

利用重组自交系(RILs)群体进行甜瓜第一雌花节位 主基因+多基因混合遗传模型分析

高美玲¹,袁成志¹,栾非时²

(1. 齐齐哈尔大学 生命科学与农林学院,齐齐哈尔大学遗传工程重点实验室 黑龙江 齐齐哈尔 161006;

2. 东北农业大学 园艺学院 黑龙江 哈尔滨 150030)

摘要:以美国厚皮甜瓜品系 WI998 为母本,中国薄皮甜瓜品系 3-2-2 为父本杂交所得的包括 185 个家系的重组自交系群体(RILs)为试验材料,通过 RIL 主基因+多基因混合遗传模型分析法,在不同季节研究第一雌花节位(NFF)的遗传特点。结果表明:春季性状遗传受 2 对重叠性主基因+加性-上位性多基因混合遗传模型(E₁_8)控制,主基因遗传率为 79.17%,多基因遗传率分别为 20.83%;秋季受 2 对互补性主基因+加性-上位性多基因混合遗传模型(E₁_7)控制,主基因遗传率为 61.94%,多基因遗传率分别为 36.77%。甜瓜第一雌花节位受 2 对主基因控制,还受环境变异的影响。

关键词:甜瓜;重组自交系群体;第一雌花节位;主基因+多基因遗传模型;遗传

中图分类号:S652.03 文献标识码:A 文章编号:1000-7091(2013)增刊-0069-05

Genetic Analysis of the Node of the First Female Flower in Melon with Major Gene Plus Polygene Mixed Genetic Model by Using of Recombinant Inbred Lines(RILs) Population

GAO Mei-ling¹,YUAN Cheng-zhi¹,LUAN Fei-shi²

(1. College of Life Science Agriculture and Forestry Qiqihar University, Qiqihar University Genetic Engineering Key Laboratory, Qiqihar 161006; 2. Horticulture College, Northeast Agricultural University, Harbin 150030, China)

Abstract: Genetic analysis of melon node of the first female flower(NFF) were conducted, with a set of 185 recombinant inbred lines(RILs) derived from a cross thick-skinned from USA WI998 and thin-skinned from China 3-2-2 by RIL mixed major gene plus polygene inheritance models. The result showed that the inheritance of NFF fitted two pairs of duplicate effect major genes plus additive-epitasis polygene model(E₁_8) in spring. The major gene heritability of RILs were estimated to be 79.17%, the polygene heritability to be 20.83%. In autumn, the inheritance of NFF fitted two pairs of complementary effect major genes plus additive-epitasis polygene model(E₁_7). The major gene heritability of RILs were estimated to be 61.94%, the polygene heritability to be 36.77%. NFF in melon were controlled by two pairs of duplicate or complementary major genes plus additive-epitasis polygene and also affected by environment.

Key words: Melon; Recombinant inbred lines; Node of the first female flower; Major genes plus polygene model; Genetic

甜瓜(*Cucumis melo* L.)第一雌花节位是影响早熟性的主要性状之一。Monforte 等^[1]利用 PieldeSapo × PI161375 组合后代的 F₂ 群体和 77 个植株的 DH 群体检测到了控制早熟性状的 9 个 QTL 位点。Cuevas 等^[2]运用中国早熟甜瓜 Q 3-2-2 与美国西部晚熟甜瓜 Top Mark 杂交产生的杂交世代群体(F₁、

F₂、F₃、BC₁P₁ 和 BC₁P₂)进行 2 年 2 个地区的田间试验,运用 F₁、F₂ 和 BC 个体数据和 F₃ 家系平均值所得到的甜瓜成熟期的狭义遗传力分别为 0.62 和 0.57。刘玉洋等^[3]研究得出乙烯利处理可以降低厚皮甜瓜第一雌花节位。第一雌花节位的遗传在普通丝瓜和黄瓜上已有研究^[4-5],而甜瓜第一雌花节

收稿日期:2013-08-10

基金项目:国家自然科学基金项目(30871723;31071812);国家西甜瓜产业技术体系分子育种岗位项目(CARS-26-02);黑龙江省普通高等学校青年学术骨干支持计划项目(1155G65);齐齐哈尔大学青年教师科研启动项目(2010K-Z04)

