

文章编号: 1001— 411X (2000) 02— 0008— 02

有棱丝瓜果长遗传效应的初步研究

林明宝¹, 林师森²

(1 华南农业大学园艺系, 广东 广州 510642; 2 海南大学农学院, 海南 海口 571000)

摘要: 用长果自交系 S16318 和短果自交系 KN41531 作亲本进行杂交、自交和回交。应用数量遗传学原理分析各世代的遗传效应, 结果表明: 有棱丝瓜果长遗传方式属数量遗传; 其遗传效应符合加性-显性遗传模型, 以加性效应为主; 控制果长性状的最少基因数目为 4 对; 果长的狭义遗传力为 67.06%。

关键词: 有棱丝瓜; 果实长度; 遗传效应
中图分类号: S 642.4 **文献标识码:** A

丝瓜原产东印度, 可分为普通丝瓜 [*Luffa cylindrica* (L.) Rome.] 和有棱丝瓜 [*Luffa acutangula* (L.) Roxb.]. 我国各省多栽培普通丝瓜, 而广东省则多栽培有棱丝瓜。有棱丝瓜是广东名优特产蔬菜之一^[1]。广东各地因消费习惯不同, 对有棱丝瓜的要求各有所异, 如珠江三角洲一带和出口港澳市场要求果长 60~80 cm, 短于或长于这一范围的均属劣质产品, 而湛江、汕头、韶关等地区则要求果长 30~40 cm。果实长度不符合消费要求的产品在当地市场上缺乏销路。因此在有棱丝瓜育种中, 果长是外观品质的重要性状之一。关于瓜类果长的遗传研究, 黄瓜已有报道^[2], 而有棱丝瓜果长遗传研究迄今却鲜见报道。本文对有棱丝瓜果长的遗传进行了初步的研究, 旨在为有效地开展有棱丝瓜果长的品质育种提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

1.1.1 亲本材料 亲本材料 S161318 为广东省农家品种乌耳经 6 代自交的自交系, 果长 70.95 cm, 横径 4.8 cm, 皮色深绿。亲本材料 KN 41531 为海南省澄迈县农家品种澄迈丝瓜经 5 代自交的自交系, 果长 34.98 cm, 横径 6.3 cm, 皮色浅绿带斑白点(麻皮)。

1.1.2 各世代材料 用自交系 S161318 作母本, KN 41531 作父本, 于 1996 年春在华南农业大学园艺系蔬菜试验场进行杂交, 获得 F₁ 材料。1996 年秋进行自交和回交, 获得 F₂、B₁ 和 B₂ 材料。

1.2 试验方法

1.2.1 亲本及各世代材料果长测定 1997 年春在华南农业大学园艺系蔬菜试验场栽植亲本 P₁(S161318)、

P₂(KN41531)及 F₁、F₂、B₁、B₂ 各世代材料。P₁、P₂ 和 F₁ 各栽植 60 株, F₂ 栽植 303 株, B₁ 和 B₂ 各栽植 255 株, 试验采用随机区组设计, 3 次重复。栽培管理按一般生产水平进行。当商品瓜成熟时, 随机取亲本及各世代植株第 2 果进行果长测定, 每株取 1 果。

1.2.2 统计分析方法 遗传模型及各世代遗传成份估算按 Mather 法进行分析; 最少基因数目按 Castlewright 法估算^[3]。

2 结果与分析

2.1 F₁ 果长表现及 F₂ 果长变异分析

整理亲本及各世代果长表现数据, 其果长平均数见表 1。从表 1 可知, F₁ 平均果长为 52.91 cm, 很接近两亲本的平均值(52.96)。对 F₂ 果长变异进行次数分布分析(见表 2), 据表 2, 以组中值 x 为横坐标, 分布次数 f 为纵坐标作次数分布图(图 1)。从表 2 和图 1 发现 F₂ 群体果长变异从 33~72.9 cm 范围内呈连续性分布, 主要集中分布在 48~57.7 这个范围内, 其次达 119 次, 而极长和极短的两端仅 8 和 14 次。从图 1 也可见, F₂ 群体果长变异呈单峰曲线, 近似于正态分布, 显示有棱丝瓜果长性状的表现较符合于数量性状遗传的基本特征。

