

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2014.01733

不结球白菜维生素 C 含量主基因+多基因遗传分析

林婷婷 王建军 王立 陈暄 侯喜林 李英*

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, 江苏南京 210095

摘要: 以高维生素 C 含量不结球白菜自交系乌塌菜和低维生素 C 含量不结球白菜自交系二青杂交获得的 6 个世代 (P_1 、 P_2 、 F_1 、 B_1 、 B_2 和 F_2) 株系为材料, 应用植物数量性状主基因+多基因混合遗传模型, 对不结球白菜中维生素 C 含量进行遗传分析。结果显示, 不结球白菜中维生素 C 含量受 1 对加性主基因+加性-显性多基因控制, 其中 2011 年结果中, 主基因的加性效应为 13.15, 在 B_1 、 B_2 、 F_2 世代中主基因的遗传率分别为 54.38%、38.58% 和 18.69%, 多基因的遗传率分别为 24.69%、36.92% 和 40.70%; 2013 年结果中, 主基因的加性效应为 6.04, 在 B_1 、 B_2 、 F_2 世代中主基因的遗传率分别为 1.88%、6.41% 和 45.04%, 多基因的遗传率分别为 39.67%、16.57% 和 16.91%。可见, 不结球白菜维生素 C 性状受环境影响较大, 在不结球白菜高维生素 C 含量品种选育过程中, 要注重环境影响, 并可以通过分子标记辅助选择, 对性状进行改良。

关键词: 不结球白菜; 维生素 C; 主基因+多基因; 遗传模型分析

Major Gene Plus Polygene Inheritance of Vitamin C Content in Non-heading Chinese Cabbage

LIN Ting-Ting, WANG Jian-Jun, WANG Li, CHEN Xuan, HOU Xi-Lin, and LI Ying*

State Key Laboratory of Crop Genetics and Germplasm Enhancement / College of Horticulture of Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China

Abstract: The mixed major gene plus polygene inheritance model was used to investigate the inheritance law of vitamin C in non-heading Chinese cabbage (*Brassica campestris* ssp. *chinensis* Makino) in six generations (P_1 , P_2 , F_1 , B_1 , B_2 , and F_2) derived from Wutacai line (with high vitamin C content) \times Erqing line (with low vitamin C content). The results showed that the trait of vitamin C was controlled by one additive major gene plus additive-dominant polygene in the joint analysis of six generations. The result in 2011 showed that the additive effect was 13.15. Heritabilities of major genes in B_1 , B_2 , and F_2 populations were 54.38%, 38.58%, and 18.69%, respectively, while those of polygenes in the three populations were 24.69%, 36.92%, and 40.7%, respectively. The result in 2013 showed that the additive effect was 6.04. Heritabilities of major genes in B_1 , B_2 , and F_2 populations were 1.88%, 6.41%, and 45.04%, respectively, while those of polygenes in B_1 , B_2 , and F_2 populations were 39.67%, 16.57%, and 16.91%, respectively. The results from two years indicated that environmental factors could play roles in inheritance of vitamin C in non-heading Chinese cabbage. Thus, the marker assisted selection method could be used to screen high vitamin C cultivars of non-heading Chinese cabbage. In addition, environmental conditions should also be considered in the breeding process.

Keywords: Non-heading Chinese cabbage; Vitamin C; Major gene plus polygene; Inheritance model

随着人们生活水平的提高, 人们对蔬菜产品质量的要求日益提高, 不仅要求外观美、风味佳, 而且要求蔬菜具有丰富、均衡的营养^[1]。维生素 C 是一种高活性物质, 能够提高人体免疫力, 预防癌症、心脏

病、中风的发生, 也可作为抗衰老及抗逆境的重要生理指标。作为不结球白菜的重要品质性状之一, 维生素 C 的遗传方式属于数量遗传^[2]。曾国平和曹寿椿^[3]采用经典数量遗传方法的基因效应分析初步确

本研究由国家重点基础研究发展计划(973 计划)项目(2009CB119001), 中央高校基本科研业务费自主创新重点研究项目(KYZ201111), 国家高技术研究发展计划(863 计划)项目(2012AA100202)和江苏省科技支撑计划项目(BE2012325)资助。

* 通讯作者(Corresponding author): 李英, E-mail: yingli@njau.edu.cn, Tel: 025-84395756

第一作者联系方式: E-mail: 2011104070@njau.edu.cn, Tel: 025-84395756

Received(收稿日期): 2014-03-01; Accepted(接受日期): 2014-07-06; Published online(网络出版日期): 2014-07-25.

