

网络出版时间:2014-07-30 16:13

DOI: 10.13207/j.cnki.jnwafu.2014.09.019

网络出版地址: <http://www.cnki.net/kcms/doi/10.13207/j.cnki.jnwafu.2014.09.019.html>

黄瓜果实黄色线相对长度的遗传分析

李丹丹¹, 马光恕¹, 田立波², 刘芳¹

(1 黑龙江八一农垦大学农学院, 黑龙江大庆 163319; 2 海南大学园艺学院, 海南海口 570228)

【摘要】【目的】阐明黄瓜果实黄色线相对长度(黄色线长度与果实长度百分比, 以下均称为黄色线比例)的遗传特点, 为黄瓜果实外观品质优良品种的选育提供理论依据。【方法】以黄色线较长的自交系 9501 及黄色线短的自交系 9502 及其 F_1 、 F_2 、回交世代(B_1 、 B_2)为试验材料, 利用 ABC 联合尺度遗传分析和主基因+多基因模型遗传分析 2 种方法, 对各世代黄瓜果实的黄色线比例进行遗传分析。【结果】ABC 联合尺度遗传分析结果表明, 黄色线比例的遗传符合加性-显性模型, 加性效应 $[d]$ 为-34.673, 显性效应 $[h]$ 为-32.037。主基因+多基因模型遗传分析结果表明, 黄色线比例遗传受 1 对加性-显性主基因+加性-显性多基因控制, 分离世代中, B_1 、 B_2 、 F_2 世代的主基因遗传率(h_{mg}^2)分别为 72.79%, 67.81% 和 81.07%; 多基因遗传率(h_{pg}^2)分别为 26.34%, 25.93% 和 17.83%。主基因加性效应 $[d]$ 和显性效应 $[h]$ 值分别为-34.78 和-32.96。2 种方法分析结果表明, 黄色线比例遗传均存在负向的加性、显性效应。【结论】黄色线比例的遗传以主基因遗传为主, 同时受微效多基因影, 环境条件影响不大, 适宜进行早代选择。

【关键词】 黄瓜(*Cucumis sativus* L.); 果实黄色线相对长度; 遗传分析

【中图分类号】 S642.203.2

【文献标志码】 A

【文章编号】 1671-9387(2014)09-0113-06

Inheritance of yellow line relative length of cucumber fruit

LI Dan-dan¹, MA Guang-shu¹, TIAN Li-bo², LIU Fang¹

(1 Agronomy College, Heilongjiang Bayi Agricultural University, Daqing, Heilongjiang 163319, China;

2 Horticultural College, Hainan University, Haikou, Hainan 570228, China)

Abstract: 【Objective】The genetic characteristics of yellow line relative length (ratio of yellow line length to fruit length, referred as ratio of yellow line hereinafter) of cucumber fruit was studied to provide theoretical basis for breeding of cucumber varieties with high fruit appearance quality. 【Method】The inbred lines (9501 with longer yellow line and 9502 with short yellow line), and their F_1 , F_2 and backcross (B_1 and B_2) generations were used to analyze the inheritance of the yellow line ratio of cucumber using ABC joint analysis method and major gene plus polygene model genetic analysis method. 【Result】ABC joint analysis showed that the inheritance of yellow line ratio followed the additive and dominance model, and the additive effect ($[d]$) and dominance effect ($[h]$) were -34.673 and -32.037, respectively. Major gene plus polygene model genetic analysis showed that the inheritance of yellow relative line was controlled by a major gene with additive-dominance effects plus polygene with additive-dominance effects. Heritability values of the major genes (h_{mg}^2) of B_1 , B_2 and F_2 population were 72.79%, 67.81% and 81.07%, respectively. Heritability values of poly-genes (h_{pg}^2) were 26.34%, 25.93% and 17.83%. The major gene plus poly-genes effect ($[d]$) and dominance effect ($[h]$) were -41.78 and -35.96, respectively. Both methods showed that negative additive effect and dominance effect existed in the inheritance of cucumber yellow line

【收稿日期】 2013-06-28

【基金项目】 黑龙江省农垦总局攻关项目(HNKXIV-06-03a1)

【作者简介】 李丹丹(1981-), 女, 黑龙江秦来人, 讲师, 博士, 主要从事黄瓜育种研究。E-mail: lidandan342@126.com

ratio. 【Conclusion】 The yellow line ratio was controlled majorly by major gene and partly by polygene. It was rarely affected by environment and was suitable for early generation selection.

