

# 茄子果色性状的遗传研究

庞文龙, 刘富中, 陈钰辉, 连勇\*

(中国农业科学院蔬菜花卉研究所, 北京 100081)

**摘要:** 以3个果色不同的茄子栽培种自交系为试验材料, 用色差仪和目测相结合的方法将果色分级, 通过  $P_1$ 、 $P_2$ 、 $F_1$ 、 $B_1$ 、 $B_2$  和  $F_2$  6个世代联合分析法, 研究茄子果色性状的遗传规律。结果表明: 3个杂交组合的  $F_2$  果色分离世代群体呈双峰或单峰偏态分布, 显示茄子果色遗传为多基因控制的数量性状; 茄子果色性状遗传符合两对加性—显性—上位性主基因 + 加性—显性—上位性多基因模型 (E模型); 主基因遗传力为 35.5%~98.4%, 遗传力较高; 多基因遗传力较低, 为 0~57.7%。

**关键词:** 茄子; 果色; 色彩色差仪; 遗传

**中图分类号:** S 641.1 **文献标识码:** A **文章编号:** 0513-353X (2008) 07-0979-08

## Genetic Study on Fruit Color Traits of Eggplant

PANG Wen-long, LIU Fu-zhong, CHEN Yu-hui, and LIAN Yong\*

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

**Abstract:** Hybrid combinations were made with three inbred lines of different fruit color. Fruit color was classed by color difference meter and ocular measurement. Their six generations  $F_1$ ,  $F_2$ , backcrosses  $B_1$  and  $B_2$  and their parents  $P_1$  and  $P_2$  were used to study the inheritance of eggplant fruit color traits with joint analysis of multiple generations. The results showed that the  $F_2$  population of the three combinations appeared two peaks or one peak distribution, indicating that eggplant trait was quantitative in nature and controlled by polygene. The inheritance of fruit color fitted the additive – dominance – epistasis major gene plus additive – dominance – epistasis polygene (E model). The major gene heritability is 35.5% – 98.4%; The polygene heritability is 0 – 57.7%.

**Key words:** eggplant; *Solanum melongena* L.; fruit color; color difference meter; genetic

消费者对茄子 (*Solanum melongena* L.) 的颜色和果形等外观品质要求有极强的区域性。对于茄子果色性状的遗传, 刘进生和 Phatak (1992) 按照质量性状遗传的方法进行了研究, 结果表明深紫色对非紫色为不完全显性。育种实践中果色遗传表现出连续变异的特点, 呈现出许多中间型过渡色, 不是简单的质量性状。

本试验采用主基因与多基因遗传分析方法 (盖钧镒等, 2003), 估算茄子果色性状的一阶、二阶参数遗传效应, 系统研究茄子果色性状的遗传特点, 为提高茄子外观品质育种效率、增加亲本的选配性提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

试验于 2006—2007 年在中国农业科学院蔬菜花卉研究所廊坊试验基地的塑料大棚内进行。试材

收稿日期: 2008-03-25; 修回日期: 2008-05-07

基金项目: 国家‘948’项目 (2006-G13); 国家科技支撑计划项目 (2006BAD13B06-3-2)

\* 通讯作者 Author for correspondence (E-mail: lianyong@mail.caas.net.cn)

为该所的茄子高代自交系 944、948 和 952。944 果实为绿色, 948 果实为紫色, 952 果实为白色。3 个品系相互杂交、回交配制成 3 个组合的 6 个世代群体, 即  $P_1$ 、 $P_2$ 、 $F_1$ 、 $B_1$  ( $F_1 \times P_1$ )、 $B_2$  ( $F_1 \times P_2$ )、 $F_2$ 。6 个世代群体同时种植, 不分离世代  $P_1$ 、 $P_2$ 、 $F_1$  各种 2 行 (24 株), 分离世代  $B_1$ 、 $B_2$  群体各种 10 行 (120 株),  $F_2$  群体种 16 行 (192 株)。根据茄子种质资源描述规范 (李锡香和朱德蔚, 2006), 每株取一个发育正常、达到果实商品成熟度的对茄进行果面颜色测量。

## 1.2 果色性状的测量与分级

目测归类: 根据供试材料亲本及  $F_2$  代群体果实颜色分离情况, 参考茄子种质资源描述规范 (李锡香和朱德蔚, 2006), 将 6 个世代材料的果皮分为黑紫、紫红、浅紫、绿、白绿和白色 6 种颜色, 制定本试验果色比色板 (图 1)。对照比色板, 对待测果实进行目测比色, 相近果色归类, 分类统计分析。

