Liu Y M, Wang Y J, Yang L M, Zhuang M, Zhang Y Y, Sun P T. Genetic effect of sterility of the dominant genic male sterile material (DGMS79239923) in cabbage (*Brassica oleracea* var. *capitata* L.). *Acta Horticulturae Sinica*, 2007, 34(1): 93-98. (in Chinese)
- [23] 韩建明, 侯喜林, 史公军, 陈沁滨. 不结球白菜株高性状主基因+多基因遗传分析. *南京农业大学学报*, 2008, 31(1): 23-26.
- Han J M, Hou X L, Shi G J, Chen Q B. Genetic analysis of plant height using mixed major gene plus polygenes inheritance model in non-heading Chinese cabbage. *Journal of Nanjing Agricultural University*, 2008, 31(1): 23-26. (in Chinese)
- [24] 罗晓梅, 司龙亭, 尹维娜. 黄瓜黄色线与瓜长比的主基因+多基因的遗传分析. *华北农学报*, 2008, 23(2): 288-291.
- Luo X M, Si L T, Yin W N. Inheritance on major gene plus polygenes of yellow line and fruit length ratio of cucumber. *Acta Agriculturae Boreali-Sinica*, 2008, 23(2): 288-291. (in Chinese)
- [25] 辛明, 秦智伟, 周秀艳. 黄瓜植株高度遗传分析及其分子标记. *东北农业大学学报*, 2008, 39(5): 34-38.
- Xin M, Qin Z W, Zhou X Y. Molecular marker and genetic analysis of plant height in cucumber. *Journal of Northeast Agricultural University*, 2008, 39(5): 34-38. (in Chinese)
- [26] 孙小镞, 王永强, 王冰, 顾三军, 王志峰, 曹齐卫. 黄瓜嫩果果皮叶绿素含量的遗传. *园艺学报*, 2004, 31(3): 327-331.
- Sun X L, Wang Y Q, Wang B, Gu S J, Wang Z F, Cao Q W. Inheritance of the chlorophyll content in immature fruit color of cucumber. *Acta Horticulturae Sinica*, 2004, 31(3): 327-331. (in Chinese)
- [27] 张素勤, 顾兴芳, 张圣平, 邹志荣. 黄瓜白粉病抗性遗传机制的研究. *园艺学报*, 2005, 32(5): 899-901.
- Zhang S Q, Gu X F, Zhang S P, Zou Z R. The genetic mechanism of resistance to powdery mildew in cucumber. *Acta Horticulturae Sinica*, 2005, 32(5): 899-901. (in Chinese)
- [28] Sun Z Y, Lower R L, Staub J E. Identification and comparative analysis of quantitative trait loci (QTL) associated with parthenocarpy in processing cucumber (*Cucumis sativus* L.). *Plant Breeding*, 2006, 125: 281-287.

(责任编辑 曲来娥)