陈英达,孙浩,于文慧,等.薄皮甜瓜茎粗和节间长性状主基因+多基因遗传分析[J].江西农业大学学报,2025,47(4):922-931.
CHEN Y D,SUN H,YU W H,et al.Mixed major gene + polygene genetic analysis of stem diameter and internode length traits in oriental melon[J].Acta agriculturae universitatis Jiangxiensis,2025,47(4):922-931.

薄皮甜瓜茎粗和节间长性状主基因+多基因遗传分析

陈英达[1],孙　浩[1],于文慧[1],刘瑞梅[1],荣维瑞[1],韩靖漪[1],
潘玉朋[2],刘振宁[1],张　宁[1*]

(1.临沂大学 农林科学学院/山东省作物分子设计与精准育种高校特色实验室,山东 临沂 276000;2.西北农林科技大学 园艺学院,陕西 杨凌 712100)

摘要:【目的】旨在探究薄皮甜瓜茎粗和节间长性状的遗传基础,为甜瓜茎粗和节间长性状的遗传改良提供理论指导,为培育甜瓜理想株型品种提供理论依据。【方法】以薄皮甜瓜高代自交系M125和M30为试验材料,构建六世代群体,利用遗传模型分析软件包对茎粗及节间长进行遗传模型的分析,并计算24种模型的极大似然函数值(MLV)和赤池信息量(AIC),采用AIC最小原则进行模型初选,各性状分别选择3个模型作为备选模型。对备选模型进行适合性检验,选取差异显著最少的备选模型作为最优模型,并计算出最优模型的一阶和二阶遗传参数。【结果】统计分析表明,F_1植株茎粗及节间长均值均介于两亲本之间,且明显偏向于母本。由F_2群体植株茎粗及节间长频次分布可知,2个性状均呈现连续变异,且为偏态分布。薄皮甜瓜植株茎粗符合2对加性-显性-上位性主基因+加性-显性多基因遗传模型,其一阶遗传参数表明,2对主基因的加性效应值均为1.51,第1对主基因的显性效应值为-0.39,第2对主基因的显性效应值为0.06,2对主基因的显性度($|h_a/d_a|$、$|h_b/d_b|$)分别为0.26和0.04,表明2对主基因呈部分显性作用;2对主基因加性效应绝对值之和大于显性效应绝对值之和,表明甜瓜茎粗性状的遗传以加性正向效应为主,并具有增效作用。二阶遗传参数表明,F_2群体的主基因遗传率为82.27%,多基因遗传率为3.21%,B_1和B_2的主基因遗传率分别为83.75%和52.13%,多基因遗传率分别为7.27%和0。节间长符合2对加性-显性-上位性主基因+加性-显性-上位性多基因遗传模型,其一阶遗传参数表明,2对主基因的加性效应值均为13.26,第1对主基因的显性效应值为-17.17,第2对主基因的显性效应值为4.38,2对主基因的显性度分别为1.29和0.33,表明第1对主基因呈超显性作用;第2对主基因呈部分显性作用,2对主基因加性效应绝对值之和大于显性效应绝对值之和,表明甜瓜茎节间长性状的遗传以加性正向效应为主,且加性效应强于显性效应。二阶遗传参数表明,F_2群体的主基因遗传率为84.26%,多基因遗传率为8.93%,B_1和B_2的主基因遗传率分别为77.76%和89.99%,多基因遗传率分别为14.58%和0。【结论】薄皮甜瓜植株茎粗和节间长性状的主基因遗传率较高,且主基因的加性效应均强于显性效应。因此,甜瓜育种过程中对茎粗和节间长性状的选择适宜在早期世代进行。

关键词:薄皮甜瓜;茎粗;节间长;数量性状;主基因+多基因;遗传分析
中图分类号:S652　　**文献标志码:**A　　**开放科学(资源服务)标识码(OSID):**
文章编号:1000-2286(2025)04-0922-10
CSTR:32399.14.aauj.2025079

收稿日期:2024-08-14　　**修回日期:**2024-11-07
基金项目:国家自然科学基金项目(32260778)和山东省高等学校青创科技计划创新团队(2021KJ055)
Project supported by the National Natural Science Foundation of China(32260778)and the Innovation Team of Youth Technology Project of High School in Shandong Province(2021KJ055)
作者简介:陈英达,硕士生,orcid.org/0009-0004-2867-1719,3297507370@qq.com;*通信作者:张宁,讲师,博士,主要从事瓜类作物遗传育种与分子生物学研究,orcid.org/0009-0003-9525-503X,zning817@126.com。
©《江西农业大学学报》编辑部,开放获取CC BY-NC-ND协议

Mixed major gene + polygene genetic analysis of stem diameter and internode length traits in oriental melon

CHEN Yingda[1], SUN Hao[1], YU Wenhui[1], LIU Ruimei[1], RONG Weirui[1], HAN Jingyi[1], PAN Yupeng[2], LIU Zhenning[1], ZHANG Ning[1*]

(1. Academy of Agriculture and Forestry, Linyi University/Shandong Province University Characteristic Laboratory of Crop Molecular Design and Precision Breeding, Linyi, Shandong 276000, China; 2. College of Horticulture, Northwest A&F University, Yangling, Shanxi 712100, China)

