

甘蓝型油菜芥酸含量的基因分析

张书芬¹, 傅廷栋², 朱家成¹, 王建平¹, 文雁成¹, 马朝芝²

(¹河南省农业科学院经济作物研究所, 郑州 450002; ²华中农业大学作物遗传改良国家重点实验室, 武汉 430070)

摘要: 【目的】芥酸含量是油菜非常重要的品质性状, 研究芥酸含量的遗传模式为低芥酸和高芥酸育种提供指导。【方法】应用多世代联合分析数量性状主基因和多基因混合遗传的统计方法, 分析了甘蓝型油菜组合 1141B × 垦 C₁ 的 5 个世代——亲本 P₁, P₂, F₁, F₂ 和 F_{2:3} 家系材料芥酸含量的遗传效应。【结果】分离世代 F₂ 及 F_{2:3} 家系芥酸含量次数分布均呈混合的正态分布, 符合主基因 + 多基因的遗传特征; E-1 模型为芥酸含量的最适合性模型, 即芥酸含量遗传是由 2 对加-显-上位性主基因+加-显多基因控制的。2 对主基因加性效应值 d_a 、 d_b 分别为 -16.26 和 -2.83, 表明亲本 1141B 中主基因位点上的等位基因降低芥酸含量, 而亲本垦 C₁ 中的等位基因增加芥酸含量。显性效应值 h_a 、 h_b 分别为 10.93 和 -4.71, 第一对主基因加性效应值和显性效应绝对值均高于第二对主基因显性效应值。因此, 2 对主基因控制芥酸含量, 第一对主基因控制的芥酸含量高于第二对主基因。该组合 2 对主基因间互作效应明显, 加性与加性效应互作值 (i) 为 -1.21, 显性与显性互作值 (l) 为 -3.27。第一对主基因的加性效应与第二对主基因的显性效应互作值 (j_{ab}) 为 5.70, 第二对主基因的加性效应与第一对主基因的显性效应互作值 (j_{ba}) 为 -7.25。其芥酸含量还受多基因控制, 多基因加性效应 ($[a]$) 值为 -0.08, 多基因显性效应 ($[d]$) 值为 2.32; F₂ 的主基因遗传力和多基因遗传力分别为 50.00% 和 16.62%; F_{2:3} 的主基因遗传力和多基因遗传力分别为 89.70% 和 6.01%。【结论】芥酸含量是由 2 对加-显-上位性主基因+加-显多基因控制的, 第一对主基因控制的芥酸含量高于第二对主基因。低芥酸和高芥酸育种中在 F_{2:3} 家系进行选择效率较高。

关键词: 甘蓝型油菜; 芥酸含量; 主基因和多基因; 混合遗传模型; 遗传力

Genetic Analysis of Erucic acid in *Brassica napus* L. Using Mixed Major Gene and Polygene Inheritance Model

ZHANG Shu-fen¹, FU Ting-dong², ZHU Jia-cheng¹, WANG Jian-ping¹, WEN Yan-cheng¹, MA Chao-zhi²

(¹Industrial Crops Institute, Henan Academy of Agricultural Sciences, Zhengzhou 450002; ²National Key Laboratory of Crop Genetic Improvement, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070)

Abstract: 【Objective】Erucic acid is an important quantitative trait of rapeseed. Genetic analysis of erucic acid will provide a very important guidance for breeding of low and high erucic acid rapeseed. 【Method】The joint segregation analysis method of mixed major gene plus polygene genetic model was used to study the inheritance of erucic acid in *Brassica napus* L. Five populations from each of the crosses (1141B × Ken C₁) were investigated. The five populations were the parents P₁, P₂, F₁, F₂ and F_{2:3} (derived from F₂) families. 【Result】The frequency distributions of erucic acid in F₂ and F_{2:3} family populations showed the characteristics of mixture normal distribution, which indicated that inheritance of erucic acid followed the major gene plus polygene model. Results showed that genetic model E-1 was the most fitted genetic model for the trait. In another word, erucic acid in oilseed rape was controlled by two major genes with additive-dominance-epistatic effects plus polygenes with additive-dominance effects. The estimated additive effects of the two major genes, d_a and d_b were -16.26 and -2.83, respectively. It indicates that loci of the allele in parent 1141B decrease the erucic acid content, in parent Ken C₁ increase it. The dominant effects of the two major genes, h_a and h_b were 10.93 and -4.71, respectively. The additive and dominance effects of the two major genes were much higher than that of the

收稿日期: 2006-06-06; 接受日期: 2007-05-29

基金项目: 国家“973”项目(2001CB1088)、“863”项目(2002AA207009、2006AA100106)、河南省杰出青年基金项目(0212000700)、“重大科技攻关计划”(072101110300)