Key words: cucumber (*Cucumis sativus* L.); fruit yellow line relative length; genetic analysis

作为鲜食蔬菜,黄瓜(*Cucumis sativus* L.)因其果实果皮黄色线少、油亮光泽与口感好而成为人们普遍喜爱的蔬菜。近年来,人们不但注重黄瓜产量,而且对黄瓜果实的感观、风味、功能、卫生等方面也提出了更高要求,尤其是黄瓜的外观品质。目前,有关黄瓜果实相关性状已有深入的研究,如黄瓜瓜把长度^[1-2]、品质性状^[3]及果实表皮性状的遗传^[4-6]。黄色线是黄瓜外观品质的重要性状之一,没有黄色线的黄瓜果实比较嫩,有黄色线的黄瓜果实比较老,有无黄色线以及黄色线长短对黄瓜果实外观品质影响很大,因此黄瓜果皮黄色线的遗传研究显得尤为重要^[7-8]。

本试验应用 ABC 联合尺度遗传分析及主基因+多基因模型遗传分析^[9-10] 2 种方法,对黄瓜果实的黄色线相对长度(以下简称黄色线比例)进行了分析,通过遗传参数的估计确定该性状的遗传特点,以为黄瓜果实外观品质优良品种的选育提供理论依据。

1 材料与方 法

1.1 材 料

试验材料选用黄白色果皮、黄色线较长的自交系 9501(P₁)和果皮绿皮、黄色线短的自交系 9502(P₂),杂交获得 F₁,F₁ 自交并与其亲本进行回交,分别获得 F₂、B₁ 和 B₂ 群体。

1.2 试验设计与方法

2012 年 5 月在黑龙江八一农垦大学试验基地温室内播种黄瓜品系 9501(P₁)和 9502(P₂) 6 个世代的种子,采用随机区组设计,3 次重复。P₁、P₂、F₁ 每小区种植 10 株,B₁、B₂ 每小区种植 20 株,F₂ 每小区种植 40 株,小区间设置保护行。

于黄瓜果实发育至商品成熟期(雌花开花后 7~10 d),随机取样,分别用直尺测量果皮上最长的一条黄色线的长度和果实的长度,计算黄色线比例,每株测量 3 个果实。

黄色线比例=黄色线长度/果实长度×100%。

1.3 数据分析

采用 SAS 统计软件进行方差分析。采用 ABC 联合尺度遗传分析及盖钧镒^[8]的主基因+多基因模型遗传分析黄色线比例的遗传特点。其中极大似然函数值、AIC(Akaike's information criterion)值以及适合性检验参数 U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 、 W^2 和 D_n 由主基因+多基因软件计算,计算软件由南京农业大学提供。

2 结果与分析

2.1 亲本自交系间黄瓜果实黄色线比例的差异

亲本间黄瓜果实黄色线比例的方差分析结果如表 1 所示。

表 1 亲本间黄瓜果实黄色线比例的方差分析结果

Table 1 Variance analysis of yellow line ratio of cucumber parents

变异来源 Source of variance	自由度 Degree of freedom	平方和 Sum of squares	均方 Mean square	F 值 F value
区组 Block	2	6.332	3.245	1.356
亲本间 Parents	1	9 501.546	9 501.546	2 638.345**
误差 Error	2	3.012	1.526	
总变异 Total divergence	5	9 510.890		

注: * 表示差异显著($P < 0.05$); ** 表示差异极显著($P < 0.01$)。下表同。

Note: * indicates significant difference at $P < 0.05$ while ** indicates extremely significant difference at $P < 0.01$. The same below.