Abstract: [**Objective**] This study aims to explore the genetic basis of stem diameter and internode length traits in oriental melon, thus providing theoretical guidance for the genetic improvement of stem diameter and internode length traits, and laying the theoretical foundation for the cultivation of ideal plant type varieties in melon. [**Method**] The oriental melon inbred line M125 and M30 were used as experimental materials to build the six generation populations. The genetic model analysis software package was used to analyse stem diameter and internode length, and maximum likelihood function value (MLV) as well as akaike information criterion (AIC) of 24 models were calculated. The model primary selection was conducted based on the AIC minimum principle, and three models were selected for each trait. The candidate models were tested for fitness. The model with minimal statistically significant deviations was identified as optimal, followed by derivation of its primary and secondary genetic parameters. [**Result**] Statistical analysis revealed that the mean values of stem diameter and internode length in F_1 progeny were intermediate between the two parental lines, with a significant biastoward the maternal parent. The stem diameter fits into the two pairs of additive-dominant-epistatic master genes plus additive-dominant multigene inheritance model. The first-order genetic parameters showed that the additive effect values for the two major genes were 1.51, and the dominant effect values for the first and second pair of the main genes were −0.39 and 0.06, respectively. The dominance degree of the two major pairs ($|h_a/d_a|$、$|h_b/d_b|$) was 0.26 and 0.04, indicating a partial dominant effect of the two major pairs. The sum of the absolute values of the additive effects of the two main genes was higher than the sum of the dominant effect, which indicated that the inheritance of stem diameter in oriental melon was dominated by additive positive effects with synergistic effect. The second-order genetic parameters showed that the main genes and polygenic heritability of the F_2 population was 82.27% and 3.21%, respectively. The heritability of the major genes in B_1 and B_2 population was 83.75% and 52.13%, respectively, and the polygenetic heritability was 7.27% and 0, respectively. The internode length conforms to the genetic model of two pairs of additive − dominant − epistatic major genes plus additive − dominant − epistatic polygenes. The first-order genetic parameters showed that both additive effect values for the main genes were 13.26, and the dominant effect values for the first and second pair of the major genes were −17.17 and 4.38, respectively. The dominance degree of the two major pairs was 1.29 and 0.33, indicating superdominance for the first and partially dominant for the second. The sum of the absolute values of the additive effects of the two pairs of main genes was higher than the sum of the dominant effect, which indicated that the inheritance of stem internode length in oriental melon was dominated by additive positive effect, and the additive effect was stronger than the dominant effect. The second-order genetic parameters showed that the heritability of main genes and polygenes in the F_2 population was 84.26% and 8.93%, respectively. The major genes heritability of B_1 and B_2 was 77.76% and 89.99%, respectively, and the polygenic heritability was 14.58% and 0, respectively. [**Conclusion**] The heritability of the major genes for stem diameter and internode length traits of oriental melon is high, and the additive effect was stronger than the dominant effect. Therefore, the selection of stem diameter and internode length traits is suitable for early generations during melon breeding.

Keywords: oriental melon; stem diameter; internode length; quantitative trait; major gene + polygene; genetic analysis

【研究意义】薄皮甜瓜(*Cucumis melo* L.)在我国瓜果类作物中占有重要地位,其栽培历史悠久,种植范围广泛,并具有较高的营养价值和经济价值[1]。为更好地突破种植限制,植株株型相关性状成为学者们研究甜瓜遗传规律的重要方向。植物株型涵盖了植物的类型、形态与机能,其性状主要包括侧枝长度、叶柄长度、茎粗、节间长度、叶面积以及柄蔓夹角[2],其中茎粗能够有效提高甜瓜植株养分与水分的输送能力,短节间便于育种工作者操作。因此,探究薄皮甜瓜植株茎粗及节间长度的遗传基础与遗传规律对打破甜瓜种植限制显得尤为重要。【前人研究进展】近年来,应用植物数量性状主基因+多基因混合遗传模型进行遗传分析的方法取得较快发展[3],该方法已广泛应用于园艺作物或农作物重要农艺性状的遗传分析中,如辣椒[4]、苦瓜[5-6]、花椰菜[7]、番茄[8]、苦荞[9]、玉米[10]、水稻[11]、小麦[12]等。目前,已有少数园艺作物茎粗及节间长性状遗传分析的研究报道。齐振宇等[3]对厚皮甜瓜株型性状进行遗传分析,结果表明主茎直径遗传受2对加性-显性-上位性主基因+加性-显性多基因控制,节间长遗传受2对加性-显性主基因+加性-显性多基因控制,并认为在早期世代进行节间长的选择是有效的,对主茎直径的选择宜在高代进行;张梦弟等[13]研究发现苦瓜茎粗的遗传符合加性-显性-上位性多基因遗传模型(C-0模型),节间长的遗传符合2对等加性主基因+加性-显性多基因混合遗传模型(E-4模型);虞慧芳等[14]利用茎粗细差异极大的青花菜品种对茎粗遗传进行研究,结果发现青花菜茎粗性状由2对加性主基因+加性-显性多基因控制;曹齐卫等[15]采用春秋两季的试验进行黄瓜节间长性状的遗传研究,结果表明两季节间长遗传符合1对加性-显性主基因+加性-显性-上位性多基因模型,主基因在B_1、F_2世代选择效率较高,并认为节间长性状适宜在早期世代进行选择;向成刚等[16]以短蔓型和长蔓型笋瓜材料为亲本对节间长性状进行遗传分析,结果显示在幼苗期和逆转期受到2对主效基因控制,生长后期受到主效单基因控制;张宁等[17]利用短节间'串黄'番茄(CH)和长节间'大黄'番茄(DH)品系构建六世代群体对苗期节间长度进行遗传研究,结果表明苗期节间长度受2对加性-显性-上位性主基因+加性-显性-上位性多基因控制,主基因遗传率在B_1和F_2代较高。以上研究结果表明不同园艺作物的茎粗和节间长性状所符合的遗传模型略有差异,但多数研究认为2个性状均由主基因和多基因共同控制。

【本研究切入点】茎作为甜瓜的重要营养器官,在水分的疏导及养分的贮藏上发挥着非常重要的作用。茎粗是影响甜瓜生长势水平的重要因素之一,短节间便于育种工作者操作。目前,关于甜瓜植株茎粗及节间长性状的遗传规律研究开展较少。【拟解决的关键问题】本研究旨在利用植物数量性状主基因+多基因遗传分析法探究薄皮甜瓜茎粗及节间长性状的遗传规律,为甜瓜茎粗及节间长性状遗传改良提供理论指导,也为培育甜瓜理想株型品种奠定理论基础。

