

辣椒开花期的主基因 + 多基因遗传分析

徐小万¹, 曾莉^{1,2}, 李颖^{1,*}, 罗少波¹, 王恒明¹, 田永红¹

(¹广东省农业科学院蔬菜研究所, 广州 510640; ²华南农业大学园艺学院, 广州 510642)

辣椒早熟性状是重要的经济性状, 对于增强辣椒的生态适应能力、调节产品上市期、降低温室能耗以及提高种植效益等都具有重要作用。早熟是辣椒品种改良的主要目标性状之一。辣椒早熟性状既是数量性状, 也是复合性状, 而开花期是与辣椒早熟性相关的主要性状之一, 且受遗传、栽培措施和环境因素等共同影响。因此, 开花期的遗传规律对于辣椒的遗传育种具有重要的指导意义。

以早熟辣椒自交系‘E100’为母本(P₁), 以纯化的高代自交系‘L101’为父本(P₂), 构建F₁、F₂、B₁(F₁ × P₁)和B₂(F₁ × P₂)群体, 2010年1月于广东省农业科学院蔬菜研究所白云实验基地大棚内营养钵(9 cm × 9 cm)育苗, 3月大田定植, 其中F₁、P₁、P₂各种植50株, F₂、B₁和B₂各种植160株, 株距35 cm, 行距60 cm。以单株为单位进行开花期的调查记载, 按常规田间管理。

采用盖钧镒等提出的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, 对辣椒‘E100’/‘L101’组合的6世代(P₁、P₂、F₁、F₂、B₁和B₂)群体的开花期的遗传规律进行分析。考虑1对主基因(代号A类)、2对主基因(B类)、多基因(C类)、1对主基因 + 多基因(D类)、2对主基因 + 多基因(E类)等5类/24种遗传模型, 通过极大似然法和IECM算法估计混合分布中的分布参数, 经AIC(Akaike’s information criterion)值的判别、似然比测验(likelihood ratio test, LRT)和一组适合性测验(U12、U22、U32、nW2、D2), 选择最优遗传模型, 并估算主基因和多基因效应值、遗传率一阶遗传参数和二阶遗传参数等。

用植物数量性状主基因 + 多基因多世代联合分析方法对E100 × L101组合6世代的开花期进行分析, 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种遗传模型的极大对数似然函数值和AIC值。根据最小AIC值原则, 选取D-2、E、E-1这3个模型为开花期遗传的适合模型, 经开花期模型的适合性检验可知, E不仅最佳也是最适, 而D-2、E-1分别有9和11个适合性检验统计量与分离群体的分布不一致。因此, E100 × L101组合开花期为两对加性—显性—上位性主基因 + 加性—显性—上位性多基因混合遗传模型。

控制辣椒开花期的第一对主基因的加性和显性效应、显性度分别为-3.72、1.23、-0.33, 第二对主基因的加性和显性效应、显性度分别为-2.90、1.96、-0.68, 表明这两对主基因的效应均以加性效应为主, 且第一对主基因的加性作用更明显; 在上位性作用中, 两对主基因的显性 × 显性互作效应较大。主基因遗传率在B₁、B₂和F₂群体中分别为55.27%、53.83%和76.05%, 主基因在F₂作用较大。多基因遗传率在B₁、B₂和F₂群体遗传率为16.94% ~ 42.78%, 多基因在B₂群体中作用较大。总之, 主基因和多基因变异占有相当的比重。

关键词: 辣椒; 早熟性状; 开花期; 主基因—多基因混合遗传模型; 遗传分析

中图分类号: S 641.3

文献标识码: A

文章编号: 0513-353X (2011) S-2574-01

收稿日期: 2011-07-08

基金项目: 广东省科技计划项目(2009B060600004, 2010B020304001); 现代农业产业技术体系建设专项

* 通信作者(E-mail: ly38469@yahoo.com.cn; Tel: 020-38469605)