

DOI: 10.11931/guihaia.gxzw201408012

苗永美,隋益虎,简兴. 黄瓜雄花性状的遗传分析[J]. 广西植物,2015,35(5):704—708

Miao YM,Sui YH,Jian X. Genetic analysis of male floral traits in cucumber[J]. *Guihaia*,2015,35(5):704—708

黄瓜雄花性状的遗传分析

苗永美¹, 隋益虎¹, 简兴²

(1. 安徽科技学院 生命科学学院, 安徽 凤阳 233100; 2. 安徽科技学院 城建与环境学院, 安徽 凤阳 233100)

摘要: 为了解黄瓜雄花花器的遗传特性,该研究以雄花器官较小的华南型黄瓜二早子为母本,花器较大的加工型黄瓜 NC-76 为父本,构建 4 世代遗传群体,并采用多世代联合分离分析方法,分析黄瓜雄花花器性状的遗传特性。结果表明:分离群体的雄花花梗和花冠长 2 个性状均表现为单峰分布,表明两性状为数量性状且有主基因控制;花梗长性状符合 2 对完全显性主基因+加性-显性多基因(E-5)模型,花冠长性状符合 2 对加性-显性-上位性主基因+加性-显性-上位性多基因(E-1)模型;控制花梗长性状的两对主基因的加性效应相等,为 0.573,多基因的加性效应和显性效应值相差不大,且均为负向;控制花冠长度性状的 2 对主基因的加性效应均为 0,显性效应分别为-0.226 和-0.472,在上位性作用中以加性×加性和显性×显性互作为主,多基因以显性效应为主,正向显性效应值为 0.613,大于负向的加性效应值。花梗和花冠长度两个性状在 F₂ 群体中主基因遗传率分别为 61.04% 和 69.60%,多基因遗传率均为 0。由此看出黄瓜雄花花器性状为数量遗传,遗传率相对较高。该研究结果显示在黄瓜杂交育种中对花器大小选择可以在较早世代选择。

关键词: 黄瓜; 雄花性状; 主基因+多基因; 遗传分析

中图分类号: Q943, S642.2 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-3142(2015)05-0704-05

Genetic analysis of male floral traits in cucumber

MIAO Yong-Mei¹, SUI Yi-Hu¹, JIAN Xing²

(1. College of Life Sciences, Anhui Science and Technology University, Fengyang 233100, China; 2. College of Urban Construction and Environment, Anhui Science and Technology University, Fengyang 233100, China)

Abstract: To investigate the hereditary characters of male floral traits in cucumber, genetic analysis was carried out using *erzaozi* (small male flowers) and NC-76 (large male flowers) as parents to build four generations by means of multigenerational joint segregation analysis. The results showed that two floral traits of segregation population were quantitatively genetic traits and controlled by major genes with unimodal skewness distribution. The inheritance of flower pedicel length was appropriate for the model of two complete dominance major genes+additive-dominance polygenes(E-5), flower corolla length was appropriate for the model of two additive-dominance-epitasis major genes+additive-dominance-epitasis polygenes(E-1). In addition, the additive effects of two major genes controlling flower pedicel length equal which were 0.573. The additive effect and dominant effect of polygenes were similar, and are all negative. The additive effects of two major genes controlling flower corolla lengths were zero, and the dominance effects of major genes were -0.226 and -0.472, respectively, the epistemic effects of additive×additive and dominant×dominant were the main factors. The dominant effect of polygenes was the major, and the value was 0.613 greater than the negative values of additive effect. The major genes heritabilities of F₂ population reached 61.04% and 69.60% in two floral traits, respectively, and the polygenes heritabilities were zero. Thus the male floral traits were quantitative inheritance, and the heritabilities were relatively high. In breeding practices, it could thus be seen that, genetic selection

收稿日期: 2014-10-19 修回日期: 2014-12-23

基金项目: 国家“863”计划项目(2012AA100102); 校级自然科学研究重点项目(ZRC2014410)。

作者简介: 苗永美(1976-), 女, 山东临沂人, 博士, 讲师, 主要从事蔬菜作物遗传育种与生物技术研究, (E-mail) Miaoym@ahstu.edu.cn。

of floral characters in cucumber should be performed at earlier separate generations.