色差仪测量: 采用日本 Minolta 公司生产的 CR-400 探头及 DP-400 数据处理器组成的色彩色差仪测量, 每次测量可得  $L^*$  (明亮度指数: 值越大表示越明亮, 指数幅度 0~100)、 $a^*$  (红、绿色度指数: 红为正值, 绿为负值)、 $b^*$  (黄、蓝色度指数: 黄为正值, 蓝为负值) 3 个值。每株取一个发育正常、达到果实商品成熟度的对茄部位的果实进行测定, 每果测定向光面上、中、下 3 个点, 以 3 个点平均值作为该果测定值进行统计分析。

果色分级: 参照果实颜色目测比色板, 应用色彩色差仪对目测标准果色及过渡果色进行测定, 获得相应的  $L^*$ 、 $a^*$ 、 $b^*$  值, 制定本试验果色分级标准 (表 1)。依此标准将果色分为黑紫、紫红、浅紫、绿、白绿和白色 6 种颜色, 分别定为 1、2、3、4、5、6 级。

表 1 茄子果实颜色分级标准

Table 1 The class stable of eggplant fruit color

级别 Class	果色 Color	$L^*$	$a^*$	$b^*$
1	黑紫 Black purple	0~30	0~20	-5~5
2	紫红 Purplish red	30~40	5~30	-5~10
3	浅紫 Light purple	40~55	0~25	-10~22
4	绿 Green	55~75	-20~0	10~40
5	白绿 Whitish green	75~85	-10~0	20~50
6	白色 White	85~100	-5~0	5~25

## 1.3 统计分析方法

试验数据采用多世代联合的数量性状分离分析 II—— $P_1$ 、 $P_2$ 、 $F_1$ 、 $B_1$ 、 $B_2$  和  $F_2$  联合分析方法 (盖钧镒等, 2003), 包括一对主基因、两对主基因、多基因、一对主基因 + 多基因和两对主基因 + 多基因共 24 个模型。其理论基础是混合分布理论, 将分离世代的分布看成多个主基因在多基因与环境修饰下形成的多个正态分布的混合分布。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份分布参数做出估计, 然后通过 AIC 值判别及 1 组适合性检验, 从中选择最适模型, 并由此估计出相应的主基因与多基因效应值、方差及有关遗传参数。

## 2 结果与分析

### 2.1 亲本及杂交后代果色级别的次数分布

2.1.1  $P_1$ 、 $F_1$  和  $P_2$  的果色级别次数分布 表 2 为 3 个组合亲本及  $F_1$  代的果色级值平均值, 3 个组合的  $F_1$  代的平均值均明显倾向于低值亲本, 即在组合 I 中紫红色对绿色为部分显性, 组合 II 中绿色对白色为部分显性, 组合 III 中紫红色对白色为部分显性。目测观察组合 I 的  $F_1$  代果实颜色为紫红色, 组合 II 的  $F_1$  代果实颜色为白绿色, 组合 III 的  $F_1$  代果实颜色为紫红色 (图 2)。

表 2 亲本及  $F_1$  代的果色级值平均值Table 2 The average fruit color class value of parents and  $F_1$  generation

组合 Cross	亲本 Parents	果色级值平均值 The average fruit color class value		
		$P_1$	$F_1$	$P_2$
I	948 × 944	1.042 ± 0.042	1.958 ± 0.042	4.333 ± 0.232
II	944 × 952	4.375 ± 0.245	4.875 ± 0.114	5.917 ± 0.080
III	952 × 948	6.000 ± 0	2.000 ± 0	1.375 ± 0.245