表 1 表明,亲本间黄瓜果实黄色线比例差异达到极显著水平($P < 0.01$),表明亲本间的黄色线比例存在着真实的差异,适于进行遗传分析。同时 2 个亲本自交系反交组合果实的黄色线比例差异不显著,说明黄色线主要受核基因控制,细胞质对其影响较小。

2.2 黄瓜果实黄色线比例的 ABC 联合尺度遗传分析

ABC 联合尺度遗传分析中,A、B、C 若符合加性-显性模型,其效应值均应为 0;若 A、B、C 不符合加性-显性模型,如有上位性,则其效应值不等于 0,因而可对 A、B、C 中任一值进行 t 检验^[10-11]。黄瓜

果实黄色线比例的 ABC 联合尺度遗传分析检验结果见表 2。由表 2 可以看出,黄色线比例 ABC 联合尺度分析 P 值都大于 0.05,均不显著,说明该性状

遗传符合加性-显性模型,同时也说明应用加性-显性遗传模型对黄瓜果实黄色线比例进行遗传研究是适合的。

表 2 黄瓜果实黄色线比例的 ABC 联合尺度遗传分析检验结果
Table 2 ABC joint genetic analysis of yellow line ratio of cucumber fruit

模型 Model	均值 Value	标准误 Standard error	t 值 t value	P 值 P value
A	-1.690	5.003	0.338	0.452
B	-4.399	8.737	0.504	0.140
C	-7.251	14.261	0.509	0.057

黄瓜果实黄色线比例的基因效应见表 3。

表 3 黄瓜果实黄色线比例的基因效应

Table 3 Gene effects of yellow line ratio of cucumber fruit

基因效应 Genetic effect	估计值 Estimated value	标准误 Standard error
$[m]$	57.847	0.298
$[d]$	-34.673	0.299
$[h]$	-32.037	0.603

注: $[m]$ 均值效应; $[d]$ 加性效应; $[h]$ 显性效应。

Note: $[m]$. Effect of mean value; $[d]$. Additive effect; $[h]$. Dominance effect.

由表 3 可知,黄瓜黄色线比例的均值效应 $[m]$ 为 57.847;加性效应 $[d]$ 为负值,说明黄瓜黄色线存在加性负效应,有降低果实黄色线长度的作用;显性

效应 $[h]$ 为-32.037,说明黄瓜黄色线遗传存在显性负效应,倾向于黄瓜黄色线短的亲本。

2.3 黄瓜果实黄色线比例的主基因+多基因模型遗传分析

2.3.1 各世代黄色线比例的分布次数 组合 9501×9502 6 个世代黄瓜果实黄色线比例分布次数见表 4。由表 4 可以看出,亲本 P_1 、 P_2 的黄色线比例平均值分别为 93.27%,25.86%; F_1 代黄色线比例平均值为 56.47%,趋向于黄色线比例较低亲本; B_1 世代黄色线比例呈正偏态分布, B_2 、 F_2 世代黄色线比例呈双峰分布,可能存在主基因效应。

表 4 9501×9502 6 个世代黄瓜果实黄色线比例分布次数

Table 4 Frequency distribution of yellow line ratio in 6 generations of 9501×9502

世代 Generation	不同黄色线比例分布次数 Frequency distribution									黄色线比例 平均值/% Average of yellow line ratio	
	≤8.89%	≤18.79%	≤26.91%	≤35.03%	≤43.15%	≤51.28%	≤59.40%	≤67.52%	≤83.76%		≤100%
P_1	5	1	2	2							93.27
P_2								2	3	5	25.86
F_1			3	4	2	1					56.47
B_1	5	3	23	20	7		1	1			45.06
B_2	4	2	20	18	5	4	2		5		39.43
F_2	3	24	34	11	7	1	23	5	7	5	45.05

2.3.2 遗传模型的选择 对黄瓜组合 9501×9502 6 个家系世代群体黄色线比例进行主基因+多基因遗传模型分析,得到 1 对主基因(A)、2 对主基因(B)、多对基因(C)、1 对主基因+多基因(D)和 2 对主基因+多基因(E) 5 类 24 种遗传模型的极大似然函数值和 AIC 值。比较模型所得的 AIC 值,选出 3 个最小的 AIC 值列于表 5,初步确定其中 D 模型为组合 9501×9502 黄瓜果实黄色线比例遗传的最适模型,由此推断黄瓜黄色线比例的遗传受 1 对主基因-显性主基因控制。

大部分检验参数值均高于其他模型。因此,D 模型确定为杂交组合 9501×9502 黄瓜果实黄色线比例最适模型,即黄色线比例受 1 对加性-显性主基因+加性-显性多基因控制。

