

辣椒单果种子数的遗传分析

隋益虎,胡能兵,苗永美,赵 岩,周玉丽

(安徽科技学院 生命科学院,安徽 凤阳 233100)

摘要:选用2个辣椒杂交组合构建6世代群体(P_1 、 P_2 、 F_1 、 B_1 、 B_2 和 F_2),对各世代四母斗果实的单果种子数进行计数,研究其遗传规律,结果表明:2个杂交组合的分离群体单果种子数表现多峰或单峰偏态分布,呈现数量遗传特征;多世代联合分离分析表明,辣椒单果种子数遗传模式符合2对加性-显性-上位性主基因遗传模型(B-1模型)。一阶遗传参数分析表明,2个组合中除了两基因间加性 \times 显性、显性 \times 显性互作等上位效应相似外,其加性、显性、加性 \times 加性效应表现几乎相反;势能比值比较表明,组合I中第1、2对主基因分别表现为负、正向超显作用,组合II中则表现为正、负向超显作用;同一组合中2基因座间综合显性效应有部分抵消。二阶遗传参数分析表明,组合I中控制辣椒单果种子数的2对主基因QTL比较集中在1110B材料中,组合II则在2个亲本材料中都有分布。同时组合I、II的 F_2 群体主基因遗传率分别为61.84%和37.30%,说明辣椒单果种子数因种质材料不同有差异,育种中对单果种子数的遗传选择应在分离的较高世代进行。

关键词:辣椒;单果种子数;多世代联合分析;遗传

中图分类号:S641.03 **文献标识码:**A **文章编号:**1000-7091(2014)03-0090-05

Genetic Analysis of Seed Number Per Fruit in Chilli Pepper

SUI Yi-hu, HU Neng-bing, MIAO Yong-mei, ZHAO Yan, ZHOU Yu-li

(College of Life Science, Anhui Science and Technology University, Fengyang 233100, China)

Abstract: Selection of two *capsicum* hybridization combinations to build each six-generation populations, namely, F_1 , F_2 , backcrosses B_1 and B_2 and their parents P_1 and P_2 , whose seed number per fruit of Simudou were counted to study its genetic law. The results showed that seed number per fruit of isolated populations of two crosses displayed quantitatively genetic characteristics with multimodal or unimodal skewed distribution. Multigenerational joint segregation analysis indicated the heritance of seed number per fruit fitted the pattern of two additive-dominance-epitasis major genes (B-1 model). Genetic analysis of the 1st-order parameters showed that in two crosses there were almost the opposite performance in effects of additive, dominant, and additive \times additive, exception of some similarity of epistatic interaction between the two loci in effects of additive \times dominant, dominant \times dominant. In addition, potential ratio comparison showed that the 1st and 2nd main genes were each expressed as negative, positive overdominant effect in the performance in cross I, and positive and negative overdominance in cross II, and integrated dominant effects partially offset between two loci. Genetic analysis of the 2nd-order parameters showed that in cross I two major gene QTLs determining seed number per fruit of *capsicum* were concentrated in parent 1110B, but in cross II were distributed in both parents, furthermore, the major gene heritability of F_2 populations was 61.84% in cross I and 37.30% in cross II, which indicated the seed number per fruit was dissimilar in different pepper germplasms, and suggested artificial selection of seed number per fruit should be performed at higher separated generations.

Key words: Chili pepper; Seed number per fruit; Joint analysis of multiple generations; Inheritance

辣椒 (*Capsicum* spp.) 是我国重要蔬菜作物之一,年播种面积超过 130 万 hm^2 ^[1]。由于辣椒杂种

一代具有增产、早熟、抗病、优质等优点,因此具有明显的杂种优势^[2],杂种优势育种是我国目前乃至今

收稿日期:2014-03-05

基金项目:安徽省教育厅自然科学重点项目(KJ2013A074);安徽科技学院稳定人才基金项目(ZRC2013349);国家星火计划项目(2012GA710029)

