

赵洪平,李延玲,马茜茹,等.白菜型油菜产量相关性状的量遗传分析[J].江苏农业科学,2023,51(2):92-97.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2023.02.014

# 白菜型油菜产量相关性状的量遗传分析

赵洪平<sup>1</sup>,李延玲<sup>1</sup>,马茜茹<sup>1</sup>,肖麓<sup>1,2,3,4,5</sup>

(1. 青海大学农林科学院,青海西宁 810016; 2. 青藏高原种质资源研究与利用实验室,青海西宁 810016;  
3. 青海省春油菜遗传改良重点实验室,青海西宁 810016; 4. 国家油料改良中心青海分中心,青海西宁 810016;  
5. 青海省春油菜遗传改良重点实验室,青海西宁 810016)

**摘要:**产量性状对油菜育种至关重要,对产量性状进遗传分析可为高产育种提供理论基础。本研究以白菜型油菜青海大黄和浩油 11 构建的  $F_2$  群体的 2 个株系为试验材料,利用 R 软件包 SEA v2.0.1 对白菜型油菜的 8 个产量相关性状进行遗传分析。结果表明,株高和主花序长度的最适模型均为 2MG-AD,表现为主基因加性-显性效应,主基因遗传率分别为 97.04%、39.71%。分枝总数、主花序角果数、角果长、全株角果数和千粒质量的最适模型均为 2MG-ADI,即由 2 对主基因控制的加性-显性-上位性遗传模型,遗传率分别为 74.27%、78.92%、20.25%、73.59% 和 47.47%。每角果粒数的最适模型为 2MG-EA,为 2 对主基因控制的等加性模型,主基因遗传率为 83.12%。主基因的加性效应、显性效应和上位性效应在白菜型油菜的产量相关性状的遗传中起重要作用,在今后的白菜型油菜高产育种中,应更好地利用基因间的相互效应,进一步提高产量。

**关键词:**白菜型油菜;产量性状;数量遗传分析;主基因遗传率;遗传模型;主基因遗传率

**中图分类号:**S634.303.2 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2023)02-0092-06

油菜(*Brassica napus*)是世界上重要的油料作物之一。我国油菜的栽培面积约占油料作物的 1/3,油菜种植面积和生产总值均高于世界其他国家<sup>[1-2]</sup>。虽然我国油菜栽培总量名列全球首位,但平均栽培面积较小,加上近年来油菜和其他经济作物茬口问题明显,油菜栽培面积不断减少<sup>[3]</sup>。油菜在经济中具有重要战略地位,增加油菜的产量至关重要。

油菜的种植密度和单株产量决定着其产量<sup>[4]</sup>。油菜株型决定了栽培密度,产量三要素决定了单株产量。在油菜株型方面,株高、分枝数和主花序长度是影响产量的主要性状<sup>[5]</sup>;在单株产量方面,影响单株产量的性状有主花序角果数、全株角果数、每角果粒数和千粒质量<sup>[6]</sup>。油菜产量相关性状都是由多个基因控制的数量性状,不同基因之间可能

还存在互作效应,受环境影响较大。

青海地处青藏高原,是白菜型油菜的发源地,具有较多的遗传资源<sup>[7]</sup>。白菜型油菜具有成熟早、耐寒、抗虫性强等特点<sup>[8]</sup>。目前,青海海拔 2 900 m 以下地区已实现特早熟甘蓝型油菜品种的替换,但在海拔 2 900 m 以上地区仍存在较大面积的白菜型油菜种植区<sup>[9-10]</sup>。因此,研究白菜型油菜产量相关性状的遗传规律,对白菜型油菜的育种及高产稳产具有重要意义。