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.1809.S.20140725.1049.007.html>

定, 不结球白菜中维生素C含量符合加性-显性模型。张增翠等^[2]研究显示不结球白菜中维生素C含量符合1对主基因+多基因混合遗传模型, 但没有确定具体的遗传模型, 也未确定基因间的效应和不同基因在遗传效应上的差异。近年来, 随着数量遗传分析方法的发展, 植物数量性状主基因+多基因混合遗传模型分析方法^[4-5]应运而生, 该方法不仅可以鉴别主基因, 检测多基因效应, 还能检测基因间的交互作用^[6]和上位性, 并涉及基因与环境间的互作^[7]。近年来, 植物数量性状的主基因+多基因混合遗传模型分析方法不仅在小麦、玉米、水稻等大田作物中广泛应用^[8-11], 也越来越多地被用于辣椒、青花菜、甘蓝、西葫芦等蔬菜作物的研究^[12-16]。

本研究利用植物数量性状主基因+多基因多世代联合分析方法, 分析不结球白菜中维生素C含量的遗传, 以期在不结球白菜高维生素C育种和品质改良的世代选择提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

从不结球白菜高代自交系中, 选择具有代表性的高维生素C含量的乌塌菜(P₁)为母本, 低维生素C含量的二青(P₂)为父本, 杂交得到F₁, 分别与P₁、P₂回交得到B₁、B₂群体, F₁自交得到F₂群体。全部供试材料由南京农业大学白菜课题组提供。

2011年9月在南京农业大学大棚中种植P₁、P₂、F₁、B₁、B₂和F₂代群体, 其中, P₁、P₂和F₁各18株, F₂178株, B₁59株, B₂58株。2013年9月在南京农业大学江浦农场露地栽培P₁24株、P₂22株、F₁23株、F₂215株、B₁63株和B₂61株。待植株长到第8周时进行试验。

1.2 维生素C含量测定

在上午9:00, 取不结球白菜植株同一叶位叶片

的相同部位, 称0.2 g, 用铝箔纸包好立即放入液氮, 于-80℃冰箱保存。参照Bartoli等^[17]的方法, 并进行改进, 将植物叶片放在研钵中, 加入0.1%的草酸1.5 mL充分研磨; 4℃条件下15 294 ×g离心15 min, 取上清液; 在高效液相色谱仪上进样, 测定维生素C含量。色谱以0.1%的乙酸为流动相, 流速1 mL min⁻¹, 柱温30℃, 检测波长为245 nm。

1.3 遗传模型分析

采用盖钧镒等^[4-5]提出的植物主基因+多基因多世代联合分析方法, 对2年份6个世代的维生素C含量进行各种可能遗传模型的极大似然(maximum likelihood method)分析, 采用AIC准则选出几个备选模型, 进行一组适合性测验, 即 U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 (均匀性检验)、 nW^2 (Smirnov 检验)和 D_n (Kolmogorov 检验), 以确定最佳模型。根据最优模型及其对应的一组成分分布参数, 采用最小二乘法估计相应的遗传参数, 包括主基因、多基因的加性、显性、上位性, 主基因和多基因的遗传率等。

2 结果与分析

2.1 不同世代中维生素C含量的次数分布

在2011年和2013年的结果中, 亲本P₁和P₂维生素C含量差异极显著, F₁维生素C含量的平均值介于两亲本之间, 未显示超亲优势, 但数值上更偏向于维生素C含量高的P₁(表1)。B₁、B₂和F₂群体中维生素C含量次数分布(图1)表明, 不结球白菜中维生素C性状具有主基因-多基因的遗传特征, 可以进行下一步遗传分析。

2.2 遗传模型的选择及模型适合性检验

利用植物数量遗传性状主基因+多基因混合遗传模型的多世代联合分析方法, 根据2年对维生素C含量的分析, 分别获得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

表1 亲本和F₁中的维生素C含量次数分布
Table 1 Frequency distribution of vitamin C content in populations of P₁, P₂, and F₁

年份 Year	世代 Generation	频数 Frequency								样本量 Sample size	平均值 Mean value
		30-40	40-50	50-60	60-70	70-80	80-90	90-100	100-110		
2011	P ₁			1	3	6	5	2	1	18	79.91 aA
	P ₂	3	6	6	3					18	50.72 bB
	F ₁				5	5	3	4	1	18	77.91
		77-85	85-93	93-101	101-109	109-117	117-125	125-133	133-141		
2013	P ₁		2	2	2	8	1	6	3	24	115.82 aA
	P ₂	4	9	5	4					22	93.01 bB
	F ₁		2	3	10	7	1			23	106.47