作者简介:隋益虎(1970-),男,安徽定远人,博士,副教授,主要从事蔬菜遗传育种和试验统计方法的教学与研究。

后辣椒育种的主要途径之一,然而生产上存在着杂交一代种子产量较低的问题^[3]。

辣椒杂交种的种子产量构成包括单位面积株数、单株坐果数、单果种子数和千粒质量等因素,其中单果种子数常被用来作为逆境下辣椒授粉受精^[4]、雄性不育材料的育性恢复^[5]、果实性状间的相关性^[6-9]、杂交制种质量^[3]等研究的重要指标。有关单果种子数的遗传分析鲜有报道,邵峰等^[9]曾对辣椒单果种子数进行了初步研究:45 份引种材料的单果种子数遗传变异系数为 62.86%;单果种子数与果实横径、果型指数、单果鲜质量、单果种子鲜质量、单果肉鲜质量、果实纵径呈显著正相关,但与果肉厚度呈弱负相关;单果种子数与可溶性糖含量的相关系数最小。研究有待进一步深入。

盖钧镒等^[10]认为主基因+多基因混合遗传是植物数量性状(质量性状为数量性状的特例)遗传的普适模型。利用植物数量性状遗传体系使得遗传分析更准确、深入^[11]。该理论体系已在茄子果色^[12]、辣椒叶色^[11]以及萝卜干质量和可溶性总糖含量^[13]等质量与数量性状的研究中成功应用。本试验通过构建辣椒 6 世代群体,采用多个世代联合分离分析法,研究辣椒单果种子数的遗传规律,为筛选粒多的辣椒杂交组合或材料、提高辣椒杂交 F_1 制种产量提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 供试材料

选择干制型辣椒材料 9007-2、7033 以及鲜食、干制兼用型材料 7035 和 1110B 作亲本,进行杂交、回交。所有亲本配组前,都经过 8~10 代自交纯合。

1.2 群体构建与田间设计

2011 年春于安徽科技学院种植园温室中配制 I 9007-2 (P_1) \times 1110B (P_2) 和 II 7033 (P_1) \times 7035 (P_2) 2 个杂交组合,分别获得 F_1 种子;2012 年 F_1 和各亲本材料自交、回交获得 F_2 、 B_1 ($F_1 \times P_1$) 和 B_2 ($F_1 \times P_2$) 种子。

2013 年春选择土壤条件一致的露地,采用每畦单株双行(行距 50 cm,株距 25 cm)分别种植 2 个组合的 6 世代(P_1 、 P_2 、 F_1 、 B_1 、 B_2 和 F_2) 群体植株。田间管理按常规进行,并保持灌溉、施肥、病虫害防治等方面一致。

1.3 测定与分析方法

在辣椒四母斗果实转色期,田间随机摘取一枚四母斗果实,室内剖取种子并人工计数其种子数量。

遗传分析采用南京农业大学提供的多世代主基因+多基因遗传模型软件进行。首先应用多世代联合分离分析法分别对 2 个组合的 6 世代家系单果种子数分析,利用极大似然法和 IECM (Iterated expectation and conditional maximization) 算法对混合分布中成分分布参数进行估计,获得 5 类(A:1 对主基因;B:2 对主基因;C:无主基因;D:1 对主基因+多基因和 E:2 对主基因+多基因)24 种遗传模型的极大对数似然函数值和 AIC (Akaike's information criterion) 值。然后通过一组适合性检验,包括均匀性检验 (U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2)、Smirnov 检验 (W^2) 和 Kolmogorov 检验 (D_n)。其中具有较小 AIC 值的模型初步定为适合模型,再综合考虑适合性检验结果,选择统计量差异显著个数最少的模型为最优模型。最后按照盖钧镒等^[10,14]方法估计最优模型下的遗传参数。

2 结果与分析

2.1 辣椒单果种子数的次数分布

单果种子数记录结果表明(表 1):9007-2 \times 1110B 和 7033 \times 7035 2 个杂交组合的 F_1 平均单果种子数分别为 80.83、99.69 粒,前者低于双亲平均值(85.01),偏向于粒少亲本;后者高于双亲平均值(86.98)和粒多亲本值(96.82),具有超高优势。分离群体 B_1 、 B_2 、 F_2 单果种子数分布大体上呈现出单峰或多峰分布,表现为数量遗传特征。

2.2 辣椒单果种子数的最优遗传模型

分别对 2 个辣椒组合 6 世代家系单果种子数混合分布中成分分布参数进行估计,获得的各遗传模型的极大对数似然函数值(MLV)和 AIC 值(表 2)表明:组合 I 具有小 AIC 值的模型为 B-1、D-2、D-3 和 D-1,组合 II 具有小 AIC 值的模型为 B-1、D-2、D-4 和 D-1。根据模型的选择原则,它们分别为 I、II 组合的适合候选遗传模型。由此推测辣椒单果种子数由 2 对主基因或 1 对主基因+多基因控制。