作者简介:高美玲(1978-),女,内蒙古达拉特旗人,副教授,博士,主要从事西甜瓜遗传育种及生物技术研究。

通讯作者:栾非时(1964-),女,吉林梅河口人,教授,博士生导师,主要从事西甜瓜遗传育种及生物技术研究。

位的遗传研究报道较少。本研究以重组自交系群体为材料,在不同季节采用 RIL 主基因 + 多基因混合遗传模型分析法^[6],对第一雌花节位遗传特性进行分析,以期为甜瓜早熟资源的利用、创新和熟性育种提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 试验材料及遗传群体构建

以美国威斯康星大学瓜类分子育种实验室提供的第一雌花节位较高的纯雌系厚皮甜瓜品系 WI998 (P_1) 为母本,东北农业大学园艺学院西瓜分子育种研究室特有的第一雌花节位较低的雌雄异花同株薄皮甜瓜品系 3-2-2 (P_2) 为父本。 P_1 与 P_2 杂交获得 F_1 ,从 F_1 的一个瓜中取出 300 粒种子进行单粒传,自交得到 F_6 重组自交系群体 (185 个家系)。构建群体过程中在幼苗二叶一心期喷洒 300 ppm 硝酸银 3 次,每隔 3 d 喷一次,注意硝酸银喷洒要在光线较弱的早上或傍晚进行,诱导纯雌株产生完全花以保证自交传代。

1.2 试验方法

1.2.1 田间试验 本试验采用完全随机区组试验设计,亲本 P_1 、 P_2 及 F_1 各种植 36 株,每小区种植 12 株,株行距 0.4 m × 0.6 m,重复 3 次; $F_{6,7}$ 群体的 185 个家系每个种植 5 株,随机排列,种植株行距 0.4 m × 0.6 m,自然生长不整枝,调查子蔓第一开放雌花节位,用第一个雌花开放的节位数来表示,单位为节。

1.2.2 遗传数据分析方法 运用盖均镒^[6]院士提供的“RIL 群体主基因 + 多基因混合遗传模型”分离分析方法将春秋两季调查的重组自交系群体的 NFF 数据进行分析,其方法是用 IECM 算法估计各种遗传模型的极大对数似然函数值和 AIC 值,从这些模型中选择 AIC 值较低的模型进行适合性检验,适合性检验参数达到显著差异个数最少的模型即为最优

模型,然后根据最优模型估计一阶遗传参数和二阶遗传参数,一阶遗传参数由软件自动生成,二阶遗传参数估计方法如下:

在混和遗传模型中,表型值 (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 (e) 之和,即 $p = m + g + c + e$,因此,表型方差 (δ_p^2) 可表示为主基因方差 (δ_{mg}^2)、多基因方差 (δ_{pg}^2) 和环境方差 (δ_e^2) 之和,即 $\delta_p^2 = \delta_{mg}^2 + \delta_{pg}^2 + \delta_e^2$ 。群体的主基因遗传方差 (δ_{mg}^2) 等于群体表型方差减去纯合主基因成份分布方差,群体的多基因方差 (δ_{pg}^2) 等于该群体纯合主基因成份分布方差减去误差方差 (δ_e^2),其中 $\delta_e^2 = \delta^2/n$ (n 为 RIL 家系的观测个体数, δ^2 为 P_1 、 P_2 估算的方差), δ_p^2 为 RIL 群体的表型方差,由群体家系观察值间的变异估计。群体的主基因遗传率 $h_{mg}^2 = \delta_{mg}^2 / \delta_p^2 \times 100\%$; 群体的多基因遗传率 $h_{pg}^2 = \delta_{pg}^2 / \delta_p^2 \times 100\%$ 。

2 结果与分析

2.1 RIL 群体第一雌花节位分布

春、秋两季,亲本间 NFF 差异显著, F_1 NFF 在亲本之间。春季和秋季调查结果显示:在 RILs 群体中, NFF 性状春秋两季均表现出明显分离 (表 1),在群体中的分布接近正态分布 (图 1)。可见, NFF 性状为数量性状遗传的典型分布。

2.2 最优模型的选择、检验

将亲本及 RILs 群体不同季节 NFF 数据按照盖均镒等提出的有关 RILs 群体主基因 + 多基因混合遗传模型数量性状分离分析方法来选最优遗传模型,计算了 65 种假设遗传模型的最大似然函数值和 AIC 值, NFF 性状存在一些模型所对应的基因效应,结果见表 2。