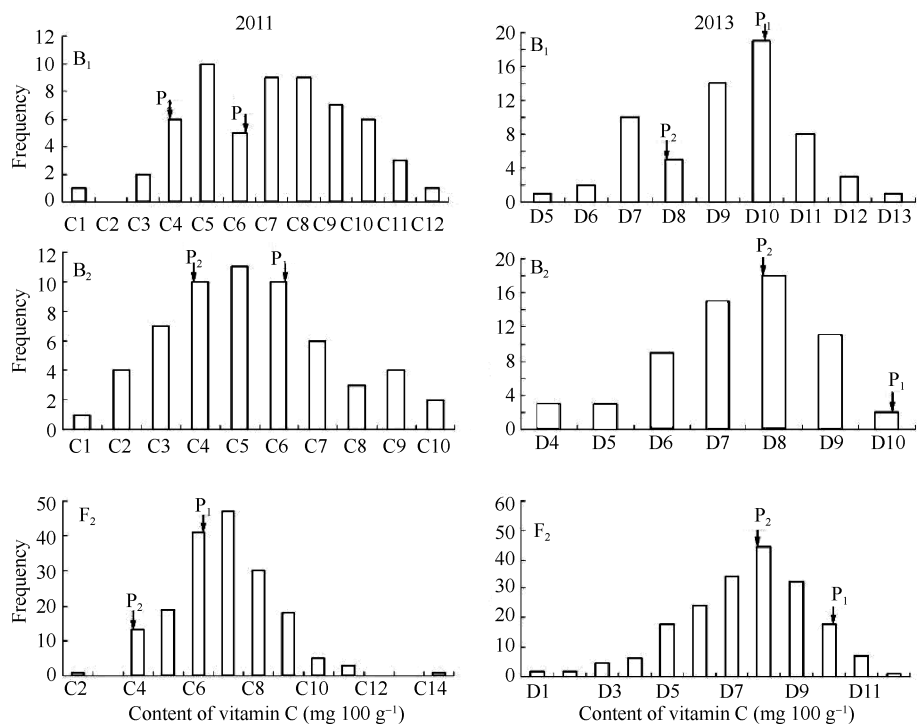


图 1 B₁、B₂ 和 F₂ 群体的维生素 C 含量次数分布

Fig. 1 Frequency distribution of vitamin C content in populations of B₁, B₂, and F₂

C1: 20–30; C2: 30–40; C3: 40–50; C4: 50–60; C5: 60–70; C6: 70–80; C7: 80–90; C8: 90–100; C9: 100–110; C10: 110–120; C11: 120–130; C12: 130–140; C13: 140–150; C14: 150–160; D1: 37–45; D1:45–53; D3: 53–61; D4: 61–69; D5: 69–77; D6: 77–85; D7: 85–93; D8: 93–101; D9: 101–109; D10: 109–117; D11: 117–125; D12: 125–133; D13:133–141.

基因+多基因(E) 5 类 24 种模型的极大对数似然值和 AIC 值(表 2), 根据 AIC 值最小原则, 从各遗传模型中初步选备选模型。其中, 2011 年大棚条件下, 维生素 C 性状的备选遗传模型为 D-2、D-4 和 D-1 模型; 2013 年露地栽培条件下, 维生素 C 性状的备选遗传模型为 D-2、D-3 和 B-1 模型。

对备选模型进行适合性检验, 选择统计量达到

显著水平个数最少的模型作为最适遗传模型(表 3)。2011 年维生素 C 的备选模型中, D-2、D-4 和 D-1 模型的统计量均未达到显著水平, 2013 年维生素 C 的备选模型中, D-2、D-3 和 D-1 模型的统计量均有一个达到显著水平。结合各模型的 AIC 值(表 2), 比较选择结果表明, 2 年的最优遗传模型均是 D-2 模型, 即 1 对加性主基因+加性-显性多基因模型。

表 2 各遗传模型的极大对数似然值和 AIC 值
Table 2 Estimation of max-likelihood-value and AIC value of different genetic models

模型 Model	2011		2013		模型 Model	2011		2013	
	MLV	AIC	MLV	AIC		MLV	AIC	MLV	AIC
A-1	-1512.29	3032.58	-1673.58	3355.15	D	-1484.77	2993.53	-1643.46	3310.93
A-2	-1519.35	3044.70	-1673.74	3353.48	D-1	-1484.60	2987.21	-1642.26	3302.52
A-3	-1512.87	3031.74	-1684.64	3375.29	D-2	-1484.60	2985.21	-1642.26	3300.52
A-4	-1535.11	3076.22	-1671.37	3348.73	D-3	-1486.71	2989.41	-1642.36	3300.72
B-1	-1493.93	3007.87	-1640.71	3301.42	D-4	-1484.79	2985.59	-1647.43	3310.87
B-2	-1502.46	3016.92	-1671.15	3354.29	E	-1483.01	3002.01	-1639.10	3314.21
B-3	-1555.51	3119.02	-1692.82	3393.63	E-1	-1483.58	2997.15	-1638.23	3306.47
B-4	-1519.57	3045.15	-1675.81	3357.63	E-2	-1499.99	3021.97	-1672.22	3366.45
B-5	-1512.71	3033.41	-1684.64	3377.27	E-3	-1491.71	3001.43	-1648.88	3315.75
B-6	-1512.71	3031.41	-1685.19	3376.39	E-4	-1502.32	3020.64	-1672.25	3360.49
C	-1485.24	2990.49	-1644.71	3309.42	E-5	-1502.42	3022.83	-1672.25	3362.50
C-1	-1502.44	3018.87	-1672.12	3358.24	E-6	-1503.10	3022.20	-1674.44	3364.89

MLV: 极大对数似然值; AIC: AIC 值。MLV: maximum likelihood method; AIC: Akaike information criterion.

