

辣椒始花节位遗传研究

陈学军^{1,2} 陈劲枫^{1*} 方 荣² 程志芳¹ 王述彬^{1,3}

(¹作物遗传与种质创新国家重点实验室, 南京农业大学园艺学院, 南京 210095; ²江西省农业科学院蔬菜花卉研究所, 南昌 330200; ³江苏省农业科学院蔬菜研究所, 南京 210014)

摘 要: 应用植物数量性状主基因 + 多基因混合遗传模型和经典遗传学方法对特早熟辣椒 ‘B₉₄₃₁’ 与 ‘吉林长椒’ 杂交组合多个世代群体始花节位进行了联合分析, 结果表明: ‘B₉₄₃₁’ 始花节位受 1 对隐性等位主基因控制, B₉₄₃₁ × 吉林长椒始花节位遗传符合 1 对主基因 + 多基因混合遗传模型。该杂交组合的 B₁、B₂ 和 F₂ 群体主基因遗传率分别为 83.72%、76.56% 和 86.63%, 多基因遗传率分别为 10.96%、18.58% 和 7.94%。

关键词: 辣椒; 始花节位; 遗传分析

中图分类号: S 641.3 **文献标识码:** A **文章编号:** 0513-353X (2006) 01-0152-03

Inheritance of the Node for First Flower in Pepper (*Capsicum annuum* L.)

Chen Xuejun^{1,2}, Chen Jinfeng^{1*}, Fang Rong², Cheng Zhifang¹, and Wang Shubin^{1,3}

(¹National Key Laboratory of Crop Genetics and Germplasm Enhancement, College of Horticulture, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China; ²Institute of Vegetable and Flower, Jiangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanchang 330200, China; ³Institute of Vegetable, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing 210014, China)

Abstract: With classic genetics and the major gene plus polygene model of quantitative traits, a joint analysis of multi-generations from the cross between an extreme earliness inbred line ‘B₉₄₃₁’ and ‘Jilin Changjiao’ was carried out to investigate the inheritance of the node of the first flower in pepper (*Capsicum annuum* L.). The results showed that the node of the first flower in ‘B₉₄₃₁’ was controlled by a recessive major gene and the inheritance of the node of the first flower fitted one major gene plus polygene model. Heritability values of the major genes of B₁, B₂ and F₂ population were estimated as 83.72%, 76.56% and 86.63% respectively, while those polygene were 10.96%, 18.58% and 7.94%.

Key words: Pepper; Node of the first flower; Genetic analysis

1 目的、材料与方法

辣椒 (*Capsicum annuum* L.) 始花节位是反映辣椒熟性的一个重要性状, 国内外学者基于传统数量遗传学已对其遗传效应进行了研究^[1]。‘B₉₄₃₁’ 是特早熟辣椒自交系, 具有在第 1 ~ 2 节开花坐果的特性^[2], 但其遗传方式尚不清楚。本研究以辣椒 ‘B₉₄₃₁’ 为主要试材, 对始花节位进行了遗传分析, 为辣椒特早熟资源的利用、创制和熟性育种提供理论依据。

试验以 ‘B₉₄₃₁’ (P₁) 为母本, 基因型纯合的中晚熟品种 ‘吉林长椒’ (P₂) 为父本, 构建 F₁、F₂、B₁ (F₁ × P₁) 和 B₂ (F₁ × P₂) 群体, 2004 年秋季将 6 个世代种植于塑料大棚, 其中 P₁、P₂、F₁ 各种植 36 株, B₁、B₂ 和 F₂ 各种植 156 株, 株距 35 cm, 行距 60 cm。在开花期以单株为单位调查记载植株始花节位。用孟德尔经典分组方法对 B₁ 和 F₂ 个体始花节位的分离情况进行 χ^2 测验分析, 用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^[3], 对 B₉₄₃₁ × 吉林长椒组合 6 个世

收稿日期: 2005 - 03 - 21; 修回日期: 2005 - 06 - 27

基金项目: 作物遗传与种质创新国家重点实验室开放课题; 国家高技术研究发展计划专项 (2004AA241120)

* 通讯作者 Author for correspondence (E-mail: jfchen@njau.edu.cn)