作者简介: 张书芬(1965-), 女, 河南唐河人, 研究员, 博士, 研究方向为油菜遗传育种。Tel: 0371-65729554; E-mail: shufenzhang@yahoo.com.cn。
通讯作者马朝芝(1968-), 女, 湖北公安人, 副教授, 博士, 研究方向为油菜遗传育种。Tel: 027-87281733; E-mail: yuanbeauty@mail.hzau.edu.cn

second one. Therefore, the contribution to erucic acid of the first major gene is much higher than the second one. There is a significant interaction between the two major genes. The interaction effect of the first major gene's additive effect and the second major gene additive effect (i) was -1.21. The interaction effect of the first major gene's dominant effect and the second major gene dominant effect (l) was -3.27. The interaction effect of the first major gene's additive effect and the second major gene dominant effect (jab) was -5.70. The interaction effect of the second major gene's additive effect and the first major gene dominant effect (jba) was -7.25. Erucic acid content was also controlled by polygene. The additive and dominant effect of the polygene were -0.08 and 2.32, respectively. The major gene and polygene heritabilities in F_2 were 50.00% and 16.62%, respectively, and in $F_{2,3}$ were 89.70% and 6.01%, respectively. **【Conclusion】** Inheritance of erucic acid followed by two major genes with additive- dominance-epistatic effects plus polygenes with additive-dominance effects. And the contribution to erucic acid of the first major gene is much higher than the second one. It would have a high efficiency when selecting in $F_{2,3}$ families for high and low erucic acid in breeding.

Key words: *Brassica napus* L.; Erucic acid; Mixed major gene and poly-gene genetic model; Heritability

0 引言

【研究意义】芥酸含量是油菜非常重要的品质性状,随着生活水平的逐步提高,人们开始注重菜油的营养成份。作为食用油的菜油,其品质主要由芥酸(C22:1),油酸(C18:1),亚油酸(C18:2)和亚麻酸(C18:3)等脂肪酸决定。在以前的甘蓝型油菜品种中,芥酸的含量超过40%。芥酸作为一种长碳链的脂肪酸,人体对它不易吸收消化,营养价值低,同时在脂肪酸总成分中所占比例较大,限制了营养价值较高的油酸和亚油酸含量的增加,因而影响了油菜的食用品质,因此降低油菜品种中的芥酸含量成为现代油菜育种的一个重要目标^[1,2]。另一方面,芥酸含量大于50%在工业中具有广泛的用途,它可以作为润滑剂、橡胶、表面活性剂等原料^[2,3]。可见芥酸的遗传研究十分重要。**【前人研究进展】**国内外研究证实:油菜中芥酸含量是由胚基因型决定,并受细胞质影响^[4,5]。许多实验分析结果发现芥酸含量的遗传受两个具有加性效应的基因位点控制,位点间效应相等,这两对基因表现为加性作用或者符合加显模型^[4-11]。基因等位性测定结果,在甘蓝型油菜中发现5个基因控制芥酸含量^[6],也有报道3个控制芥酸含量的复等位基因,它们分别为*e*、*E^a*、*E^d*^[7,12]。有的研究者认为芥酸含量除受到主基因的控制外,还受到修饰基因的控制^[4]。但是这种修饰基因是多基因作用,还是环境作用的结果,经典数量遗传学分析方法无法进行区分,而近年来发展起来的主基因加多基因混合遗传分析方法,不仅可以检测主基因和多基因的存在与否,而且可以对基因效应、遗传力等遗传参数进行估算^[13,14],为育种提供参考。以前的观点认为数量性状受大量微效基因的控制,并常假定各位点的遗传效应相同,多个微效基因的集合构成了一个多基因系统。但在实际工作中