表 1 不同季节父母本及重组自交系 NFF 分析

Tab. 1 Analysis of NFF trait in RILs population and its parents detected in different seasons

季节 Season	WI998 (P_1)	3-2-2 (P_2)	F_1	重组自交系群体 Recombinant inbred lines population				
				范围 Range	平均数 ± 标准误 Mean ± SE	变异系数 Coefficient of variance	偏度 Skewness	峰度 Kurtosis
春季 Spring	3.4 ± 0.41a	1.78 ± 0.15b	3.2 ± 0.97a	1.3 ~ 6.2	3.3 ± 0.08	0.272	0.737 3	1.903 9
秋季 Autumn	3.5 ± 0.5a	1.87 ± 0.22b	2.87 ± 0.99ab	1.0 ~ 8.2	3.1 ± 0.11	0.378	1.141 4	2.717 9

注:字母代表 $P=0.05$ 时各性状在同一季节内亲本之间及 F_1 间的显著性。

Note: Letters indicate significant differences among the values of the traits of parental lines and F_1 at $P=0.05$ within each season.

从表 2 可知,春季 NFF 性状对应的模型 B_2_2、F_1、H_1、H_2、H_4、H_5、I_1、I_2、I_3、I_4、I_5、I_6、I_7、I_8、I_9 的 AIC 值空白,表明春季 RILs 群体内

NFF 性状不存在这些模型所对应的基因效应。模型 E_1_8、E_1_9、G_1 和 G_2 的 AIC 值相对其他模型较低, E_1_8 的 AIC 值最小。依据统计量 U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2

的均匀性检验, W 的 Smirnov 检验及 D 的 Kolomogorov 检验对分布进行适合性检验(表3) 模型 G_2、G_1、E_1_9、E_1_8 统计量达到显著水平的个数分别为 8、7、8、5, 可见 模型 E_1_8 适合性检验参数达到显著差异个数最少为 5, 可以作为春季 NFF 遗传的最适模型。

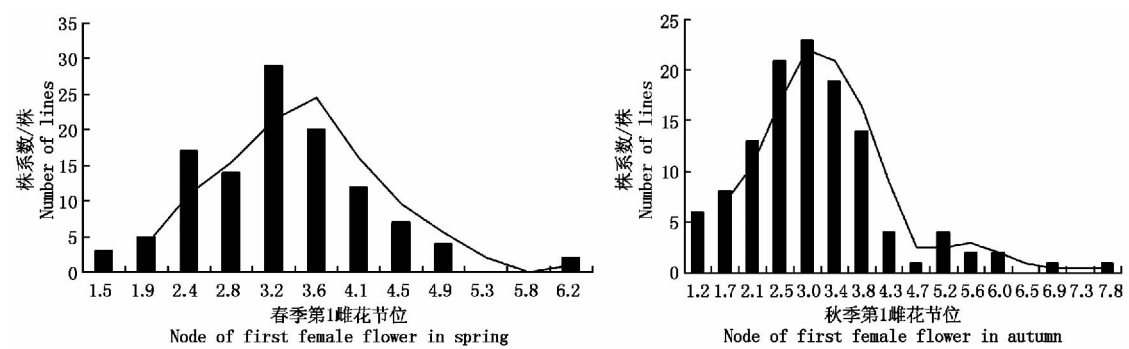


图1 不同季节 NFF 性状在 RILs 群体中的次数分布

Fig. 1 Frequency distribution of NFF detected in RILs in different seasons

从表2可知, 秋季 NFF 性状对应的模型 H_1、H_2、I_1、I_2、I_3、I_4、I_7、I_9、I_10 的 AIC 值空白, 表明秋季 RILs 群体内 NFF 性状不存在这些模型所对应的基因效应。模型 E_1_7 的 AIC 值最小, 且依据统计量 U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 的均匀性检验, W 的 Smirnov 检验及 D 的 Kolomogorov 检验对分布进行适合性检验(表3) 模型 Model E_1_7 适合性检验参数达到显著差异个数最少为 8, 所以这个模型可以作为秋季 NFF 遗传的最适模型。

