

# 爆裂玉米百粒重性状的主基因 + 多基因混合遗传分析

包和平 毕成龙 李 颖 王利强

(吉林农业大学 农学院 吉林 长春 130118)

**摘要:** 应用植物数量性状主基因 + 多基因混合遗传模型多世代联合分析方法, 研究了爆裂玉米吉爆 902(吉 812 × 吉 704) 的  $P_1$ 、 $P_2$ 、 $F_1$ 、 $B_{1:2}$ 、 $B_{2:2}$  和  $F_{2:3}$  6 个世代百粒重的遗传。结果表明: 百粒重性状的遗传适合 D-2 模型, 即 1 对加性主基因 + 加性-显性多基因模型。爆裂玉米的百粒重是由 1 对独立主基因控制的加性遗传, 主基因的加性效应为  $d=0.0785$ , 多基因的加性效应为  $[d]=0.7952$ , 多基因显性效应为  $[h]=1.4953$ 。 $B_{1:2}$ 、 $B_{2:2}$  和  $F_{2:3}$  3 个世代主基因遗传率分别为 12.96%、51.42% 和 70.33%, 多基因遗传率分别为 67.63%、34.41% 和 12.81%。说明  $B_{2:2}$  和  $F_{2:3}$  世代百粒重表现出较高的主基因遗传率。对吉 812 × 吉 704 组合百粒重性状的改良要以主基因为主, 同时注意环境的影响。

**关键词:** 爆裂玉米; 百粒重; 主基因 + 多基因; 遗传分析

中图分类号: S513.03 文献标识码: A 文章编号: 1000-7091(2011)03-0199-05

## Major Gene and Poly-gene Hybrid Genetic Analysis on 100-seed Weight Traits of Popcorn

BAO He-ping, BI Cheng-long, LI Ying, WANG Li-qiang

(College of Agronomy, Jilin Agricultural University, Changchun 130118, China)

**Abstract:** Through applying the genetic model of major gene of plant quantitative traits + poly-gene mixed genetic, we studied the heredity of 100-seed weight of 6 ancestry generation ( $P_1$ ,  $F_1$ ,  $P_2$ ,  $B_{1:2}$ ,  $B_{2:2}$ ,  $F_{2:3}$ ) of Ji popping 902 (Ji812 × Ji704). The results showed that: heredity of 100-seed weight traits conforms to the D-2 model, that was the model of 1 pair of additive major gene and additive-dominant poly-gene. 100-seed weight of popcorn was additive heredity which is controlled by 1 pair of independent major gene, additive effect of major gene was  $d=0.0785$ , additive effect of poly-gene was  $[d]=0.7952$ , dominant effect of poly-gene was  $[h]=1.4953$ . The major gene heritability of 3 ancestry generation ( $B_{1:2}$ ,  $B_{2:2}$ ,  $F_{2:3}$ ) was 12.96%, 51.42% and 70.33% respectively, and the poly-gene heritability was 67.63%, 34.41% and 12.81% respectively. It was revealed that 100-seed weight of ancestry generation of  $B_{2:2}$  and  $F_{2:3}$  showed higher major gene heritability. The improvement of 100-seed weight traits of Ji812 × Ji704 combination should focus on the major gene and pay attention to the environmental influences as well.

**Key words:** Popcorn; 100-seed weight; Major genes plus polygene model; Genetic analysis

爆裂玉米 (*Zea mays* L. *everta* Sturt) 具有丰富的蛋白质、淀粉、纤维素、无机盐和 VB1、VB2 等多种营养素, 是具有独特膨爆特性的专用型玉米<sup>[1,2]</sup>, 但爆裂玉米种质基础狭窄, 与普通玉米相比具有产量低、茎秆细弱、株型和抗性差等缺点, 很大程度上限制了爆裂玉米的育种、生产和开发利用<sup>[3-7]</sup>, 因此, 在保持爆裂玉米优良膨爆特性的前提下, 提高产量和抗性、改善株型、增强耐密性是爆裂玉米育种的主要目标。百粒重是构成玉米单株产量的重要因素之一, 对产量具有重要作用。百粒重受环境影响小, 遗传