1 材料与方法

1.1 试验材料

以薄皮甜瓜茎粗及节间长差异明显的高代自交系M125和M30分别作为母本(P_1)和父本(P_2),两亲本杂交获得F_1群体,F_1与父、母本回交获得B_1、B_2群体,F_1自交获得F_2代。试验材料由西北农林科技大学



图1 甜瓜两亲本及F_1代茎表型

Fig.1 Stem phenotypes of parents and its F_1 generations

园艺学院提供。2022年试验材料在临沂大学农林科学学院试验基地种植，P_1、P_2、F_1各种植24株，F_2种植169株，B_1、B_2分别种植36和35株，所有试验材料均统一进行田间管理，定植后45 d进行甜瓜植株主茎第13~15节位(12~13，13~14，14~15)茎粗及节间长性状的测定(图1)。

1.2　测定方法

本研究对P_1、P_2、F_1、F_2、B_1和B_2群体进行农艺性状调查，成熟期使用电子游标卡尺严格测量植株主茎第13~15节位茎粗及节间长度，取平均值(单位:mm)，并参照《甜瓜种质资源描述规范和数据标准》进行记录[18]。

1.3　数据分析

利用Excel 2021及SPSS 27.0软件对数据进行整理和统计分析，计算出各组数据的平均值、标准差、变异系数、偏度、峰度等，并绘制频次分布图。根据盖钧镒[19]提出的植物数量性状遗传规律研究的主基因+多基因混合遗传模型分析法，结合章元明等[20]提出的六世代联合的数量性状分离分析法，并利用SEA软件[21]计算24种模型的极大似然函数值(max-likelihood-values，MLV)和赤池信息量(Akaike information criterion，AIC)，采用AIC最小原则进行模型初选，从中选择3个模型作为备选模型。并对选取模型进行适合性检验，包括均匀性检验U_1^2、U_2^2、U_3^2，Smirnov检验($_nW^2$)，Kolmogorov检验(D_n)，然后根据适合性检验结果确定最优模型，最后利用最小二乘法估计植株茎粗及节间长性状最优模型的一阶和二阶遗传参数。

2　结果与分析

2.1　甜瓜植株茎粗及节间长表型数据分析

对甜瓜六世代茎粗及节间长进行表型数据统计分析(表1)，结果表明P_1植株茎粗均值为8.04 mm，节间长均值为105.73 mm；P_2植株茎粗均值为4.96 mm，节间长均值为64.01 mm；P_1植株茎粗及节间长均值均大于P_2，表明两亲本表型差异明显。F_1植株茎粗及节间长均值分别为7.07 mm和91.03 mm，均介于两亲本之间，且明显偏向于M125高值亲本。由F_2群体植株茎粗及节间长频次分布图可知(图2)，2个性状均为单峰曲线，呈现连续变异，且偏度均不为0，呈偏态分布。在六世代群体中，P_1、P_2、F_1群体的植株茎粗及节间长变异系数较小，均不超过11%，F_2、B_1、B_2群体的变异系数较大(12%<CV<37%)，B_1、B_2和F_2群体峰值绝对值均大于0，表明存在主效基因。上述结果表明，甜瓜茎粗及节间长性状符合主基因+多基因数量性状遗传的基本特征。

表1　甜瓜茎粗及节间长表型统计

Tab.1　Phenotype statistics of melon stem diameters and internode length traits

性状 Traits	世代 Generation	最大值/mm Maximum	最小值/mm Minimum	标准差 SD	平均值/mm Mean	变异系数/% CV	偏度 Skewness	峰度 Kurtosis
茎粗 Stem diameters	P_1	9.53	7.00	0.85	8.04	10.57	0.67	−0.89
	P_2	5.55	4.55	0.26	4.96	5.24	0.78	−0.10
	F_1	7.75	6.25	0.42	7.07	5.94	−0.33	−0.55
	F_2	9.90	2.13	1.73	4.76	36.34	0.75	−0.37
	B_1	11.67	4.78	1.78	6.82	26.10	1.40	0.98
	B_2	6.46	3.64	0.77	4.60	16.74	0.70	−0.38
节间长 Stem internode length	P_1	123.16	105.73	4.80	116.40	4.12	−0.72	−0.26
	P_2	73.95	51.41	5.43	64.01	8.48	0.13	0.22
	F_1	95.54	83.27	3.63	91.03	3.99	−0.74	−0.63
	F_2	127.44	45.80	17.13	83.58	20.50	−0.06	−0.34
	B_1	151.03	65.11	16.16	130.84	12.35	−2.22	7.39
	B_2	103.84	52.98	14.13	77.66	18.19	0.07	−0.97

2.2　甜瓜植株茎粗及节间长最优遗传模型的确定及适合性检验

采用主基因+多基因混合遗传模型分析法对6个世代群体茎粗及节间长进行分析，利用SEA分离分析软件分别计算24种模型的MLV值和AIC值，结果见表2。根据AIC值最小原则，选取AIC值最小的3个遗传模型作为备选模型，茎粗性状所选择的3个备选模型AIC值分别为954.15、955.90、964.37，对应模型

分别为MX2-ADI-AD、MX1-AD-ADI和MX2-ADI-ADI;节间长性状所选择的3个备选模型AIC值分别为2 441.31、2 443.61、2 447.86,对应模型分别为MX2-ADI-ADI、2MG-AD和2MG-ADI。