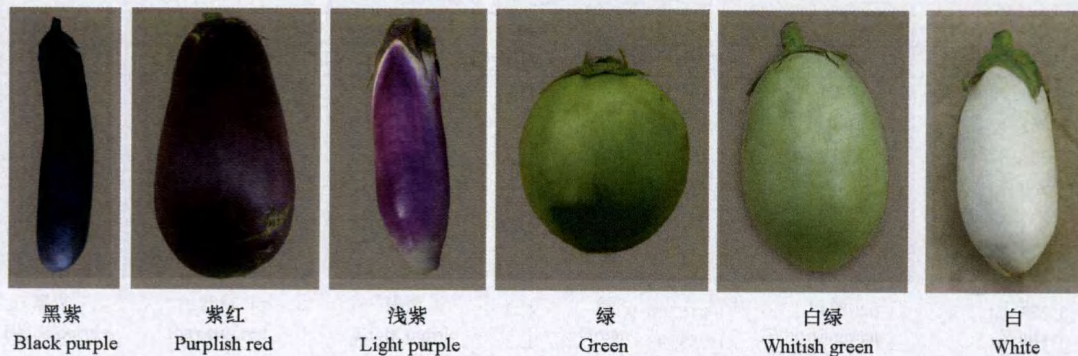
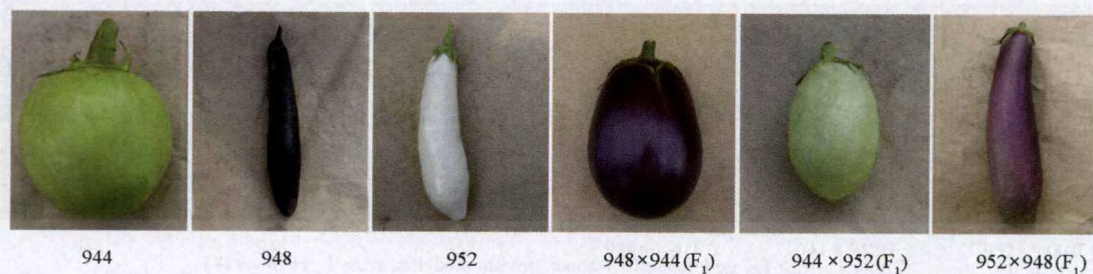
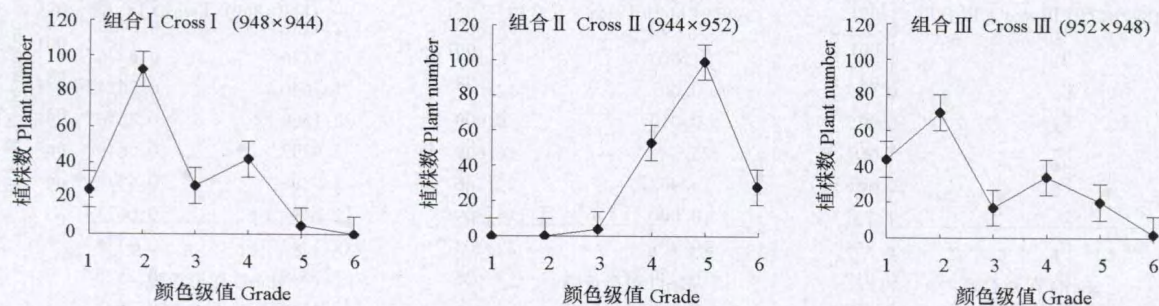


图 1 茄子果实颜色分类比色板

Fig. 1 The color map of eggplant fruit

图 2 亲本及其  $F_1$  代果色表现Fig. 2 The fruit color performance of parents and  $F_1$  generation

2.1.2  $F_2$  的果色级别次数分布 由图 3 可以看出, 3 个组合的  $F_2$  分离世代呈双峰或单峰偏态分布, 说明茄子果实颜色属于数量性状, 且不完全符合经典的数量性状遗传, 存在主基因的影响。目测结果表明, 除了少数果色为亲本颜色外, 大多数是亲本间的过渡色, 同样证实茄子果色是数量性状。

图 3 3 个组合的  $F_2$  群体果色级值植株数量分布图Fig. 3 The plant number distribution of  $F_2$  generation fruit color class value in three crosses

## 2.2 最优遗传模型的选择与检验

根据  $P_1$ 、 $P_2$ 、 $F_1$ 、 $B_1$ 、 $B_2$  和  $F_2$  联合分析原则, 最优遗传模型从 AIC 较小的模型中选出。同时有几个模型 AIC 较小且 AIC 值差异不大时, 通过适合性检验, 选择参数达到显著差异数量最少的模型为最优模型。表 3 为供试 3 个组合的遗传模型 AIC 值。

表 3 各遗传模型的 AIC 值  
Table 3 The AIC estimation of different genetic models

模型 Model	组合 Cross			模型 Model	组合 Cross		
	I (948 × 944)	II (944 × 952)	III (952 × 948)		I (948 × 944)	II (944 × 952)	III (952 × 948)
A-1	1 144.20	1 033.07	1 409.03	D	1 109.57	558.33	1 237.94
A-2	1 251.13	1 040.10	1 633.71	D-1	1 131.50	640.98	1 248.82
A-3	1 201.82	1 040.72	1 768.00	D-2	1 129.52	699.05	1 246.82
A-4	1 500.70	1 051.10	1 423.30	D-3	1 199.11	936.26	1 384.18
B-1	837.23	476.38	1 095.76	D-4	1 225.34	912.43	1 270.24
B-2	1 135.28	1 016.94	1 257.13	E	896.77	321.95	1 037.88
B-3	1 430.51	1 109.14	1 696.16	E-1	709.50	569.53	912.76
B-4	1 321.94	1 040.16	1 610.68	E-2	989.51	1 023.30	1 259.58
B-5	1 195.81	1 042.72	1 753.98	E-3	1 129.86	949.21	1 221.40
B-6	1 267.07	1 040.72	1 751.98	E-4	1 244.63	1 044.41	1 383.17
C	1 231.56	860.50	1 362.55	E-5	1 147.15	1 046.41	1 368.58
C-1	1 256.05	1 038.84	1 388.15				