表 3 备选模型的适合性检验
Table 3 Fitness test of candidate genetic models

年份 Year	模型 Model	群体 Population	统计量 Statistic				
			U_1^2	U_2^2	U_3^2	${}_nW^2$	D_n
2011	D-2	P ₁	0.463(0.4962)	0.084(0.7722)	2.183(0.1395)	0.1321	0.2287(>0.05)
		F ₁	0.937(0.3330)	0.359(0.5489)	1.828(0.1763)	0.2068	0.2532(>0.05)
		P ₂	0.028(0.8671)	0.332(0.5645)	2.745(0.0976)	0.0989	0.1689(>0.05)
		B ₁	1.782(0.1819)	1.670(0.1963)	0.000(0.9986)	0.1733	0.1057(>0.05)
		B ₂	0.013(0.9084)	0.013(0.9097)	0.000(0.9933)	0.0305	0.0576(>0.05)
		F ₂	0.057(0.8119)	0.225(0.6350)	0.955(0.3285)	0.0610	0.0484(>0.05)
	D-4	P ₁	0.469(0.4934)	0.086(0.7692)	2.188(0.1391)	0.1327	0.2292(>0.05)
		F ₁	0.887(0.3464)	0.333(0.5639)	1.792(0.1807)	0.2017	0.2510(>0.05)
		P ₂	0.015(0.9012)	0.286(0.5926)	2.754(0.0970)	0.0977	0.1654(>0.05)
		B ₁	1.808(0.1788)	1.693(0.1932)	0.000(0.9976)	0.1757	0.1061(>0.05)
		B ₂	0.001(0.9710)	0.000(0.9846)	0.047(0.8275)	0.0286	0.0556(>0.05)
		F ₂	0.056(0.8128)	0.224(0.6361)	0.952(0.3293)	0.0609	0.0485(>0.05)
2013	D-2	P ₁	1.203(0.2727)	2.656(0.1031)	5.157(0.0231)*	0.2433	0.2568(>0.05)
		F ₁	2.558(0.1097)	1.649(0.1992)	1.120(0.2898)	0.3743	0.2358(>0.05)
		P ₂	0.031(0.8592)	0.047(0.8277)	2.426(0.1194)	0.0961	0.1554(>0.05)
		B ₁	1.968(0.1607)	2.119(0.1455)	0.152(0.6965)	0.2457	0.1465(>0.05)
		B ₂	0.001(0.9693)	0.011(0.9176)	0.070(0.7909)	0.0413	0.0701(>0.05)
		F ₂	0.274(0.6010)	0.113(0.7363)	0.461(0.4973)	0.0658	0.0504(>0.05)
	D-3	P ₁	1.206(0.2722)	2.660(0.1029)	5.159(0.0231)*	0.2435	0.2568(>0.05)
		F ₁	2.534(0.1114)	1.627(0.2022)	1.131(0.2875)	0.3719	0.2353(>0.05)
		P ₂	0.028(0.8668)	0.051(0.8207)	2.422(0.1196)	0.0959	0.1548(>0.05)
		B ₁	1.977(0.1597)	2.128(0.1446)	0.151(0.6972)	0.2465	0.1467(>0.05)
		B ₂	0.001(0.9766)	0.009(0.9256)	0.067(0.7951)	0.0414	0.0704(>0.05)
		F ₂	0.274(0.6009)	0.113(0.7363)	0.461(0.4971)	0.0658	0.0504(>0.05)

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 的显著水平。

U_1^2 , U_2^2 , U_3^2 : statistic of Uniformity test; ${}_nW^2$: statistic of Smirnov test; D_n : statistic of Kolmogorov; * indicates significance at $P < 0.05$.