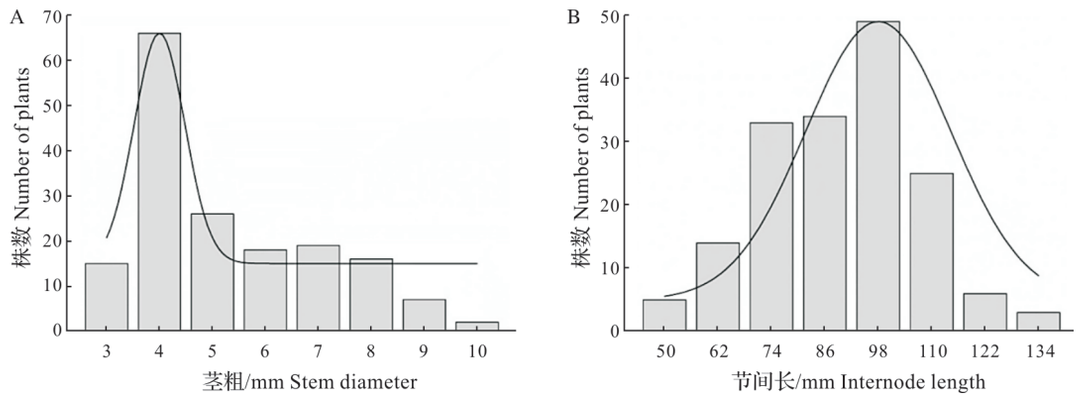


图2 F_2群体植株茎粗及节间长频次分布图

Fig.2 Distribution distribution of stem diameter and internode length in F_2 population

分别对2个性状的备选模型进行适合性检验,结果(表3)表明,茎粗性状的备选模型MX2-ADI-AD、MX1-AD-ADI和MX2-ADI-ADI均未出现差异显著量,但MX2-ADI-AD的AIC值最小,因此选择MX2-ADI-AD模型为最优遗传模型,即茎粗受2对加性-显性-上位性主基因+加性-显性多基因控制;节间长性状的备选模型MX2-ADI-ADI和2MG-ADI均未出现差异显著量,2MG-AD模型有4个统计量达到显著水平,且MX2-ADI-ADI的AIC值最小,因此选择MX2-ADI-ADI模型为最优遗传模型,即节间长受2对加性-显性-上位性主基因+加性-显性-上位性多基因控制。

表3 3种备选模型的适合性检验

Tab.3 Suitability test of the three candidate models

性状 Traits	遗传模型 Genetic model	世代 Generation	U_1^2	U_2^2	U_3^2	$_nW^2$	D_n
茎粗 Stem diameters	MX2-ADI-AD	P_1	0.157 2 (0.691 7)	0.085 9 (0.769 4)	0.131 9 (0.716 5)	0.176 7 (0.318 6)	0.164 5 (0.484 0)
		P_2	0.819 5 (0.365 3)	0.589 4 (0.442 7)	0.189 4 (0.663 4)	0.187 9 (0.293 4)	0.209 9 (0.208 9)
		F_1	1.026 5 (0.311 0)	1.133 9 (0.286 9)	0.112 5 (0.737 3)	0.168 4 (0.339 0)	0.193 9 (0.288 8)
		F_2	0.003 6 (0.952 5)	0.045 4 (0.831 2)	0.386 5 (0.534 1)	0.104 9 (0.571 0)	0.064 7 (0.478 9)
		B_1	0.000 4 (0.984 6)	0.126 5 (0.722 1)	1.817 0 (0.177 7)	0.163 0 (0.353 2)	0.136 2 (0.475 1)
		B_2	0.135 9 (0.712 4)	0.204 0 (0.651 5)	0.143 8 (0.704 5)	0.063 9 (0.793 4)	0.116 3 (0.688 3)
	MX1-AD-ADI	P_1	0.173 8 (0.676 8)	0.095 9 (0.756 8)	0.141 1 (0.707 2)	0.179 6 (0.311 8)	0.166 3 (0.470 8)
		P_2	0.175 2 (0.675 5)	0.156 1 (0.692 8)	0.001 7 (0.967 2)	0.180 9 (0.308 7)	0.220 7 (0.165 8)
		F_1	0.030 9 (0.860 5)	0.035 1 (0.851 4)	0.004 7 (0.945 3)	0.054 6 (0.848 8)	0.124 9 (0.804 4)
		F_2	0.174 8 (0.675 9)	0.125 0 (0.723 6)	0.042 0 (0.837 6)	0.225 1 (0.227 4)	0.098 1 (0.077 2)
		B_1	0.067 8 (0.794 6)	0.137 3 (0.711 0)	0.224 8 (0.635 4)	0.073 8 (0.737 1)	0.088 9 (0.914 4)
		B_2	0.188 7 (0.664 0)	0.083 6 (0.772 5)	0.276 8 (0.598 8)	0.120 1 (0.500 8)	0.135 9 (0.495 7)

续表 Continued tab.