组合 I 中 B-1、E 和 E-1 模型的 AIC 值较小, 最优遗传模型应从其中选出。如表 4 所示: B-1 模型有 20 个统计量达到显著差异, 即有 20 个适合性检验统计量表明 B-1 模型与分离群体的分布不一致; E-1 模型有 21 个达到显著差异; E 模型有 18 个达到显著差异; 因此, E 模型应该是最优模型。

表 4 组合 I (948 × 944) 遗传模型的适合性检验  
Table 4 Test for goodness-of-fit about genetic model in cross I (948 × 944)

模型 Model	群体 Population	$U_1^2$	$U_2^2$	$U_3^2$	$nW^2$	$D_n$
B-1	$P_1$	0.013	1.682	22.469 *	1.7623 *	0.4872 *
	$P_2$	2.788	0.439	14.575 *	2.0076 *	0.5827 *
	$F_1$	8.267 *	0.026	109.938 *	2.5930 *	0.6633 *
	$B_1$	0.648	2.612	11.193 *	2.2660 *	0.3106 *
	$B_2$	8.565 *	7.049 *	0.511	2.0620 *	0.2985 *
	$F_2$	1.605	3.105	4.585 *	2.2113 *	0.2690 *
E	$P_1$	1.536	5.049 *	17.542 *	1.8976 *	0.5563 *
	$P_2$	1.536	0.023	17.542 *	1.8976 *	0.5563 *
	$F_1$	6.561 *	0.000	98.869 *	2.4236 *	0.6430 *
	$B_1$	1.549	1.690	0.144	2.5426 *	0.3476 *
	$B_2$	0.967	0.007	12.012 *	1.5646 *	0.2624 *
	$F_2$	0.012	0.010	0.000	2.1869 *	0.2510 *
E-1	$P_1$	1.901	5.544 *	16.629 *	1.9297 *	0.5649 *
	$P_2$	0.936	4.463	22.116 *	1.8398 *	0.5378 *
	$F_1$	7.721 *	0.000	115.809 *	2.6198 *	0.6623 *
	$B_1$	6.356 *	10.791	11.393 *	2.7943 *	0.3736 *
	$B_2$	0.017	0.739	8.635 *	1.3539 *	0.2525 *
	$F_2$	0.069	0.088	4.866 *	2.1184 *	0.2637 *

注:  $U_1^2$ 、 $U_2^2$ 、 $U_3^2$  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。\* 表示 0.05 水平上差异显著。

Note:  $U_1^2$ 、 $U_2^2$ 、 $U_3^2$  are the statistic of Uniformity test;  $nW^2$  is the statistic of Smirnov test;  $D_n$  is the statistic of Kolmogorov test.

\* indicates the different significance at  $P < 0.05$  level.

组合Ⅱ中 E 模型的 AIC 值最小且与其他模型的 AIC 值差异较大, 根据  $P_1$ 、 $P_2$ 、 $F_1$ 、 $B_1$ 、 $B_2$  和  $F_2$  联合分析原则, E 模型应为最优模型。

组合Ⅲ与组合Ⅰ的结果相似, 同样 B-1、E 和 E-1 模型的 AIC 值较小, 3 种模型的 AIC 值差异不大。适合性检验结果表明 (表 5): B-1 模型有 21 个统计量达到显著差异, E-1 模型有 20 个达到显著差异, E 模型有 18 个达到显著差异。E 模型参数达到显著差异数量最少, 为最优模型。

表 5 组合Ⅲ (952 × 948) 遗传模型的适合性检验  
Table 5 Test for goodness-of-fit about genetic model in crossⅢ (952 × 948)