2.3 遗传参数的估计

根据模型的极大似然估计值, 按照盖钧镒等^[4-5]的方法, 估计模型的一阶遗传参数和二阶遗传参数(表 4)。2011 年大棚试验中, 控制不结球白菜维生素 C 含量的主基因加性效应值是 13.15, 多基因的加性和显性效应值分别是-1.93 和 18.33, 而多基因的显性势能比值为-9.51, 表明多基因呈负向完全显性。数据显示, 主基因的加性效应明显高于多基因的加性效应, 而多基因的显性效应明显, 具有负向超亲优势。从效应的绝对值来看, 维生素 C 含量的显性效应明显高于加性效应。B₁、B₂、F₂ 世代中的主基因遗传率分别为 54.38%、38.58%和 18.69%, 多基因遗传率分别为 24.69%、36.92%和 40.7%, 主基因方差占总遗传方差的比例分别为 68.78%、51.10%和 31.47%。在 F₂ 群体中, 主基因+多基因遗传效率决定了维生素 C 含量表型变异的 59.39%, 其余 40.61%的

变异由环境因素决定, 表明环境因素对维生素 C 含量存在较大影响。

2013 年露地栽培的调查显示, 控制不结球白菜维生素 C 含量的主基因加性效应值是 6.04, 多基因的加性和显性效应值分别是 2.31 和-2.95, 多基因的显性势能比值为-1.28, 其显性效应大于加性效应, 有负向超显性作用。B₁、B₂、F₂ 世代中的主基因遗传率分别为 1.88%、6.41%和 45.04%, 多基因的遗传率分别为 39.67%、16.57%和 16.91%。在 F₂ 群体中, 主基因+多基因遗传效率决定了维生素 C 含量表型变异的 61.95%, 还有 38.05%的变异受环境因素影响, 且在 B₁、B₂ 群体中, 维生素 C 含量受环境因素的影响更大。这表明在露地环境中, 环境对维生素 C 含量的遗传存在较大影响。在 2 年结果中维生素 C 含量的遗传参数值相差较大, 表明环境对遗传参数有较大影响。F₂ 群体中主基因与多基因的遗

表 4 维生素 C 含量的 D-2 模型遗传参数的估计
Table 4 Estimates of genetic parameters of vitamin C in D-2 model

一阶参数 Univalent parameter	估计值 Estimate		二阶参数 Bivalent parameter	群体 Population	估计值 Estimate	
	2011 大棚 2011-in green house	2013 露地 2013-in field			2011 大棚 2011-in green house	2013 露地 2013-in field
m	68.41	99.47	σ_p^2	B ₁	562.11	170.32
				B ₂	480.41	129.25
				F ₂	289.82	261.64
d	13.15	6.04	σ_{mg}^2	B ₁	305.66	3.20
				B ₂	185.33	8.29
				F ₂	54.17	117.84
$[d]$	-1.93	2.31	σ_{pg}^2	B ₁	138.76	67.56
				B ₂	177.38	21.41
				F ₂	117.95	44.25
$[h]$	18.33	-2.95	σ^2	B ₁	117.69	99.55
				B ₂	117.69	99.55
				F ₂	117.69	99.55
$[h]/[d]$	-9.51	-1.28	$h_{mg}^2(\%)$	B ₁	54.38	1.88
				B ₂	38.58	6.41
				F ₂	18.69	45.04
			$h_{pg}^2(\%)$	B ₁	24.69	39.67
				B ₂	36.92	16.57
				F ₂	40.70	16.91
			$h_{mg}^2+h_{pg}^2$	B ₁	79.06	41.55
				B ₂	75.50	22.98
				F ₂	59.39	61.95

m : 群体平均数; d : 主基因的加性效应; $[d]$: 多基因的加性效应; $[h]$: 多基因的显性效应; $[h]/[d]$: 多基因的显性势能比值; σ_p^2 : 表型方差; σ_{mg}^2 : 主基因方差; σ_{pg}^2 : 多基因方差; σ^2 : 环境方差; $h_{mg}^2(\%)$: 主基因遗传率; $h_{pg}^2(\%)$: 多基因遗传率。
 m : mean of graduation; d : major gene additive effect; $[d]$: polygene additive; $[h]$: polygene dominant effect; $[h]/[d]$: dominant potential ratio of the polygene; σ_p^2 : phenotypic variance; σ_{mg}^2 : major-gene variance; σ_{pg}^2 : polygenic variance; σ^2 : environmental variance; $h_{mg}^2(\%)$: major gene heritability; $h_{pg}^2(\%)$: polygene heritability.