与油菜产量相关的性状均属于数量性状,自数量遗传学建立以来,得到了广泛的研究,应用数理统计和遗传模型分析群体的数量遗传规律具有重要意义,也为植物育种提供了重要的科学依据<sup>[11-13]</sup>。对数量性状的遗传分析,盖钧镒等建立了“主基因+多基因遗传分析模型”,用于分析目标性状主基因和多基因数量,以及基因之间的相互效应<sup>[14-15]</sup>。近年来,主基因+多基因混合遗传模型在小麦<sup>[16]</sup>、玉米<sup>[17]</sup>、水稻<sup>[18]</sup>、高粱<sup>[19]</sup>、大豆<sup>[20]</sup>、花生<sup>[21]</sup>等作物的数量性状遗传研究中应用广泛,该模型在甘蓝型油菜中也得到了应用。刘霞等的研究表明,甘蓝型油菜株高、主花序长度和一次分枝起点均受到 2 对主基因控制,并存在加性-显性多基因效应<sup>[22]</sup>;而李军庆等的研究却表明,甘蓝型油菜

收稿日期:2022-07-20

基金项目:青海省创新平台建设专项(编号:2022-ZJ-Y01、2022-ZJ-Y13);青海省自然科学基金计划-创新团队(编号:2022-ZJ-902)。

作者简介:赵洪平(1998—),男,青海乐都人,硕士研究生,主要从事春油菜分子育种研究。E-mail:y200901020261@qhu.edu.cn。

通信作者:肖麓,博士,研究员,主要从事春油菜分子育种研究。

E-mail:xlu2005@aliyun.com。

株高受到 1 对主基因 + 多基因控制<sup>[23]</sup>。通过比较发现,研究者所采用的材料和环境不同,所得到的遗传规律也不完全一样。

本研究以白菜型油菜产量相关性状为研究对象,通过对其产量相关的 8 个性状进行主基因 + 多基因遗传规律分析,解析基因间的作用方式,以期 为白菜型油菜高产育种提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

选用白菜型油菜青海大黄和浩油 11 作为亲本, 杂交后,F<sub>1</sub> 再自交获得 F<sub>2</sub> 分离群体。2021 年 4 月, 将 2 个株系的 F<sub>2</sub> 群体种植于青海省农林科学院春 油菜研究所试验田(101°49′17″E,36°34′13″N),行 长 1.2 m,行距 0.3 m,采用常规田间管理。

1.2 性状考察方法

2021 年 8 月,对青熟期的 F<sub>2</sub> 群体进行产量相 关性状的考查,株系 I 成苗 250 株,株系 II 成苗 245 株。将成熟的单株逐一收获并进行性状测定。性 状考察包括株高(PH)、分枝总数(BN)、主花序长度 (LMI)、角果长(SL)、主花序角果数(NSTR)、每角 果粒数(SS)、全株角果数(NSP)及千粒质量 (TSW)。性状的考查方法参考《油菜种质资源描述 规范和数据标准》<sup>[24]</sup>。

1.3 数据处理

利用 Excel 2019 和 SPSS 23.0 进行数据的基本

处理和分析,用 Origin 2021 绘制分布图;使用章元 明教授开发的 R 软件包 SEA v2.0.1<sup>[25]</sup>对 8 个性状 进行遗传模型分析,得到本试验的遗传模型和极大 似然函数值(maximum likelihood method,MLV)及每 个模型对应的赤池信息准则(Akaike’s information criterion,AIC)。根据最小选取原则,每个性状选出 3 个模型进行检验,最终通过检验筛选出最适合的 模型,并利用 R 软件包 SEA v2.0.1 计算出相应的 遗传参数。

2 结果与分析

2.1 产量相关性状的表型统计

使用 SPSS 23.0 软件计算出青海大黄和浩油 11 组合的 F<sub>2</sub> 产量相关性状的表型特征值。由表 1 可 知,F<sub>2</sub> 群体 2 个株系的平均株高分别为 110.74、 92.15 cm,平均分枝总数分别为 17.70、12.49 个,平 均主花序长度分别为 56.66、46.18 cm,平均主花序 角果数分别为 41.31、32.89 个,平均角果长分别为 4.14、4.32 cm,平均每角果粒数分别为 16.44、 16.49 粒,平均全株角果数分别为 271.70、174.50 个,平均千粒质量分别为 2.76、2.79 g。从变异性来 看,株系 I 的变异系数由低至高的性状依次是:株 高(13.84%)、角果长(15.69%)、千粒质量 (21.72%)、主花序长度(26.15%)、每角果粒数 (29.98%)、主花序角果数(35.05%)、分枝总数 (46.94%)、全株角果数(50.70%);株系 II 的变异