表 1 各世代果长平均数及方差¹⁾

Tab. 1 Mean and variance of fruit length in different generations

世代 generations	P ₁	P ₂	F ₁	F ₂	B ₁	B ₂
n	40	33	44	241	160	169
$\bar{x}$	70.95	34.98	52.91	50.57	58.36	43.75
V	4.87	9.22	9.43	68.34	48.99	41.86

1) n : 果数; $\bar{x}$: 果长平均数; V : 果长方差

表 2 F₂ 果长变异次数分布

Tab. 2 Frequency distribution of variation of fruit length in F₂

组距	组中值(<i>x</i>)	次数(<i>f</i>)
distance between groups	mean of group	frequency
33~37.9	35.45	14
38~42.9	40.45	20
43~47.9	45.45	39
48~52.9	50.45	66
53~57.9	55.45	53
58~62.9	60.45	27
63~67.9	65.45	14
68~72.9	70.45	8

2.2 遗传模型及遗传效应的组成成份分析

整理各世代果长数据, 求出各世代遗传方差(表 1)。据表 1, 利用各世代群体平均数之间的关系, 对有棱丝瓜果长的遗传模型进行适合性测验(表 3)。如表 3 所示: *A*、*B*、*C* 和上位性 *i* 测验 *t* 值均达不到显著水平, 这表明有棱丝瓜果长的遗传符合于 Mather 的加性—显性遗传模型^[3]。据表 1, 求其各遗传效应的组成成份, 结果总遗传方差 *V_g* 为 60.5, 其中加性方差 1/2 *D* 为 45.83, 显性方差 1/4 *H* 为 14.67, 平均显性度 $\sqrt{H/D}$ 为 0.566。这表明有棱丝瓜果长遗传以加性效应为主, 显性效应较小, 属不完全显性。

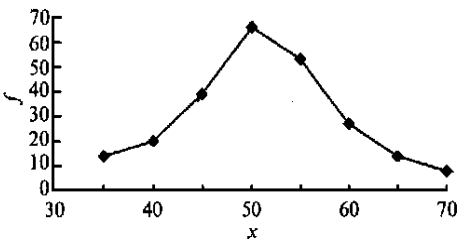


图 1 F₂ 果长变异次数分布

Fig. 1 Frequency distribution of variation of fruit length in F₂

表 3 果长遗传模型适合性测验¹⁾

测验类别	实测值	<i>t</i> 值	自由度
kind of test	actual value	<i>t</i> value	freedom
<i>A</i>	— 7.14	0.49	241
<i>B</i>	— 0.39	0.028	243
<i>C</i>	— 9.47	0.279	354
<i>i</i>	1.94	0.051	567

1) 自由度 > 120 时 $t_{0.05}=1.96$ $t_{0.01}=2.576$

2.3 遗传力和最少基因数目估算

据表 1 估算狭义遗传力 $h^2_N=\{[2V_{F_2}-(V_{B_1}+V_{B_2})]/V_{F_2}\} \times 100$, 结果为 67.06%。按 Castle-wright 法估算最少基因数目, 结果为 3.53 对, 约为 4 对 [$k=$

$(P_1-P_2)^2/(8 \times 1/2 D)]$ 。

3 讨论

本研究初步明确了有棱丝瓜果长遗传属数量遗传。因为研究结果显示了长果和短果双亲杂交后, F₁ 果长介于双亲果长中值, 没有出现质量性状般的隐性关系; F₂ 果长出现连续性变异类型, 极长果和极短的变异出现比率较小, 而变异集中在中间类型, 其变异的分布近似正态分布。从 F₁ 和 F₂ 果长的表现来看均与数量性状的表现相符合。控制果长最少基因数目的估算也指出, 其最少基因数目为 4 对。这都进一步表明了有棱丝瓜果长遗传是受多基因控制的数量遗传。