Key words: cucumber; male flowers trait; major gene plus polygene; genetic analysis

关于黄瓜的遗传分析目前已在果实性状(果皮颜色、光泽度、果实长度、弯曲性、果实品质等)(刘书林等,2014;董邵云等,2013;杨双娟等,2011;赵鹏等,2012)、抗逆性(抗病、耐盐、耐低温弱光性、耐热、耐低氮)(李全辉等,2011;闫世江等,2012)、生长习性(单性结实性、分枝性、株高、叶面积)(闫立英等,2010;李开盛等,2008)及种子性状(王敏等,2014)等方面有研究报道,而对于花器的遗传特性分析还未见报道。花器是影响异交率的重要器官,目前花器的遗传研究主要集中在水稻、油菜花、辣椒、大豆等作物上,研究证明花器受基因控制,是可以遗传的,受环境的影响较小(邹学校等,2007)。黄瓜是单性花,在大多数黄瓜品种中,完成授粉是果实膨大和正常生长的保障。以笔者的研究经验,进行黄瓜杂交授粉摘取雄花时,较小的雄花器官尤其是短的花梗很容易从花托处破碎,造成雄蕊散开,难用于授粉;另外,较大的花器官更容易吸引昆虫完成授粉,因此较大的黄瓜花器便于人工和昆虫授粉,制作杂交种。

对于大豆、辣椒、水稻上的花器研究都通过调查不同来源材料的花器性状,进行相关性分析、通径分析和聚类分析,按随机模型进行方差分析,估计遗传力。而本试验以黄瓜雄花器官较大的美国加工型黄瓜 NC-76 和较小的华南型黄瓜二早子为亲本,构建了 F_1 和 F_2 群体,对四世代群体的雄花器官进行表型鉴定,采用 4 个世代联合分离分析法,研究了黄瓜雄花器官花梗和花冠长度的遗传特性,可进一步丰富黄瓜生长性状的遗传规律。

1 材料与方 法

1.1 材料

2 个亲本分别为华南型黄瓜二早子和美国加工型黄瓜 NC-76。2011 年春季,在南京农业大学江浦农场园艺站大棚种植,并配制了 F_1 代,同年秋季种植 F_1 并自交获得 F_2 种子,于次年春季种植 F_2 植株群体,将亲本 P_1 、 P_2 、 F_1 一并种植,双高垄地膜覆盖栽培,大行距 80 cm,小行距 50 cm,株距 25 cm,常规管理。

1.2 雄花性状测定

在盛花期量取每个植株主蔓中间 2~3 个节位,

量取当天开放的 10 朵雄花的花梗和花冠长度,以平均值作为每个植株的性状观测值。

1.3 遗传分析方法

采用章元明等(2000)提出的利用 P_1 、 P_2 、 F_1 和 F_2 四世代的主基因+多基因混合遗传分析法进行分析。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;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。AIC 值小的遗传模型为可能的最佳模型,当模型间 AIC 值差异不大时,可有几个备选模型,用均匀性检验(U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2)、Smirnov 检验(nW^2)和 Kolmogorov 检验(D_n),选择统计量差异显著个数最少的模型为最优模型,并对最优模型的遗传参数进行估计。

2 结果与分析

2.1 雄花花梗长和花冠长的表型分布

由表 1 可知,亲本 P_1 二早子平均雄花花梗长为 1.27 cm, P_2 NC-76 平均雄花花梗长为 3.70 cm, F_1 和 F_2 群体的平均值分别为 1.42 cm、1.55 cm,介于双亲之间,均小于双亲平均值,偏向于低亲母本, F_2 分离区间为 0.27~3.86 cm。 P_1 和 P_2 雄花花冠长分别是 2.45 和 2.67 cm, F_1 和 F_2 群体的平均值分别为 2.74、2.40 cm,均不介于双亲之间。由此看出, F_1 具有杂种优势, F_2 偏向于低亲母本,分离区间为 1.45~3.03 cm。根据表 1 雄花花梗长、花冠长频数统计结果, F_2 代呈单峰正态分布,说明黄瓜雄花花梗和花冠长属于数量性状,推测可能受到主基因和多基因共同影响,需要进一步分析。

2.2 最优遗传模型的选择与检验

利用四世代联合分析方法,用 IECM 算法计算出黄花雄花花梗和花冠长的 5 类 24 种遗传模型的极大对数似然函数值(MLV)和 AIC 值,结果见表 2。对于雄花花梗长, E-5 模型的 AIC 值最小,为 354.83,但 E-6、D-0、B-5 和 B-6 与之差异不大,因此可作为备选模型。对于雄花花冠长, E-1 模型的 AIC