对上述适合候选模型再进行适合性检验表明:组合 I 的 B-1、D-2、D-3 和 D-1 统计量差异显著个数均为 2 个,由于 B-1 的 AIC 最小且 MLV 最大(表 2),因此 B-1 为组合 I 的最优模型;组合 II 的 B-1 模型统计量差异显著个数为 1 个,D-2、D-4 和 D-1 的差异显著个数均为 5 个,同样得知 B-1 也为组合 II 的最优模型(部分资料见表 3)。因此,2 个组合中 B-1 模型即二对加性-显性-上位性主基因模型均为辣椒单果种子数遗传的最优模型。

表 1 两个辣椒组合 6 世代群体单果种子数的次数分布

Tab.1 Frequency distribution of seed number per chili fruit in 6 family generations of 2 cross combinations

单果种子数 Seed No. per fruit	I (9007-2 × 1110B)						II (7033 × 7035)					
	P ₁	F ₁	P ₂	B ₁	B ₂	F ₂	P ₁	F ₁	P ₂	B ₁	B ₂	F ₂
2 ~ 14					2	6						
14 ~ 26	1			3	17	18						
26 ~ 38	1			7	17	30					1	
38 ~ 50	6			12	16	33	1	1		3	3	9
50 ~ 62	18	3	2	20	20	41	7	2	4	8	8	8
62 ~ 74	12	9	2	30	16	28	9	8	8	16	7	27
74 ~ 86	10	8	4	19	16	31	11	6	13	21	21	37
86 ~ 98	4	3	2	8	9	20	7	12	11	19	21	52
98 ~ 110	1	4	4	2	8	11	2	14	8	22	17	53
110 ~ 122		1	6	2	3	10	1	16	14	33	11	51
122 ~ 134		1	5		4	4		7	5	8	16	34
134 ~ 146			1		2	6		2	1	1	3	17
146 ~ 158					1	2			1	2	3	11
158 ~ 170			1			1						1
170 ~ 182												
182 ~ 194												
194 ~ 206												
206 ~ 218					1							
Σ f	53	29	27	103	132	241	38	68	65	133	111	300
\bar{y}	65.09	80.83	104.93	65.38	62.95	64.90	77.13	99.69	96.82	95.88	96.48	102.17
S ²	245.63	340.79	739.07	394.63	1 162.75	1 007.13	233.36	465.98	521.50	523.24	649.12	631.52

表 2 用 IECM 算法估计 2 个辣椒组合单果种子数各遗传模型的极大对数似然值和 AIC 值

Tab.2 Max-likelihood and AIC values of seed number per chili fruit genetic models of
2 cross combinations estimated by method of IECM

模型 Model	极大似然值 (Max-likelihood value)		AIC (Akaike's information criterion)	
	I (9007-2 × 1110B)	II (7033 × 7035)	I (9007-2 × 1110B)	II (7033 × 7035)
A-1	-2 783.81	-3 287.30	5 575.61	6 582.60
A-2	-2 814.02	-3 294.87	5 634.04	6 595.75
A-3	-2 787.37	-3 298.11	5 580.74	6 602.23
A-4	-2 817.17	-3 289.89	5 640.35	6 585.78
B-1	-2 750.75	-3 272.40	5 521.49	6 564.81
B-2	-2 766.42	-3 280.32	5 544.84	6 572.64
B-3	-2 838.62	-3 330.81	5 685.24	6 669.62
B-4	-2 814.39	-3 295.15	5 634.77	6 596.30
B-5	-2 766.52	-3 294.44	5 541.05	6 596.88
B-6	-2 807.97	-3 298.15	5 621.94	6 602.30
C-0	-2 759.43	-3 274.04	5 538.85	6 568.09
C-1	-2 790.12	-3 284.78	5 594.24	6 583.56
D-0	-2 752.32	-3 272.82	5 528.65	6 569.64
D-1	-2 754.04	-3 274.59	5 526.07	6 567.19
D-2	-2 754.04	-3 274.59	5 524.07	6 565.19
D-3	-2 754.11	-3 277.50	5 524.21	6 571.01
D-4	-2 762.88	-3 275.49	5 541.78	6 566.99
E-0	-2 747.20	-3 272.72	5 530.39	6 581.44
E-1	-2 748.87	-3 272.08	5 527.73	6 574.16
E-2	-2 764.55	-3 280.43	5 551.11	6 582.86
E-3	-2 765.60	-3 277.26	5 549.21	6 572.53
E-4	-2 790.74	-3 281.37	5 597.48	6 578.75
E-5	-2 764.47	-3 284.68	5 546.94	6 587.36
E-6	-2 791.99	-3 284.83	5 599.98	6 585.67