性状 Traits	遗传模型 Genetic model	世代 Generation	U_1^2	U_2^2	U_3^2	${}_nW^2$	D_n
节间长 Stem internode length	MX2-ADI-ADI	P_1	0.173 8 (0.676 8)	0.095 9 (0.756 8)	0.141 1 (0.707 2)	0.179 6 (0.311 8)	0.166 3 (0.470 8)
		P_2	0.175 4 (0.675 4)	0.156 2 (0.692 7)	0.001 7 (0.967 4)	0.181 (0.308 6)	0.220 7 (0.165 8)
		F_1	0.030 9 (0.860 5)	0.035 1 (0.851 4)	0.004 7 (0.945 3)	0.054 6 (0.848 8)	0.124 9 (0.804 4)
		F_2	0.121 3 (0.727 6)	0.198 4 (0.656 0)	0.187 4 (0.665 1)	0.233 0 (0.216 0)	0.092 4 (0.111 7)
		B_1	0.119 5 (0.729 5)	0.187 5 (0.665 0)	0.154 6 (0.694 2)	0.091 5 (0.640 1)	0.100 4 (0.825 5)
		B_2	0.028 2 (0.866 7)	0.126 7 (0.721 8)	0.599 2 (0.438 9)	0.068 2 (0.768 5)	0.121 4 (0.637 1)
	MX2-ADI-ADI	P_1	0.149 1 (0.699 4)	0.147 4 (0.701 1)	0.001 6 (0.968 3)	0.133 1 (0.448 9)	0.194 4 (0.286 1)
		P_2	0.023 3 (0.878 6)	0.048 4 (0.825 8)	0.083 2 (0.773 0)	0.066 5 (0.778 3)	0.123 8 (0.812 2)
		F_1	0.171 2 (0.679 0)	0.257 5 (0.611 9)	0.182 4 (0.669 3)	0.139 7 (0.425 1)	0.158 4 (0.532 0)
		F_2	0.035 1 (0.851 4)	0.066 6 (0.796 4)	0.093 8 (0.759 4)	0.053 0 (0.858 8)	0.055 8 (0.667 9)
		B_1	0.061 9 (0.803 6)	0.003 4 (0.953 5)	0.532 8 (0.465 4)	0.083 2 (0.685 0)	0.108 0 (0.755 1)
		B_2	0.001 7 (0.967 0)	0.002 3 (0.961 5)	0.001 1 (0.973 9)	0.020 2 (0.996 8)	0.069 1 (0.992 0)
	2MG-AD	P_1	0.109 0 (0.741 2)	0.143 8 (0.704 6)	0.056 5 (0.812 1)	0.096 9 (0.612 0)	0.137 4 (0.704 9)
		P_2	0.434 7 (0.509 7)	0.285 1 (0.593 3)	0.174 3 (0.676 3)	0.085 6 (0.672 0)	0.149 6 (0.603 5)
		F_1	10.065 4 (0.001 5)*	9.023 9 (0.002 7)*	0.073 7 (0.786 0)	0.959 0 (0.003 1)*	0.324 6 (0.009 4)*
		F_2	0.092 4 (0.761 1)	0.146 8 (0.701 6)	0.126 2 (0.722 4)	0.066 3 (0.779 4)	0.045 9 (0.802 7)
		B_1	0.387 8 (0.533 5)	0.172 2 (0.678 1)	0.565 2 (0.452 2)	0.138 9 (0.427 9)	0.190 2 (0.129 4)
		B_2	0.063 1 (0.801 6)	0.004 8 (0.945 0)	0.486 3 (0.485 6)	0.086 7 (0.666 2)	0.127 8 (0.573 0)
	2MG-ADI	P_1	0.026 2 (0.871 4)	0.019 9 (0.887 8)	0.004 0 (0.949 7)	0.111 0 (0.541 7)	0.175 9 (0.400 8)
		P_2	0.304 1 (0.581 3)	0.185 6 (0.666 6)	0.170 2 (0.679 9)	0.075 5 (0.727 8)	0.143 7 (0.652 8)
		F_1	0.564 3 (0.452 5)	0.548 2 (0.459 1)	0.002 7 (0.958 5)	0.129 4 (0.481 0)	0.159 4 (0.523 9)
		F_2	0.002 2 (0.962 8)	0.008 7 (0.925 7)	0.036 9 (0.847 6)	0.040 4 (0.931 1)	0.045 0 (0.883 5)
		B_1	0.180 1 (0.671 3)	0.065 4 (0.798 2)	0.385 6 (0.534 6)	0.070 2 (0.757 3)	0.128 5 (0.548 9)
		B_2	0.106 0 (0.744 8)	0.388 8 (0.533 0)	1.520 6 (0.217 5)	0.085 4 (0.673 2)	0.115 8 (0.693 0)

U_1^2, U_2^2, U_3^2:均匀性检验统计量,括号内数字为相应概率;${}_nW^2$:Smirnov 检验统计量;D_n:Kolmogorov 检验统计量;*显著性差异($P<0.05$)。

U_1^2, U_2^2, U_3^2: Uniformity test statistic, the number in parentheses is the corresponding probability; ${}_nW^2$: Smirnov test statistic; D_n: Kolmogorov test statistic; * The significant difference($P<0.05$).

表 2 各遗传模型的 MLV 和 AIC 值

Tab.2 MLV and AIC values for each genetic model

遗传模型 Genetic mode	茎粗 Stem diameters		节间长度 Stem internode length	
	MLV	AIC	MLV	AIC
1MG-AD	−576.26	1 160.52	−1 267.87	2 543.75
1MG-A	−558.87	1 123.75	−1 275.87	2 557.74
1MG-EAD	−606.54	1 219.09	−1 385.77	2 777.54
1MG-NCD	−558.10	1 122.21	−1 315.93	2 637.86
2MG-ADI	−492.49	1 004.98	−1 213.93	2 447.86
2MG-AD	−480.19	972.37	−1 215.81	2 443.61
2MG-A	−608.76	1 225.53	−1 339.86	2 687.72
2MG-EA	−586.70	1 179.40	−1 276.66	2 559.33
2MG-CD	−606.80	1 221.60	−1 368.40	2 744.79
2MG-EAD	−606.80	1 219.60	−1 368.40	2 742.79
PG-ADI	−502.30	1 024.62	−1 223.79	2 467.59
PG-AD	−587.14	1 188.28	−1 289.53	2 593.05
MX1-AD-ADI	−465.95	955.90	−1 221.85	2 467.70
MX1-AD-AD	−551.01	1 120.02	−1 247.5 9	2 513.17
MX1-A-AD	−582.25	1 180.50	−1 248.37	2 512.75
MX1-EAD-AD	−582.25	1 180.50	−1 254.34	2 524.68
MX1-NCD-AD	−562.85	1 141.70	−1 257.97	2 531.95
MX2-ADI-ADI	−464.19	964.37	−1 202.66	2 441.31
MX2-ADI-AD	−462.08	954.15	−1 224.09	2 478.17
MX2-AD-AD	−476.26	974.52	−1 249.19	2 520.39
MX2-A-AD	−485.49	988.98	−1 246.60	2 511.20
MX2-EA-AD	−582.25	1 180.50	−1 236.64	2 489.28
MX2-CD-AD	−604.30	1 226.61	−1 250.34	2 518.68
MX2-EAD-AD	−582.25	1 180.50	−1 247.91	2 511.82

粗体表示备选遗传模型。

Bold letters indicate the candidate genetic models.