表2 重组自交系群体中 NFF 不同遗传模型的 AIC 值

Tab. 2 The AIC values of various genetic models for NFF in the recombinant inbred lines

NFF			NFF			NFF			NFF		
模型 Model	春季 Spring	秋季 Autumn	模型 Model	春季 Spring	秋季 Autumn	模型 Model	春季 Spring	秋季 Autumn	模型 Model	春季 Spring	秋季 Autumn
A_1	578.17	749.54	B_2_7	417.71	538.83	E_2_2	3 361.91	3 821.08	H_2	-	-
A_2	378.73	540.07	B_2_8	399.39	542.70	E_2_3	2 064.67	2 740.81	H_3	741.56	1 140.60
B_1_1	624.16	1067.12	B_2_9	399.39	538.86	E_2_4	2 481.15	3 283.22	H_4	-	2 214.36
B_1_2	772.79	994.06	C_1	580.18	751.55	E_2_5	2 456.63	3 311.19	H_5	-	1 374.85
B_1_3	475.37	953.39	C_2	578.18	749.55	E_2_6	2 119.01	2 701.15	I_1	-	-
B_1_4	502.68	682.73	D_1	401.28	542.07	E_2_7	1 038.53	1 220.54	I_2	-	-
B_1_5	532.89	821.28	D_2	401.39	540.07	E_2_8	1 017.75	1 220.35	I_3	-	-
B_1_6	536.95	858.95	E_1_1	462.13	534.56	E_2_9	1 017.75	1 220.35	I_4	-	-
B_1_7	389.57	536.86	E_1_2	414.24	526.15	F_1	-	1 772.38	I_5	-	1 236.28
B_1_8	395.28	536.07	E_1_3	86 732.85	4 0461.40	F_2	1 160.86	1 962.92	I_6	-	1 201.52
B_1_9	391.57	538.86	E_1_4	395.10	459.01	F_3	612.70	1 023.63	I_7	-	-
B_2_1	616.89	1 059.24	E_1_5	381.39	594.45	F_4	597.46	1 726.96	I_8	-	2 301.81
B_2_2	-	1 089.58	E_1_6	416.27	609.62	G_1	338.06	578.86	I_9	-	-
B_2_3	475.85	703.34	E_1_7	349.64	441.34	G_2	309.27	587.01	I_10	1 346.09	-
B_2_4	462.41	823.28	E_1_8	249.42	452.16	G_3	376.86	578.36			
B_2_5	540.02	684.73	E_1_9	347.22	452.16	G_4	373.89	677.82			
B_2_6	538.95	683.84	E_2_1	8 455.38	3 875.51	H_1	-				

注 “-”表示模型中数据空缺; 带下划线的数字表示备选模型对应的 AIC 值; NFF: 第 1 雌花节位。
Noté “-” in the cells mean the value is absent; The number with underline refer to the AIC value for the candidate genetic models; NFF: The node of the first female flower.

2.3 最优模型的遗传参数估计

利用软件分析结果得到春季 NFF 模型(E_1_8)、秋季 NFF 模型(E_1_7) 的分布参数估计一阶遗传参数值(表4) 并进一步估计二阶参数(表5)。
春季控制第一雌花节位(NFF) 遗传的两主基因表现重叠性效应, 多基因以加性效应为主($d =$

2.186) 主基因遗传率较高(79.17%) , 多基因遗传率较低(20.83%) 。秋季控制 NFF 遗传的两主基因表现互补性效应, 多基因以加性效应为主($d = 2.211$) 主效基因遗传率较高(61.94%) , 多基因遗传率较低(36.77%) 。育种中除了要考虑主基因遗传外, 还要注意多基因遗传。

