

芥菜型油菜芥酸和廿碳烯酸的遗传*

刘定富¹⁾ 刘后利

(华中农业大学作物遗传育种研究所,武汉)

本试验研究了芥菜型油菜种子油中芥酸和廿碳烯酸含量的遗传。结果表明,芥菜型油菜芥酸含量和廿碳烯酸含量的遗传行为与甘蓝型油菜十分相似。二者均受种子的胚基因型控制,与母体植株的基因型无关。芥酸含量受两对显性效应很小的加性基因控制,廿碳烯酸受两对具有重叠作用的显性基因控制。低芥酸总是与低廿碳烯酸相联系。世代均值分析表明,芥酸符合加性显性模型,以加性效应为主。廿碳烯酸不符合加显模型,但符合二基因互作模型,基因效应以显性作用为主。

关键词: 芥菜型油菜,芥酸,廿碳烯酸,世代均值分析,基因数目

芥菜型油菜 (*Brassica juncea*) 虽然其产量能力不如甘蓝型油菜 (*B. napus*),但具有耐旱、耐瘠、抗虫等优点,因而在许多偏僻边远地区或干旱地区有广泛的种植。最近,有人建议种植芥菜型油菜提供工业所需的高芥酸菜油,而甘蓝型油菜只种植低芥酸类型供食用,以免高芥酸和低芥酸品种在同一地区内种植而造成异交,给种子生产带来困难。因此,作为一种油料作物,芥菜型油菜仍具有很大的实用价值。

虽然早在 60 年代初期就先后分别发现了无芥酸的甘蓝型油菜^[1,2]和白菜型油菜(*B. campestris*)^[3] 基因型,但无芥酸的芥菜型油菜基因型在晚近才获得。Kirk 等^[4]最早获得无芥酸的芥菜型材料。此后,Anand 等^[5]和 Olsson^[6]分别从来自阿富汗和巴基斯坦的材料中筛选出无芥酸基因型。由于无芥酸的芥菜型油菜基因型发现较晚,关于其芥酸含量的遗传还仅见一例报道。Kirk 等^[7,8]用欧洲高芥酸品种(25%)和亚洲高芥酸品种(49%)与他们自己选得的无芥酸基因型杂交,证明芥菜型油菜的芥酸含量受两对基因型控制,并指出欧洲品种的基因型为 $E_A E_A e_B e_B$ 或 $e_A e_A E_B E_B$, 亚洲品种的基因型为 $E_A E_A E_B E_B$ ²⁾。本研究的目的是利用两种不同来源的无芥酸基因型^[11,12] 研究中国芥菜型油菜芥酸和廿碳烯酸的遗传。

材料和方法

供试亲本为 Zem 1 (澳大利亚)、Sv 85-41714 (瑞典)和易门凤尾籽(中国云南)。前二者为无芥酸(<2%),后者为高芥酸(>45%)。1986 年春用易门凤尾籽与 Sv85-41714 和 Zem1 杂交,同年夏季,将 Sv85-41714 × 易门凤尾籽的杂种 F₁ 及其亲本播于昆明,开花时自交, F₁ 与双亲回交,双亲之间进行杂交。Zem1 由于生育期较长,未进行夏繁。同年 10 月将 Sv85-41714 × 易门凤尾籽的 P₁, P₂, F₁, F₂, B₁ 和 B₂ 六个世代播于武昌,完全随机设计, P₁, P₂ 和 F₁ 各 3 行, B₁ 和 B₂ 各 6 行, F₂ 15 行。1987 年春套袋自交,收获后每株取 80—150 粒自交种子分析脂肪酸组成。Zem 1 × 易门凤尾籽播种时仅 P₁, P₂ 和 F₁ 三个世代,1987 年春对 F₁ 进行自交,并与双亲回交,同时对双亲进行杂交。收获后得到 P₁, P₂, F₁, F₂, B₁ 和 B₂ 六个世代的种子,用气相色谱法作单粒分析。脂肪酸成分分析方法如文献[3]所述,世代均值

Liu Dingfu et al: Inheritance of Erucic and Eicosenoic Acids in *Brassica juncea*