表 5 黄瓜果实黄色线比例遗传模型的极大对数似然函数值和 AIC 值

Table 5 Maximum likelihood estimates and AIC values of genetic model for yellow line ratio of cucumber fruit

模型 Model	极大似然函数值 Max-likelihood-value	AIC
D	-1 465.89	2 967.78
E	-1 496.66	3 017.33
E-1	-1 474.62	2 999.32

对上述 3 个被选模型进行适合性检验,结果见表 6。由表 6 可以看出,E 模型中达到显著水平的统计量为 6 个;E-1 模型中为 5 个;D 模型中为 3 个,且

表 6 黄瓜果实黄色线比例备选模型的适合性检验参数估计值

Table 6 Goodness test of fitting model for yellow line ratio of cucumber fruit

模型 Model	世代 Generation	U_1^2	U_2^2	U_3^2	${}_nW^2$	D_n
E	P ₁	0.009 (0.924 4)	4.444 *	0.189 (0.663 5)	0.093 7 (>0.05)	0.130 7 (>0.05)
	P ₂	0.007 (0.935 2)	0.365 (0.545 9)	7.455 * *	0.170 7 (>0.05)	0.160 6 (>0.05)
	F ₁	0.206 (0.649 7)	0.274 (0.600 5)	0.112(0.737 3)	0.054 4 (>0.05)	0.249 3 * *
	B ₁	0.085 (0.770 7)	0.813 (0.367 1)	6.144 *	0.206 4 (>0.05)	0.166 0 (>0.05)
	B ₂	0.109 (0.741 4)	0.357 (0.550 2)	1.236(0.266 2)	0.274 9 (>0.05)	0.150 8 *
	F ₂	1.046 (0.306 4)	0.520 (0.470 8)	1.160(0.281 4)	1.206 9 * *	0.056 1 (>0.05)
E-1	P ₁	0.385 (0.535 0)	0.554 (0.456 8)	0.329(0.566 1)	0.283 2 (>0.05)	0.137 1 *
	P ₂	3.242 (0.071 8)	1.582 (0.208 5)	3.775(0.052 0)	0.381 0 (>0.05)	0.193 7 (>0.05)
	F ₁	0.047 (0.827 7)	0.220 (0.638 8)	1.070 (0.300 9)	0.108 4 (>0.05)	0.130 0 (>0.05)
	B ₁	0.000 (0.987 1)	0.011 (0.915 2)	0.132 (0.716 3)	0.045 5 (>0.05)	0.064 4 (>0.05)
	B ₂	0.641 (0.423 4)	1.742 (0.186 9)	4.746 *	1.209 3 * *	0.315 7 * *
	F ₂	0.073 (0.787 0)	0.063 (0.802 5)	4.190 *	0.116 7 (>0.05)	0.150 2 (>0.05)
D	P ₁	0.005 (0.944 5)	0.073 (0.787 5)	1.816 (0.177 8)	0.065 9 (>0.05)	0.119 6 (>0.05)
	P ₂	0.006 (0.940 3)	0.026 (0.871 0)	0.883 (0.347 4)	0.029 1 (>0.05)	0.090 3 (>0.05)
	F ₁	1.674 (0.195 7)	0.775 (0.378 8)	2.222 (0.136 1)	0.247 9 (>0.05)	0.210 4 (>0.05)
	B ₁	0.719 (0.396 6)	0.743 (0.388 8)	0.027 (0.869 5)	0.282 2 (>0.05)	0.103 0 (>0.05)
	B ₂	0.223 (0.636 9)	0.111 (0.738 7)	0.244 (0.621 4)	1.003 4 * *	0.250 5 * *
	F ₂	0.178 (0.673 5)	0.154 (0.694 6)	0.004 (0.951 0)	0.238 8 (>0.05)	0.132 0 *

注: $U_1^2, U_2^2, U_3^2, {}_nW^2, D_n$. 适合性检验参数,由主基因+多基因软件计算得出。括弧内数字为适合性检验标准值。

Note: $U_1^2, U_2^2, U_3^2, {}_nW^2$ and D_n are fit test parameters calculated by major plus poly gene software. Numbers in bracket are criterion of fit test.