发现,品质、抗病性等性状在分离世代既有分组又存在组间模糊现象,这类性状在遗传上同时受少数主基因和大量多基因的控制^[13,14]。QTL作图已广泛地用于揭示与作物育种有关的农艺和经济性状的遗传,但是其分析需要分子方面的数据。近年来QTL作图的结果以及利用新的统计工具对已有实验数据的重新分析发现,控制农作物许多数量性状遗传的基因在效应大小上是有差异的,效应较大的基因可以表现出主基因的特性,遗传效应相对较小的基因表现为微效基因,因此,数量性状的遗传体系同时由主基因和多基因组成,这种遗传现象称为主基因加多基因混合遗传(体系),这种遗传模型称为主基因加多基因混合遗传模型或混合(遗传)模型。由主基因加多基因控制的性状常呈多峰型或偏态,表现为多个分布混合的特征^[13,14]。盖钧镒、王建康和章元明等在前人研究的基础上,研究提出了一套完整的分析植物主基因与多基因的存在与基因效应的方法^[13,14]。戚存扣等^[12]用 P_1 、 P_2 、 F_1 、 $B_{1,2}$ 、 $B_{2,2}$ 和 $F_{2,3}$ 家系6个世代对油菜的芥酸含量进行了遗传分析。该方法目前已用于大豆的抗病性^[16]、棉花品质性状^[17]、小麦PPO活性^[18]和油菜的含油量^[19]等分析。**【本研究切入点】**本研究利用主基因加多基因混合遗传模型或混合(遗传)模型,对双低油菜1141B和高芥酸高硫苜蓿 C_1 的亲本 P_1 、 P_2 、 F_1 、 F_2 和 $F_{2,3}$ 家系的芥酸含量数据进行5世代联合分析。**【拟解决的关键问题】**研究芥酸含量基因的遗传及其效应,为油菜的高芥酸含量育种提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

选择低芥酸低硫苜蓿甘蓝型油菜材料1141B和高芥酸高硫苜蓿 C_1 为亲本材料,其中1141B是中国种植面积较大的双低油菜杂交种华杂4号的保持系,垦 C_1

为陕西省杂交油菜研究中心培育的世界上第一个大面积应用于生产的高产杂交种秦油 2 号的恢复系, 1141B 和垦 C₁ 均为华中农业大学遗传育种研究所油菜研究室提供。配置了组合 1141B×垦 C₁ 的 F₁ 杂种, 自交分别得到 136 个 F₂ 和 F_{2.3} 家系, 材料的准备工作在华中农业大学试验农场进行。

1.2 试验方法

田间试验于 2002~2003 年度在河南省农业科学院试验田(河南省郑州市)进行。参试材料包括母本 P₁、父本 P₂、F₁、F₂ 及 F_{2.3} 家系等 5 个世代, P₁、P₂、F₁、每个 F_{2.3} 家系各种植一个小区, F₂ 种子全部播种 5 个小区。随机区组排列, 3 次重复, 3 行区, 行距为 0.4 m, 行长 2.5 m。田间试验按大田生产进行管理。芥酸含量的测定用气相色谱仪。P₁、P₂、测定自交单株芥酸含量, F₁、F₂ 及 F_{2.3} 家系测定种胚世代的种子。

1.3 统计分析

假设分离世代主基因效应由于多基因和环境的修饰为一个独立的正态分布, 则整个分离世代可以看作多个独立正态分布的混合分布。对 P₁、P₂、F₁、F₂ 及 F_{2.3} 家系进行联合分析, 涉及模型有 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)。Akaike (1977) 根据熵最大原理 (principle of entropy maximization), 认为可将统计推断视为观测值概率分布的估计, 通过

比较估计分布与与真实分布的适合性程度进行推断, 在这里的应用是选择 AIC (Akaike's information criterion) 值最小的模型为最适模型。AIC 值 = -2L (Y/θ) + 2K, 其中 L (Y/θ) 为对数似然函数, K 为模型中独立的参数个数。分析软件由南京农业大学大豆研究所章元明博士提供。遗传参数的估计参照王建康博士论文的方法进行^[20]。

由于混合遗传模型中, 表现型值 (p) 表示为群体平均数 (m)、主基因效应 (g)、多基因效应 (c) 和环境效应, 即 p = m + g + c + e, 因此, 表现型方差 (σ_p²) 可表示为主基因方差 (σ_{mg}²)、多基因方差 (σ_{pg}²) 和环境方差 (σ_e²) 之和。σ_p² = σ_{mg}² + σ_{pg}² + σ_e²。群体的主基因遗传力 h_{mg}² (%) = σ_{mg}² / σ_p² × 100; 群体的多基因遗传力 h_{pg}² (%) = σ_{pg}² / σ_p² × 100。

2 结果与分析

2.1 各世代芥酸含量次数分布

各世代芥酸含量的频次分布见表 1, 组合 1 两个亲本 P₁ 和 P₂ 的芥酸含量平均分别为 0.18% 和 39.90%, 中亲值为 20.04%, F₁ 为 29.63%, 偏向于高值亲本。F₂、F_{2.3} 家系芥酸含量的变异范围很广。从图中可以看出 F_{2.3} 家系均有多个峰, 为正态混合分布, 呈明显的主基因+多基因遗传特征。