表 3 NFF 性状备选模型的适合性检验

Tab.3 Fitness testing of models for NFF trait

季节 Seasons	模型 Model	群体 Populations	U_1^2	U_2^2	U_3^2	${}_nW^2$	D_n
春季 Spring	G_2	P ₁	0.943 5(0.331 4)*	1.551 8(0.212 9)*	1.490 5(0.222 1)*	0.026 7	0.670 3
		P ₂	20.870 8(0.000 0)*	10.941 3(0.000 9)*	19.913 8(0.000 0)*	0.026 7	0.923 1
		RIL	0.022 3(0.881 4)	0.203 4(0.652 0)	5.673 8(0.017 2)*	2.188 8*	0.793 8
	G_1	P ₁	0.488 1(0.484 8)*	0.412 6(0.520 7)	0.018 6(0.891 4)	0.027 3	0.603 0
		P ₂	14.054 3(0.000 2)*	9.802 0(0.001 7)*	3.984 6(0.045 9)*	0.027 3	0.832 5
		RIL	0.000 4(0.983 7)	2.096 8(0.147 6)*	32.639 4(0.000 0)*	2.190 4*	0.775 1
	E_1_9	P ₁	0.627 1(0.428 4)*	0.616 4(0.432 4)*	0.005 4(0.941 3)	0.028 8	0.615 8
		P ₂	14.248 0(0.000 2)*	9.837 7(0.001 7)*	4.298 0(0.038 2)*	0.028 8	0.834 4
		RIL	0.064 4(0.799 7)	1.220 1(0.269 3)*	29.170 6(0.000 0)*	2.194 1*	0.785 4
	E_1_8	P ₁	0.456 8(0.499 1)	0.372 7(0.541 5)	0.030 8(0.860 6)	0.027 4	0.599 4
		P ₂	14.054 4(0.000 2)*	9.796 3(0.001 7)*	3.999 5(0.045 5)*	0.027 4	0.832 0
		RIL	1.199 0(0.273 5)*	0.848 0(0.357 1)*	0.310 7(0.577 2)	0.031 5	0.763 4
秋季 Autumn	E_1_7	P ₁	5.860 1(0.015 5)*	6.444 9(0.011 1)*	0.607 1(0.435 9)*	0.031 5	0.721 7
		P ₂	0.073 4(0.786 5)	3.190 9(0.074 0)*	37.163 5(0.000 0)*	2.242 0*	0.911 7
		RIL	1.193 3(0.274 7)*	0.831 1(0.362 0)*	0.341 5(0.559 0)	0.031 4	0.761 9
	E_1_8	P ₁	5.785 5(0.016 2)*	6.406 2(0.011 4)*	0.653 6(0.418 8)*	0.031 4	0.720 1
		P ₂	0.063 1(0.801 7)	3.175 7(0.074 7)*	37.888 1(0.000 0)*	2.241 9*	0.909 9
		RIL	1.199 0(0.273 5)*	0.848 0(0.357 1)*	0.310 7(0.577 2)	0.031 5	0.763 4
	E_1_9	P ₁	5.860 1(0.015 5)*	6.444 9(0.011 1)*	0.607 1(0.435 9)*	0.031 5	0.721 7
		P ₂	0.073 4(0.786 5)	3.190 9(0.074 0)*	37.163 5(0.000 0)*	2.242 0*	0.911 7
		RIL	0.690 2(0.406 1)*	1.431 1(0.231 6)*	2.457 2(0.117 0)*	0.004 7	0.808 4
	E_1_4	P ₁	12.211 1(0.000 5)*	9.290 3(0.002 3)*	1.800 6(0.179 6)*	0.004 7	0.831 2
		P ₂	42.839 7(0.000 0)*	52.432 5(0.000 0)*	13.065 7(0.000 3)*	2.152 3*	0.871 4
		RIL	1.199 0(0.273 5)*	0.848 0(0.357 1)*	0.310 7(0.577 2)	0.031 5	0.763 4

注: 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; ${}_nW_{0.05}^2$ 、 $D_{n0.05}$ 、 $U_{0.05}^2$ 、 $U_{0.05}^2$ 、 $U_{0.05}^2$ 检测统计量中括号内为相应的概率; * 表示在 0.05 水平差异显著; P₁、P₂ 代表亲本; RILs 代表重组自交系。

Note: U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 are the statistic of Uniformity test; ${}_nW^2$ is the statistic of Smirnov test; D_n is the statistic of Kolmogorov test; ${}_nW_{0.05}^2$ 、 $D_{n0.05}$ 、 $U_{0.05}^2$ 、 $U_{0.05}^2$ 、 $U_{0.05}^2$ are the relevant probability of U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 in the bracket; * indicates that the value is significant at $P \leq 0.05$; P₁、P₂, Parents; RIL, Recombinant inbred lines.