表 1 二早子×N-76 杂交组合的 P₁、P₂、F₁ 和 F₂ 四世代雄花花梗长、花冠长频数分布
Table 1 Frequently distributions of male flower pedicel and corolla lengths in the parents, F₁ and F₂ generations derived from the cross between erzaozi and NC-76

性状 Trait	世代 Generation	0~0.5	0.5~1.0	1.0~1.5	1.5~2.0	2.0~2.5	2.5~3.0	3.0~3.5	3.5~4.0	4.0~5.0	平均值 Mean
花梗长 Flower pedicel length	P ₁	0	4	12	4	0	0	0	0	0	1.27
	P ₂	0	0	0	0	0	6	2	2	9	3.70
	F ₁	0	0	10	10	0	0	0	0	0	1.42
	F ₂	8	25	37	20	15	8	5	3	0	1.55
花冠长 Flower corolla length	P ₁	0	0	0	0	8	12	0	0	0	2.45
	P ₂	0	0	0	0	2	16	2	0	0	2.67
	F ₁	0	0	0	0	0	20	0	0	0	2.74
	F ₂	0	0	1	9	63	40	5	0	0	2.42

表 2 黄瓜雄花性状各遗传模型的极大对数似然值和 AIC 值
Table 2 Max-likelihood and AIC values of various genetic models for male floral traits of cucumber

模型 Model	极大似然值 Max-likelihood values		AIC	
	花梗长 Flower pedicel length	花冠长 Flower corolla length	花梗长 Flower pedicel length	花冠长 Flower corolla length
A-1	-182.50	-16.360	377.01	44.719
A-2	-212.03	-18.262	434.06	46.523
A-3	-183.02	-21.349	376.05	52.697
A-4	-243.66	-16.332	497.31	42.664
B-1	-170.86	7.040	363.72	7.921
B-2	-175.31	-6.438	364.62	26.877
B-3	-209.66	-12.328	429.33	34.657
B-4	-209.66	-19.164	427.33	46.328
B-5	-174.06	-19.947	358.11	49.895
B-6	-175.19	-21.596	358.38	51.192
C-0	-174.14	6.043	360.27	-0.085
C-1	-185.63	-14.083	381.27	38.166
D-0	-171.01	6.238	358.01	3.525
D-1	-203.87	-14.771	421.75	43.542
D-2	-180.41	-13.995	372.83	39.990
D-3	-185.63	-13.279	383.25	38.557
D-4	-185.63	-13.279	383.25	38.557
E-0	-170.30	10.777	364.60	2.447
E-1	-170.46	11.960	358.92	-5.920
E-2	-177.11	-5.071	364.22	20.141
E-3	-179.69	-13.958	365.39	33.917
E-4	-179.72	-13.958	363.45	31.917
E-5	-174.41	-9.565	354.83	25.130
E-6	-176.04	-14.040	356.08	32.080

值最小,为-5.92,但 C-0 也相对较小,也可作为备选模型。再对入选模型进行适合性检验(表 3),结果表明,花梗长性状的 E-5 模型统计量差异显著,个数最少,为 3 个,其它几种模型分别为 7、4、5、7 个;花冠长性状的 E-1 和 C-0 模型统计量差异显著个数均

为 3 个。因此 E-5 模型即 2 对完全显性主基因+加性-显性多基因模型为黄瓜雄花花梗长性状遗传的最优模型;E-1 模型即 2 对加性-显性-上位性主基因+加性-显性-上位性多基因为黄瓜雄花花冠长性状遗传的最优模型。

2.3 遗传参数的估计

黄瓜花梗和花冠长度两个雄花性状最优模型分别是 E-5 和 E-1,一阶遗传参数估计(表 4)表明,雄花花梗长度性状的两对主基因的加性效应相等,为 0.573,多基因的加性效应和显性效应值相差不大,且均为负向。控制花冠长度性状的 2 对主基因的加性效应均为 0;显性效应分别为-0.226 和-0.472,相差不大;在上位性作用中以加性×加性和显性×显性互作为主;多基因以显性效应为主,正向显性效应值为 0.613,大于负向的加性效应值。