表 1 产量相关性状的描述性统计

株系	性状	最小值	最大值	平均值	偏度	峰度	标准差	变异系数 (%)
I	PH(cm)	75.00	154.20	110.77	-0.17	-0.37	15.34	13.84
	BN(个)	3.00	56.00	17.70	0.79	1.04	8.31	46.94
	LMI(cm)	16.70	103.00	56.66	0.13	-0.12	14.82	26.15
	NSTR(个)	10.00	89.00	41.31	0.24	-0.11	14.48	35.05
	SL(cm)	2.60	6.81	4.14	0.42	0.70	0.65	15.69
	SS(粒)	1.60	29.50	16.44	0.04	0.10	4.93	29.98
	NSP(个)	23.00	612.00	271.70	0.73	-0.36	137.76	50.70
	TSW(g)	1.14	4.62	2.76	0.15	0.17	0.60	21.72
II	PH(cm)	55.50	148.60	92.15	0.47	0.11	16.12	17.49
	BN(个)	3.00	42.00	12.49	1.17	1.34	7.37	59.00
	LMI(cm)	22.34	87.00	46.18	0.50	-0.12	13.09	28.34
	NSTR(个)	10.00	75.00	32.89	0.65	0.27	12.71	38.64
	SL(cm)	2.37	6.65	4.32	0.31	0.25	0.75	17.36
	SS(粒)	5.50	28.80	16.49	0.17	-0.42	4.75	28.80
	NSP(个)	39.00	628.00	174.50	1.51	2.52	107.20	61.43
	TSW(g)	1.20	4.83	2.79	0.39	1.09	0.57	20.43

系数由低至高的性状依次是角果长(17.36%)、株高(17.49%)、千粒质量(20.43%)、主花序长度(28.34%)、每角果粒数(28.80%)、主花序角果数(38.64%)、分枝总数(59.00%)、全株角果数(61.43%)。由此可见,本研究  $F_2$  群体的 2 个株系中,分枝总数和全株角果数的变异系数较大,而株高

和角果长的变异系数相对较小,说明分枝总数和全株角果数在形态上变异比其他性状更为丰富。图 1 显示了  $F_2$  群体产量相关性状的频次分布,曲线为正态分布拟合曲线。由图 1 可以看出, $F_2$  群体产量相关性状具有明显的以数量性状为主的遗传特性,表现连续性分布,说明这些性状具有较广泛的遗传变异。