2.2 较优遗传模型的选择

表 1 各世代芥酸含量次数分布结果

Table 1 Frequency distribution of erucic acid content in five generations

世代 Generation	芥酸含量 Erucic acid content (%)									平均值 Mean
	0-	5-	10-	15-	20-	25-	30-	35-	40-	
P ₁	5									0.18
F ₁					5					29.63
P ₂								3	2	39.90
F ₂	13	20	18	13	29	13	14	14	2	17.90
F _{2.3}	17	16	16	15	26	13	15	15	3	22.36

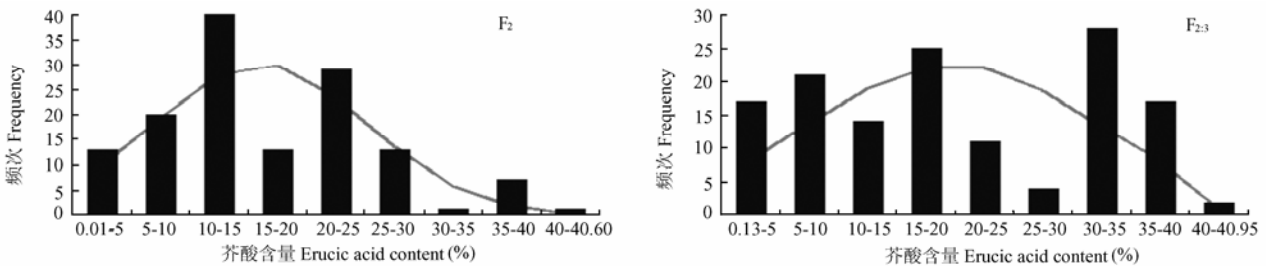


图 F₂ 和 F_{2.3} 代的芥酸含量频次

Fig. Frequency distribution of erucic acid content in F₂ and F_{2.3}

在分析一个性状的遗传时,应首先确定它是否属于主-多基因混合遗传模型,然后确定性状的遗传属模型中的哪一类,最后根据选定的模型估计遗传参数。

从表 2 可以看出,在 A、B、C、D、E 这 5 类模型中,对于组合 1 E-1 和 E-2 模型的 AIC 值较小,为芥酸含量的较优模型。

表 2 芥酸 5 个世代主基因-多基因遗传模型分析的 AIC 值

Table 2 AIC value of erucic acid content in major gene and polygene model

模型代号 Model code	模型的含义 Implication of model	AIC 值 AIC value	模型代号 Model code	模型的含义 Implication of model	AIC 值 AIC value
E-1	MX2-ADI-AD	1451.93	A-2	1MG-A	1639.66
E-2	MX2-AD-AD	1490.54	B-1	2MG-ADI	1680.98
B-2	2MG-AD	1498.98	A-4	1MG-AEND	1703.81
E-6	MX2-EEAD-AD	1500.97	A-3	1MG-EAD	1732.51
E-3	MX2-A-AD	1510.87	C-0	PG-ADI	1733.75
E-4	MX2-EAED-AD	1517.52	E-6	MX2-EEAD-AD	1754.51
E-5	MX2-AED-AD	1558.62	C-1	PG-AD	1754.60
D-4	MX1-AEND-AD	1569.77	D-2	MX1-A-AD	2202.23
B-3	2MG-AD	1620.58	D-0	MX1-AD-ADI	2202.85
D-3	MX1-EAD-AD	1626.58	D-1	MX1-AD-AD	2203.93
A-1	1MG-A	1629.46			

MG: 主基因的遗传模型; MX: 主基因+多基因的混合遗传模型; PG: 多基因的混合遗传模型; A: 加性效应; D: 显性效应; I: 互作(上位性); N: 负向; E: 相等。如 E-1 模型 MX2-ADI-AD 表示 2 对加-显-上位性主基因+加-显多基因的混合遗传模型

MG: Major gene model; MX: Mixed major gene and polygene model; PG: Polygene model; A: Additive effect; D: Dominance effect; I: Interaction(epistasis); N: Negative; E: Equal. For example, model E-1=MX2-ADI-AD, means mixed model with 2 major genes of additive-dominance-epistasis effects + additive-dominance polygene

2.3 较优遗传模型的适合性检验

通过比较期望分布与观察分布的拟合程度,可以确定选择的合适模型是否和观察数据相一致。采用均匀性检验(U_1^2 、 U_2^2 和 U_3^2)、Smirnov 检验(${}_nW^2$)和 Kolmogorov 检验(D_n)确定期望分布与样本分布间的适合性。从表 3 可以看出,E-1 模型的 25 个统计

