

# 长脖黄 × 大叶密合重组自交系群体主要农艺性状遗传分析

李海洋<sup>1</sup>, 李荣华<sup>1</sup>, 赖瑞强<sup>1</sup>, 吕永华<sup>2</sup>, 夏岩石<sup>1</sup>, 张振臣<sup>3</sup>, 郭培国<sup>1\*</sup>

(1. 广州大学生命科学学院, 广州 510006 2. 广东省烟草专卖局, 广州 510610 3. 广东省农业科学院作物研究所, 广州 510640)

**摘要:** 了解烟草重要农艺性状的遗传变异可为烟草育种提供基础。本研究利用烟草品种“大叶密合”和“长脖黄”作亲本建立的重组自交系 RILs (F<sub>6</sub>) 群体为材料, 对株高、节距、叶片数、最大叶叶宽、最大叶叶长、最大叶叶重和茎围等 7 个农艺性状进行方差分析、相关性分析、遗传力以及遗传模型分析。结果表明, 7 个性状在重组自交系群体中连续变异, 变异范围在 10.8%~25.6%, 存在双向超亲分离现象, 除了最大叶叶长外, 都符合正态分布。由各性状之间相关分析得出, 21 对性状中 18 对达到显著或极显著水平, 且均是正相关, 其中有 4 对性状的相关系数大于 0.5。7 个性状的广义遗传力依次为: 茎围>最大叶叶宽>节距>株高>叶片数>最大叶叶重>最大叶叶长, 同时具有较高的相对遗传进度。主基因+多基因混合遗传模型分析表明, 叶片数、最大叶叶宽和最大叶叶长分别符合 2 对隐性上位主基因遗传模型、3 对独立完全等加性主基因遗传模型和 4 对加性上位主基因遗传模型。株高、节距、最大叶叶重和茎围等 4 个性状均受 2 对主基因+多基因控制, 其中株高和最大叶叶重的主基因作用方式都为抑制作用, 而节距和茎围都为显性上位。研究说明基于永久性的重组自交系群体, 可解析重要农艺性状的遗传变异规律, 为烟草育种提供理论基础。

**关键词:** 烟草; 重组自交系; 农艺性状; 遗传分析

中图分类号: S572.03

文章编号: 1007-5119(2017)05-0039-06

DOI: 10.13496/j.issn.1007-5119.2017.05.007

## Genetic Analysis of Important Agronomic Traits in Recombinant Inbred Lines of ‘Changbohuang’×‘Dayemihe’

LI Haiyang<sup>1</sup>, LI Ronghua<sup>1</sup>, LAI Ruiqiang<sup>1</sup>, LÜ Yonghua<sup>2</sup>, XIA Yanshi<sup>1</sup>, ZHANG Zhenchen<sup>3</sup>, GUO Peiguo<sup>1\*</sup>

(1. College of Life Sciences, Guangzhou University, Guangzhou 510006, Guangdong, China; 2. Guangdong Tobacco Monopoly Administration, Guangzhou 510610, Guangdong, China; 3. Crop Research Institute, Guangdong Academy of Agricultural Sciences, Guangzhou 510640, Guangdong, China)