2.3 甜瓜植株茎粗及节间长最优模型遗传参数估计

由茎粗及节间长最优模型的一阶遗传参数(表 4)可知,茎粗性状主基因的加性效应值相等且为正值(d_a=d_b>0),显性效应值|h_a|>|h_b|(h_a<0),2 对主基因的显性度(|h_a/d_a|、|h_b/d_b|)分别为 0.26 和 0.04,表明 2 对主基因呈部分显性作用;|d_a+d_b|>|h_a+h_b|,表明控制该性状的 2 对主基因以加性正向效应为主,且加性效应强于显性效应。在主基因互作效应中,i(2.02)>l(0.73)>j_{ab}(0.60)>j_{ba}(0.15)>0,对茎粗均起正向作用,且加性×加性(i)互作效应较高。二阶遗传参数表明,F_2群体的主基因遗传率为 82.27%,多基因遗传率为 3.21%;B_1和 B_2的主基因遗传率分别为 83.75% 和 52.13%,多基因遗传率分别为 7.27% 和 0。综上可知,甜瓜植株茎粗主要受 2 对主基因的控制,并伴有多基因修饰。

由一阶遗传参数可知(表 4),节间长性状主基因的加性效应值相等且为正值(d_a=d_b>0),显性效应值|h_a|>|h_b|(h_a<0),2 对主基因的显性度(|h_a/d_a|、|h_b/d_b|)分别为 1.29 和 0.33,表明第 1 对主基因呈超显性作用,第 2 对主基因呈部分显性作用;|d_a+d_b|>|h_a+h_b|,表明控制该性状的 2 对主基因以加性正向效应为主,且加性效应强于显性效应。在主基因互作效应中,l(26.43)>j_{ba}(−23.86)>i(5.24)>j_{ab}(−2.31),说明显性×显性(l)和显性×加性(j_{ba})互作效应起主导作用。二阶遗传参数表明,F_2群体的主基因遗传率为 84.26%,多基因遗传率为 8.93%;B_1和 B_2的主基因遗传率分别为 77.76% 和 89.99%,多基因遗传率分别为 14.58% 和 0。综上可知,甜瓜植株节间长主要受 2 对主基因的控制,且伴有多基因修饰。

表 4　最适模型的一阶和二阶参数估算

Tab.4　First-and second-order parameter estimates of the optimal model

类别 Category	遗传参数 Genetic parameter	茎粗 Stem diameters	节间长 Stem internode length
一阶遗传参数 First order genetic parameters	m	4.44	84.63
	d_a	1.51	13.26
	d_b	1.51	13.26
	h_a	−0.39	−17.17
	h_b	0.06	4.38
	i	2.02	5.24
	j_{ab}	0.60	−2.31
	j_{ba}	0.15	−23.86
	l	0.73	26.43
二阶遗传参数 Second order genetic parameters	$F_2\ \sigma^2_{mg}$	2.60	247.31
	$F_2\ \sigma^2_{pg}$	0.10	26.20
	$F_2\ h^2_{mg}$/%	82.27	84.26
	$F_2\ h^2_{pg}$/%	3.21	8.93
	$B_1\ \sigma^2_{mg}$	2.64	203.05
	$B_1\ \sigma^2_{pg}$	0.23	38.07
	$B_1\ h^2_{mg}$/%	83.75	77.76
	$B_1\ h^2_{pg}$/%	7.27	14.58
	$B_2\ \sigma^2_{mg}$	0.31	179.66
	$B_2\ \sigma^2_{pg}$	0	0
	$B_2\ h^2_{mg}$/%	52.13	89.99
	$B_2\ h^2_{pg}$/%	0	0

m:群体均方;d_a:第 1 对主基因加性效应;d_b:第 2 对主基因加性效应;h_a:第 1 对主基因显性效应;h_b:第 2 对主基因显性效应;i:2 个主基因加性×加性互作效应;j_{ab}:2 个主基因加性×显性互作效应;j_{ba}:2 个主基因显性×加性互作效应;l:2 个主基因显性×显性互作效应;σ^2_{mg}:主基因方差;σ^2_{pg}:多基因方差;h^2_{mg}:主基因遗传率;h^2_{pg}:多基因遗传率。

m: Population mean; d_a: The additive effect of the first pair of major genes; d_b: The additive effect of the second pair of major genes; h_a: The dominant effect of the first pair of major genes; h_b: The dominant effect of the second pair of major genes; i: Additive×additive interaction effect of two major genes; j_{ab}: Additive×dominance interaction effect of two major genes; j_{ba}: Dominance×additive interaction effect of two major genes; l: Dominance×dominance interaction effect of two major genes; σ^2_{mg}: Major gene variance; σ^2_{pg}: Polygenic variance; h^2_{mg}: Major genes heritability; h^2_{pg}: Polygenic heritability.