模型 Model	群体 Population	$U_1^2$	$U_2^2$	$U_3^2$	${}_nW^2$	$D_n$
B-1	$P_1$	0.000	1.864	30.000 *	2.0000 *	0.5002 *
	$P_2$	2.873	0.190	23.246 *	2.2395 *	0.5999 *
	$F_1$	0.137	1.558	12.660 *	0.9988 *	0.3899 *
	$B_1$	34.647 *	26.797 *	4.370 *	3.9843 *	0.3345 *
	$B_2$	0.014	0.604	7.060 *	1.9290 *	0.2685 *
	$F_2$	2.173	4.140 *	5.906 *	1.4335 *	0.2097 *
E	$P_1$	0.000	1.875	30.000 *	2.0000 *	0.5000 *
	$P_2$	0.000	1.875	30.000 *	2.0000 *	0.5000 *
	$F_1$	3.913 *	0.469	108.203 *	2.2502 *	0.6114 *
	$B_1$	0.985	0.292	2.832	0.8339 *	0.2405 *
	$B_2$	0.031	0.007	1.018	2.0939 *	0.2883 *
	$F_2$	7.446 *	5.937 *	0.676	1.8805 *	0.2727 *
E-1	$P_1$	0.000	1.883	30.000 *	2.0000 *	0.5002 *
	$P_2$	31.905 *	25.181 *	3.254	4.6587 *	0.8328 *
	$F_1$	4.525	0.440	118.629 *	2.3646 *	0.6245 *
	$B_1$	0.072	0.629	4.557 *	0.8599 *	0.2280 *
	$B_2$	6.179 *	0.752	37.934 *	3.0845 *	0.3560 *
	$F_2$	0.022	0.482	11.229 *	1.7895 *	0.2473 *

注:  $U_1^2$ 、 $U_2^2$ 、 $U_3^2$  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。\* 表示 0.05 水平上差异显著。

Note:  $U_1^2$ ,  $U_2^2$ ,  $U_3^2$  are the statistic of Uniformity test;  ${}_nW^2$  is the statistic of Smirnov test;  $D_n$  is the statistic of Kolmogorov test.

\* indicates the different significance at  $P < 0.05$  level.

3 个组合的遗传模型选择结果一致, 最优模型均是 E 模型, 说明茄子果色性状遗传符合遗传模型 E, 即符合两对加性—显性—上位性主基因 + 加性—显性—上位性多基因模型。

### 2.3 最适模型的遗传参数估计

上述统计分析结果表明, 茄子果色性状遗传最适模型是遗传模型 E, 表 6、表 7 分别是本试验中 E 模型的一阶遗传参数和二阶遗传参数。

组合Ⅰ的 2 个主基因加性效应 ( $d_a$ 、 $d_b$ ) 同为 -0.96, 第 1 主基因的显性效应 ( $h_a$ ) 和显性度 ( $h_a/d_a$ ) 分别为 -0.443 和 0.462, 第 2 主基因的显性效应 ( $h_b$ ) 和显性度 ( $h_b/d_b$ ) 为 0.056 和 -0.059, 表明这两对主基因的效应均以加性效应为主, 且第 2 对主基因的加性作用更明显, 在上位性作用中两主基因的显性 × 加性 ( $j_{ba}$ ) 和显性 × 显性 ( $l$ ) 互作效应较大 (表 7)。组合Ⅰ最优模型的  $B_1$ 、 $B_2$ 、 $F_2$  主基因遗传率 ( $h_{mg}^2$ ) 分别是 60.4%、86.0% 和 97.5%, 说明这个组合主基因的遗传率较高。

组合Ⅱ的两个主基因的加性效应、显性效应和显性度都相等, 分别为 -0.502、0.001 和 -0.002, 2 个主基因的加性效应明显, 显性效应很小。在上位性作用中, 2 个主基因的加性 × 加性 ( $i$ ) 和显性 × 显性互作效应较大。组合Ⅱ最优模型的  $B_1$ 、 $B_2$ 、 $F_2$  主基因遗传率分别是 93.6%、91.1% 和 95.4%, 主基因的遗传率非常高。



组合Ⅲ中,第1主基因的加性效应、显性效应和显性度分别为1.276、-1.783和-1.397;第2主基因的加性效应、显性效应和显性度分别为0.776、-0.778和-1.002,2个主基因的加性效应和显性效应都较重要。在上位性作用中,2个主基因的显性×显性互作效应较大。组合Ⅲ最优模型的 $B_1$ 、 $B_2$ 、 $F_2$ 主基因遗传率分别是85.2%、35.5%和98.4%, $B_1$ 、 $F_2$ 主基因的遗传率较高, $B_2$ 主基因的遗传率较低。

表6 果色级值的一阶遗传参数估计值

Table 6 The estimates of first order parameters of fruit color class

参数 Parameters	组合 Cross		
	I (948 × 944)	II (944 × 952)	III (952 × 948)
$d_a$	-0.96	-0.502	1.276
$d_b$	-0.96	-0.502	0.776
$h_a$	-0.443	0.001	-1.783
$h_b$	0.056	0.001	-0.778
$h_a/d_a$	0.462	-0.002	-1.397
$h_b/d_b$	-0.059	-0.002	-1.002
$i$	-0.048	-0.999	-0.220
$j_{ab}$	-0.042	0.499	0.222
$j_{ba}$	0.958	0.499	-0.283
$l$	-0.619	-1.01	1.272
$m_1$	1.042	4.375	6
$m_2$	1.958	4.875	2
$m_3$	4.333	5.917	1.375
$m_4$	1.900	5.328	3.195
$m_5$	3.067	4.612	1.729
$m_6$	2.529	4.821	2.583