较稳定<sup>[8]</sup>。通常以育种手段增加玉米百粒重来提高玉米产量<sup>[9]</sup>。杨伟光等<sup>[10]</sup>研究认为玉米百粒重符合加性-显性模型, 加性效应更为重要。但上述研究结果都假定数量性状受微效多基因控制、基因效应相等且不存在上位性, 具有一定的局限性。盖钧铭等<sup>[11-13]</sup>、Zhang 等<sup>[14]</sup>、Wang 等<sup>[15]</sup>提出的主基因与多基因的遗传分析方法把控制数量性状效应大的基因作为主基因, 把效应小的基因作为多基因, 这样不仅可以鉴别主基因, 而且可以检测多基因效应, 并估计相应的遗传参数。该方法已在大豆、水稻、油

收稿日期: 2011-01-23

基金项目: 吉林省教育厅科研育种专项(2008(71)号)

作者简介: 包和平(1964-), 男, 吉林长春人, 教授, 博士, 主要从事作物遗传育种教学和科研工作。

菜、玉米<sup>[16-19]</sup>等作物上得到广泛应用,但在爆裂玉米百粒重性状的研究上尚未见报道。本研究应用植物数量性状主基因+多基因混合遗传模型多世代联合分析方法对爆裂玉米百粒重性状的遗传效应加以分析,试图为爆裂玉米育种选择策略提供参考依据。

## 1 材料和方法

### 1.1 试验材料

利用吉林农业大学培育的爆裂玉米品种吉爆902 杂交组合为材料,即( $P_1$ ) 吉 812 和( $P_2$ ) 吉 704 作为杂交亲本,配置下述 6 个家系世代: $P_1$ : 吉 812;  $P_2$ : 吉 704;  $F_1$ : ( $P_1 \times P_2$ );  $B_{1:2}$ : [ $(P_1 \times P_2) \times P_1$ ];  $B_{2:2}$ : [ $(P_1 \times P_2) \times P_2$ ];  $F_{2:3}$ : ( $P_1 \times P_2$ )。在吉林农业大学实验田种植亲本,套袋自交,并人工配置  $P_1 \times P_2$  组合。对  $P_1$ 、 $P_2$  和( $P_1 \times P_2$ )  $F_1$  进行自交,并配置 ( $P_1 \times P_2$ )  $\times P_1$  和( $P_1 \times P_2$ )  $\times P_2$  组合。在海南种植  $P_1$ 、 $P_2$ 、( $P_1 \times P_2$ )  $F_2$ 、[ ( $P_1 \times P_2$ )  $\times P_1$  ]  $B_1$  和 [ ( $P_1 \times P_2$ )  $\times P_2$  ]  $B_2$  等组合并自交,2007 年春在吉林农业大学实验田种植经杂交、自交获得双亲本杂交组合的 6 个家系(种子)世代材料。

1.1.1 抽样 从  $P_1$  和  $P_2$  中分别随机抽样 20 份,  $F_1$  种子分成 10 份样品,从  $F_2$ 、 $B_1$  和  $B_2$  群体中分别抽样 100 份,6 个世代共 350 份材料。

1.1.2 田间试验设计 将抽样产生的 350 份材料,按亲本和家系分为 10 组,每组 35 份,即  $P_1$  和  $P_2$  材料各 2 份,  $F_1$  材料 1 份;  $F_{2:3}$ 、 $B_{1:2}$  和  $B_{2:2}$  各 10 份。试验材料种植在吉林农业大学试验田 2 行区,行长 10 m 2 次重复。田间管理按常规方法实施。田间试验设计采用重复内分组随机区组设计。

### 1.2 百粒重测定方法

每小区随机数取无病虫的完整籽粒 100 粒,3 次重复。用电子天平测其重量。

### 1.3 统计分析方法

采用植物数量性状混合遗传模型主基因+多基因多世代联合分析方法<sup>[11-13]</sup>,对吉爆 902 杂交组合 6 个家系世代的种子百粒重进行分析。通过极大似然法和 IECM 算法对混合分布中的有关成分分布参数作出估计,采用 AIC 准则(Akaike's Information Criterion) ( $AIC$  值的定义是  $-2L(Y/\theta) + 2k$ ,其中  $L(Y/\theta)$  是对数似然函数,  $\theta$  是对数似然函数中的参数  $k$  为模型中独立的参数个数,  $AIC$  值表示观测值概率的估计分布与真实分布间的适合性程度。  $AIC$  值最小的模型为相对最佳模型)和一组适合性测验(均匀性检验、Smirnov 检验和 Kolmogorov 检验的 5 个统计量  $U_1^2$ 、 $U_2^2$ 、 $U_3^2$ 、 $W^2$ 、 $D_n$ ) 从中选择最优遗传模