3　讨论与结论

甜瓜为葫芦科一年生蔓性草本植物,茎是疏导贮存养分和水分的重要组织,茎粗及节间长是影响甜瓜生长势水平的重要因素之一,合理株型对于提高产量具有重要意义。甜瓜植株茎粗及节间长不仅受温度、水分、光照强度以及营养状况等因素的影响,也受到遗传因素的影响。

近年来仅有少数园艺作物开展茎粗性状遗传分析的研究。齐振宇等[3]研究发现,厚皮甜瓜主茎直径受 2 对加性-显性主基因+加性-显性多基因控制,且主基因遗传力较低,受到环境影响稍大,宜在高代进行选择;虞慧芳等[14]利用茎粗细差异极大的青花菜品种对早播和晚播 2 个环境下的青花菜茎粗性状遗传进行研究,结果发现青花菜茎粗由 2 对加性主基因+加性-显性多基因控制,在 2 个环境下 F_2 遗传率均较高,表明该性状主要受遗传因子控制,受一定的环境因素影响。但也有研究认为苦瓜茎粗的遗传符合加性-显性-上位性多基因遗传模型,主基因遗传率较低,易受环境影响[13]。本研究发现薄皮甜瓜茎粗的遗传符合 2 对加性-显性-上位性主基因+加性-显性多基因遗传模型,这与齐振宇等[3]和虞慧芳等[14]研究结果相似,即茎粗由 2 对主基因+多基因控制,但与齐振宇等[3]研究的不同在于主基因是否存在上位性效应和遗传率差异,这可能与亲本材料薄皮甜瓜与厚皮甜瓜具有较大的遗传背景差异有关。

齐振宇等[3]研究发现，厚皮甜瓜节间长遗传受2对加性-显性主基因+加性-显性多基因控制，主基因遗传力较高，并认为在早期世代进行节间长的选择是有效的；张梦弟等[13]研究发现苦瓜节间长的遗传符合2对等加性主基因+加性-显性多基因混合遗传模型，主要受多基因控制；向成刚等[16]以短蔓型和长蔓型笋瓜材料为亲本对节间长性状进行遗传分析，结果表明在幼苗期和逆转期受到2对主效基因控制，生长后期受到主效单基因控制；但曹齐卫等[15]采用春秋两季的试验进行黄瓜节间长性状的遗传研究，结果表明两季节间长遗传符合1对加性-显性主基因+加性-显性-上位性多基因模型。本研究发现薄皮甜瓜节间长的遗传符合2对加性-显性-上位性主基因+加性-显性-上位性多基因遗传模型，这与齐振宇等[3]、张梦弟等[13]和向成刚等[16]研究结果类似，即节间长存在2对主基因遗传，但曹齐卫等[15]研究发现节间长存在1对主基因遗传，同时仅张梦弟等[13]研究认为节间长主要受多基因控制，其他研究均认为主要由主基因控制。此外，本研究发现节间长遗传模型中主基因和多基因均存在上位性效应，但在齐振宇等[3]研究中并未发现，可能也是由于亲本材料遗传背景差异较大导致。

综上所述，本研究结果表明薄皮甜瓜植株茎粗的遗传符合2对加性-显性-上位性主基因+加性-显性多基因遗传模型，节间长的遗传符合2对加性-显性-上位性主基因+加性-显性-上位性多基因遗传模型，均以正向加性效应为主。F_2群体的主基因遗传率分别为82.27%和84.26%，主基因遗传率远大于多基因遗传率，说明茎粗及节间长遗传主要受主基因控制，因此对甜瓜植株茎粗及节间长的定向选择适宜在早期世代进行。本研究结果不仅为甜瓜茎粗及节间长遗传改良提供理论指导，也为培育甜瓜理想株型品种奠定基础。

致谢：临沂大学博士人才科研启动项目（LYDX2020BS026）、临沂大学大学生创新创业训练计划项目（X2025104521057）同时对本研究给予了资助，谨致谢意！

参考文献 References：

[1] 马迎杰，邓海峰，许传强.3种间作植物对薄皮甜瓜植株生长、营养吸收和果实品质的影响[J].应用生态学报，2020，31(4)：1130-1138.
MA Y J，DENG H F，XU C Q.Effects of three intercropping species on growth，nutrition absorption，and fruit quality of oriental melon[J].Chinese journal of applied ecology，2020，31(4)：1130-1138.

[2] 熊姜玲.甜瓜株型性状的遗传分析与分子标记[D].北京：中国农业科学院，2017.
XIONG J L.Genetic analysis and molecular marker for architecture traits in Melon(*Cucumis melo* L.)[D].Beijing：Chiese Academy of Agricultural Sciences，2017.

[3] 齐振宇，李俊星，邹晓霞，等.甜瓜株型性状的遗传分析[J].农业生物技术学报，2015，23(3)：302-310.
QI Z Y，LI J X，ZOU X X，et al.Genetic analysis of plant architecture traits in Melon(*Cucumis melo* L.)[J].Journal of agricultural biotechnology，2015，23(3)：302-310.

[4] 李伟，黄立娟，郭娜纳，等.辣椒青熟期紫黑色果皮的主基因+多基因混合遗传分析[J].江西农业大学学报，2024，46(1)：68-76.
LI W，HUANG L J，GUO N N，et al.A mixed genetic analysis of major gene plus polygene for purplish-black pericarp at mature-green stage in pepper[J].Acta agriculturae universitatis Jiangxiensis，2024，46(1)：68-76.

[5] 琚茜茜，黄如葵，黄熊娟，等.苦瓜种质枯萎病抗性鉴定与抗性遗传特征分析[J].分子植物育种，2024，22(15)：5014-5023.
QU Q Q，HUANG R K，HUANG X J，et al.Germplasm screening and genetic analysis for fusarium wilt resistance of *Momordica charantia* L.[J].Molecular plant breeding，2024，22(15)：5014-5023.

[6] 张景云，黄月琴，万新建，等.苦瓜第一雌花节位的遗传研究[J].江西农业大学学报，2017，39(1)：50-54.
ZHANG J Y，HUANG Y Q，WAN X J，et al.Inheritance analysis on the node position of the first female flower of *Momordica Charantia*[J].Acta agriculturae universitatis Jiangxiensis，2017，39(1)：50-54.