注:  $d_a$ : 第1主基因加性效应;  $d_b$ : 第2主基因加性效应;  $h_a$ : 第1主基因显性效应;  $h_b$ : 第2主基因的显性效应;  $h_a/d_a$ : 第1主基因的显性度;  $h_b/d_b$ : 第2主基因的显性度;  $i$ : 2个主基因之间的加性×加性互作效应;  $j_{ab}$ : 2个主基因之间的加性×显性互作效应;  $j_{ba}$ : 2个主基因之间的显性×加性互作效应;  $l$ : 2个基因之间的显性×显性互作效应;  $m_1 \sim m_6$ : 6个世代群体果色级别平均值。

Note:  $d_a$  mean additive effects of the first major genes;  $d_b$  mean additive effects of the second major genes;  $h_a$  mean dominant effects of the first major genes;  $h_b$  mean dominant effects of the second major genes;  $h_a/d_a$  mean dominance degree of the first major genes;  $h_b/d_b$  mean dominance degree of the second major genes;  $i$  mean the epistemic effect of additive × additive between two major genes;  $j_{ab}$  mean the epistemic effect of additive × dominant between two major genes;  $j_{ba}$  mean the epistemic effect of dominant × additive between two major genes;  $l$  mean the epistemic effect of dominate × dominant between two major genes;  $m_1 \sim m_6$  mean the average fruit color class value of six generation population.

表7 果色级值的二阶遗传参数估计值

Table 7 The estimates of second order parameters of fruit color class

二阶参数 2nd order parameters	I (948 × 944)			II (944 × 952)			III (952 × 948)		
	$B_1$	$B_2$	$F_2$	$B_1$	$B_2$	$F_2$	$B_1$	$B_2$	$F_2$
$\sigma_p^2$	0.410	1.419	1.114	0.358	0.259	0.498	2.551	0.422	1.857
$\sigma_{mg}^2$	0.248	1.221	1.086	0.335	0.236	0.475	2.174	0.150	1.828
$\sigma_{pg}^2$	0.134	0.170	0	0	0	0	0.348	0.243	0
$\sigma^2$	0.028	0.028	0.028	0.023	0.023	0.023	0.029	0.029	0.029
$h_{mg}^2$	60.4	86.0	97.5	93.6	91.1	95.4	85.2	35.5	98.4
$h_{pg}^2$	32.7	12.0	0	0	0	0	13.6	57.7	0

注:  $\sigma_p^2$ : 表型方差;  $\sigma_{mg}^2$ : 主基因方差;  $\sigma_{pg}^2$ : 多基因方差;  $\sigma^2$ : 误差方差;  $h_{mg}^2$ : 主基因遗传率;  $h_{pg}^2$ : 多基因遗传率。

Note:  $\sigma_p^2$ ,  $\sigma_{mg}^2$ ,  $\sigma_{pg}^2$  and  $\sigma^2$  mean variance of phenotypic, major genes, polygenes and error, respectively;  $h_{mg}^2$  and  $h_{pg}^2$  signify inheritabilities of major genes and polygene, respectively.

### 3 讨论

关于果色遗传的研究有许多报道 (Hernandez & Smith, 1985), 传统果色研究多是采用目测分类的方法, 受外界和人为因素的影响较大, 很难分辨相近的颜色。多数按照质量性状遗传的方法对果色进行研究, 获得的研究结果基本是质量性状遗传 (林明宝 等, 2000; 胡开林 等, 2002)。但是在育种实践中可以明显看出, 果色遗传常常表现出连续变异的特点, 呈现出许多中间型的过渡色, 不是简单的质量性状。色彩色差仪 (CR-400, Minolta, 日本) 自带光源, 在 0~40℃ 范围内测量不受影响, 能够辨别极细微的颜色差别。色彩色差仪也有它的局限性, 虽然比较 2 个相近的颜色时, 可以通过色彩空间某值的大小加以辨别, 但在同时测量多种颜色时, 就不能把颜色用一个确切的数值表示出来。本试验材料的  $F_2$  群体中, 除了亲本颜色黑紫、绿和白色外, 还有紫红、浅紫、绿、白绿等多种过渡颜色, 色彩色差仪测得每一个颜色的数据都有  $L^*$ 、 $a^*$ 、 $b^*$  3 个值, 其中任何一个值的差别都不能确切代表果色间的差别, 又很难将这 3 个值统一成一个值。本试验采用色彩色差仪和目测相结合的方法进行果色分级, 将材料的果实颜色分成 6 类, 根据分类级别进行统计分析, 能减少人为目测误差, 客观反应果色分离变化。