传比例变化较大, 但整体遗传效率比较稳定, 在育种中适合在 F₂ 群体中进行选择。

3 讨论

维生素 C 含量是不结球白菜的重要品质与农艺性状, 其遗传效应属于数量遗传, 受多基因控制, 遗传机制非常复杂^[2,18]。因此对维生素 C 含量遗传规律的研究就成为不结球白菜优质育种的必要前提, 同时也可以为合理的世代选择提供理论依据。张增翠等^[2]采用王建康等^[19]的数量性状遗传模型, 发现不结球白菜还原型维生素 C 符合 1 对主基因+多基因的混合遗传模型。本研究采用了盖钧铭等^[4-5]的主基因+多基因遗传体系分离分析方法。该方法在王健康等^[19]遗传模型的基础上, 将混合基因遗传模式扩展到 5 类 24 种。本研究结果表明不结球白菜的维生素 C 含量符合 1 对加性主基因+加性-显性多基因的遗

传模型, 这与张增翠等^[2]的结果类似。
本研究中, 2011 年 F₂ 群体的主基因遗传效应小于多基因遗传效应, 遗传率分别为 18.69%和 40.70%; 而 2013 年 F₂ 群体的主基因和多基因遗传率分别是 45.04%和 16.91%, 这表明对于不结球白菜维生素 C 含量性状, F₂ 群体中主基因+多基因的遗传效应占 60%左右, 还有很大一部分是受环境因素影响。另外, 2011 和 2013 年的主基因遗传率相差较大, 说明环境因素造成的变异对不结球白菜维生素 C 含量的影响很大。许伟利等^[20]对华南型黄瓜维生素 C 含量的遗传分析中发现, 温室栽培条件下, 环境方差占表型方差的比例为 25.78%~63.66%, 说明环境对维生素 C 含量的遗传有较大影响。而 Massot 等^[21]研究发现光照等环境因素对维生素 C 基因表达的影响以番茄叶片中大于果实中, 因此本研究中不结球白菜叶片中维生素 C 含量很可能受环境影响较大。另外

Ioannidi 等^[22]发现温度会通过诱导番茄中维生素 C 相关基因的表达, 而影响维生素 C 的含量。在本研究中, 大棚试验与露地试验的环境条件差别较大, 这也可能是影响不结球白菜维生素 C 含量遗传的原因。因此, 温度、光照等环境因素的差异, 极有可能造成 2 年试验中 F_2 世代主基因遗传率相差较大。

在不结球白菜维生素 C 含量的遗传中, 环境方差占表型方差的比例较高, 说明在维生素 C 含量的遗传中基因型与环境之间存在较强的互作效应^[23]。因此在不结球白菜高维生素 C 含量品质的育种过程中, 应创造良好的栽培条件, 降低环境对维生素 C 含量的影响。因为环境对维生素 C 含量影响大, 所以在育种中要加强每代植株维生素 C 含量的检测, 以确保选择的准确可靠。本研究将植物数量性状遗传的主基因+多基因分离分析体系应用于不结球白菜维生素 C 含量的遗传分析中, 发现控制不结球白菜维生素 C 含量的遗传效应属于主基因+多基因效应。随着测序技术和分子标记技术的发展, 在今后的研究中可以利用现有基因组测序数据进行分子标记设计和开发, 通过本研究构建的群体进行分子标记的筛选, 从而获得控制维生素 C 含量性状主效基因的分子标记, 并将相关基因定位到不结球白菜遗传连锁图谱上。此外, 将主基因+多基因的遗传分析结果与 QTL 定位数据相结合, 可以进一步验证数量遗传中主效基因的数量和作用, 从而提高遗传分析结果的准确度和可靠性^[24]。因此, 在不结球白菜维生素 C 含量性状分子遗传育种中, 除研究其遗传规律外, 下一步还需挖掘主效基因以及相关 QTL, 为相关多基因的聚合奠定基础。由于环境因素能够影响数量性状基因的表达, 导致不同环境下遗传分析结果的差异^[25], 因此需要利用现有 6 个世代材料构建稳定的不结球白菜重组自交系群体, 通过设计多个环境和多个重复条件, 提高不结球白菜维生素 C 含量遗传分析结果的精度, 为今后的 QTL 定位和分子标记开发奠定基础。

4 结论

不结球白菜的维生素 C 含量受 1 对加性主基因+加性-显性多基因控制, 受环境影响较大。

References

- [1] 侯喜林, 曹寿椿. 我国蔬菜科学研究的前沿问题及关键技术. 见: 侯喜林, 常有宏主编. 园艺学进展(第 2 辑), 南京: 东南大学出版社, 1998. pp 299–306

Hou X L, Cao S C. The cutting-edge issues and key technologies

of vegetable research in China. In: Hou X L, Chang Y H, eds. Horticulture Progress, 2nd edn. Nanjing: Southeast University Publishers, 1998. pp 299–306 (in Chinese)