表 3 B-1 模型的适合性检验

Tab. 3 Test for goodness-of-fit of model B-1

组合 Hybrid combination	世代 Family generation	U_1^2	U_2^2	U_3^2	nW^2	D_n
I (9007-2 × 1110B)	P ₁	0.003(0.956 9)	0.320(0.571 4)	4.222* (0.039 9)	0.133 7(>0.05)	0.113 4(>0.05)
	F ₁	0.265(0.607 0)	0.091(0.762 7)	0.615(0.432 7)	0.113 2(>0.05)	0.144 1(>0.05)
	P ₂	0.239(0.625 2)	0.022(0.881 5)	6.190* (0.012 8)	0.160 9(>0.05)	0.163 2(>0.05)
	B ₁	0.196(0.658 1)	0.028(0.866 5)	1.085(0.297 6)	0.092 1(>0.05)	0.072 5(>0.05)
	B ₂	2.814(0.093 4)	3.259(0.071 0)	0.524(0.469 1)	0.361 8(>0.05)	0.099 5(>0.05)
	F ₂	0.246(0.620 0)	0.052(0.818 9)	1.010(0.315 0)	0.120 3(>0.05)	0.064 2(>0.05)
II (7033 × 7035)	P ₁	0.045(0.831 5)	0.058(0.809 1)	3.204(0.073 4)	0.092 7(>0.05)	0.102 5(>0.05)
	F ₁	0.347(0.555 8)	0.897(0.343 6)	2.270(0.131 9)	0.201 8(>0.05)	0.117 8(>0.05)
	P ₂	0.001(0.978 9)	0.389(0.533 0)	6.738* (0.009 4)	0.230 6(>0.05)	0.134 8(>0.05)
	B ₁	0.032(0.857 5)	0.001(0.969 2)	0.292(0.588 7)	0.105 0(>0.05)	0.072 5(>0.05)
	B ₂	0.191(0.662 4)	0.120(0.728 6)	0.092(0.762 1)	0.075 7(>0.05)	0.073 9(>0.05)
	F ₂	0.094(0.759 4)	0.115(0.734 2)	0.030(0.863 6)	0.040 1(>0.05)	0.036 7(>0.05)

注: U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 栏中括号内数字为 $P(H_0)$; nW^2 ($P < 0.05$) 的临界值为 0.461。

Note: Values in bracket in columns U_1^2 , U_2^2 or U_3^2 are the probability of hypothesis H_0 ; Critical value in column nW^2 is 0.461 at level 0.05.

2.3 辣椒单果种子数的遗传参数估计

利用极大似然法和 6 世代遗传参数估计程序来估计最优模型 B-1 的一、二阶遗传参数。由表 4 可见: 组合 I 中, 单果种子数的 2 对主基因加性效应值 d_a 、 d_b 为一负一正, 前者效应为后者的 2 倍以上; 显性效应值 h_a 、 h_b 均为负向, 效应几乎相同; 上位性作用中, 加性 × 加性互作效应值 i 为正但效应不大; 加性 × 显性互作效应值 j_{ab} 、 j_{ba} 为一正一负, 且前者效应大于后者; 显性 × 显性互作效应值 l 正向且大。由势能比值(h_a/d_a 、 h_b/d_b)可知, 组合 I 中第 1, 2 对主基因分别表现为正、负向超显作用。组合 II 中, 单果种子数的 2 对主基因加性效应值 d_a 、 d_b 均为负, 两者效应相差不大; 显性效应值 h_a 、 h_b 为一正一负, 负向效应为正向效应的 2 倍以上; 上位性作用中, 加性 × 加性互作效应值 i 为负且效应大; 加性 × 显性互作效应值 j_{ab} 、 j_{ba} 与组合 I 相似; 显性 × 显性互作效应值

l 正向。由势能比值(h_a/d_a 、 h_b/d_b)可知, 组合 II 的第 1, 2 对主基因分别表现为负、正向超显作用。可见不同辣椒杂交组合中 2 对主基因效应的表现几乎不同, 甚至相反; 同一组合中基因座间综合显性效应将有部分抵消。