代的始花节位进行联合分析,利用 AIC 准则 (Akaike's Information Criterion, AIC) 和 1 组适合性检验 (包括均匀性检验、Smirnov 检验和 Kolmogorov 检验),选择最优遗传模型,并估算主基因和多基因遗传参数。植物数量性状主基因 + 多基因遗传体系的分离分析统计软件由南京农业大学国家大豆改良中心提供。

2 结果分析与讨论

2.1 6 个世代始花节位的次数分布与经典遗传学分析

从表 1 看到, $B_{9431} \times$ 吉林长椒组合分离群体 B_1 、 B_2 和 F_2 始花节位呈准连续性分布,其中 B_1 始花节位 1~9 节, B_2 始花节位 5~13 节, F_2 始花节位 1~11 节,且 B_1 和 F_2 始花节位的次数分布均呈双峰分布 (图略),表明有主基因控制辣椒始花节位的表达。

表 1 $B_{9431} \times$ 吉林长椒组合 6 个世代始花节位的次数分布

Table 1 Frequency distribution of the node of the first flower in 6 generations derived from the cross of $B_{9431} \times$ Jilin Changjiao

世代 Generation	节位 Node													总数 Total
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	
P_1	9	27												36
P_2											20	13		33
F_1						5	27							32
B_1	21	48	7	2	3	28	34	11	2					156
B_2					4	30	26	12	11	25	23	9	2	142
F_2	13	29	3	8	18	34	20	13	3	1	1			143

结合双亲 (P_1 、 P_2) 始花节位的表型,在 B_1 和 F_2 始花节位次数分布的峰谷处,划定区别基因型的分界线。 B_1 始花节位在 1~3 节的单株数为 76 株,在 4~9 节的单株数为 80 株,符合 1:1 的分离比例; F_2 在 1~3 节的单株数为 45 株,在 4~11 节的单株数为 98 株,符合 1:3 的分离比例 (表 2)。这表明有 1 对主基因控制 $B_{9431} \times$ 吉林长椒组合始花节位的遗传, ' B_{9431} ' 始花节位的表达受 1 对隐性等位主基因控制,低始花节位 (1~3 节) 表现为隐性,高始花节位 (4 节以上) 为显性。

表 2 $B_{9431} \times$ 吉林长椒杂交后代始花节位分离表现

Table 2 Separation proportion of the node of the first flower derived from the cross of $B_{9431} \times$ Jilin Changjiao

世代 Generation	始花节位为 1~3 节的植株总数 The total plants with the node of the first flower from 1 to 3	始花节位为 4~11 节的植株总数 The total plants with the node of the first flower from 4 to 11	总株数 Total	期望比 Theoretical ratio	X^2	$X^2_{0.05}$	P
F_2	45	98	143	1:3	2.855	3.841	<0.05
B_1	76	80	156	1:1	0.0577	3.841	<0.05

2.2 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

2.2.1 遗传模型 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 值。根据 AIC 准则,初步选定 AIC 值最小的 D-1 和 D-2 模型为 $B_{9431} \times$ 吉林长椒组合始花节位的适合模型,其 AIC 值分别为 1869.98 和 1867.98。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,这 2 个模型均属 1 对主基因范畴。可见, $B_{9431} \times$ 吉林长椒组合始花节位的遗传受 1 对主基因控制,这与前面的经典遗传学分析结果一致。

对 D-1 和 D-2 两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 和 D-2 模型均有 7 个统计量达到显著水平 (数据未列出),但 D-2 模型 AIC 值更小,说明 D-2 模型更优。因此, D-2 模型为 $B_{9431} \times$ 吉林长椒组合始花节位遗传的最优模型。

2.2.2 遗传参数的估计 表 3 为 D-2 模型下 B₉₄₃₁ × 吉林长椒组合始花节位遗传参数。其主基因加性效应值和显性效应值分别为 - 3.4402 和 0, 多基因加性效应值和显性效应值分别为 - 1.2161 和 - 0.1187。B₉₄₃₁ × 吉林长椒组合分离世代始花节位主基因遗传率 76.56% ~ 86.63%, 多基因遗传率 7.94% ~ 18.58%。环境对辣椒始花节位的影响较小, 环境方差占总表型方差的 2.75% ~ 5.31%。因此, 在辣椒早熟育种中, 以始花节位作为熟性选择标准, 将具有较明显和稳定的选择效果。