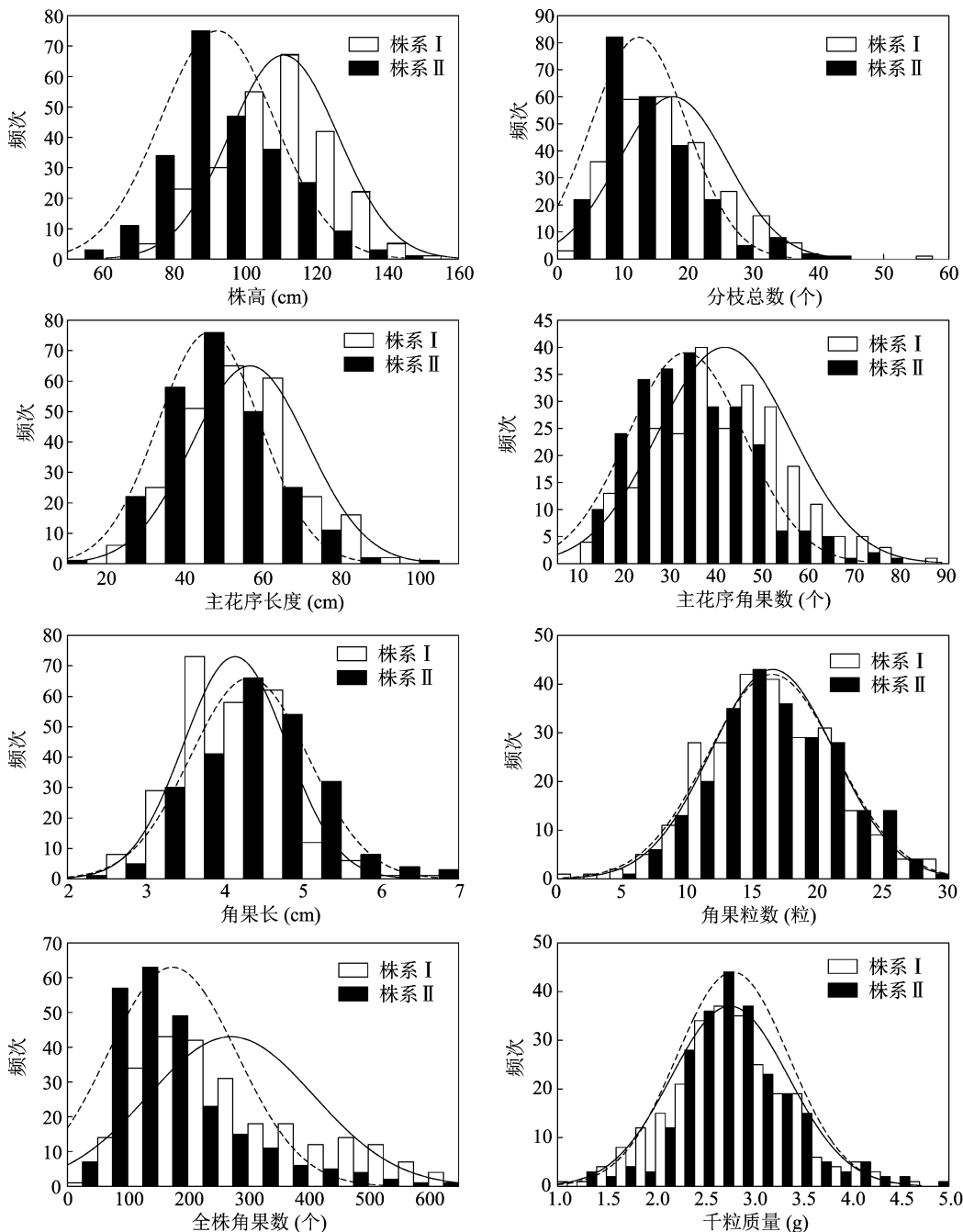


图1 产量性状的频次分布

## 2.2 最适模型的选择和适合性检验

对 8 个性状遗传模型的初步选择得到了备选模型的 AIC 和极大似然函数值(表 2)。进一步对备选

模型进行检验,选出显著水平最少的模型作为最优模型(表 3)。通过检验可知,2 个株系的备选模型均未达到显著水平,因此选择 2MG - AD 模型为株

表 2 各性状在不同遗传模型下的 MLV 和 AIC

性状	株系 I			株系 II		
	模型	MLV	AIC	模型	MLV	AIC
PH	2MG – AD	– 1 023. 917	2 059. 835	2MG – AD	– 1 012. 911	2 037. 821
	2MG – EA	– 1 032. 503	2 071. 006	2MG – EA	– 1 017. 894	2 041. 788
	1MG – AD	– 1 032. 114	2 072. 228	1MG – A	– 1 018. 427	2 042. 854
BN	2MG – ADI	– 875. 121	1 720. 242	2MG – ADI	– 799. 5295	1 619. 059
	2MG – AD	– 863. 342	1 738. 684	1MG – EAD	– 805. 5855	1 619. 171
	2MG – EA	– 867. 761	1741. 523	1MG – NCD	– 813. 0991	1 634. 198
LMI	2MG – AD	– 1 020. 391	2 052. 783	2MG – AD	– 958. 351	1 928. 702
	2MG – EA	– 1 026. 891	2 059. 782	2MG – EA	– 961. 514	1 929. 03
	1MG – A	– 1 027. 107	2 060. 215	1MG – A	– 961. 677	1 929. 355
NSTR	2MG – AD	– 1 013. 376	2 038. 753	2MG – ADI	– 952. 364	1 924. 728
	2MG – EA	– 1 018. 033	2 042. 066	1MG – NCD	– 959. 622	1 927. 245
	2MG – A	– 1 017. 287	2 042. 574	0MG	– 966. 086	1 936. 173
SL	2MG – ADI	– 246. 806	503. 612	1MG – NCD	– 276. 271	560. 542
	1MG – NCD	– 248. 761	505. 522	2MG – CD	– 277. 259	562. 518
	2MG – CD	– 249. 729	507. 459	2MG – ADI	– 275. 236	570. 473
SS	2MG – A	– 748. 786	1 505. 572	2MG – EA	– 722. 638	1 451. 277
	0MG	– 753. 199	1 510. 400	1MG – AD	– 723. 146	1 454. 293
	2MG – EA	– 752. 786	1 511. 573	1MG – A	– 724. 295	1 454. 591
NSP	2MG – AD	– 1 545. 255	3 102. 509	2MG – ADI	– 1 439. 951	2 859. 901
	1MG – AD	– 1 551. 388	3 110. 776	2MG – AD	– 1 425. 945	2 863. 890
	1MG – NCD	– 1 555. 518	3 119. 035	1MG – AD	– 1 430. 584	2 869. 169
TSW	2MG – ADI	– 224. 144	456. 289	2MG – A	– 199. 568	407. 136
	1MG – A	– 225. 216	456. 431	2MG – AD	– 197. 730	407. 461
	0MG	– 226. 875	457. 751	2MG – EA	– 201. 132	408. 264