生物遗传性状分为质量性状和数量性状, 质量性状系受少数 (通常是 1 个或 2 个) 主基因控制, 不同等位主基因能够产生明显不同的表型效应, 可从表型直接识别其基因型。数量性状受大量微效基因控制 (Mather & Jink, 1982; 莫惠栋, 1985, 1993), 这些微效多基因构成多基因系统。研究证明, 许多数量性状数据在分离世代中既有可分组的趋势, 又存在组间界线模糊现象, 说明控制植物数量性状的基因存在少数主基因或 (和) 大量微效基因的控制 (王建康和盖钧镒, 1997), 本试验中的茄子果色遗传性状就属此种现象。主基因与多基因的遗传分析方法可以检测多基因效应, 鉴别主基因的存在及估算其遗传效应和方差等遗传参数 (章元明 等, 2000; Wang et al., 2001; 盖钧镒 等, 2003), 更加精确地对数量性状进行分析。该方法已在番茄 (李纪锁 等, 2006)、甘蓝 (严慧玲 等, 2007)、大豆 (刘华 等, 2005)、水稻 (王建设 等, 2000)、棉花 (张培通 等, 2006) 等作物上得到广泛应用, 本试验的研究表明, 主基因与多基因的遗传分析方法同样适用于茄子果色性状研究。

关于茄子果实颜色的遗传研究报道较少, 刘进生和 Phatak (1992) 的研究结果表明, 果实深紫对非紫色有不完全显性。基本是以两种不同果色为材料, 按照质量性状遗传的方法对果色进行研究。本试验以 3 种主要茄子果实颜色自交系为材料, 利用主基因与多基因的遗传分析方法对 6 个世代进行联合分析, 能够更好的解释果色性状的遗传机制。研究结果表明: 3 个组合  $F_1$  代果色均为中间色倾向于深色亲本, 总体趋势是紫色对绿色为显性、绿色对白色为显性、紫色对白色为显性。茄子果色性状由主基因 + 多基因控制, 主基因 + 多基因效应决定了果色表型变异的绝大部分 (91.1%~98.8%), 还有很小的变异是由环境因素决定的。从遗传效应信息分析, 3 个组合的主基因遗传率都较高。因此, 对茄子果色性状的改良应在早代进行选择, 否则主基因丢失可能导致后代选择失败。在 3 个组合中, 除组合 III  $B_2$  的多基因遗传率大于主基因外, 其他组合各世代中主基因遗传率均大于多基因遗传率, 以主基因遗传为主, 特别是在  $F_2$  代达到 95.4%~98.4%, 故在  $F_2$  选择效率最高。

### References

- Gai Jun-yi, Zhang Yuan-ming, Wang Jian-kang. 2003. Genetic system of quantitative traits in plants. Beijing: Science Press. (in Chinese)
- 盖钧镒, 章元明, 王建康. 2003. 植物数量性状遗传体系. 北京: 科学出版社.
- Hernandez H H, Smith P G. 1985. Inheritance of mature fruit color in *Capsicum annuum* L. The Journal of Heredity, 76: 211-213.
- Hu Kai-lin, Fu Qun-mei, Wang Guo-ping, Hu Zhi-qun. 2002. The preliminary study on fruit color of *Momordica charandia*. China Vegetables, (6): 11-12. (in Chinese)