型及其相应的一组成分分布参数,并估计主基因和多基因效应值、方差等遗传参数。 $U_1^2$ 、 $U_2^2$ 、 $U_3^2$  分别为检验分布的平均数、二阶原点距和二阶中心距是否为均匀分布的统计量,统计量  $W^2$ 、 $D_n$  对分布整体进行检验,检验期望分布与观测分布间的一致性。最后根据最适遗传模型估计主基因遗传率  $h_{mg}^2 = \sigma_{mg}^2 / \sigma_p^2$ ,多基因遗传率  $h_{pg}^2 = \sigma_{pg}^2 / \sigma_p^2$ 。遗传分析软件由南京农业大学章元明教授提供。

## 2 结果与分析

### 2.1 6 个家系世代百粒重次数分布

对 6 个家系世代百粒重的测定结果表明,  $P_1$  百粒重平均为  $(11.2 \pm 1.6)$  g,  $P_2$  百粒重平均为  $(9.0 \pm 2.4)$  g,  $F_1$  平均为  $(11.4 \pm 1.3)$  g,高于中亲值,表明该组合百粒重存在杂种优势(图 1)。 $B_{1:2}$ 、 $F_{2:3}$  家系世代为多峰分布(图 2、图 3),  $B_{2:2}$  家系世代为双峰分布(图 4)。表明该组合可能有主基因控制百粒重的表现。

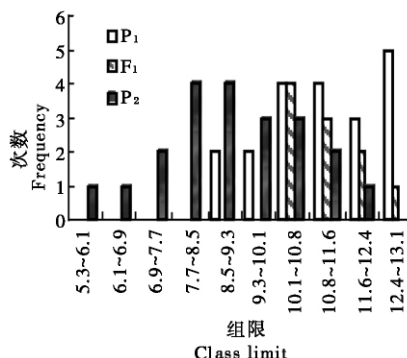


图 1  $P_1$ 、 $F_1$ 、 $P_2$  家系世代百粒重次数分布

Fig. 1 Frequency distribution of 100-seed weight of  $P_1$ ,  $F_1$ ,  $P_2$  ancestry generation

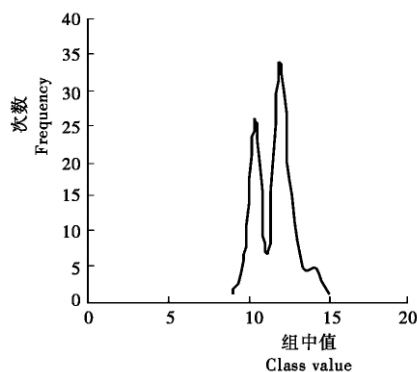


图 2 爆裂玉米  $B_{1:2}$  家系世代百粒重次数分布

Fig. 2 Frequency distribution of 100-seed weight of  $B_{1:2}$  ancestry generation

### 2.2 百粒重性状的主基因+多基因遗传

经百粒重的主基因+多基因混合遗传模型多世代联合分析,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 对主基因

+ 多基因( E) 等 5 类 24 种遗传模型的极大对数似然函数值和 AIC 值,并选出 AIC 值相对较小模型作为候选模型( 表 1) 。由表 1 可见, D-2 和 C 这 2 个模型的 AIC 值相对较小,分别为 1 268. 549 2 和 1 267. 669 3,初步选取这 2 个模型作为百粒重性状遗传的备选模型。对备选模型进行一组适合性检验结果见表 2。经一组适合性检验( 均匀性检验、Smirnov 检验和 Kolmogorov 检验的 5 个统计量  $U_1^2$ 、

$U_2^2$ 、 $U_3^2$ 、 $W^2$ 、 $D_n$ ) ,发现 C 模型 30 个统计量中有 5 个统计量达到显著水平,即具有 5 个适合性检验统计量表明模型与分离群体的分布不一致,而 D-2 模型 30 个统计量中只有 1 个统计量达到显著水平,说明绝大多数都是适合的。D-2 模型是 1 对加性主基因-加性-显性多基因模型,因此推断吉爆 902 的杂交组合百粒重的遗传机制可能由 1 对加性主基因 + 加性-显性多基因构成的。