2.3.3 最适模型的遗传参数估计 由表 7 可知,组合 9501×9502 黄瓜果实黄色线比例遗传受 1 对主基因+多基因控制,主基因加性效应值 [d] 为 -34.78,显性效应值 [h] 为 -32.96,均为负值,说明效应的作用方向趋于大亲本。分离世代多基因遗传率(h_{pg}^2)较低,最高为 26.34%,主基因遗传率(h_{mg}^2)

都明显高于多基因遗传率。遗传参数分析结果表明,分离世代黄色线比例受 1 对主基因控制,环境方差(σ_e^2)较小,适宜进行早代选择。以上结果说明黄瓜果实黄色线比例受 1 对加性-显性主基因控制,同时还存在微效多基因效应。

表 7 黄瓜果实黄色线比例的遗传参数估计值

Table 7 Estimates of genetic parameters for yellow line ratio of cucumber fruit

一阶参数 1st Parameter	估计值 Estimate	二阶参数 2nd Parameter	估计值 Estimate		
			B ₁	B ₂	F ₂
m_1	61.38	σ_p^2	64.46	61.78	84.03
m_2	62.35	σ_{mg}^2	46.92	41.89	68.12
m_3	65.37	σ_{pg}^2	16.98	16.02	14.98
m_4	67.98	σ_e^2	0.56	3.87	0.93
m_5	54.71	$h_{mg}^2/\%$	72.79	67.81	81.07
m_6	58.93	$h_{pg}^2/\%$	26.34	25.93	17.83
[d]	-34.78	$1-h_{mg+pg}^2/\%$	0.87	6.26	1.11
[h]	-32.96				

注: $m_1 \sim m_6$. 各世代均值效应; [d]. 加性效应; [h]. 显性效应; σ_p^2 . 表型方差; σ_{mg}^2 . 主基因方差; σ_{pg}^2 . 多基因方差; σ_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: $m_1 \sim m_6$. Average mean value effect of each generation; [d]. Additive effect; [h]. Dominance effect; σ_p^2 . Phenotypic variance; σ_{mg}^2 . Major gene variance; σ_{pg}^2 . Poly-gene variance; σ_e^2 . Environmental variance; h_{mg}^2 . Heritability values of the major genes; h_{pg}^2 . Heritability values of poly-genes.

3 结论与讨论

黄瓜果皮颜色及黄色线均为数量性状,传统的数量遗传学认为,数量性状受大量微效多基因控制,

基因间存在很大的效应差异^[11]。章元明等^[12]研究表明,采用主基因+多基因遗传模型的遗传分析方法,不仅可以检测多基因效应,而且可以鉴别主基因的存在,并估计其遗传效应和方差等遗传参数,阐明

主基因与多基因在性状控制方面的作用。该方法已在园艺作物及许多大田作物上得以广泛应用,如黄瓜受弱光胁迫后下胚轴性状^[13]及叶片叶绿素含量^[14]、甘蓝型油菜千粒质量性状^[15]、茄子果色性状^[16]和大田作物冬小麦 PPO 活性^[17]等,均可通过对其主基因、多基因遗传效应的估计,更准确地说明各性状的遗传特点。本研究采用 ABC 联合尺度遗传分析与主基因+多基因模型遗传分析 2 种方法,分析黄瓜果实黄色线比例的遗传特点,结果表明,黄瓜果实黄色线比例遗传受主基因控制为主,同时受微效多基因影响,且环境条件影响不大,适宜进行早代选择。

黄瓜果实黄色线的长短主要受黄瓜果皮颜色尤其是叶绿素含量控制,同时也受黄瓜瓜长的制约。因此,采用黄色线长度占瓜长的比例来说明黄瓜果实黄色线的遗传特性比较适宜。国内外研究者采用不同的遗传群体,对黄瓜果皮光泽度等性状的遗传做了一些研究^[18-22],对果皮黄色线比例遗传分析鲜有报道。本研究中,2 种遗传分析方法的分析结果显示,黄瓜果实黄色线比例遗传的最佳模型均为加性-显性遗传模型,且 2 种方法求得的黄色线比例均值、加性效应与显性效应值差异不明显。主基因+多基因混合模型遗传分析结果表明,黄色线比例遗传受 1 对加性-显性主基因+加性-显性多基因控制, B_1 、 F_2 世代的主基因遗传率比较高,分别达到 72.79% 和 81.07%,说明黄色线比例受主基因控制。黄色线比例受主基因加性效应较为明显,显性效应也占有相当大的比重,大部分分离世代的主基因和多基因遗传率均较高,这与张文新等^[23]对黄瓜数量性状遗传的研究结果相似,即黄色线比例遗传同时还存在多基因遗传效应。本研究中,分离世代中环境方差占表型方差比例均较小,最小达到 0.87%,说明环境对黄瓜果皮黄色线的影响较小,可以对该性状进行早代选择。本研究结果是对黄瓜商品性状遗传研究的又一补充,为黄瓜商品性状的选择提供了理论基础。