本研究表明有棱丝瓜果长遗传符合 Mather 的加性—显性遗传模型。这显示: 有棱丝瓜果长的遗传效应主要为加性和显性, 非等位基因互作所产生的上位性效应甚微。在加性和显性的总遗传组成中, 又以加性效应为主, 占总遗传成份的 75.8% (总遗传方差为 60.5, 而加性方差 1/2 *D* 为 45.53), 显性方差 1/4 *H* 所占份量较小, 且显性属不完全显性。这启示: 开展有棱丝瓜果长的品质育种宜采用常规的杂交育种法。试验结果也显示了果长的狭义遗传力较高 ($h^2_N=67.06\%$), 表明了对杂交后代的选择也将取得较好的效果。

任何性状的表现都是基因型和环境效应共同作用的结果。有棱丝瓜果长性状的表现也在一定程度上也受到环境效应的影响。如同一品种, 春植果实较长, 夏植较短; 同一植株, 中部节位所结的果实较长, 基部和顶部之果较短。故在对有棱丝瓜果长进行选择时, 应注意环境因素的影响。但是在同一环境条件下, 不同基因型的有棱丝瓜, 其果长表现有明显的差异, 如本试验中的双亲, 这则是遗传效应的结果, 是进行选择的遗传依据。

参考文献:

[1] 陈碧琳, 邱汉林, 叶晓青. 岭南名优蔬菜栽培技术[M]. 广州: 科学普及出版社广州分社, 1989. 162~163
[2] 赵殿国, 孙汉友. 黄瓜果长遗传力研究[J]. 中国蔬菜, 1991, (3): 14~16
[3] 马育华. 植物育种的量遗传学基础[M]. 南京: 江苏科学技术出版社, 1982. 101~102, 197~198

(下转第 24 页)

The Construction and Analysis of Natural Population Life Table of
Phyllotreta striolata (Fabricius) (Coleoptera: Chrysomelidea)

ZHANG Mao-xin, LIANG Guang-wen, PANG Xiong-fei
(Lab. of Insect Ecology, South China Agric. Univ., Guangzhou 510642, China)

Abstract: By the investigate data of population in laboratory and field, the life table of striped flea beetle (SFB) *Phyllotreta striolata* (Fabricius) was constructed with the affecting factors in spring and autumn. The results showed that the index of population developmental trend(I) of SFB in spring and autumn were 14.63 and 3.86 respectively. There was no parasited enemy of SFB in field; The exclusive index population control (EIPC) of “predator and other factor” was 1.31. It was suggested that the effect of “predator and others ” was not obvious if the factor “predator and others” was excluded. The factor “natural death” was an important one on population development of SFB whose total EIPC was 3.11 in spring and 2 in autumn.

Key words: *Phyllotreta striolata*; natural population; life table

【责任编辑 张 砾】

(上接第 9 页)

Preliminary Study on the Heredity of Fruit Length of Angular Sponge Gourd

LIN Ming-bao¹, LIN Shi-sen²
(1 Dept. of Horticulture, South China Agric. Univ., Guangzhou 510642, China;
2 College of Agric., Hainan Univ., Haikou 571000 China)

Abstract: Crossing, self-crossing and backcrossing were conducted with parents which have long fruit and short fruit. The data of experiment were analyzed by applying principle of quantitative genetics and the results showed that the fruit length of angular sponge gourd was a quantitative character controlled by 4 pair of genes. The genetic pattern of fruit length is in accord with pattern of additive-dominance. Among all the genetic components of fruit length, the additive is predominant. The narrow heritability is 67.07%. It showed that applying cross-breeding to fruit length of angular sponge gourd is better and selecting fruit length character in early generation is available.

Key words: angular sponge gourd; fruit length ; heredity

【责任编辑 柴 焰】