表 4 春秋两季 NFF 模的一阶遗传参数估计值

Tab.4 Estimates of first order genetic parameters of NFF in models in spring and autumn

季节 Season	模型 Model	成分 Content	平均数 Mean	权重 Weight	成分分布方差 Content anava	m	d	i
春季 Spring	E_1_8	1	2.840 5	0.681 0	0.155	3.3	2.186	-0.682
		2	4.205 4	0.319 0				
秋季 Autumn	E_1_7	1	2.369 0	0.601 7	0.587	3.1	2.211	-0.919
		2	4.206 4	0.398 3				

注: m. 均值; d. 多基因的加性效应; i. 多基因的上位性效应。

Note: m. Average values; d. Mean additive effects of the poly genes; i. Mean epistatic effects of the poly genes.

表 5 春秋两季 NFF 二阶遗传参数估计值

Tab.5 Estimates of second genetic parameters of NFF in spring and autumn

二阶遗传参数 2nd order genetic parameters	NFF	
	春季 Spring	秋季 Autumn
δ_p^2 (表型方差 Mean variance of phenotypic)	0.72	1.55
δ_{mg}^2 (主基因方差 Mean variance of major genes)	0.57	0.96
δ_{pg}^2 (多基因方差 Mean variance of polygenes)	0.15	0.57
δ_e^2 (误差方差 Mean variance of error)	0.001 4	0.015 5
h_{mg}^2 (主基因遗传率/% Inheritabilities of major genes)	79.17	61.94
h_{pg}^2 (多基因遗传率/% Inheritabilities of polygenes)	20.83	36.77

3 讨论

自 19 世纪 孟德尔首次将分离分析方法用来研究豌豆遗传规律以来, 分离分析方法就成了研究主基因遗传的常用方法, 然而经典的数量性状遗传学未能将分离分析法运用到研究数量性状遗传体系中。以往数量性状的分析方法只能研究数量性状基因的综合效应及其相对重要性, 不能分析性状内主基因的行为和效应, 盖均镒等^[6]在前人研究基础上将分离分析方法和混合正态分布分析结合运用到数量性状遗传中, 提出了研究植物数量性状遗传体系的主基因 + 多基因混合遗传分离分析法, 使遗传分析更准确、深入, 这种方法已经得到了广泛应用^[7-9]。这种遗传分析可运用不同的分离群体。研究者利用多世代群体 (P_1 、 P_2 、 F_1 、 $B C_1$ 、 $P_1 \times B C_1$ 、 P_2 、 F_2) 开展了不同性状遗传特性的研究^[4, 7, 10], 而这些群体为临时群体, 无法进行多年多点试验, 难以获得稳定的 QTL。采用 RILs 群体进行质量-数量性状遗传分析有两方面的优点, 第一, RILs 群体是永久性群体, 可以进行多年多点试验, 比分离世代更为准确地测定每一家系的表型值, 减少环境干扰, 进而获得较准确的参数估值; 第二, 由于每一家系是纯合的, 无显性和显性互作的干扰, 而能较准确地估计主效基因的加性效应值、加性和加性互作效应值 (这些效应值是可固定的)。因此, 利用 RIL 群体研究不同性状的遗传特性得到了广泛的应用^[11-16]。

在基因定位之前进行目标性状的遗传模型分析, 将使基因定位具有明确的方向性, 既可加快基因定位进程, 也可减少工作量和降低成本^[12]。陈学军等^[10]应用植物数量性状主基因 + 多基因混合遗传模型和经典遗传学方法对辣椒始花节位进行了多世代联合分析, 表明, 始花节位受 1 对隐性等位主基因控制, 始花节位遗传符合 1 对主基因 + 多基因混合遗传模型。苏小俊等^[4]运用植物数量性状主基因 + 多基因混合遗传模型分析了普通丝瓜第 1 雌花节位遗传, 结果表明, 第 1 雌花节位遗传符合 2 对加性主基因 + 加性 - 显性多基因遗传模型。朱子成等^[14]利用包含 171 家系的个重组自交系群体进行了甜瓜结实花初花节位 QTL 分析, 在春秋两季检测到了 2 个稳定遗传的 QTL。本研究利用 RILs 群体主基因 + 多基因模型研究表明, 在不同季节, 甜瓜第一雌花节位均检测了加性、上位性多基因效应, 而且鉴别了主基因的存在并估计其遗传效应, 但不同季节检测到主基因间的效应不同, 春季 2 对主基因间的效应为叠加性, 而秋季表现为互补性效应。可能是由于