**Abstract:** Understanding the genetic variation of important agronomic traits could be beneficial for tobacco breeding. In this study, the recombinant inbred lines (RILs) population derived from the cross of “Dayemihe” and “Changbohuang” were used for analysis of variance, correlation, heritability and genetic model on some agronomic traits including plant height, pitch, leaf number, the width of the largest leaf, the length of the largest leaf, the weight of the largest leaf, and stem girth. The results showed that seven traits showed continuous variation in RILs, with the variation ranging from 10.8%-25.6%. The transgressive segregation on both sides was observed and the frequency of all traits except the length of the largest leaf was normally distributed. According to correlation analysis between each trait in RILs, among 21 pairs of traits, 18 showed significant or extremely significant positive correlations. Among them, correlation coefficients of four pairs of traits were more than 0.5. The broad-sense heritability of seven agronomic traits was listed from high to low as follows: stem girth, the width of the largest leaf, pitch, plant height, leaf number, the weight of the largest leaf, the length of the largest leaf. All have high relative genetic progress. The analysis of mixed major gene plus polygene inheritance models showed that leaf number, the width of the largest leaf and the length of the largest leaf respectively accord with two pairs epistatic recessive major genes, three pairs completely equal additive major genes and 4 pairs epistatic additive major genes. Plant height, pitch, the weight of the largest leaf and stem girth were controlled by two major genes plus polygenes. The genetic effects of major genes in plant height and the weight of the largest leaf were inhibition, while pitch and stem girth are epistatic dominance. The study shows that the genetic variation of important agronomic traits can be dissected based on the permanent recombinant inbred lines, providing the theoretical foundation for tobacco breeding.

**Keywords:** tobacco; RIL; agronomic traits; genetic analysis

基金项目: 广东省烟草专卖局科技计划资助项目“连锁与连锁不平衡联合作图技术在烟草青枯病抗性育种上的应用”(201201),

“烟草抗青枯病及分子标记辅助选择研究”(201403)

作者简介: 李海洋(1992-), 男, 在读研究生, 研究方向为烟草生物学。E-mail: 1026304756@qq.com。\*通信作者, E-mail: guopg@gzhu.edu.cn

收稿日期: 2017-03-08

修回日期: 2017-06-04

烟草是我国的一种特殊的经济作物，在国民经济中占有重要的地位。前人研究表明，烟草的农艺性状如株高、叶片数、叶长、叶宽等与烟草的产量、品质等存在显著相关性，是烟草品种选育中评价和筛选的重要目标性状<sup>[1-2]</sup>。因此，研究这些重要农艺性状，了解其遗传机理，对其进行有效的选择有助于提高烟草的育种效率。

目前，国内外业已报道了一些有关烟草主要农艺性状的相关性和遗传规律的研究，研究方法主要包括遗传力分析<sup>[3-4]</sup>、配合力分析<sup>[5-7]</sup>、相关分析<sup>[8]</sup>、通径分析<sup>[9]</sup>和主基因+多基因混合遗传模型<sup>[10-11]</sup>等，但这些研究所利用的材料多为杂交F<sub>2</sub>代或BC等非永久性群体，而重组自交系或加倍单倍体（DH）等永久性群体材料的农艺性状遗传研究鲜有报道；由于重组自交系群体可以在很大程度上消除遗传背景的干扰，能较为准确地反映后代家系间农艺性状的关系<sup>[12-13]</sup>，有利于对重要性状进行遗传分析。据此，本研究以在农艺性状上具有明显差异的烤烟品种“长脖黄”和晒烟品种“大叶密合”作为亲本，构建出稳定的重组自交系群体，在此基础上研究和探讨一些重要农艺性状的遗传变异及其相关性，并分析各农艺性状的遗传模型，为开展这些性状的基因定位和提高育种效率奠定基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

供试材料为烤烟品种“长脖黄”、晒烟品种“大叶密合”以及两品种杂交后代F<sub>1</sub>通过单粒传法建立的158个F<sub>6</sub>重组自交系（RIL）群体，这些材料由广东省农业科学院作物研究所提供。

### 1.2 方法

2015年12月播种，2016年3月移栽至广东省农业科学院白云区试验基地。田间试验采用随机区组设计，每个品种或株系种植30株，设置两次重复。按照常规烟草栽培管理，在其适宜的生长期调查相关的农艺性状。调查性状包括最大叶叶长、最大叶叶宽、株高、茎围、最大叶叶重、叶片数、节距等，各农艺性状测量标准参照国家标准YC/T 142—1998执行<sup>[14]</sup>。利用SPSS软件中的方差分析、相关性分析<sup>[15]</sup>对各性状数据进行统计分析。应用盖钧镒<sup>[16]</sup>、章元明<sup>[17-18]</sup>提出的植物数量性状主基因+多基因混合遗传模型分离分析方法对7个性状进行分析，通过IECM算法估计各遗传模型的极大似然函数值和AIC值，根据AIC值结合适应性检验选择最优遗传模型，并依据最优模型的各成分分布参数，进而估计主基因和多基因效应值、方差等相关遗传参数。