量中只有 2 个达到显著水平,而 E-1 模型的 25 个统计量中有 10 个达到显著水平,说明 E-1 模型的期望分布与样本分布间的适合性较好,而且其 AIC 值最小。因此 E-1 模型为芥酸含量的最适合性模型,即芥酸含量遗传是由 2 对加-显-上位性主基因+加-显多基因控制的。

表 3 较优遗传模型的适合性检验结果

Table 3 Tests for fitness in some selected models

模型 Model	世代 Generation	统计量 Statistic			${}_nW^2$	D_n
		U_1^2	U_2^2	U_3^2		
E-1	P ₁	0.018(0.7140)	0.182(0.4755)	2.152(0.2021)	0.0183	0.2362(>0.05)
	F ₁	0.059(0.6141)	0.215(0.4734)	0.203(0.4535)	0.4227	0.3131(>0.05)
	P ₂	0.013(0.771)	0.103(0.6453)	1.361(0.1872)	0.0413	0.3153(>0.05)
	F ₂	0.207(0.560)	0.106(0.6722)	0.331(0.4617)	0.1742	0.1431(>0.05)
	F _{2,3}	1.271(0.073)	0.267(0.3541)	0.312(0.5232)	0.2765	0.0416(<0.05)
E-2	P ₁	4.510(0.0029)	3.096(0.0063)	2.354(0.0010)	0.1783	0.2644(<0.05)
	F ₁	0.016(0.8681)	0.1314(0.7132)	0.238(0.6031)	0.0798	0.3661(>0.05)
	P ₂	1.001(0.3613)	3.099(0.0001)	1.003(0.3591)	0.1675	0.2514(<0.05)
	F ₂	3.191(0.1514)	0.073(0.7866)	0.403(0.5255)	0.1694	0.1112(<0.05)
	F _{2,3}	11.013(0.0001)	3.313(0.0019)	2.763(0.0002)	0.2624	0.0991(<0.05)

统计量 U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 后面括号中的数据为概率水平, D_n 后面括号中的数据为显著性标准

The value in parentheses behind U_1^2 , U_2^2 and U_3^2 means probability, behind D_n means significance level

2.4 最适合模型遗传参数的估算

芥酸含量遗传是由 2 对加-显-上位性主基因+加-显多基因控制的。2 对主基因加性效应值 d_a 、 d_b 分别为 -16.26 和 -2.83, 第一对主基因加性效应绝对值大大高于第二对主基因显性效应值, 是第二对的 5.75 倍。显性效应值 h_a 、 h_b 分别为 10.93 和 -4.71, 第一对主基因显性效应绝对值也高于第二对主基因, 是第二对的 2.32 倍。显性度两者 (h_a / d_a 和 h_b / d_b) 分别为 -0.67 和 1.65。表明由芥酸对无芥酸为显性, 背景为无芥酸时, 显性方向为正, 背景为有芥酸时, 显性方向为正。该组合 2 对主基因间互作效应明显, 加性与加性效应互作值 (i) 为 -1.21, 显性与显性互作值 (l) 为 -3.27。第一对主基因的加性效应与第二对主基因的显性效应互作值 (j_{ab}) 为 5.70, 第二对主基因的加性效应与第一对主基因的显性效应互作值 (j_{ba}) 为 -7.25。因此, 第一对主基因控制的芥酸含量高于第二对主基因。

其芥酸含量还受多基因控制, 多基因加性效应 ($[a]$) 值为 -0.08, 多基因显性效应 ($[d]$) 值为 2.32; F_2 的主基因遗传力和多基因遗传力分别为 50.00% 和 16.62%; $F_{2:3}$ 的主基因遗传力和多基因遗传力分别为 89.70% 和 6.01% (表 4)。

3 讨论

芥酸含量是油菜品质育种的重要性状, 是复杂的数量性状。国内外对芥酸含量的遗传做了大量研究, 因研究者使用的材料和遗传分析方法的不同, 其结果也有一定的差别。主基因-多基因混合模型的提出为同时利用多世代分析复杂性状的遗传提供了手段。一个基因位点是主基因或者是多基因是相对于它产生的表型效应大小而言的, 主基因可以产生较大的表型效应, 使分离世代出现多峰现象。本研究通过亲本 P_1 、 P_2 和杂种 F_1 、 F_2 和 $F_{2:3}$ 家系五世代联合分析, 结果表明, 各分离世代芥酸含量都存在着丰富的变异, 为正态混合分布, 说明芥酸含量呈明显的主基因+多基因遗传特征的数量性状, 同时出现了超亲优势。说明在油菜品质育种中选育低芥酸和高芥酸材料都是可行的。