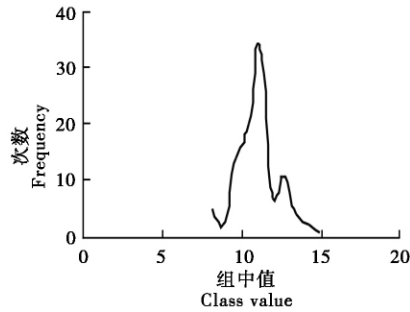


图 3 F<sub>2:3</sub> 家系世代百粒重次数分布  
Fig. 3 Frequency distribution of 100-seed weight of F<sub>2:3</sub> ancestry generation

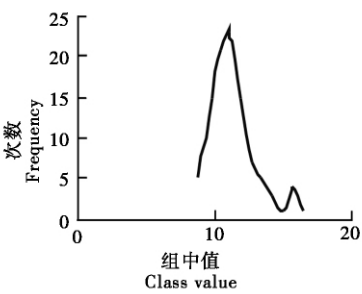


图 4 B<sub>2:2</sub> 家系世代百粒重次数分布  
Fig. 4 Frequency distribution of 100-seed weight of B<sub>2:2</sub> ancestry generation

表 1 用 IECM 算法估计百粒重 24 种遗传模型的极大对数似然函数值和 AIC 值

Tab. 1 Maximum log likelihood function value and AIC value of 24 kinds of genetic models for estimation 100-grain content of popcorn with IECM method

模型 Model	极大对数似然函数值 Maximum likelihood estimated value	AIC value	模型 Model	极大对数似然函数值 Maximum likelihood estimated value	AIC value
A-1	-1 398. 245 1	2 804. 490 2	D	-625. 863 2	1 275. 726 4
A-2	-2 086. 974 1	4 179. 948 2	D-1	-629. 661 8	1 277. 323 6
A-3	-1 032. 854 4	2 071. 708 7	D-2	-626. 274 6	1 268. 549 2
A-4	-1 026. 815 3	2 059. 630 6	D-3	-631. 801 3	1 279. 602 7
B-1	-630. 538 6	1 281. 077 3	D-4	-631. 783 0	1 279. 566 0
B-2	-639. 764 8	1 291. 529 5	E	-623. 265 6	1 282. 531 2
B-3	-645. 980 3	1 299. 960 6	E-1	-625. 650 9	1 281. 301 7
B-4	-645. 979 9	1 297. 959 9	E-2	-638. 906 3	1 299. 812 7
B-5	-641. 401 8	1 290. 803 6	E-3	-639. 320 7	1 296. 641 4
B-6	-641. 401 67	1 288. 803 3	E-4	-640. 485 0	1 296. 969 9
C	-628. 834 65	1 267. 669 3	E-5	-639. 317 0	1 296. 633 9
C-1	-639. 359 1	1 282. 718 3	E-6	-637. 428 4	1 290. 856 8