表 3 各性状的适合性检验结果

性状	株系	模型	$U_1^2$	$U_2^2$	$U_3^2$	$nW^2$	$D_n$
PH	I	2MG – AD	0. 000 3(0. 985 4)	0. 000 0(0. 997 0)	0. 003 1(0. 955 5)	0. 010 2(0. 999 6)	0. 018 9(0. 999 6)
	II	2MG – AD	0. 000 0(0. 996 8)	0. 000 0(0. 996 0)	0. 000 0(0. 996 3)	0. 016 5(0. 999 2)	0. 025 7(0. 997 1)
BN	I	2MG – ADI	0. 044 4(0. 833 1)	0. 003 6(0. 951 9)	0. 330 3(0. 565 5)	0. 074 7(0. 731 9)	0. 050 5(0. 547 6)
	II	2MG – ADI	0. 144 3(0. 704 0)	0. 283 6(0. 594 3)	0. 434 2(0. 509 9)	0. 064 5(0. 790 1)	0. 053 5(0. 487 4)
LMI	I	2MG – AD	0. 005 1(0. 943 1)	0. 004 2(0. 948 6)	0. 000 3(0. 985 1)	0. 013 9(0. 999 8)	0. 022 4(0. 999 6)
	II	2MG – AD	0. 000 3(0. 987 3)	0. 000 4(0. 984 3)	0. 000 3(0. 986 6)	0. 012 5(0. 999 9)	0. 023 7(0. 999 1)
NSTR	I	2MG – AD	0. 000 4(0. 983 9)	0. 001 2(0. 972 9)	0. 003 4(0. 953 8)	0. 030 3(0. 975 2)	0. 032 9(0. 948 9)
	II	2MG – ADI	0. 000 9(0. 976 6)	0. 000 0(0. 995 3)	0. 008 1(0. 928 3)	0. 034 6(0. 958 9)	0. 036 5(0. 900 5)
SL	I	2MG – ADI	0. 000 0(0. 997 4)	0. 016 2(0. 898 6)	0. 273 0(0. 601 3)	0. 127 7(0. 469 8)	0. 062 0(0. 292 0)
	II	1MG – NCD	0. 059 7(0. 807 0)	0. 035 9(0. 849 6)	0. 035 2(0. 851 2)	0. 043 8(0. 912 9)	0. 040 9(0. 808 9)
SS	I	2MG – A	0. 0074(0. 931 3)	0. 011 4(0. 914 9)	0. 008 7(0. 925 7)	0. 013 0(0. 999 9)	0. 023 6(0. 999 1)
	II	2MG – EA	0. 000 0(0. 995 6)	0. 000 0(0. 996 8)	0. 000 0(0. 995 7)	0. 013 4(0. 999 9)	0. 019 9(0. 999 7)
NSP	I	2MG – AD	0. 000 1(0. 993 8)	0. 000 1(0. 991 3)	0. 005 5(0. 941 0)	0. 009 6(0. 999 7)	0. 019 2(0. 999 9)
	II	2MG – ADI	0. 263 1(0. 608 0)	0. 192 2(0. 661 1)	0. 054 4(0. 815 7)	0. 160 2(0. 361 1)	0. 062 3(0. 300 2)
TSW	I	2MG – A	0. 000 0(0. 994 7)	0. 000 2(0. 989 2)	0. 000 8(0. 977 2)	0. 012 6(0. 999 9)	0. 025 3(0. 997 2)
	II	2MG – A	0. 003 0(0. 956 5)	0. 000 2(0. 990 1)	0. 0261(0. 871 6)	0. 013 3(0. 999 9)	0. 021 4(0. 999 9)