* 国家教育委员会高等学校科学技术基金资助项目。

1) 现在湖北农学院农学系工作。

2) 基因型符号按[13]的体系作了改动。

本文于 1988 年 4 月 15 日收到。

分析按[14]的方法进行,用文献[12]和[6]的方法估计芥酸的基因数目及其标准误。所有计算均在 Apple II 计算机上进行,用 CP/M 操作系统支持的 BASIC 语言进行程序设计。

结果与讨论

(一) 各世代芥酸和廿碳烯酸的表现

Zem 1 和 Sv 85-41714(P₂)与易门凤尾籽(P₁)杂交的六个世代其芥酸和廿碳烯酸的含量及其标准误列于表 1。

由表 1 可见, F₁ 和 F₂ 代的芥酸含量介于双亲之间,表明芥菜型油菜的芥酸含量受种子的胚基因型控制,而与母体植株的基因型无关。这与甘蓝型油菜^[4,9]和白菜型油菜^[7]的结果相同。但 F₁ 和 F₂ 代的芥酸含量均高于中亲值,且 F₂ 的均值略小于 F₁,这说明芥酸等位基因除了加性效应以外,还具有微弱的显性作用,其显性方向为正。

对于廿碳烯酸,两组合的 F₁ 代的均值都大于高值亲本 (P₁),呈现正向超显性。跟芥酸含量一样, F₂ 代的均值亦略小于 F₁,这可能

是 F₁ 代由于基因纯合而杂合性降低,致使显性作用变小所致。

(二) 芥酸和廿碳烯酸的遗传分析

与甘蓝型油菜一样,芥菜型油菜分离世代的芥酸含量除无芥酸基因型外,呈现连续变异, F₂ 代尤为如此,这给表型分类带来了困难。本试验所用的高芥酸亲本的芥酸含量与 Kirk 等^[10]试验中的亚洲品种相近,他们证明亚洲品种与无芥酸基因型 (Zem1 和 Zem2) 有两对基因的差异。如果这一结论是正确的,再加之芥酸等位基因的显性作用较小,则回交世代 (B₁ 和 B₂) 就应呈现 1:2:1 的分离, F₂ 代应为 1:4:6:4:1 的分离。由于各类之间的分界不十分明显,人为分类有一定的困难,本文应用作者^[2]提出的芥酸表型数值分类方法分类。两组合各分离世代芥酸含量的分离比例及其 χ^2 适合性检验列于表 2。

分离结果表明,芥菜型油菜芥酸含量的遗传符合二基因加性遗传模式,显性作用较小。证实了 Kirk 等^[10]关于芥酸遗传的结论。

由于廿碳烯酸表现显性或超显性作用,因

表 1 芥菜型油菜芥酸和廿碳烯酸含量的世代均值及其标准误

世 代	Zem 1 × 易门凤尾籽 (A)			Sv85-41714 × 易门凤尾籽(B)		
	粒 数	芥 酸	廿碳烯酸	株 数	芥 酸	廿碳烯酸
P ₁	20	47.31±0.574	9.20±0.256	14	46.10±0.669	8.37±0.198
P ₂	20	1.25±0.315	2.15±0.157	17	1.79±0.325	3.31±0.175
F ₁	20	29.95±0.686	13.68±0.401	19	29.70±0.595	12.52±0.428
F ₂	114	29.04±0.949	10.52±0.220	105	28.76±1.003	11.53±0.258
B ₁	40	37.59±0.954	10.73±0.237	39	37.45±1.093	10.03±0.214
B ₂	40	14.10±1.314	11.80±0.724	40	13.40±1.338	12.05±0.692

表 2 分离世代芥酸含量的分离及适合性检验

组合	世 代	表 现 型					总 和	期 望 比 例	χ^2	P
		0E	1E	2E	3E	4E				
A	B ₁			12	17	11	40	1:2:1	0.95	.50—.75
	B ₂	8	23	9			40	1:2:1	0.95	.50—.75
	F ₂	4	25	53	29	3	114	1:4:6:4:1	4.23	.25—.50
B	B ₁			14	14	11	39	1:2:1	3.56	.10—.25
	B ₂	11	21	8			40	1:2:1	0.55	.75—.90
	F ₂	5	21	51	21	7	105	1:4:6:4:1	5.93	.10—.25