表 5 显示: 组合 I 分离世代中, 回交世代 B₁、B₂ 及 F₂ 主基因遗传率 h_{mg}^2 分别为 2.62%、66.95%、61.84%, 可见控制辣椒单果种子数的 2 对主基因 QTL 比较集中在 1110B 材料中; 对形如组合 I 的单果种子数选择可在分离的较高世代进行。组合 II 分离世代中, B₁、B₂、F₂ 主基因遗传率 h_{mg}^2 分别为 24.33%、39.00%、37.30%, 可见遗传率都较低, 2 对主基因 QTL 在 2 个亲本材料中都有分布, 其中 7035 比 7033 稍集中些; 对形如组合 II 的单果种子数选择可在分离的更高世代进行。

表 4 两个辣椒组合单果种子数的一阶遗传参数估计值

Tab. 4 1st order genetic parameter estimates of seed number per chili fruit in 2 cross combinations

一阶参数 1st order parameter	I (9007-2 × 1110B)	II (7033 × 7035)	一阶参数 1st order parameter	I (9007-2 × 1110B)	II (7033 × 7035)
m	84.638 6	105.480 6	j_{ab}	40.806 7	20.491 8
d_a	-32.631 4	-5.304 9	j_{ba}	-2.739 8	-2.291 5
d_b	11.465 5	-4.670 7	l	63.317 2	3.018 3
h_a	-34.897 0	6.879 0	h_a/d_a	1.069 4	-1.296 7
h_b	-35.456 0	-15.810 4	h_b/d_b	-3.092 4	3.385 0
i	1.765 2	-18.942 0			

注: m 为遗传模型的平均数; d_a 、 d_b 、 h_a 、 h_b 分别是第 1, 2 主基因加性效应和显性效应; i 为 2 主基因间的加性 × 加性互作效应; j_{ab} 、 j_{ba} 分别是 2 主基因间的加性 × 显性、显性 × 加性互作效应; l 为 2 主基因间的显性 × 显性互作效应。

Note: m means the average of inheritance model; d_a 、 d_b 、 h_a 、 h_b mean additive and dominant effects of the first and second major genes, respectively; i means the epistemic effect of additive × additive between two major genes; j_{ab} 、 j_{ba} mean the epistemic effect of additive × dominant and dominant × additive between two major genes; l means the epistemic effect of dominant × dominant between two major genes.

表 5 两个辣椒组合单果种子数的二阶遗传参数估计值

Tab.5 2nd order genetic parameter estimates of seed number per chili fruit in 2 cross combinations

二阶参数 2nd order parameter	I (9007-2 × 1110B)			II (7033 × 7035)		
	B ₁	B ₂	F ₂	B ₁	B ₂	F ₂
σ_p^2	394.629 7	1 162.746 0	1 007.128 4	523.243 0	649.124 5	631.515 0
σ_{mg}^2	10.344 5	778.460 8	622.843 2	127.295 2	253.176 7	235.567 2
σ_e^2	384.285 2	384.285 2	384.285 2	395.947 8	395.947 8	395.947 8
h_{mg}^2	2.62%	66.95%	61.84%	24.33%	39.00%	37.30%

注: σ_p^2 、 σ_{mg}^2 、 σ_e^2 分别为表型、主基因遗传和环境方差; h_{mg}^2 为主基因遗传率。

Note: σ_p^2 , σ_{mg}^2 and σ_e^2 mean variance of phenotype, genotype of major gene and environment, respectively; h_{mg}^2 signifies heritability of major gene.

3 讨论

目前关于辣椒果实性状的遗传研究多集中在果实产量和品质方面^[15-17],有关种子数遗传规律深入研究的文献相对较少,报道仅限于不同辣椒种质资源的单果种子数存在着多样性^[8-9]。一方面可能是因为研究分析方法的局限,例如数量性状常用一般平均分析法、单个分离世代分析法等^[13],而多世代联合分析法由于遗传材料准备周期长(无加代条件下需要3年)、计算复杂(借助于计算机程序),很少研究者愿意或能够使用该方法。然而,多世代联合分析法不仅能提高试验的准确度,而且能获得更多的遗传信息^[18]。本研究表明,2个组合中辣椒单果种子数均综合表现为2对加性-显性-上位性主基因控制,但不同组合的2对主基因间的相关效应几乎不同,甚至相反。如果不是利用数量遗传理论的多世代联合分析法,很难获得2对主基因间的有关信息。另一方面,单果种子数是复杂的数量性状,它受到的影响因素很多,如亲本的配合力大小^[2]、果层分布^[8]等内因以及温度高低^[4]、昆虫多少^[19]等外因。本试验的F₂代单果种子数遗传率不高(37.30%~61.84%),说明环境因素确有重要影响。