[参考文献]

- [1] 顾兴芳,方秀娟,韩旭. 黄瓜瓜把长度遗传规律研究初报 [J]. 中国蔬菜,1994,37(11):33-34.
Gu X F, Fang X J, Han X. Brief report of fruit handle in cucumber [J]. China Vegetables, 1994, 37(11): 33-34. (in Chinese)
- [2] 赵殿国,孙汉友. 黄瓜果长遗传率研究 [J]. 中国蔬菜,1991(3):14-16.
Zhao D G, Sun H Y. Genetic studies of fruit length in cucumber [J]. China Vegetables, 1991(3): 14-16. (in Chinese)
- [3] 马德华,品淑珍. 黄瓜主要品质性状配合力分析 [J]. 华北农学报,1994,9(4):65-68.
Ma D H, Pin S Z. Coordinate ability analysis of main quality traits in cucumber [J]. Acta Agricultural North China, 1994, 9(4): 65-68. (in Chinese)
- [4] Fanourakis N E. Inheritance and linkage studied of the fruit epidermis structure and investigation of linkage relations of several traits and of meiosis in cucumber [D]. Madison: University of Wisconsin, 1984.
- [5] Fanourakis N E. Correlated inheritance of fruit neck with fruit length and linkage relations with 10 other characteristics of cucumber [J]. Euphytica, 1993, 65: 71-77.
- [6] Samuels A L, Giass A D M, Ehert D L. The effects of silicon supplementation on cucumber fruit; Changes in surface characteristic [J]. Annals of Botany, 1993, 72: 433-440.
- [7] Schouten R E, Otoma E C, Kooten O van, et al. Keeping quality of cucumber fruits predicted by biological age [J]. Postharvest Biology and Technology, 1997, 12(2): 175-181.
- [8] 盖钧镛. 植物数量性状遗传体系 [M]. 北京: 科学出版社, 2003: 224-260.
Gai J Y. Genetics system of quantitative traits in plant [M]. Beijing: Beijing Science Press, 2003: 224-260. (in Chinese)
- [9] 马育华. 植物育种的量遗传学基础 [M]. 南京: 江苏科学技术出版社, 1982: 300-332.
Ma Y H. Base on plant breeding quantitative genetics [M]. Nanjing: Jiangsu Science and Technology Press, 1982: 300-332. (in Chinese)
- [10] 张洁夫, 戚存扣, 溥惠明, 等. 甘蓝型油菜含油量的遗传与 QTL 定位 [J]. 作物学报, 2007, 33(9): 1495-1501.
Zhang J F, Qi C K, Fu H M, et al. Inheritance and QTL identification of oil content in rapeseed (*Brassica napus* L.) [J]. Acta Agronomica Sinica, 2007, 33(9): 1495-1501. (in Chinese)
- [11] Peleman J D, Wye C, Zethof J, et al. Quantitative trait locus (QTL) isogenic recombinant analysis: a method for high-resolution mapping of QTL within a single population [J]. Genetics Society of America, 2005, 171(11): 1341-1352.
- [12] 章元明, 盖钧镛, 王建康. 利用 B_1 和 B_2 或 F_2 群体鉴定数量性状主基因+多基因混合遗传模型并估计其遗传效应 [J]. 生物数学学报, 2000, 15(3): 358-366.
Zhang Y M, Gai J Y, Wang J K. Identification of two major genes plus polygenes mixed inheritance model of quantitative traits in B_1 and B_2 and F_2 [J]. Journal of Biomathematics, 2000, 15(3): 358-366. (in Chinese)
- [13] 李丹丹, 司龙亭, 罗晓梅, 等. 弱光胁迫下黄瓜苗期下胚轴性状的遗传分析 [J]. 西北农林科技大学学报: 自然科学版, 2009, 37(11): 113-119.
Li D D, Si L T, Luo X M, et al. Genetic analysis on hypocotyl traits of cucumber seedlings under low light stress [J]. Journal of Northwest A&U University: Natural Science Edition, 2009, 37(11): 113-119. (in Chinese)