表 3 B₉₄₃₁ × 吉林长椒组合始花节位遗传参数估计值

Table 3 Estimates of genetic parameters of the node of the first flower derived from the cross of B₉₄₃₁ × Jilin Changjiao

一阶参数 1 st order parameter	估计值 Estimate	二阶参数 2 nd order parameter	估计值 Estimate		
			B ₁	B ₂	F ₂
m (6世代群体平均值 Average value of six generations)	6.1589	$\frac{2}{p}$	3.5330	3.8634	6.8220
d (主基因加性效应值 Additive effective value of major gene)	- 3.4402	$\frac{2}{pg}$	0.3870	0.7179	0.5416
h (主基因显性效应值 Dominant effective value of major gene)	0	$\frac{2}{mg}$	2.9580	2.9580	5.9100
[d] (多基因加性效应值 Additive effective value of the poly-gene)	- 1.2161	$\frac{2}{e}$	0.1875	0.1875	0.1875
[h] (多基因显性效应值 Dominant effective value of the poly-gene)	- 0.1187	h_{mg}^2 (%)	83.72	76.56	86.63
		h_{pg}^2 (%)	10.96	18.58	7.94

注: $\frac{2}{p}$: 表型方差; $\frac{2}{pg}$: 多基因方差; $\frac{2}{mg}$: 主基因方差; $\frac{2}{e}$: 环境方差; h_{mg}^2 : 主基因遗传率; h_{pg}^2 : 多基因遗传率。

Note: $\frac{2}{p}$: Phenotypic variance; $\frac{2}{pg}$: Poly-gene variance; $\frac{2}{mg}$: Major gene variance; $\frac{2}{e}$: Environmental variance; h_{mg}^2 (%): Major gene heritability; h_{pg}^2 (%): Poly-gene heritability.

对于植物数量性状的遗传, 传统数量遗传学只能估测基因的总效应, 而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、水稻等作物的多个性状遗传研究中得到应用^[3]。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辣椒始花节位遗传分析, 并结合孟德尔经典方法, 验证了 B₉₄₃₁ × 吉林长椒组合始花节位由 1 对主基因控制表达, 同时存在多基因的修饰作用, ‘B₉₄₃₁’ 始花节位为隐性遗传。两种分析方法的结果一致, 且相互补充。

参考文献:

- 1 邹学校. 中国辣椒. 北京: 中国农业出版社, 2002. 70 ~ 72
Zou X X. Chinese chilli. Beijing: China Agricultural Press, 2002. 70 ~ 72 (in Chinese)
- 2 陈学军, 方 荣, 万新建. 辣椒特早熟品系 B₉₄₃₁ 选育初报. 中国蔬菜, 1999 (1): 37
Chen X J. Fang R, Wan X J. An extreme earliness inbred line - ‘B₉₄₃₁’. China Vegetables, 1999 (1): 37 (in Chinese)
- 3 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)

新书推荐

《英汉生物学词汇》(第二版)

本书是《英汉生物学词汇》1983年版的增修订本, 是一部综合生物学各分支学科词汇的大型工具书。收有动物学、植物学、人体解剖学、组织胚胎学、微生物学、遗传学、细胞学、生物化学、生物物理学、时间生物学、生物工程、分子生物学、生态学等学科以及医学、农学的词汇, 共约 130 000 条。定价: 99 元 (含邮费)。

《汉英生物学词汇》

本书是一部汉英对照的大型工具书。收有动物学、植物学、人体解剖学、组织胚胎学、微生物学、遗传学、细胞学、生物化学、生物物理学、时间生物学、生物工程、分子生物学、生态学等学科以及医学、农学的名词, 共约 14 万条。定价: 106 元 (含邮费)。

购书者请通过邮局汇款至北京中关村南大街 12 号中国农科院蔬菜花卉所《园艺学报》编辑部, 邮编 100081。