## 2 结果

### 2.1 亲本及RIL群体主要农艺性状的分析

RIL群体及其双亲的7个农艺性状数据见表1。方差分析表明，7个农艺性状在双亲之间，除了最大叶叶长和叶片数未达到显著差异之外，其余5个性状均达到了极显著差异；在RIL群体中，也均存着一定的差异，变异程度因性状不同而异，其中变异系数最大是最大叶叶重，达到26.5%，变幅为6.5~50.2g；最小的为最大叶叶长，达10.8%，变幅为28.3~62.2cm。表明控制这些性状的基因数量和效应较为复杂。同时，在RIL群体中最大叶叶长、叶片数的平均值高于高值亲本，存在正向超亲现象。

表1 亲本和重组自交系群体主要农艺性状的表现与分布

Table 1 Performance and distributions of agronomic traits in the RIL population and the parents

性状	亲本			重组自交系				
	长脖黄	大叶密合	F值	均值	变异系数/%	变异范围	偏度	峰度
叶片数	14.2	15.2	0.51	16.1	14.4	9~24	0.064	0.945
最大叶叶重/g	21.5	33.1	101.73**	31.1	26.5	6.5~50.2	0.141	0.759
最大叶叶长/cm	44.9	42.9	3.75	48.3	10.8	28.3~62.2	-0.863	1.647
最大叶叶宽/cm	15.2	28.7	77.82**	22.3	17.2	9.3~32.3	-0.471	0.881
株高/cm	60.9	90.4	121.32**	84.1	25.3	24.0~138.3	-0.122	0.197
茎围/cm	6.2	8.4	65.36**	7.3	16.2	3.9~9.7	-0.501	-0.122
节距/cm	4.5	6.1	52.63**	5.9	18.5	1.9~7.0	-0.592	0.58

注：\*表示0.05水平差异显著，\*\*表示0.01水平差异极显著。

根据农艺性状的变异程度,有望在群体后代中筛选出农艺性状表现好的材料。

### 2.2 RIL 群体中各农艺性状的分布特征

基于 RIL 群体中各农艺性状的平均值,利用二次数分布图直观地展现这些性状的分布特征(图 1)。

频次图表明,RIL 群体中各性状呈现出连续变异,且存在不同程度的双向超亲现象,除了最大叶叶长外,其他性状的偏度和峰度均小于 1,符合正态分布,属于数量性状的典型特征,表明这些性状受微效多基因控制<sup>[19]</sup>。