而其分离行为与芥酸不同。根据廿碳烯酸的表现,仅见 F_2 和 B_2 有明显的分离,而 B_1 分离不明显,其方差与 F_1 代的方差无显著差异,但 F_2 和 B_2 的方差显著地大于非分离世代(P_1, P_2 和 F_1) 及 B_1 。两组合各世代廿碳烯酸含量的方差列于表 3。

表 3 芥菜型油菜廿碳烯酸含量各世代的方差

组合	世代					
	P_1	P_2	F_1	F_2	B_1	B_2
A	1.31	0.49	3.22	5.53	2.24	20.95
B	0.55	0.52	3.48	7.00	1.79	19.15

两组合 F_2 和 B_2 世代廿碳烯酸的分离比例及适合性检验列于表 4。

表 4 的结果表明,廿碳烯酸受两对基因控制,等位基因之间具有显性作用,两个基因座位

为重叠效应。

根据 F_2 和 B_2 世代个体的芥酸含量与廿碳烯酸含量的关系,发现低廿碳烯酸($<4\%$)总是与无芥酸($<1\%$)相联系。当芥酸大于 10% 时,廿碳烯酸的含量高于 6% (绝大多数高于 9%)。这与甘蓝型油菜和白菜型油菜的结果相似。这表明,芥菜型油菜中的无芥酸突变体实际上是低廿碳烯酸的突变体,由于突变体的廿碳烯酸合成受阻,因而缺乏合成芥酸的前体物,致使芥酸含量甚微($<1\%$)。关于廿碳烯酸和芥酸的遗传关系,前人根据二者都呈两对基因的分离及低廿碳烯酸总与无芥酸相联系这两点事实,曾在甘蓝型油菜中假定二者是受同一基因体系控制的。但是,作者认为,根据现有的证据,无论是在甘蓝型油菜中还是在芥菜型油菜中,作出这样的结论还为时尚早。

(三) 世代均值分析

表 4 廿碳烯酸含量的分离及适合性检验

组 合	世 代	表 现 型		总 和	期 望 比 例	χ^2	P
		$<4\%$	$>6\%$				
A	B_2	8	32	40	1:3	0.53	.25-.50
	F_2	4	110	114	1:15	1.46	.10-.25
B	B_2	11	29	40	1:3	0.16	.50-.75
	F_2	5	100	105	1:15	0.40	.50-.75

表 5 芥酸和廿碳烯酸的尺度测验及均值分量的估值

参 数	芥 酸		廿 碳 烯 酸	
	A	B	A	B
m	$24.28 \pm 0.32^{**}$	$23.99 \pm 0.36^{**}$	$5.68 \pm 0.15^{**}$	$5.84 \pm 0.13^{**}$
$[d]$	$23.02 \pm 0.32^{**}$	$22.22 \pm 0.36^{**}$	$3.53 \pm 0.15^{**}$	$2.53 \pm 0.13^{**}$
$[h]$	$5.70 \pm 0.72^{**}$	$5.73 \pm 0.69^{**}$	$12.12 \pm 0.97^{**}$	$15.42 \pm 1.02^{**}$
$[i]$	—	—	—	—
$[j]$	—	—	$-7.39 \pm 1.13^{**}$	$-10.17 \pm 1.11^{**}$
$[l]$	—	—	$-4.11 \pm 1.15^{**}$	$-8.74 \pm 1.23^{**}$
χ^2	6.60	6.93	2.87	1.21
P	0.05—0.10	0.05—0.10	0.05—0.10	0.50—0.75
A	-2.08 ± 2.11^f	-0.90 ± 2.36	$-1.42 \pm 0.67^*$	0.83 ± 0.64
B	-3.00 ± 2.73	-4.69 ± 2.76	$7.77 \pm 1.51^{**}$	$8.27 \pm 1.46^{**}$
C	7.70 ± 4.09	7.75 ± 4.25	$3.37 \pm 1.23^{**}$	$9.40 \pm 1.37^{**}$

* $P = 0.05$ ** $P = 0.01$

表6 芥酸含量的基因数目估值及其标准误

估计方法	组 合	
	A	B
1	7.84±0.43	2.48±0.38
2	2.77±0.40	2.45±0.37
3	2.65±0.86	2.64±0.99
4	2.89±0.56	7.28±0.42
5	2.76±0.34	2.40±0.30