二阶遗传参数估计(表 4)表明,黄瓜雄花花梗和花冠长度主基因遗传率分别为 61.04% 和 69.60%,多基因遗传率均为 0。

3 讨论

目前通过 SSR、ISSR、RAPD 和 SCOT 标记对于植物遗传多样性的研究较多(杨章旗等,2014;考安都等,2014),而对于某个性状的遗传研究主要是通过构建多个世代及相应的遗传模型进行遗传模式分析。关于蔬菜作物花器大小的研究较少,大的花器和较好的花器结构便于人工授粉,提高异交率,更好地实现种质创新。本研究首次利用 4 个世代群体分析了黄瓜雄花花梗和花冠长度数量性状的遗传,分别符合 2 对完全显性主基因+加性-显性多基因(E-5)模型和 2 对加性-显性-上位性主基因+加性-显性-上位性多基因(E-1)模型,明确了雄花器

表 3 黄瓜雄花性状各入选模型的适合性检验

Table 3 Test for goodness-of-fit of selected genetic model for male floral trait of cucumber

性状 Trait	模型 Model	世代 Generation	U_1^2	U_2^2	U_3^2	nW^2	Dn
花梗长 Flower pedicel length	E-5	P ₁	0.413(0.521)	0.016(0.899)	8.976(0.003) * *	0.405(0.073)	0.068(1.000)
		P ₂	2.007(0.150)	0.896(0.344)	3.222(0.073)	0.360(0.097)	0.094(0.987)
		F ₁	0.389(0.533)	3.656(0.056)	27.394(0) * *	0.657(0.016) *	0.031(1.000)
		F ₂	2.045(0.153)	3.105(0.078)	2.277(0.131)	0.310(0.133)	0.008(1.000)
花冠长 Flower corolla length	E-1	P ₁	0.221(0.638)	0.358(0.550)	0.327(0.568)	0.158(0.366)	0.056(1.000)
		P ₂	0.015(0.902)	0.367(0.545)	8.401(0.004) * *	0.488(0.044) *	0.350(0.011) *
		F ₁	0.002(0.966)	0.277(0.599)	3.762(0.052)	0.138(0.432)	0.032(1.000)
		F ₂	0.001(0.971)	0.003(0.958)	0.005(0.943)	0.028(0.983)	0.019(1.000)

注： U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 为均匀性检验统计量，括号内数字为 $P(H_0)$ ； nW^2 为Smirnov检验统计量； Dn 为Kolmogorov检验统计量；* $P < 0.05$ ，* * $P < 0.01$ 。

Note: U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 are the statistic of Uniformity Test, values in bracket in columns are probability of hypothesis H_0 ; nW^2 is the statistic of Smirnov Test; Dn is the statistic of Kolmogorov; * $P < 0.05$, * * $P < 0.01$.

表 4 黄瓜雄花性状的一阶和二阶遗传参数估计值

Table 4 The first and second orders genetic parameter estimates for male floral traits of cucumber

一阶参数 The 1st order parameter	花梗长 (cm) Flower pedicel length	花冠长 (cm) Flower corolla length	二阶参数 The 2nd order parameter	花梗长 (cm) Flower pedicel length	花冠长 (cm) Flower corolla length
m	2.445	2.334	σ_p^2	0.564	0.080
d_a	0.573	0	σ_{mg}^2	0.344	0.056
d_b	0.573	0	σ_{pg}^2	0	0
h_a	—	-0.226	σ_c^2	0.220	0.024
h_b	—	-0.472	h_{mg}^2 (%)	61.04	69.60
i	—	0.226	h_{pg}^2 (%)	0	0
j_{ab}	—	0			
j_{ba}	—	-0.070			
l	—	0.492			
[d]	-2.361	-0.110			
[h]	-2.252	0.613			

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；[d]为多基因加性效应值；[h]为多基因显性效应值； σ_p^2 、 σ_{mg}^2 、 σ_{pg}^2 、 σ_c^2 分别为表型、主基因遗传、多基因遗传和环境方差； h_{mg}^2 、 h_{pg}^2 为主基因和多基因遗传率。

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; [d] means the additive effect of polygenes; [h] means the dominant effect of polygenes; σ_p^2 , σ_{mg}^2 , σ_{pg}^2 and σ_c^2 mean variance of phenotype, major gene, polygene and environment, respectively; h_{mg}^2 , h_{pg}^2 signifies heritability of major gene and polygene.