表 2 百粒重 D-2 模型适合性检验

Tab. 2 Test of goodness-of-fit of 100-grain weight D-2 model

模型 Model	群体 Groups	$U_1^2$	$U_2^2$	$U_3^2$	${}_nW^2$	$D_n$
C	P <sub>1</sub>	0. 02( 0. 89)	0. 01( 0. 93)	0. 81( 0. 37)	0. 054( >0. 05)	0. 141( >0. 05)
	F <sub>1</sub>	0. 00( 0. 96)	0. 11( 0. 74)	2. 33( 0. 13)	0. 095( >0. 05)	0. 249( >0. 05)
	P <sub>2</sub>	0. 00( 0. 99)	0. 33( 0. 57)	5. 57( 0. 02)	0. 147( >0. 05)	0. 178( <0. 05)
	B <sub>1:2</sub>	0. 00( 0. 99)	0. 56( 0. 12)	9. 29( 0. 00)	0. 254( >0. 05)	0. 097( >0. 05)
	B <sub>2:2</sub>	0. 37( 0. 54)	0. 86( 0. 35)	1. 79( 0. 18)	0. 562( <0. 05)	0. 093( >0. 05)
	F <sub>2:3</sub>	0. 00( 0. 99)	0. 17( 0. 68)	2. 89( 0. 09)	0. 549( <0. 05)	0. 117( >0. 05)
D-2	P <sub>1</sub>	0. 00( 0. 95)	0. 01( 0. 94)	0. 01( 0. 95)	0. 039( >0. 05)	0. 101( >0. 05)
	F <sub>1</sub>	0. 03( 0. 86)	0. 21( 0. 65)	1. 27( 0. 26)	0. 067( >0. 05)	0. 200( >0. 05)
	P <sub>2</sub>	0. 04( 0. 84)	0. 39( 0. 53)	10. 68( 0. 00)	0. 236( >0. 05)	0. 226( >0. 05)
	B <sub>1:2</sub>	0. 00( 0. 98)	0. 10( 0. 75)	1. 92( 0. 17)	0. 092( >0. 05)	0. 076( >0. 05)
	B <sub>2:2</sub>	0. 38( 0. 54)	0. 84( 0. 36)	1. 65( 0. 19)	0. 158( >0. 05)	0. 092( >0. 05)
	F <sub>2:3</sub>	0. 14( 0. 71)	0. 01( 0. 95)	2. 89( 0. 09)	0. 162( >0. 05)	0. 105( >0. 05)

注: 统计量  $U_1^2$ 、 $U_2^2$ 、 $U_3^2$  和  $D_n$  括号内为概率值 统计量  ${}_nW^2$  的临界值为 0. 461(  $P=0. 05$ ) 。  
Note: The value in parentheses of the  $U_1^2$   $U_2^2$   $U_3^2$  and  ${}_nW^2$  means probability the valu of  ${}_nW^2$  are 0. 461 at 5% and 1% significant level ,respectively.

2.3 百粒重性状遗传参数的估计

根据百粒重性状适合遗传模型,进一步估算出性状成分分布参数的极大似然估计及一阶参数、二阶参数。百粒重性状 D-2 模型成分分布极大似然估计值见表 3。分析结果表明,样本群体中纯合基因型成分分布方差( $\sigma_{s2}^2$ )较大,而该方差成分主要是多基因方差和环境方差。由表 3 数据进一步估计出  $P_1 \times P_2$  组合百粒重性状 D-2 模型的各个遗传参数(表 4)。由表 4 可知  $P_1 \times P_2$  组合百粒重的群体均值  $m = 10.847\ 0$ ,主基因加性效应为  $d = 0.078\ 5$ ,多基因加性效应值为  $[d] = 0.795\ 2$ 。控制百粒重性状的主基因的加性效应及多基因显性效应

( $[h] = 1.495\ 3$ )使杂种种子百粒重增加。利用方差分析可提供误差方差得无偏估计值,由此能较好地估计多基因方差组分和多基因遗传率。经百粒重方差分析提供的误差方差估计值为 0.380 6(表 5)。B<sub>2:2</sub>和 F<sub>2:3</sub>家系群体主基因遗传率分别为 51.42%和 70.33%,表现出比较高的遗传率。多基因遗传率分别为 34.41%和 12.81%。表明这两个家系世代主基因决定了百粒重表型变异的 51.42%和 73.33%,多基因决定了百粒重的 34.41%和 12.81%。主基因+多基因决定了百粒重表型变异的 85.83%和 83.14%,尚有 14.17%~16.86%是由环境因素决定的。

表 3 百粒重 D-2 模型成分分布参数的极大似然估计

Tab. 3 Maximum likelihood estimation to ingredient distribution parameters of 100-grain weight D-2 model

世代 Generation	参数 Parameter	估计值 Estimate	参数 Parameter	估计值 Estimate
P <sub>1</sub>	$\mu_1$	11.236 1	$\sigma^2$	0.380 6
F <sub>1</sub>	$\mu_2$	11.484 8	$\sigma_{41}^2$	1.707 3
P <sub>2</sub>	$\mu_3$	9.106 1	$\sigma_{52}^2$	2.631 2
B <sub>1:2</sub>	$\mu_{41}$	11.744 0	$\sigma_{61}^2$	1.996 4
	$\mu_{42}$	11.744 0		
B <sub>2:2</sub>	$\mu_{51}$	11.417 2		
	$\mu_{52}$	11.088 9		
F <sub>2:3</sub>	$\mu_{61}$	11.607 0		
	$\mu_{62}$	10.499 5		
	$\mu_{63}$	11.535 8		