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；表中括号内的数字为概率值。

高的最适模型,分枝总数、主花序角果数、角果长、全株角果数和千粒质量的最适模型为 2MG - ADI;主花序长度的最适模型为 2MG - AD,每角果粒数的最适模型为 2MG - EA。

2.3 遗传参数的估计

根据 R 软件包 SEA v2.0.1 计算出 F<sub>2</sub> 群体 8 个产量相关性状的遗传参数。由表 4 可以看出,8 个性状受 2 对主基因遗传控制,并且基因间存在相互效应。其中,株高和主花序长度的遗传效应均为加

性 - 显性,主要以第 1 对主基因的加性效应为主,主基因遗传率分别为 97.04% 和 39.71%,可在早世代进行选择。分枝总数、主花序角果数、角果长、全株角果数和千粒质量的遗传率分别为 74.27%、78.92%、20.25%、73.59% 和 47.47%,主基因作用方式主要以正向加性效应为主,其中,角果长和千粒质量的遗传率较小。控制每角果粒数的 2 对主基因的加性效应均为 3.93,主基因遗传率为 83.12%。

表 4 不同性状的模型遗传参数参数估计值

分类	遗传参数	PH (2MG - AD)	BN (2MG - ADI)	LMI (2MG - AD)	NSTR (2MG - ADI)	SL (2MG - ADI)	SS (2MG - EA)	NSP (2MG - ADI)	TSW (2MG - ADI)
一阶遗传参数	<i>m</i>	94.12	17.08	47.35	37.09	4.37	16.50	218.70	2.82
	<i>d<sub>a</sub></i>	14.86	8.24	15.61	15.32	0.33	3.93	86.10	0.55
	<i>d<sub>b</sub></i>	7.86	3.44	3.85	4.97	0.30		85.36	0.53
	<i>h<sub>a</sub></i>	-9.44	-12.17	-0.71	-12.62	-0.47		-128.86	-0.34
	<i>h<sub>b</sub></i>	5.45	-2.72	-1.71	-4.97	-0.28		-3.04	-0.06
	<i>i</i>		3.43		4.96	0.30		85.33	0.06
	<i>j<sub>ab</sub></i>		-2.72		-4.97	-0.28		-3.04	-0.50
	<i>j<sub>ba</sub></i>		0.83		12.97	-0.13		-42.12	-0.24
	<i>l</i>		6.75		11.55	0.45		46.02	0.34
二阶遗传参数	$\sigma^2p$	252.38	40.42	68.0	127.52	0.088	18.81	8 457.99	0.15
	$\sigma^2mg$	259.85	54.31	171.34	161.54	0.42	22.56	11 491.84	0.32
	$h^2mg(\%)$	97.04	74.27	39.71	78.92	20.25	83.12	73.59	47.47

注:*m*—世代群体平均值;*d<sub>a</sub>*—第 1 对主基因的加性效应值;*d<sub>b</sub>*—第 2 对主基因的加性效应值;*h<sub>a</sub>*—第 1 对主基因的显性效应值;*h<sub>b</sub>*—第 2 对主基因的显性效应值;*i*—2 个主基因的加性 × 加性效应值;*j<sub>ab</sub>*—加性 × 显性效应值;*j<sub>ba</sub>*—显性 × 加性效应值;*l*—显性 × 显性效应值; $\sigma^2p$ —群体表型方差; $\sigma^2mg$ —主基因方差; $h^2mg$ —主基因遗传率。