- [14] 李丹丹,司龙亭,李季,等.弱光下黄瓜幼苗叶片叶绿素含量的遗传分析[J].华北农学报,2009,24(1):1-4.
Li D D, Si L T, Li J, et al. Genetic effect analysis on chlorophyll contents of cucumber seedling under low-light [J]. Acta Agriculturae Boreali-Sinica, 2009, 24(1): 1-4. (in Chinese)
- [15] 戚存扣,盖钧镒,傅寿仲,等.甘蓝型油菜(*Brassica napus* L.)千粒重性状遗传体系分析[J].作物学报,2004,30(12):1274-1277.
Qi C K, Gai J Y, Fu S Z, et al. Inheritance and QTL identification of oil content in rapeseed (*Brassica napus* L.) [J]. Acta Agronomica Sinica, 2004, 30(12): 1274-1277. (in Chinese)
- [16] 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.
Pang W L, Liu F Z, Chen Y H, et al. Genetic study on fruit color traits of eggplant [J]. Acta Horticulturae Sinica, 2008, 35(7): 979-986. (in Chinese)
- [17] 葛秀秀,张立平,何中虎,等.冬小麦 PPO 活性的主基因+多基因混合遗传分析[J].作物学报,2004,30(1):18-20.
Ge X X, Zhang L P, He Z H, et al. The mixed inheritance analysis of polyphenol oxidase activities in winter white [J]. Acta Agronomica Sinica, 2004, 30(1): 18-20. (in Chinese)
- [18] 董邵云,苗晗,张圣平,等.黄瓜果皮光泽性状的遗传分析及基因定位研究[J].园艺学报,2013,40(2):247-254.
Dong S Y, Miao H, Zhang S P, et al. Genetic analysis and gene mapping of glossy fruit skin in cucumber [J]. 园艺学报, 2013, 40(2): 247-254. (in Chinese)
- [19] 杜辉.黄瓜固定标记图谱的构建及果皮光泽(D)、小刺(ss)性状定位及甘蓝抽薹性状基因的分子标记定位[D].上海:上海交通大学,2008.
Du H. Constructing linkage map using anchor makers in cucumber and mapping dull fruit skin(D) and small spines(ss) mapping of bolting trait in cabbage [D]. Shanghai: Shanghai Jiao Tong University, 2008. (in Chinese)
- [20] 张磊,司龙亭,李坤.黄瓜瓜条长度的遗传分析[J].西北农业学报,2012,21(3):114-117,147.
Zhang L, Si L T, Li K. Genetic analysis of fruit length in cucumber [J]. Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica, 2012, 21(3): 114-117, 147. (in Chinese)
- [21] 马娟,司龙亭,田友.黄瓜把长主基因+多基因混合遗传分析[J].西北农业学报,2010,19(10):161-165.
Ma J, Si L T, Tian Y. Mixed major gene and polygene inheritance analysis of fruit stalk length in cucumber [J]. Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica, 2010, 19(10): 161-165. (in Chinese)
- [22] 罗晓梅,司龙亭,尹维娜.黄瓜黄色线与瓜长比的主基因+多基因的遗传分析[J].华北农学报,2008,23(2):88-91.
Luo X M, Si L T, Yin W N. Inheritance on major gene plus poly-genes of yellow line and fruit length ratio of cucumber [J]. Acta Agriculturae Boreali-Sinica, 2008, 23(2): 88-91. (in Chinese)
- [23] 张文新,魏毓棠.黄瓜数量性状遗传的研究初报[J].沈阳农业大学学报,2005,36(2):227-229.
Zhang W X, Wei Y T. Brief report of quantitative genetics of cucumber [J]. Journal of Shenyang Agricultural University, 2005, 36(2): 227-229. (in Chinese)