官两个性状均受2对主基因控制，并伴有加性—显性多基因修饰，进一步明析了主、多基因的各自效应和互作效应，主基因的遗传率分别为61.04%和69.60%，受环境的影响较小。因此，可以通过杂交实现黄瓜雄花器官的改造，提高制种效率。邹学校等(2007)调查了26份辣椒材料的9个花器性状的遗传情况，认为花长、花宽及其比例的广义遗传力较高，超过80%，而本研究统计的两个性状主基因的遗传率不到70%，这可能与不同作物和研究方法不同有关。在花卉植物和大田农作物上关于花器的研究较多，张飞等(2010)认为菊花花径由1对主基因控制，主基因表现为加性和部分显性或超显性，但以加性效应为主，主基因遗传率为66.69%；心花直径

由两对主基因控制，主基因表现为加性效应，显性效应均为0，主基因遗传率为56.49%。本研究表明黄瓜花冠长度性状受2对主基因控制，以负向显性效应为主，加性效应均为0，并且还存在着加性×加性和显性×显性互作上位性作用，多基因以显性效应为主。Virmani *et al.*(1974)研究认为，水稻的花器性状遗传中普遍存在重叠性上位效应；喻婷等(2003)用水稻DH群体得出颖花长、宽等7个花器性状存在显著的互补性互作，遗传力较高；吴爽等(2003)对10个水稻花器性状遗传研究结果表明，除颖花宽外，颖花长、柱头长、花药长等其它9个性状的遗传变异系数大，遗传力高，选择效果好。在沟酸浆属不同种中，花的形态存在明显差异，对种间花器变异的

遗传基础做过研究,Robertson *et al.* (1994)发现加利福尼亚的一个本地沟酸浆属种(*Mimulus guttatus*)的花冠宽、花冠长、雌蕊长、花药一柱头空间隔离和开花时间存在显著的加性遗传变异;Willis (1993)从铁山获得了 *M. guttatus*, 并建立 1 000 个株系;Kelly *et al.* (2003)在温室中经单粒传法传至第六代,用其中 300 个自交系进行花器进化遗传研究,认为非加性效应起重要作用;陈学军等(2009)用 29 份辣椒材料对 8 个花器性状进行了遗传分析,认为花纵径、花横径、花形指数和花重的变异系数在 13.1%~40.32%,遗传力在 52.42%~86.67%之间。由此看出不同作物花器的遗传模式不尽相同。以上提到的辣椒和水稻花器的研究主要采用多份材料分析了花器性状的变异系数、遗传力及性状之间的相关性,未采用后代群体进行遗传模型的估计。

本研究仅用四世代对黄瓜雄花花梗和花冠长度进行了遗传分析,而未对雌蕊长度及外露率进行研究,在以后的研究中,希望能通过六世代对更多的黄瓜花器性状进行遗传分析。

参考文献:

- Chen XJ(陈学军), Fang R(方荣), Zhou KH(周坤华), *et al.* 2009. Genetic analysis of floral traits and fruit traits in pepper (*Capsicum annuum* L.) (辣椒花器性状与果实性状的遗传相关及因子分析)[J]. *Acta Agric Univ Jiangxi* (江西农业大学学报), **31**(6): 1 007-1 011
- Dong SY(董邵云), Miao H(苗晗), Zhang SP(张圣平), *et al.* 2013. Genetic analysis and gene mapping of glossy fruit skin in cucumber(黄瓜果皮光泽性状的遗传分析及其基因定位研究)[J]. *Acta Horti Sin* (园艺学报), **40**(2): 247-254
- Kao AD(考安都), Wang SG(王述贵), Wang YQ(王艳芹), *et al.* 2014. Analyses of genetic diversity among 65 wild *Camellia oleifera* based on ISSR and RAPD(65 份野生油茶种质遗传多样性的 ISSR 和 RAPD 标记分析)[J]. *Guihaia* (广西植物), **34**(3): 419-425
- Kelly JK, Arathi HS. 2003. Inbreeding and the genetic variance in floral traits of *Mimulus guttatus*[J]. *Heredity*, **90**: 77-83
- Li KS(李开盛), Qin ZW(秦智伟), Zhou XY(周秀艳). 2008. Genetic analysis of multiple lateral branching in cucumber(黄瓜分枝性遗传分析)[J]. *J Northeast Agric Univ* (东北农业大学学报), **39**(2): 163-167
- Li QH(李全辉), Shen D(沈镛), Li XX(李锡香), *et al.* 2011. Genetic analysis of resistance to *Cladosporium cucumerinum* from different gene source in cucumber(黄瓜抗黑星病不同基因源的遗传分析)[J]. *J Plant Genet Resour* (植物遗传资源学报), **12**(2): 291-296
- Liu SL(刘书林), Gu XF(顾兴芳), Miao H(苗晗), *et al.* 2014. Genetic analysis and gene mapping of red mature fruit in cucumber(成熟黄瓜果皮红色性状的遗传分析及其基因定位)[J]. *Acta Horti Sin* (园艺学报), **41**(2): 259-267
- Robertson AW, Diaz A, MacNair MR. 1994. The quantitative genetics of floral characters in *Mimulus guttatus*[J]. *Heredity*, **72**: 300-311
- Virmani SS, Athwal DS. 1974. Inheritance of floral characteristic influencing out crossing in rice[J]. *Crop Sci*, **14**: 350-353
- Wang M(王敏), Miao H(苗晗), Zhang SP(张圣平), *et al.* 2014. Inheritance analysis and QTL mapping of cucumber seed size (黄瓜种子大小遗传分析与 QTL 定位)[J]. *Acta Horti Sin* (园艺学报), **41**(1): 63-72
- Willis JH. 1993. Partial self fertilization and inbreeding depression in two populations of *Mimulus guttatus*[J]. *Heredity*, **71**: 145-154
- Willis JH. 1996. Measures of phenotypic selection are biased by partial inbreeding[J]. *Evolution*, **50**: 1 501-1 511
- Wu S(吴爽), Li CQ(李成荃), Wang SH(王守海), *et al.* 2003. Heritable and correlation analysis of several restore line's floral character(几个优良品种花器性状的遗传及相关分析)[J]. *J Anhui Agric Sci* (安徽农业科学), **31**(2): 171-172, 174
- Yan SJ(闫世江), Si LT(司龙亭), Ma ZG(马志国), *et al.* 2010. Genetic analysis of seedling growth rate of cucumber under low temperature and week light conditions(黄瓜苗期低温弱光下生长速度主基因-多基因联合遗传分析)[J]. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), **43**(24): 5 073-5 078
- Yan LY(闫立英), Lou LN(娄丽娜), Li XL(李晓丽), *et al.* 2010. Inheritance of parthenocarpy in monoecious cucumber(雌雄同株黄瓜单性结实遗传分析)[J]. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), **43**(6): 1 295-1 301
- Yang SJ(杨双娟), Miao H(苗晗), Zhang SP(张圣平), *et al.* 2011. Genetic analysis and mapping of *gl-2* gene in cucumber (*Cucumis sativus* L.) (黄瓜无毛基因 *gl-2* 的遗传分析和定位)[J]. *Acta Horti Sin* (园艺学报), **38**(9): 1 685-1 692
- Yang ZQ(杨章旗), Feng YH(冯源恒), Wu DS(吴东山). 2014. Analysis of genetic diversity of *Pinus Yunnanensis* var. *tenui folia* nature populations by SSR marker(细叶云南松天然种源林遗传多样性的 SSR 分析)[J]. *Guihaia* (广西植物), **34**(1): 10-14
- Yu T(喻婷), Zhang L(张玲), Hu ZL(胡中立), *et al.* 2003. Genetic analysis of floral characters in a DH population derived from an indica/japonica cross of rice (水稻籼粳交 DH 群体花器性状的遗传分析)[J]. *J Wuhan Bot Res* (武汉植物学研究), **21**(6): 459-463
- Zhang F(张飞), Chen FD(陈发棣), Fang WM(房伟民), *et al.* 2010. Heterosis and mixed genetic analysis of inflorescence traits of chrysanthemum(菊花花器性状杂种优势与混合遗传分析)[J]. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), **43**(14): 2 953-2 961
- Zhang YM(章元明), Gai JY(盖钧镒), Zhang MC(张孟臣). 2000. Jointly segregating analysis of P₁ P₂ F₁ and F₂ or F_{2,3} families(利用 P₁ P₂ F₁ 和 F₂ 或 F_{2,3} 世代联合的数量性状分离分析)[J]. *J Southwest Agric Univ* (西南农业大学学报), **22**(1): 6-9
- Zhao P(赵鹏), Qin ZW(秦智伟), Wang GL(王桂玲), *et al.* 2012. Genetic analysis of carpodium length and fruit length in cucumber(黄瓜把长和瓜长的遗传分析)[J]. *J Northeast Agric Univ* (东北农业大学学报), **43**(1): 104-109
- Zou XX(邹学校), Zhang ZQ(张竹青), Chen WC(陈文超), *et al.* 2007. Genetic analysis of floral characters in pepper (*Capsicum annuum*) (辣椒花器性状的遗传分析)[J]. *Chin J Trop Crops* (热带作物学报), **28**(2): 37-41