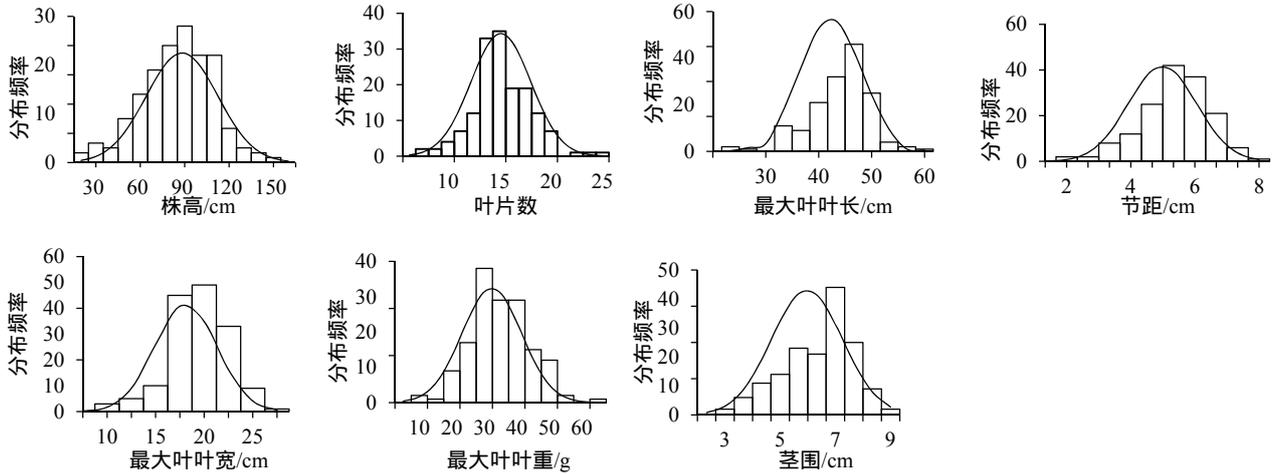


图 1 各农艺性状在重组自交系中的分布

Fig. 1 Frequency distribution of agronomic traits in the recombinant inbred lines

### 2.3 重组自交系群体主要农艺性状的相关分析

利用 SPSS 软件对重组自交系群体的 7 个主要农艺性状进行分析(表 2),结果表明性状之间具有复杂的相关关系。21 对性状中有 18 对达到显著或极显著相关水平,且均是正相关;只有 3 对性状相关不显著,其中相关系数达到 0.5 以上的有 4 对,即株高与节距( $r=0.812, p=0.025$ )、最大叶叶重与最大叶叶宽( $r=0.799, p=0.006$ )、最大叶叶重与最大叶叶长( $r=0.744, p=0.001$ )和株高与叶片数( $r=0.699, p=0.003$ )。从这些性状间的相关性结果可以看出,株高与 6 个性状(叶片数、最大叶叶长、最大叶叶宽、茎围、节距、最大叶叶重),叶片数与 3 个性状(节距、最大叶叶长、茎围),最大叶叶长与 3 个性状(最大叶叶宽、最大叶叶重、茎围),最大叶叶宽与 3 个性状(节距、最大叶叶重、茎围),最大叶叶重与茎围之间均呈极显著正相关;节距与最大叶叶重、茎围之间呈显著正相关;而最大叶叶长与节距,叶片数与最大叶叶宽、最大叶叶重之间的相关性没有达到显著水平。以上性状之间复杂的相关性表明在选育烟草品种时需要综合考虑这些

性状,同时仅通过表型相关分析无法确定它们之间的遗传关系。

表 2 RIL 群体中农艺性状之间的相关分析

Table 2 Correlation coefficients of agronomic traits in the RIL population.

性状	株高	叶片数	节距	茎围	最大叶叶长	最大叶叶宽
叶片数	0.669**					
节距	0.812**	0.163**				
茎围	0.351**	0.408**	0.144*			
最大叶叶长	0.274**	0.316**	0.111	0.375**		
最大叶叶宽	0.281**	0.011	0.339**	0.222**	0.374**	
最大叶叶重	0.206**	0.128	0.145*	0.336**	0.744**	0.799**

注: \*和\*\*分别表示相关性在  $\alpha=0.05$  和 0.01 水平上显著。

### 2.4 重组自交系群体主要农艺性状遗传变异规律

采用 SPSS 软件对 RIL 群体中 7 个性状进行分析(表 3),结果表明这些性状的广义遗传力均大于 80%,属于高度遗传力,表明这些性状不易受环境的影响。通过表型进行评估可靠性较高,直接选择效率较高。在遗传变异系数方面,参考马育华<sup>[20]</sup>的分类标准,茎围、最大叶叶宽、株高、叶片数、最大叶叶重为遗传变异较高的性状,而节距和最大叶叶长表现为中等遗传变异,同时这些性状伴随着