3 讨论

产量是多个性状共同作用的数量性状,生长环境和自身遗传都会影响产量<sup>[26]</sup>,对产量相关性状进行遗传分析可对高产育种提供理论依据,株高、分枝总数、主花序长度、角果长、主花序角果数、每角果粒数、全株角果数及千粒质量与产量密切相关,其中角果粒数、全株角果数和千粒质量尤为重要。这 8 个性状均属于典型的数量性状,受多个基因遗传控制,表型为数量上的连续变异<sup>[27]</sup>。分析产量相关性状的遗传规律,有助于更好地利用杂种优势进行品种的改良。盖钧铭等建立的植物数量性状遗传体系,为作物数量遗传的分析提供了有效的工具,已广泛用于多种作物<sup>[28]</sup>与蔬菜<sup>[29]</sup>的产量、品质等多种性状的遗传基础研究中。

本研究利用 R 软件包 SEA v2.0.1 对白菜型油

菜产量相关性状进行了数量遗传分析,得出了白菜型油菜产量相关性状的遗传模型和其作用方式。研究表明,白菜型油菜 8 个产量相关性状均符合 2 对主基因 + 多基因遗传模型,这与水稻<sup>[30]</sup>、小麦<sup>[31]</sup>和甘蓝型油菜<sup>[32-34]</sup>产量相关性状的研究结果一致,说明白菜型油菜产量性状的遗传也存在主基因效应。从主基因的遗传效应看,基本上均表现为加性效应,都为正向效应,并且存在显性效应和上位性效应,说明白菜型油菜产量性状主要受加性效应遗传。从主基因遗传率来看,本次试验中,株高、分枝总数、主花序角果数、每角果粒数和全株角果数的遗传率较高,在育种实践中可以在早代中进行选择,为高产育种群体进行改良。其中株高和每角果粒数的遗传较为稳定,受环境影响较小;角果长和主花序长度主基因遗传率较小,受环境影响较大,至于多基因方差和遗传率,该模型没能给出有效的

估计,分析原因可能是所有群体较为单一。

## 4 结论

本研究结果表明,白菜型油菜株高和主花序长度的最适模型为 2MG - AD,主基因遗传率分别为 97.04% 和 39.71%。分枝总数、主花序角果数、角果长、全株角果数和千粒质量的最适模型为 2MG - ADI,遗传率分别为 74.27%、78.92%、20.25%、73.59% 和 47.47%。每角果粒数的最适模型为 2MG - EA,主基因遗传率为 83.12%。