姜虹等^[8]和余文中等^[3]研究表明,不同挂果层间辣椒果实的单果种子数存在显著水平的差异,一般第5台果层上下的单果种子数最多,其他层有随着辣椒挂果层的推后而降低的规律。这与辣椒前期从营养生长转向生殖生长的不协调性、前期温度较低以及后期田间持续有效供肥能力降低等有较大关系,因此在遗传育种实践中一方面要注意栽培环境、农艺管理措施的控制,另一方面应选择同层同位果实剖取种子。本研究采用了转色期的四母斗果实,既控制种子数量的基因充分表达,又降低了采样误差。当然其他层位的单果种子数遗传是否适合B-1模型尚待以后研究。

参考文献:

[1] 李雪峰,梁成亮. 杂交辣椒制种技术研究及应用现状

[J]. 湖南农业科学,2012(22):20-22.

- [2] 邹学校,马艳青,戴雄泽,等. 辣椒胞质型雄性不育杂交种规模制种技术[J]. 中国蔬菜,2008(5):45-47.
- [3] 余文中,詹永发,刘崇政,等. 提高辣椒杂交制种质量的技术措施[J]. 长江蔬菜,2011(11):29-30.
- [4] 任旭琴,姚 艳. 现蕾期和开花期低温对辣椒授粉受精过程的影响[J]. 广东农业科学,2011,38(13):36-37.
- [5] 马 越,黄 炜,吉姣姣,等. 几个辣椒核质互作雄性不育材料的育性调查[J]. 北方园艺,2012(11):5-7.
- [6] 侯喜林,顾兴芳. 保护地“早×甜”辣椒制种产量构成因素的回归相关和通径分析[J]. 江苏农业科学,1988(1):26-28.
- [7] Chaim A B, Paran I, Grube R C, et al. QTL mapping of fruit-related traits in pepper (*Capsicum annuum*) [J]. Theor Appl Genet, 2001, 102(6-7):1016-1028.
- [8] 姜 虹,杨 红,詹永发,等. 不同挂果层椒果及其种子的性状差异研究[J]. 种子,2008,27(2):79-81.
- [9] 邵 峰,徐 娟,龚记熠,等. 45个引种辣椒果实性状的遗传分析[J]. 贵州农业科学,2013,41(9):27-29.
- [10] 盖钧镒,章元明,王建康. 植物数量性状遗传体系[M]. 北京:科学出版社,2003:224-265.
- [11] 隋益虎,陈劲枫,杨学玲,等. 辣椒叶片花青素含量的遗传分析[J]. 南京农业大学学报,2009,32(3):19-24.
- [12] 庞文龙,刘富中,陈钰辉,等. 茄子果色性状的遗传研究[J]. 园艺学报,2008,35(7):979-986.
- [13] 路昭亮,柳李旺,龚义勤,等. 萝卜干物质重和可溶性总糖含量的遗传分析[J]. 南京农业大学学报,2009,32(3):25-29.
- [14] 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.
- [15] 邹学校,陈文超,张竹青,等. 辣椒产量和品质性状 Hayman 遗传分析[J]. 园艺学报,2007,34(3):623-628.
- [16] 乔迺妮,巩振辉,樊红科,等. 辣椒果实数量性状的因子分析[J]. 西北农业学报,2006,15(5):177-181.
- [17] 方 荣,陈学军,廖南生,等. 辣椒主要产量性状遗传相关研究[J]. 江西农业学报,2005,17(4):36-39.
- [18] Xiao J, Wang X F, Hu Z Q, et al. Joint analysis method for major genes controlling multiple correlated quantitative traits [J]. Agricultural Sciences in China, 2006, 5(3):179-187.
- [19] Roldán Serrano A, Guerra-Sanz J M. Quality fruit improvement in sweet pepper culture by bumblebee pollination [J]. Scientia Horticulturae, 2006, 110(2):160-166.