较高相对遗传进度,更能说明该群体的农艺性状具有较大遗传改良潜力,有望通过这些性状提高产量<sup>[21]</sup>。

表3 RIL 群体中农艺性状的遗传参数

Table 3 Genetic parameters of agronomic traits in the RIL population

性状	遗传方差	环境方差	遗传变异系数/%	广义遗传力/%	相对遗传进度/%
茎围	4.01	0.57	27.87	87.59	57.73
最大叶叶宽	28.09	4.05	23.73	85.01	45.04
株高	432.97	84.42	24.91	83.68	46.74
节距	1.21	0.22	18.41	84.81	34.92
叶片数	18.03	4.15	26.34	81.28	48.91
最大叶叶长	27.83	6.87	10.91	80.21	20.12
最大叶叶重	68.28	15.97	26.61	81.04	49.34

注:以5%选择率时(选择强度 $K=2.06$ )估算。

## 2.5 最优遗传模型的选择及遗传参数估计

利用 RIL 群体主基因+多基因混合遗传模型对 RIL 群体的 7 个农艺性状进行分析,根据 AIC 值和适合性检验选择各个性状的最优模型,进而利用最优模型的分布参数估算各性状的遗传参数(表 4)。从分析结果可知,茎围和节距的最优模型均为 MX-Dominance I (E-1-4),表现为 2 对显性上位的主基因+多基因混合遗传模型,其中茎围 2 个主基因的加性效应值分别为 0.806 5 和-0.655 6,主基因的遗传率为 64.77%,多基因遗传率为 22.01%;节距 2 个主基因的加性效应值分别为 0.478 8 和-0.557 8,

主基因和多基因的遗传率相差不大,分别为 41.12% 和 47.77%。最大叶叶重的最优模型为 3MG-CEA (F-3),即 3 对独立完全等加性的主基因遗传模型,无多基因效应,3 个主基因的加性效应值都为-1.945 5,主基因的遗传率为 66.19%。株高和最大叶叶重均表现为 2 对抑制作用主基因+多基因混合遗传模型 (MX2-Inhibiting-A) 两基因间的互作效应值分别为-5.706 6 和-2.379 1,株高和最大叶叶重的主基因遗传率和多基因遗传率相差都较大,分别为 6.17%、60.61%;89.66%、6.5%。叶片数和最大叶叶长的最优模型分别为 2MG-RecessiveI (B-1-5) 和 4MG-AI (H-1),即 2 对隐性上位的主基因模型和 4 对加性上位的主基因模型,均无多基因效应。叶片数最优模型的 2 个主基因的加性效应值分别为 0.191 4 和-1.477 6,主基因遗传率为 21.75%,最大叶叶重最优模型的 4 个主基因的加性效应值分别为 3.449 1、1.378 5、0.275 6 和 0.588 7,两两主基因间的互作效应值依次为-3.500 9、-1.121 6、-1.456 2、-2.211 9、-1.277 4 和-0.980 8,均为负向互作,主基因的遗传率为 90.39%。以上结果表明 RIL 群体中 7 个性状均表现出主基因控制,并具有较高的遗传率,可以对这些农艺性状进行进一步的 QTL 定位。

表4 RIL 群体中 7 个农艺性状的最优模型及遗传参数估计

Table 4 The optimum models and estimates of genetic parameter on 7 agronomic traits in RIL population