- [2] 张增翠, 侯喜林, 曹寿椿. 不结球白菜维生素 C 和可溶性糖含量的遗传分析. 园艺学报, 1999, 26: 170–174
Zhang Z C, Hou X L, Cao S C. Genetic analysis of vitamin C and soluble sugar content in non-heading Chinese cabbage. *Acta Hort Sin*, 1999, 26: 170–174 (in Chinese with English abstract)
- [3] 曾国平, 曹寿椿. 不结球白菜主要品质性状遗传效应分析. 园艺学报, 1997, 24: 43–47
Zeng G P, Cao S C. Genetic analysis of the main quality characters of non-heading Chinese cabbage. *Acta Hort Sin*, 1997, 24: 43–47 (in Chinese with English abstract)
- [4] 盖钧镒, 章元明, 王建康. QTL 混合遗传模型扩展至 2 对主基因+多基因时的多世代联合分析. 作物学报, 2000, 26: 385–391
Gai J Y, Zhang Y M, Wang J K. A joint analysis of multiple generations for QTL models extended to mixed two major genes plus polygene. *Acta Agron Sin*, 2000, 26: 385–391 (in Chinese with English abstract)
- [5] 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
Gai J Y, Zhang Y M, Wang J K. Genetic System of Quantitative Traits in Plants. Beijing: Science Press, 2003 (in Chinese)
- [6] Wang J K, Gai J Y. Mixed inheritance model for resistance to agromyzid beanfly (*Melanagromyza sojae* Zehntner) in soybean. *Euphytica*, 2001, 122: 9–18
- [7] Gai J Y. Segregation analysis on genetic system of quantitative traits in plants. *Front Biol*, 2006, 1: 85–92
- [8] 孙海艳, 徐德林, 蔡一林, 王久光, 王国强, 邵荣华. 玉米穗部性状的多世代联合遗传分析. 植物遗传资源学报, 2012, 13: 1005–1010
Sun H Y, Xu D L, Cai Y L, Wang J G, Wang G Q, Shao R H. Genetic analysis of ear-related traits in maize by using joint analysis of multiple generations. *J Plant Genet Resour*, 2012, 13: 1005–1010 (in Chinese with English abstract)
- [9] 黄冰艳, 张新友, 苗利娟, 刘华, 秦利, 徐静, 张忠信, 汤丰收, 董文召, 韩锁义, 刘志勇. 花生油酸和亚油酸含量的遗传模式分析. 中国农业科学, 2012, 45: 617–624
Huang B Y, Zhang X Y, Miao L J, Liu H, Qin L, Xu J, Zhang Z X, Tang F S, Dong W Z, Han S Y, Liu Z Y. Inheritance analysis of oleic acid and linoleic acid content of *Arachis hypogaea* L. *Sci Agric Sin*, 2012, 45: 617–624 (in Chinese with English abstract)
- [10] 李华, 刘联正, 杨兴圣, 梁子英, 沈玮国, 奚亚军, 王竹林, 刘曙东. 小麦抗源材料 0911-3 抗白粉病的主基因+多基因遗传分析. 华北农学报, 2013, 28(1): 37–43
Li H, Liu L Z, Yang X S, Liang Z Y, Shen W N, Xi Y J, Wang Z L, Liu S D. Major plus multi-gene analysis of resistance to powdery mildew in wheat strain 0911-3. *Acta Agric Boreali-Sin*, 2013, 28(1): 37–43 (in Chinese with English abstract)
- [11] 李余生, 朱镇, 张亚东, 赵凌, 王才林. 水稻稻曲病抗性的主基因+多基因混合遗传模型分析. 作物学报, 2008, 34: 1728–1733
Li Y S, Zhu Z, Zhang Y D, Zhao L, Wang C L. Genetic analysis of rice false smut resistance using major gene plus polygene mixed genetic model. *Acta Agron Sin*, 2008, 34: 1728–1733 (in Chinese with English abstract)