- 胡开林, 付群梅, 汪国平, 胡志群. 2002. 苦瓜果色遗传的初步研究. 中国蔬菜, (6): 11-12.
- Li Ji-suo, Shen Huo-lin, Shi Zheng-qiang. 2006. Analysis on the major gene and polygene mixed inheritance of glycogen content in fresh consumptive tomato fruit. Hereditas, 28 (4): 458-462. (in Chinese)
- 李纪锁, 沈火林, 石正强. 2006. 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, 28 (4): 458-462.
- Li Xi-xiang, Zhu De-wei. 2006. Descriptors and data standard for eggplant (*Solanum melongena* L.). Beijing: China Agricultural Press. (in Chinese)
- 李锡香, 朱德蔚. 2006. 茄子种质资源描述规范和数据标准. 北京: 中国农业出版社.
- Lin Ming-bao, Hu Zhi-qun, Lin Shi-sen. 2000. The preliminary study on fruit color of prism luffa. Guangdong Agricultural Sciences, (2): 16-17. (in Chinese)
- 林明宝, 胡志群, 林师森. 2000. 有棱丝瓜果色遗传研究初报. 广东农业科学, (2): 16-17.
- Lin Hua, Wang Hui, Li Qun, Xu Peng, Gai Jun-yi, Yu De-yue. 2005. Inheritance analysis and mapping QTLs related to cotton worm resistance in soybeans. Scientia Agricultura Sinica, 38 (7): 1369-1372. (in Chinese)
- 刘 华, 王 慧, 李 群, 徐 鹏, 盖钧镱, 喻德跃. 2005. 大豆对斜纹夜蛾抗性的遗传分析及相关 QTL 的定位. 中国农业科学, 38 (7): 1369-1372.
- Liu Jin-sheng, Phatak S C. 1992. Study on functional male sterility and the linkage of purple fruit gene in eggplant. Acta Genetica Sinica, 19 (4): 349-354. (in Chinese)
- 刘进生, Phatak S C. 1992. 茄子功能性雄性不育的遗传及其与果紫色基因连锁关系的研究. 遗传学报, 19 (4): 349-354.
- Mather K, Jink S J K. 1982. Biometrical genetics. 3rd ed. London: Chapman and Hall; 65-103.
- Mo Hui-dong. 1985. A genetic analysis of generation means II. Estimates of genetic effects for additive-dominance-epistasis model. Journal of Jiangsu Agricultural College, 6 (1): 53-59. (in Chinese)
- 莫惠栋. 1985. 世代平均数的遗传分析 II. 加性—显性—上位性模型的基因效应估计. 江苏农学院学报, 6 (1): 53-59.
- Mo Hui-dong. 1993. Genetic analysis for qualitative-quantitative traits I. The genetic constitution of generation populations and the identification of major gene genotypes. Acta Agronomica Sinica, 19 (1): 1-6. (in Chinese)
- 莫惠栋. 1993. 质量—数量性状的遗传分析 I. 遗传组成和主基因基因型鉴别. 作物学报, 19 (1): 1-6.
- Wang J, Podlic D W, Cooper M, Delacy I H. 2001. Power of the joint segregation analysis method for testing mixed major-gene and polygene inheritance models of quantitative traits. Theor Appl Genet, 103 (5): 804-816.
- Wang Jian-kang, Gai Jun-yi. 1997. Identification of major gene and polygene mixed inheritance model and estimation of genetic parameters of a quantitative trait from  $F_2$  progeny. Acta Genetica Sinica, 24 (5): 432-440. (in Chinese)
- 王建康, 盖钧镱. 1997. 利用杂种  $F_2$  世代鉴定数量性状主基因—多基因混合遗传模型并估计其遗传效应. 遗传学报, 24 (5): 432-440.
- Wang Jian-she, Wang Jian-kang, Zhu Li-hong, Gai Jun-yi. 2000. Major-polygene effect analysis of resistance to bacterial blight (*Xanthomonas campestris* pv. *oryzae*) in rice. Acta Genetica Sinica, 27 (1): 34-38. (in Chinese)
- 王建设, 王建康, 朱立宏, 盖钧镱. 2000. 水稻主基因—多基因混合遗传控制白叶枯病抗性的基因效应分析. 遗传学报, 27 (1): 34-38.
- Yan Hui-ling, Fang Zhi-yuan, Liu Yu-mei, Wang Yong-jian, Yang Li-mei, Zhuang Mu, Zhang Yang-yong, Sun Pei-tian. 2007. Genetic effect of sterility of the dominant genic male sterile materile (DGM S79-399-3) in cabbage (*Brassica oleracea* var. *capitata* L.). Acta Horticulturae Sinica, 34 (1): 93-98. (in Chinese)
- 严慧玲, 方智远, 刘玉梅, 王永健, 杨丽梅, 庄 木, 张扬勇, 孙培田. 2007. 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, 34 (1): 93-98.
- Zhang Pei-tong, Zhu Xie-fei, Guo Wang-zhen, Yu Jing-zhong, Zhang Tian-zhen. 2006. Genetic analysis of yield and its components for high yield cultivar Simian 3 in *G. hirsutum* L. Acta Agronomica Sinica, 32 (17): 1011-1017. (in Chinese)
- 张培通, 朱协飞, 郭旺珍, 俞敬忠, 张天真. 2006. 高产棉花品种泗棉 3 号产量及其产量构成因素的遗传分析. 作物学报, 32 (17): 1011-1017.
- Zhang Yuan-ming, Gai Jun-yi, Wang Jian-kang. 2000. Identification of major gene and polygene mixed inheritance model and estimation of genetic parameters of quantitative trait from  $B_1$  and  $B_2$  or  $F_2$  progeny. Journal of Biomathematics, 15 (3): 358-366. (in Chinese)
- 章元明, 盖钧镱, 王建康. 2000. 利用  $B_1$  和  $B_2$  或  $F_2$  群体鉴定数量性状主基因—多基因混合遗传模型并估计其遗传效应. 生物数学学报, 15 (3): 358-366.