注:  $\mu_1 \sim \mu_{63}$ . 一阶成分分布参数;  $\sigma^2$ . 误差方差;  $\sigma_{41}^2 \sim \sigma_{61}^2$ . 二阶成分分布参数。  
Note:  $\mu_1 \sim \mu_{63}$ . 1st-order component distribution parameters;  $\sigma^2$ . Error variance;  $\sigma_{41}^2 \sim \sigma_{61}^2$ . 2nd-order component distribution parameters.

表 4 百粒重 D-2 模型的遗传参数估计值

Tab. 4 Genetic parameter estimation value of 100-grain weight D-2 model

一阶参数 1st order parameter	估计值 Estimate	二阶参数 2nd order parameter	估计值 Estimate		
			B <sub>1:2</sub>	B <sub>2:2</sub>	F <sub>2:3</sub>
$m$	10.847 0	$\sigma_p^2$	1.961 6	2.685 3	2.256 9
$d$	0.078 5	$\sigma_{mg}^2$	0.254 3	1.380 7	1.587 2
$[d]$	0.795 2	$\sigma_{pg}^2$	1.326 7	0.924 0	0.289 1
$[h]$	1.495 3	$\sigma_e^2$	0.380 6	0.380 6	0.380 6
		$h_{mg}^2 / \%$	12.96	51.42	70.33
		$h_{pg}^2 / \%$	67.63	34.41	12.81

注:  $m$ . 6 世代平均值;  $d$ . 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;  $\sigma_p^2$ . 表型方差;  $\sigma_{mg}^2$ . 主基因方差;  $\sigma_{pg}^2$ . 多基因方差;  $\sigma_e^2$ . 环境方差;  $h_{mg}^2(\%)$ . 主基因遗传率;  $h_{pg}^2(\%)$ . 多基因遗传率。

Note:  $m$ . Average of 6 generations;  $d$ . Additive effect of major gene;  $[d]$ . Total additive effect;  $[h]$ . Total dominant effect;  $\sigma_p^2$ . Phenotypic variance;  $\sigma_{mg}^2$ . Major-gene variance;  $\sigma_{pg}^2$ . Polygene variance;  $\sigma_e^2$ . Enviromental variance;  $h_{mg}^2(\%)$ . Major gene heritability;  $h_{pg}^2(\%)$ . Polygene heritability.

表 5 百粒重方差分析表

Tab. 5 Variance analysis of 100-grain weight

变异来源 Sources of variation	DF	SS	MS	F	F <sub>0.05</sub>
重复 Repetition	1	74.529	74.529		
分组 Group	9	67.126	7.458	1.625	3.18
重复 × 分组 Repetition × group	9	43.231	4.803		
分组内家系 Pedigree in group	10	0.004	0.000 4	< 1	
重复 × 分组内家系 Pedigree in repetition × group	10	3.806	0.380 6		
总变异 Total variation	39	190.696			

### 3 讨论

百粒重性状是育种工作者关注的焦点之一。金文林等<sup>[17]</sup>研究小豆百粒重遗传认为, B21(大粒) × HB801(大粒) 和 HB801(大粒) × JN5(中粒) 2 个组合百粒重遗传体系由 1 对加性-显性主基因 + 加性-显性-上位性多基因( D-0) 构成, 而 B21(大粒) × Hokuodainakonn(小粒) 组合是由 2 对加性-显性主基因 + 加性-显性多基因( E-2) 构成。本研究利用 6 个世代联合的数量性状分离分析方法对爆裂玉米吉爆 902 杂交组合, 吉 812 × 吉 704 的百粒重性状分析结果表明, 该组合百粒重性状的遗传由 1 对主基因 + 多基因控制, 主基因中有加性效应, 无显性效应; 多基因中有加性效应和显性效应, 显性效应明显, 加性效应为正值。主基因与多基因效应也存在一定差异。B<sub>2:2</sub> 和 F<sub>2:3</sub> 世代群体百粒重的主基因遗传率( 51. 42% , 70. 33% ) 分别高于各世代多基因遗传率( 34. 41% , 12. 81% ) , 说明百粒重性状表现出较高的主基因遗传率。本研究结果显示, 如果对爆裂玉米百粒重性状改良, 可利用其主基因遗传率相对较高的特点选用百粒重较大的材料, 通过杂交、回交转移主基因, 利用主基因和多基因的加性效应来选育大粒后代材料, 选育百粒重较大的后代。从遗传效应信息分析, 百粒重性状以加性效应为主。如对上述组合亲本的百粒重进行改良, 可通过选用百粒重大的自交系作杂交亲本。