本研究结果与戚存扣等^[12]用 6 个基本世代 (P_1 、 P_2 、 F_1 、 $B_{1:2}$ 、 $B_{2:1}$ 和 $F_{2:3}$) 的结果相同, 即 E-1 模型是芥酸含量的最适遗传模型, 芥酸含量遗传是由 2 对加-显-上位性主基因+加-显多基因控制的。第一对主基因控制的芥酸含量高于第二对主基因。本研究检测到的 2 对主基因其中 1 对的加性效应和显性效应值是另 1 对的 2 倍以上, 但戚存扣等^[12]检测到的第二对主基因

表 4 最适合模型遗传参数估算

Table 4 Genetic parameters estimated for the best fitness model

参数 Parameter	一阶参数 1st order genetic parameter				估计值 Value
	估计值 Value	参数 Parameter	估计值 Value	参数 Parameter	
μ_1	0.38	μ_{49}	40.11	m	15.52
μ_2	26.18	μ_{51}	1.00	d_a	-16.26
μ_3	38.74	μ_{52}	6.41	d_b	-2.83
μ_{41}	1.92	μ_{53}	8.75	h_a	10.93
μ_{42}	6.26	μ_{54}	21.16	h_b	-4.71
μ_{43}	9.67	μ_{55}	24.29	i	-1.21
μ_{44}	22.34	μ_{56}	34.08	j_{ab}	5.70
μ_{45}	24.35	μ_{57}	35.61	j_{ba}	-7.25
μ_{46}	42.50	μ_{58}	33.23	l	-3.27
μ_{47}	36.52	μ_{59}	39.19	[a]	-0.08
μ_{48}	27.38			[d]	2.32
	二阶参数 2nd order genetic parameter				
	σ_{mg}^2	σ_{pg}^2	h_{mg}^2	h_{pg}^2	
F_2	3.35	1.12	50.00%	16.72%	
$F_{2:3}$	23.43	1.57	89.70%	6.01%	

m 为群体平均数, [d] 为多基因显性效应值, a 为主基因加性效应值, [a] 为多基因加性效应值, μ_1 、 μ_2 、 μ_3 、 μ_{41} 分别为 P_1 、 P_2 、 F_1 及 F_2 群体平均值

m is a mean of population, [d] means dominant effect of polygene, a means additive effect of major gene, [a] means additive effect of polygene. μ_1 , μ_2 , μ_3 and μ_{41} mean average values of P_1 , P_2 , F_1 and F_2 , respectively

的加性效应值只相当于第 1 对的 53.75%。作者认为本研究结果的 2 对主基因与 Anand 等^[6]在甘蓝型油菜中发现的 5 个控制芥酸含量的基因, 分别控制 1%、10%、15%、30% 和 3.5% 左右的芥酸含量的结论有吻合的成分。也与 Barret 等^[21]用分子遗传研究的研究“控制芥酸含量的两个基因位点 E_1 、 E_2 控制的芥酸含量不相等, 分别决定芥酸含量的 56.4% 和 28.6%”的结论一致。刘雪平等^[22]用 121 个 DH 系为作图群体, 将芥酸主基因定位在 LG13 上, 该结果也证实芥酸含量确实由主基因控制。另外, 该研究与戚存扣等^[12]的研究相比少了 1 个世代, 减少了一部分工作量。本研究中还检测到多基因的存在, 该结果与前人对芥酸含量的遗传除受主基因控制外, 还受到其它修饰基因的影响^[4]一致, 本研究的多基因即为修饰基因。由此可以看出, 主基因+多基因遗传分析是有效而且很适合的。本研究中 $F_{2:3}$ 的主基因遗传力为 89.70% 远远高于 F_2 的主基因遗传力 50.00%, 而多基因遗传力则相反, F_2 高于 $F_{2:3}$, 分别为 16.62% 和 6.01%。因此笔者认为低

芥酸和高芥酸育种中在 $F_{2:3}$ 家系进行选择效率较高。也与王建康等^[14]提出的利用 $F_{2:3}$ 家系平均数, 可以检测到在 F_2 检测不到的主基因, 多个世代的联合分析可以更精确地估计各种遗传参数的研究结果一致。

4 结论

对亲本 P_1 、 P_2 和杂种 F_1 、 F_2 和 $F_{2:3}$ 家系的五世代联合分析表明, E-1 模型是芥酸含量的最适遗传模型, 即芥酸含量的遗传是由 2 对加-显-上位性主基因和加-显多基因共同控制的。第一对主基因加性效应值和显性效应绝对值均高于第二对主基因显性效应值。因此, 第一对主基因控制的芥酸含量高于第二对主基因。