[7] 蔡诗怡，虞慧芳，王建升，等.花椰菜“坐球高度”性状的主基因+多基因遗传分析[J].浙江农业学报，2024，36(3)：527-533.
CAI S Y，YU H F，WANG J S，et al.Major gene plus polygene inheritance analysis of curd sitting height in cauliflower[J].Acta agriculturae Zhejiangensis，2024，36(3)：527-533.

[8] 苏百童，阎世江.番茄苗期耐低温性主基因-多基因联合遗传分析[J].中国瓜菜，2023，36(12)：54-58.
SU B T，YAN S J.Genetic analysis of chilling tolerance of tomato seedling under low temperature using major gene-polygenes inheritance model[J].China cucurbits and vegetables，2023，36(12)：54-58.

[9] 李春花,尹桂芳,黄金亮,等.苦荞株型相关性状的遗传分析及其对产量的影响[J].江西农业大学学报,2020,42(5):881-887.
LI C H,YIN G F,HUANG J L,et al.Genetic analysis of plant-type related traits and its effect on yield per plant in Tartary Buckwheat[J].Acta agriculturae universitatis Jiangxiensis,2020,42(5):881-887.

[10] 张瑞芳,冯云超,尹启诗,等.玉米矮杆突变体DN132610主基因+多基因遗传模型及遗传效应分析[J].中国农学通报,2023,39(33):114-118.
ZHANG R F,FENG Y C,YIN Q S,et al.Maize dwarf mutant DN132610:major gene + polygene genetic model and genetic effect analysis[J].Chinese agricultural sciences bulletin,2023,39(33):114-118.

[11] 林秋云,王克喜,胡伟,等.水稻矮秆多分蘖突变体st1的表型特征与遗传分析[J].江苏农业科学,2024,52(12):75-79.
LIN Q Y,WANG K X,HU W,et al.Phenotypic characteristics and genetic analysis of st1,a dwarf multi-tiller mutant in rice (*Oryza sativa* L.)[J].Jiangsu agricultural sciences,2024,52(12):75-79.

[12] 姚维成,丁明亮,吴坤,等.小麦面筋相关性状的主基因+多基因遗传模型分析[J].南方农业学报,2023,54(4):1002-1009.
YAO W C,DING M L,WU K,et al.Analysis of major gene+polygene inheritance model for gluten related traits in wheat[J].Journal of southern agriculture,2023,54(4):1002-1009.

[13] 张梦弟,朱香妹,张红艳,等.苦瓜主要株型性状的遗传分析[J].湖南农业科学,2019(7):9-14.
ZHANG M D,ZHU X M,ZHANG H Y,et al.Genetic analysis of main plant type-related traits in Bitter Gourd(*Momordica charantia* L.)[J].Hunan agricultural sciences,2019(7):9-14.

[14] 虞慧芳,戚自荣,陈纪算,等.青花菜茎粗性状的遗传及QTL定位分析[J].分子植物育种,2019,17(15):5037-5044.
YU H F,QI Z R,CHEN J S,et al.Genetic and QTL mapping analysis of stem-diameter trait in *Brassica oleracea* L. var. *italic* planch[J].Molecular plant breeding,2019,17(15):5037-5044.

[15] 曹齐卫,张允楠,王永强,等.黄瓜节间长的主基因+多基因混合遗传模型分析[J].农业生物技术学报,2018,26(2):205-212.
CAO Q W,ZHANG Y N,WANG Y Q,et al.Genetic analysis of internode length using mixed major-gene plus polygene inheritance model in *Cucumis sativus*[J].Journal of agricultural biotechnology,2018,26(2):205-212.

[16] 向成钢,王长林,王学香,等.笋瓜节间长发育逆转及其遗传模型研究[J].植物遗传资源学报,2014,15(1):106-112.
XIANG C G,WANG C L,WANG X X,et al.Analysis on internodes length development reversal and genetic model of *Cucurbita maxima*[J].Journal of plant genetic resources,2014,15(1):106-112.

[17] 张宁,刘文超,李毅丰,等.番茄苗期节间长度的遗传规律分析[J].中国果菜,2022,42(3):62-66.
ZHANG N,LIU W C,LI Y F,et al.Genetic analysis of internode length in tomato seedlings stage[J].China fruit & vegetable,2022,42(3):62-66.

[18] 马双武,刘君璞,王吉明,等.甜瓜种质资源描述规范和数据标准[M].北京:中国农业出版社,2006.
MA S W,LIU J P,WANG J M,et al.Descriptors and data standard for melon(*Cucumis melo* L.)[M].Beijing:China Agriculture Press,2006.

[19] 盖钧镒.植物数量性状遗传体系的分离分析方法研究[J].遗传,2005,27(1):130-136.
Gai J Y.Segregation analysis of genetic system of quantitative traits in plants[J].Hereditas,2005,27(1):130-136.

[20] 章元明,盖钧镒,张孟臣.利用P_1、P_2、F_1和F_2或$F_{2:3}$世代联合的数量性状分离分析[J].西南农业大学学报,2000,22(1):6-9.
ZHANG Y M,GAI J Y,ZHANG M C.Jointly segregating analysis of P_1,P_2,F_1 and F_2 or $F_{2:3}$ families[J].Journal of southwest agricultural university,2000,22(1):6-9.

[21] 王靖天,张亚雯,杜应雯,等.数量性状主基因+多基因混合遗传分析R软件包SEA v2.0[J].作物学报,2022,48(6):1416-1424.
WANG J T,ZHANG Y W,DU Y W,et al.SEA v2.0:an R software package for mixed major genes plus polygenes inheritance analysis of quantitative traits[J].Acta agronomica Sinica,2022,48(6):1416-1424.

(责任编辑:刘玉香)