2 个季节环境的差异, 影响了主基因和多基因的表达以及基因间的互作效应, 使 2 个季节的主基因和多基因的遗传率也各不相同。在 RILs 群体中, 主基因遗传率最高, 两主基因的重叠性效应和互补性效应都起到了重要作用, 多基因遗传率也占了很大的比重, 多基因效应也发挥了重要作用。因此, 育种中对甜瓜第一雌花节位的选择, 除考虑主基因外, 还要注意多基因及环境的作用。

致谢: 南京农业大学盖均镒院士和王金社博士为研究提供遗传分析软件及软件进行遗传分析的使用方法。

参考文献:

- [1] Monforte A J, Oliver M, Gonzalo M J *et al.* Identification of quantitative trait loci involved in fruit quality traits in melon (*Cucumis melo* L.) [J]. *Theor Appl Genet* 2004, 108 (4): 750 - 758.
- [2] Cuevas H E, Staub J E, Simon P W. Inheritance of beta-carotene-associated mesocarp color and fruit maturity of melon (*Cucumis melo* L.) [J]. *Euphytica* 2010, 173: 129 - 140.
- [3] 刘玉洋, 于文泉, 韩超, 等. 乙烯利对厚皮甜瓜第一雌花节位、雌花数目及果实性状的影响 [J]. *山东农业科学* 2008 (8): 50 - 53.
- [4] 苏小俊, 徐海, 袁希汉, 等. 普通丝瓜第 1 雌花节位遗传研究 [J]. *福建农业学报* 2007, 22 (2): 154 - 157.
- [5] 薄凯亮, 沈佳, 钱春桃, 等. “北京截头” × 西双版纳黄瓜重组自交系群体重要农艺性状的遗传分析 [M]. *南京农业大学学报* 2011, 34 (11): 20 - 24.
- [6] 盖均镒, 章元明, 王建康. 植物数量性状遗传体系 [J]. 北京: 科学出版社 2003: 120 - 126.
- [7] 张红, 王怀松, 贺超兴, 等. 甜瓜糖酸性状的遗传研究 [J]. *园艺学报* 2009, 36 (7): 989 - 996.
- [8] 李侠, 常玮, 韩英鹏, 等. 大豆种子脂肪酸含量的遗传分析 [J]. *大豆科学* 2009, 28 (3): 404 - 407.
- [9] 咸丰, 张勇, 马建祥, 等. 野生甜瓜“云甜-930”抗白粉病主基因 + 多基因遗传分析 [J]. *中国农业科学*, 2011, 44 (7): 1425 - 1433.
- [10] 陈学军, 陈劲枫, 方荣, 等. 辣椒始花节位遗传研究 [J]. *园艺学报* 2006, 33 (1): 152 - 154.
- [11] 郭绍贵, 许勇, 张海英, 等. 不同环境效应对西瓜果实可溶性固形物含量的影响 [J]. *中国蔬菜* 2005 (增刊): 13 - 16.
- [12] 匡勇, 罗丽华, 周倩倩, 等. 水稻籼粳杂交自交系群体穗部性状的相关和遗传分析 [J]. *华北农学报* 2011, 26 (3): 72 - 78.
- [13] 高美玲, 朱子成, 高鹏, 等. 甜瓜重组自交系群体 SSR 遗传图谱构建及纯雌系基因定位 [J]. *园艺学报* 2011, 38 (7): 1308 - 1316.
- [14] 朱子成, 高美玲, 高鹏, 等. 甜瓜结实花初花节位 QTL 分析 [J]. *园艺学报* 2011, 38 (9): 1753 - 1760.
- [15] 吕祝章, 张娜, 李慷均, 等. 大豆 RIL 群体 ZKS-HX 的构建及遗传结构分析 [J]. *河南农业科学* 2010 (5): 30 - 34.
- [16] 逯晓萍, 云锦凤, 张雅慧, 等. 高丹草重组自交系群体的遗传变异与高产种质的创新 [J]. *华北农学报*, 2009, 24 (5): 90 - 95.