致谢: 王建康博士在数据的计算和论文的写作中给予了指导和帮助, 特此致谢。

References

- [1] 刘后利. 油菜遗传育种学. 北京: 中国农业大学出版社, 2000.
Liu H L. *Rapeseed Genetics and Breeding*. Shanghai: Scientific Technology Press, 2000. (in Chinese)
- [2] 傅廷栋. 油菜品质改良的现状与展望. 华中农业大学学报, 2004, 34(Suppl.): 1-4.
Fu T D. The present and future of rapeseed quality improvement. *Journal of Huazhong Agricultural University*, 2004, 34(Suppl.): 1-4. (in Chinese)
- [3] 傅廷栋. 杂交油菜的育种与利用. 武汉: 湖北科学技术出版社, 2000.
Fu T D. *Breeding and Utilization of Rapeseed Hybrid*. Wuhan: Science and Technology Press of Hubei, 2000. (in Chinese)
- [4] 周永明, 刘后利. 甘蓝型油菜种子中几种主要脂肪酸含量的遗传. 作物学报, 1987, 13(1): 1-10.
Zhou Y M, Liu H L. Inheritance of major fatty acid content in *Brassica napus* L. *Acta Agronomica Sinica*, 1987, 13(1): 1-10. (in Chinese)
- [5] 刘定富, 刘后利. 甘蓝型油菜脂肪酸成份的基因作用形式和效应. 作物学报, 1990, 16(3): 193-199.
Liu D F, Liu H L. Gene form and effects of component for fatty acid in *Brassica napus* L. *Acta Agronomica Sinica*, 1990, 16(3): 193-199. (in Chinese)
- [6] Anand I J, Downed R K. A study of erucic acid alleles in digenomic rapeseed (*B. napus* L.). *Canadian Journal of Plant Science*, 1981, 61: 199-203.
- [7] 官春云, 王国槐. 油菜品质育种的研究—II: 湘油 5 号油菜芥酸含量的基因分析. 湖南农学院学报, 1986, 1: 21-25. Guan C Y, Wang G H. The studies on quality breeding of rapeseed-II: Gene analysis on erucic acid of Xiangyou No. 5 in rapeseed. *Journal of Hunan Agricultural College*, 1986, 1: 21-25. (in Chinese)
- [8] 刘定富, 刘后利. 甘蓝型油菜芥酸和二十碳烯酸含量的基因效应. 遗传学报, 1990, 17(2): 103-109.
Liu D F, Liu H L. Gene effects of erucic acid and eicosenoic acid in *Brassica napus* L. *Acta Genetica Sinica*, 1990, 17(2): 103-109. (in Chinese)
- [9] Alemayehu N, Becker H C, Heiko C. Variation and inheritance of erucic acid content in *Brassica carinata* germplasm collections from Ethiopia. *Plant Breeding*, 2001, 120: 331-335.
- [10] 张书芬, 宋文光, 文雁成, 刘建明, 王建平. 甘蓝型双低油菜数量性状遗传力及基因效应. 中国油料, 1996, 18(3): 1-3.
Zhang S F, Song W G, Wen Y C, Wang J P, Zhu J C, Liu J M. Studies on hereditary capacity of quantitative characters and gene effects of CMS double low *Brassica napus* L. *Oil Crops of China*, 1996, 18(3): 1-3. (in Chinese)
- [11] 张书芬, 文雁成, 王建平, 任乐建, 葛云宪. 高配合力双低油菜细胞质雄性不育基因的遗传及细胞质效应. 中国油料作物学报, 1999, (1): 1-3.
Zhang S F, Wen Y C, Wang J P, Ren L J, Ge Y X, Sui T X. Heredity of sterile gene and genetic effects of cytoplasmic male sterile in high combining capacity of double low *B. napus*. *Chinese Journal of Oil Crop Sciences*, 1999, (1): 1-3. (in Chinese)
- [12] 戚存扣, 盖钧镒, 章元明. 甘蓝型油菜芥酸含量的主基因+多基因遗传. 遗传学报, 2001, 28(2): 182-187.
Qi C K, Gai J Y, Zhang Y M. Major gene plus poly-gene inheritance of erucic acid content in *Brassica napus* L. *Acta Genetica Sinica*, 2001, 28(2): 182-187. (in Chinese)
- [13] GAI J Y, Wang J K. Identification and estimation of a QTL model and its effects. *Theoretical and Applied Genetics*, 1998, 97: 1162-1168.
- [14] 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)
- [15] 王建康, 盖钧镒. 数量性状主-多基因混合遗传的 P_1 、 P_2 、 F_1 、 F_2 和 $F_{2:3}$ 联合分析方法. 作物学报, 1998, 24(6): 432-440.
Wang J K, Gai J Y. Identification of major gene and polygene mixed inheritance model of quantitative traits by using joint analysis of P_1 , P_2 , F_1 , F_2 and $F_{2:3}$. *Acta Agronomica Sinica*, 1998, 24(6): 432-440. (in Chinese)
- [16] Wang J K, Gai J Y. Mixed inheritance model for resistance to