- [12] 陈学军, 方荣, 周坤华, 缪南生, 黄长林. 辣椒果实性状主基因 + 多基因遗传分析. 西北植物学报, 2012, 2: 246–251
Chen X J, Fang R, Zhou K H, Liao N S, Huang C L. Major gene plus polygene inheritance analysis of fruit traits in pepper. *Acta Bot Boreali-Occident Sin*, 2012, 2: 246–251 (in Chinese with English abstract)
- [13] 陈凤真. 西葫芦产量性状主基因-多基因混合遗传分析. 华北农业学报, 2011, 26(3): 79–85
Chen F Z. Analysis of yield traits using mixed major gene and polygene inheritance model in summer squash. *Acta Agric Boreali-Sin*, 2011, 26(3): 79–85 (in Chinese with English abstract)
- [14] 刘二艳, 刘玉梅, 方智远, 杨丽梅, 庄木, 张扬勇, 袁素霞, 孙继峰, 李占省, 孙培田. 青花菜花球-莢叶性状主基因+多基因遗传分析. 园艺学报, 2009, 36: 1611–1618
Liu E Y, Liu Y M, Fang Z Y, Yang L M, Zhuang M, Zhang Y Y, Yuan S X, Sun J F, Li Z S, Sun P T. Genetic analysis of head-leaf traits using mixed major gene plus polygene inheritance model in *Brassica oleracea* L. var. *italica* planch. *Acta Hort Sin*, 2009, 36: 1611–1618 (in Chinese with English abstract)
- [15] 王玉刚, 李萌, 吕晓雯, 张翠庭, 屈巍巍, 冯辉. 白菜叶裂数性状主基因 + 多基因遗传分析. 西北植物学报, 2012, 32: 252–256
Wang Y G, Li M, Lü X W, Zhang C T, Qu W W, Feng H. Genetic analysis of leaf lobes in *Brassica rapa* using missed major gene plus polygene model. *Acta Bot Boreali-Occident Sin*, 2012, 32: 252–256 (in Chinese with English abstract)
- [16] 苏彦宾, 刘玉梅, 方智远, 杨丽梅, 庄木, 张扬勇, 张小丽, 孙培田. 结球甘蓝耐裂球性状遗传分析. 园艺学报, 2012, 39: 1482–1490
Su Y B, Liu Y M, Fang Z Y, Yang L M, Zhuang M, Zhang Y Y, Zhang X L, Sun P T. Genetic analysis of head-splitting resistance traits in cabbage. *Acta Hort Sin*, 2012, 39: 1482–1490 (in Chinese with English abstract)
- [17] Bartoli C G, Yu J P, Gómez F, Fernández L, McIntosh L, Foyer C H. Inter-relationships between light and respiration in the control of ascorbic acid synthesis and accumulation in *Arabidopsis thaliana* leaves. *J Exp Bot*, 2006, 57: 1621–1631
- [18] 郝慧楠, 王倩, 侯喜林, 张琳, 荣子龙, 徐卿. 不结球白菜主要农艺性状的分离分析. 南京农业大学学报, 2010, 33(4): 8–12
Hao H N, Wang Q, Hou X L, Zhang L, Rong Z L, Xu Q. Segregation analysis of the main agronomic characters of non-heading Chinese cabbage. *J Nanjing Agric Univ*, 2010, 33(4): 8–12 (in Chinese with English abstract)
- [19] 王建康, 盖钧镒. 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, 1997, 24: 432–440
Wang J K, Gai J Y. Identification of major gene and polgene mixed inheritance model and estimation of genetic parameters of a quantitative trait from F_2 progeny. *Acta Genet Sin*, 1997, 24: 432–440 (in Chinese with English abstract)
- [20] 许伟利, 司龙亭, 闵跃, 高平, 孟茜, 李坤. 华南型黄瓜维生素 C 含量的遗传分析. 华北农学报, 2012, 27(4): 102–106
Xu W L, Si L T, Min Y, Gao P, Meng Q, Li K. Genetic analysis of vitamin C content of the south China type cucumber. *Acta Agric Boreali-Sin*, 2012, 27(4): 102–106 (in Chinese with English abstract)
- [21] Massot C, Stevens R, Génard M, Longuenesse J J, Gautier H. Light affects ascorbate content and ascorbate-related gene expression in tomato leaves more than in fruits. *Planta*, 2012, 235: 153–163
- [22] Ioannidi E, Kalamaki M S, Engineer C, Pateraki I, Alexandrou D, Mellidou I, Giovannonni J, Kanellis A K. Expression profiling of ascorbic acid-related genes during tomato fruit development and ripening and in response to stress conditions. *J Exp Bot*, 2009, 60: 663–678
- [23] 陆国权, 黄华宏, 何腾弟. 甘薯维生素 C 和胡萝卜素含量的基因型、环境及基因型与环境互作效应的分析. 中国农业科学, 2002, 35: 482–486
Lu G Q, Huang H H, He T D. Genotype and environmental effects on vitamin C and carotene contents in sweetpotato. *Sci Agric Sin*, 2002, 35: 482–486 (in Chinese with English abstract)
- [24] 张洁夫, 戚存扣, 浦惠明, 陈松, 陈锋, 高建芹, 陈新军, 顾慧, 傅寿仲. 甘蓝型油菜含油量的遗传与 QTL 定位. 作物学报, 2007, 33: 1495–1501
Zhang J F, Qi C K, Pu H M, Chen S, Chen F, Gao J Q, Chen X J, Gu H, Fu S Z. Inheritance and QTL identification of oil content in rapeseed (*Brassica napus* L.). *Acta Agron Sin*, 2007, 33: 1495–1501 (in Chinese with English abstract)
- [25] 张培通, 朱协飞, 郭旺珍, 俞敬忠, 张天真. 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, 2006, 32: 1011–1017
Zhang P T, Zhu X F, Guo W Z, Yu J Z, Zhang T Z. Genetic analysis of yield and its components for high yield cultivar Simian 3 in *G. hirsutum* L. *Acta Agron Sin*, 2006, 32: 1011–1017 (in Chinese with English abstract)