上述经典遗传分析只对芥酸和甘碳烯酸的遗传作了一些定性描述,要进一步深入了解这两个性状的遗传信息,如基因效应和显性度的大小等,尚需进行定量分析。两组合芥酸和甘碳烯酸的尺度测验、世代均值分量的估值及模型适合性 χ^2 列于表 5。

由表 5 可见,对于芥酸,尺度测验(A, B 和 C)及联合尺度测验(χ^2)都不显著,表明两组合均符合加性显性模型。芥酸的加性效应[d]和显性效应[h]均极显著。相对而言,显性作用比加性作用小得多,其势能比[h]/[d]仅为 0.2476 和 0.2579。说明芥菜型油菜芥酸含量的遗传以加性效应为主。如果跟甘蓝型油菜一样,两个座位上的等位基因其效应相等或基本上相等,则芥菜型油菜(易门凤尾籽)每个等位基因的加性效应为 11—11.5% 左右,显性效应为 2.5—3.0% 左右。

甘碳烯酸不符合加性显性模型,但符合二基因互作模型。两组合的加性分量和显性分量均极显著,且显性分量占绝对优势,势能比为 3.43 和 6.09,表明甘碳烯酸的超亲遗传现象是由超显性所致。此外,还存在极显著的加性×显性[i]和显性×显性[l]互作,互作均为负效应。

另外,从表 5 可见,本试验中两个杂交组合各参数估值的绝对大小,无论是芥酸还是甘碳烯酸,都极为接近。这除了这两个性状受环境影响较小外,还可能与这两个组合具有共同的高芥酸亲本有关。

(四) 芥酸含量基因数目的估计

经典遗传分析表明,芥菜型油菜的芥酸含量受两对基因控制。为了从另外的角度证实这一点,用数量遗传学方法^[6,12]估计了芥酸含量的基因数目,其估值列于表 6。

由表 6 可见,与经典遗传分析的结果相比,其估值偏高。但是,这种偏倚可能并不是估计方法本身所造成的,因为当各种方法的假设不能满足时,几乎都是使基因数低估,而不是高

估^[13]。这种高估可能是 F_2 代中极端类型的频率偏低,中间类型的频率偏高,使 F_2 代的方差的估值偏小所致。

由于甘碳烯酸存在极显著的非等位基因互作,这明显地不符合估计基因数目的基本假定,因而对甘碳烯酸未作基因数目的估计。

参 考 文 献

- [1] 刘定富: 1984. 华中农学院学报, 3(1): 93—102.
- [2] 刘定富: 1988. 中国油料, (待发表).
- [3] 刘定富、周永明、刘后利: 1988. 华中农业大学学报, 7(3): 205—210.
- [4] 周永明、刘后利: 1987. 作物学报, 13(1): 1—10.
- [5] Anand, I. J. and G. Röbbelen: 1984. *Indian J. Genet.*, 44(3): 497—501.
- [6] Cockerham, C. C.: 1986. *Genetics*, 114(2): 659—664.
- [7] Dorrell, D. G. and R. K. Downey: 1964. *Can. J. Plant Sci.*, 44(6): 499—504.
- [8] Downey, R. K.: 1964. *Can. J. Plant Sci.*, 44(3): 295.
- [9] Harvey, B. L. and R. K. Downey: 1964. *Can. J. Plant Sci.*, 44(1): 104—111.
- [10] Kirk, J. T. O. and C. J. Hurlstone: 1983. *Z. Pflanzenzüchtg.*, 90(4): 331—338.
- [11] Kirk, J. T. O. and R. N. Oram: 1981. *J. Aust. Inst. Agric. Sci.*, 47(1): 51—52.
- [12] Lande, R.: 1981. *Genetics*, 99(3/4): 541—553.
- [13] Liu, D. F. and H. L. Liu (刘定富, 刘后利): 1987. *Cruciferae Newsletter*, 12: 20—21.
- [14] Mather, K. and J. L. Jinks: 1982. *Biometrical Genetics* (3rd edn.), Chapman and Hall, London. 中译本: 刘定富、韩继祥、张金发译, 科学出版社, 1988.
- [15] Olsson, G.: 1984. *Sveriges üsädessjörens Tidskrift*, 99(3): 187—190.
- [16] Stefansson, B. R. F. W. Hougen and R. K. Downey: 1961. *Can. J. Plant Sci.*, 41(1): 218—219.