- agromyzid beanfly (*Melanagromyza sojae* Zehntner) in soybean. *Euphytica*, 2001, 122: 9-18.
- [17] 袁有禄, 张天真, 郭旺珍, Yu J, Russell J K. 棉花高品质纤维性状的主基因与多基因遗传分析. 遗传学报, 2002, 29(9): 827-834.
- Yuan Y L, Zhang T Z, Guo W Z, Yu J, Russell J K. Major polygene effect analysis of super quality fiber properties in upland cotton. *Acta Genetica Sinica*, 2002, 29(9): 827-834. (in Chinese)
- [18] 葛秀秀, 张立平, 何中虎, 章元明. 冬小麦 PPO 活性的主基因+多基因混合遗传分析. 作物学报, 2004, 30(1): 18-20.
- Ge X X, Zhang L P, He Z H, Zhang Y M. The mixed inheritance analysis of polyphenol oxidase activities in winter wheat. *Acta Agronomica Sinica*, 2004, 30(1): 18-20. (in Chinese)
- [19] Zhang S F, Ma C Z, Zhu J C, Wang J P, Wen Y C, Fu T D. Genetic analysis of oil content in *Brassica napus* L. using mixed major gene and polygene inheritance model. *Acta Genetica Sinica*, 2006, 33(2): 171-180.
- [20] 王建康. 数量性状主基因-多基因混合遗传模型的鉴别和遗传参数估计的研究. 南京农业大学博士学位论文, 1996.
- Wang J K. Studies on identification of major-polygene mixed inheritance of quantitative traits and estimation of genetic parameters. A dissertation submitted to Nanjing Agricultural University for the Doctorate Degree, 1996. (in Chinese)
- [21] Barret P, Delourme R, Renard R, Domergue F, Lessire R, Delseny M, Roscoe T. A rapeseed *FAEI* gene is linked to the *EI* locus associated with variation in the content of erucic acid. *Theoretical and Applied Genetics*, 1998, 96(2): 177-186.
- [22] Liu X P, Tu J X, Liu Z W, Chen B Y, Fu T D. Construction of a molecular marker linkage map and its use for QTL analysis of erucic acid content in *Brassica napus* L. *Acta Agronomica Sinica*, 2005, 31(3): 275-282.

(责任编辑 孙雷心)

欢迎订阅 2009 年《北京林业大学学报》(美国《工程索引》(Ei) 收录期刊)

《北京林业大学学报》是教育部主管、国内外公开发行的全国性林学与森林生物学学术期刊。该刊是中文核心期刊、中国自然科学核心期刊、科技部“中国科技论文统计源期刊”和中国科学院“中国科学引文数据库统计源期刊”。2003 年《北京林业大学学报》荣获第二届国家期刊奖提名奖, 2005 年荣获第三届国家期刊奖百种重点期刊, 2006 年获“中国高校精品科技期刊”奖。

连续收录《北京林业大学学报》的著名检索期刊和数据库有: 美国工程索引(Ei)、美国《化学文摘》(CA)、俄罗斯《文摘杂志》(AJ)、英国: 国际农业与生物科学研究中心”数据库(CABI)、英国《动物学记录》(ZR)、中国科技论文引文数据库(CSTPCD)、中国科学引文数据库、《中国学术期刊文摘》、《中国生物学文摘》、中国林业科技文献数据库等。

为保持学科特色, 该刊重点报道以林木遗传育种学、森林培育学、森林经理学、森林生态学、树木生理学、森林土壤学、森林植物学、森林保护学、自然保护区学、园林植物与观赏园艺、水土保持与荒漠化防治、森林工程、木材科学与技术、林产化学加工工程、其他学科在林学上的应用等方面的论文。

《北京林业大学学报》为双月刊, 大 16 开本, 160 页左右, 单月月底出版。每期定价 50.00 元。各地邮局发行, 邮发代号: 82-304。国内统一刊号: CN 11-1932/S。如当地邮局订阅不便或错过征订时间, 也可直接汇款向本刊编辑部订阅。

地址: 北京市海淀区清华东路 35 号《北京林业大学学报》编辑部(邮编: 100083)

发行电话: 010-62338397; 联系人: 刘大林

发行电子信箱: liudalin@bjfu.edu.cn; 网址: <http://www.bjfjournal.cn/>