#### 参考文献:

- [1] 李玉玲, 吕德彬, 王延召, 等. SSR 标记在自选爆裂玉米自交系遗传变异研究中的应用 [J]. 河南农业大学学报, 2004, 38(4): 361 - 373.
- [2] 陈永欣, 武 忠, 翟广谦, 等. 美国爆裂玉米在山西省的试验研究 [J]. 山西农业科学, 2003, 31(4): 21 - 24.
- [3] 李玉玲, 靳永胜, 薛喜梅, 等. 爆裂玉米穗粒性状与爆裂性的关系研究 [J]. 河南农业科学, 1999(5): 11 - 12.
- [4] 李玉玲, 吴锁伟, 贾建修, 等. 连续自交对爆 × 普选系膨爆特性的选择效果 [J]. 中国农学通报, 2001, 17(4): 6 - 9.
- [5] 王 婷, 王友德, 陈树宾, 等. 爆裂玉米主要数量性状的分析及后代选择 [J]. 作物杂志, 2001(3): 13 - 14.
- [6] 张海艳. 爆裂玉米籽粒品质及淀粉粒形态体分析 [J]. 华北农学报, 2009, 24(增刊): 307 - 308.
- [7] 李玉玲, 杜振伟, 董永彬, 等. 爆裂玉米产量及膨爆特性遗传效应分析 [J]. 华北农学报, 2006, 21(1): 35 - 38.
- [8] 西北农学院. 作物育种学 [M]. 北京: 农业出版社, 1981.
- [9] 刘纪麟. 玉米育种学 [M]. 北京: 农业出版社, 1991.
- [10] 杨伟光, 王 奇, 包和平, 等. 玉米子粒性状的遗传研究 [J]. 玉米科学, 2001, 9(3): 37 - 39.
- [11] 盖钧镒, 章元明, 王健康. 植物数量性状遗传体系 [M]. 北京: 科学出版社, 2003.
- [12] 盖钧镒, 章元明, 王健康. 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 [J]. 作物学报, 2000, 26(4): 385 - 391.
- [13] Gai J Y, Wang J K. Identification and estimation of a QTL model and its effects [J]. Theor Appl Genet, 1998, 97: 1162 - 1168.
- [14] Zhang Y M, Gai J, Yang Y. The EIM algorithm in the joint segregation analysis of quantitative traits [J]. Genetical Research, 2003, 81(2): 157 - 163.
- [15] Wang J, Fodlieh D W, Cooper M *et al.* Power of the joint segregation analysis method for testing mixed major gene and polygene inheritant models of quantitative traits [J]. Theor Appl Genet, 2001, 103: 804 - 816.
- [16] 李河南, 汪 霞, 李广军. 大豆粒形的主基因 + 多基因混合遗传 [J]. 大豆科学, 2009, 28(1): 16 - 20.
- [17] 郭 媛, 万志兵, 陈献功. 粳稻一次枝梗数和二次枝梗数的遗传分析 [J]. 南京农业大学学报, 2008, 31(3): 8 - 12.
- [18] 丛 野, 程 勇, 邹崇顺. 甘蓝型油菜发芽种子耐湿性的主基因 + 多基因遗传分析 [J]. 作物学报, 2009, 35(8): 1462 - 1467.
- [19] 陈俊意, 徐 莉. 低磷土壤下玉米根系质量的混合遗传分析 [J]. 西南师范大学学报: 自然科学版, 2009, 34(1): 63 - 66.
- [20] 金文林, 白 璐, 文自翔, 等. 小豆百粒重性状遗传体系分析 [J]. 作物学报, 2006, 32(9): 1410 - 1412.