## 参考文献:

- [1] 王汉中. 我国油菜产需形势分析及产业发展对策[J]. 中国油料作物学报,2007,29(1):101-105.
- [2] 张冬晓. 我国油菜生产的发展与展望[J]. 中国油料作物学报,2001,23(4):79-81.
- [3] 殷艳,廖星,余波,等. 我国油菜生产区域布局演变和成因分析[J]. 中国油料作物学报,2010,32(1):147-151.
- [4] Charlesworth D. Why do plants produce so many more ovules than seeds? [J]. Nature,1989,338(6210):21-22.
- [5] 严莉. 甘蓝型油菜千粒质量位点 qSW. C9 的候选基因分析[D]. 武汉:华中农业大学,2017.
- [6] Leon J. The Importance of crop physiology for the breeding of oilseed rape[J]. Fat Sci Technol,1993,95:283-287.
- [7] 刘后利. 油菜遗传育种学[M]. 北京:中国农业大学出版社,2000.
- [8] 李秀萍,刘青元,杜德志,等. 青海省白菜型春油菜的主要特性[J]. 青海农林科技,1995(1):39-40,10.
- [9] 徐亮,唐国永,杜德志. 我国双低油菜多功能利用及青海省发展潜力分析[J]. 青海大学学报,2019,37(3):41-48.
- [10] 杜德志,肖麓,赵志,等. 我国春油菜遗传育种研究进展[J]. 中国油料作物学报,2018,40(5):633-639.
- [11] Lamkey K R, Lee M. Quantitative genetics, molecular markers and plant improvement [C]//Imrie B C, Hacker J B. Focused plant improvement: Towards responsible and sustainable agriculture. 10th Australian Plant Breeding Conference, Gold Coast. 1993:18-23.
- [12] Beche E, Benin G, da Silva C L, et al. Genetic gain in yield and changes associated with physiological traits in Brazilian wheat during the 20th century [J]. European Journal of Agronomy, 2014, 61: 49-59.
- [13] 解松峰,吉万全,王长有,等. 小麦穗部性状的主基因+多基因混合遗传模型分析[J]. 中国农业科学,2019,52(24):4437-4452.
- [14] 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,2003:96-102.
- [15] 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.
- [16] 解松峰,吉万全,王长有,等. 小麦穗部性状的主基因+多基因混合遗传模型分析[J]. 中国农业科学,2019,52(24):4437-4452.
- [17] 栗亚静,进茜宁,李静,等. 玉米籽粒淀粉含量主基因+多基因混合遗传模型分析[J]. 江苏农业科学,2017,45(16):60-63.
- [18] 苏展,程海涛,郭玉华,等. 水稻 DH 群体盐胁迫下苗高的主基因+多基因混合模型遗传分析[J]. 华北农学报,2011,26(3):210-213.
- [19] 李延玲,白晓倩,于澎湃,等. 高粱株型性状数量遗传分析[J]. 华北农学报,2018,33(1):143-149.
- [20] 赵桂云,王继安,李文滨,等. 大豆抗食心虫主基因+多基因混合遗传模型的五世代联合分析[J]. 大豆科学,2014,33(3):301-304.
- [21] 刘华,秦利,张新友,等. 基于花生种间杂交遗传群体的脂肪及脂肪酸含量的遗传模型分析[J]. 中国油料作物学报,2016,38(2):172-178.
- [22] 刘霞,张冰冰,马兵,等. 甘蓝型油菜株高及其相关性状的主基因+多基因遗传分析[J]. 西北农业学报,2018,27(4):528-536.
- [23] 李军庆,崔翠,陈雪峰,等. 油菜半矮秆新种质 10D130 株高主基因+多基因遗传模型分析[J]. 植物遗传资源学报,2013,14(4):641-646.
- [24] 伍晓明,陈碧云,陆光远,等. 油菜种质资源描述规范和数据标准[M]. 北京:中国农业出版社,2007.
- [25] 王靖天,张亚雯,杜应雯,等. 数量性状主基因+多基因混合遗传分析 R 软件包 SEA v2.0 [J]. 作物学报,2022,48(6):1416-1424.
- [26] 张秋芝,郝玉兰,南张杰,等. 玉米杂交种的产量比较及主要农艺性状的相关和通径分析[J]. 北京农学院学报,2005,20(4):33-39.
- [27] 孔繁玲. 植物数量遗传学[M]. 北京:中国农业大学出版社,2006.
- [28] 张中伟,杨海龙,付俊,等. 玉米穗轴粗性状的主基因+多基因遗传分析[J]. 中国种业,2022(4):94-97.
- [29] 李琼,梁晓雪,李文龙,等. 甜瓜幼苗下胚轴长度多世代联合遗传分析[J]. 中国瓜菜,2021,34(8):26-31.
- [30] 刘金波,徐波,李建红,等. 水稻株高和每穗颖花数的 6 个世代联合遗传分析[J]. 华北农学报,2017,32(增刊1):88-94.
- [31] 解松峰,吉万全,张耀元,等. 小麦重要产量性状的主基因+多基因混合遗传分析[J]. 作物学报,2020,46(3):365-384.
- [32] 张书芬,傅廷栋,朱家成,等. 甘蓝型油菜产量及其构成因素的 QTL 定位与分析[J]. 作物学报,2006,32(8):1135-1142.
- [33] 周清元,崔翠,阴涛,等. 甘蓝型油菜角果长度的主基因+多基因混合遗传模型[J]. 作物学报,2014,40(8):1493-1500.
- [34] 张冰冰. 甘蓝型油菜开花时间的遗传及株高和开花时间的 QTL 定位[D]. 杨凌:西北农林科技大学,2019.