项目	茎围	最大叶叶宽	株高	节距	叶片数	最大叶叶长	最大叶叶重
	E-1-4	F-3	E-1-9	E-1-4	B-1-5	H-1	E-1-9
	MX2-DominanceI	3MG-CEA	MX2-Inhibiting-A	MX2-DominanceI	2MG-RecessiveI	4MG-AI	MX2-Inhibiting-A
$M$	7.095 3	22.009 4	81.186 6	5.107 9	16.063 5	47.949 6	29.701 8
$d_a$	0.806 5	-1.945 5	—	0.478 8	0.191 4	3.449 1	—
$d_b$	-0.655 6	-1.945 5	—	-0.557 8	-1.477 6	1.378 5	—
$d_c$	—	-1.945 5	—	—	—	0.275 6	—
$d_d$	—	—	—	—	—	0.588 7	—
$i_{ab}$	—	—	-5.706 6	—	—	-3.500 9	-2.379 1
$i_{ac}$	—	—	—	—	—	-1.121 6	—
$i_{ad}$	—	—	—	—	—	-1.456 2	—
$i_{bc}$	—	—	—	—	—	-2.211 9	—
$i_{bd}$	—	—	—	—	—	-1.277 4	—
$i_{cd}$	—	—	—	—	—	-0.980 8	—
$[d]$	-1.588 7	—	-14.9	-0.977 9	—	—	-5.733
$\sigma_{pg}^2$	0.280 5	—	410.678 7	0.438 1	—	—	60.339 2
$\sigma_{mg}^2$	0.825 4	9.758 3	27.945 6	0.377 1	1.173 8	24.479 1	4.376 9
$h_{pg}^2/\%$	22.01	—	60.61	47.77	—	—	6.5
$h_{mg}^2/\%$	64.77	66.19	6.17	41.12	21.75	90.39	89.66

注: $m$ ,群体均值; $d$ ,主基因加性效应值; $i$ ,互作效应值; $[d]$ ,多基因效应值; $\sigma_{pg}^2$ ,多基因方差; $\sigma_{mg}^2$ ,主基因方差; $h_{pg}^2$ ,多基因遗传率; $h_{mg}^2$ ,主基因遗传率。

## 2.6 优良株系的筛选

在烟草育种过程中,基于性状之间的相关性,常常根据各个性状的综合表现加以筛选,以达到优质、适产的目的。本研究根据该群体中各株系的综合性状表现,筛选出 6 份具有优良性状的株系(表 5)。这些株系中 7 个性状的平均值均大于群体的平均值,而且除了最大叶叶宽和节距的平均值介于双亲之间,株高、叶片数、最大叶叶长、最大叶叶重和茎围均超过双亲值,其中叶片数的超高亲百分率达到 26.31%。这些优良株系在育种中将有十分重要的利用价值。

## 3 讨 论

多数研究表明,烟草农艺性状属于数量性状,且易受环境影响,在对其研究时,应采用系间性状变异大、系内性状稳定的 RIL 群体。本研究中,构建 RIL 群体的两个亲本各性状间(除最大叶叶长、叶片数)具有很大的差异,并存在一定的互补性,适合烟草重组自交系的构建、筛选表型较好的株系。RIL 群体中各性状变异幅度较大,呈现连续分布,除了最大叶叶长外均呈正态分布,均符合受多基因控制数量性状的典型特征。研究还发现 RIL 群体中最大叶叶长和叶片数的平均值高于高值亲本,存在正向超亲优势,说明这些性状高值为显性,低值为隐性,表现为平均杂种优势;其他性状的平均值均介于双亲之间,表现为不完全显性,都不存在负向超亲优势。这一结果与李华丽<sup>[22]</sup>等利用烟草 F2:3 家系发现的超亲优势只有部分性状相符合,这可能是由于采用不同的亲本及不同的群体和环境造成的。

作物育种改良过程中,明确性状之间的相关性,

正确处理不同性状间的相关关系,综合考虑各性状,可以提高相关性状对目标性状的选择效率<sup>[19]</sup>。本研究结果表明 RIL 群体主要农艺性状之间具有复杂的相关关系,其中株高、叶片数、最大叶叶长、最大叶叶重和最大叶叶宽等性状之间呈现出显著正相关。PANDEYA 等<sup>[23]</sup>和 LALITHA 等<sup>[8]</sup>发现产量与叶片数、株高、叶宽有较高的正相关,牛佩兰等<sup>[24]</sup>也发现产量与株高、茎围、叶片数和最大叶叶长相关。因此在烟草育种中,可以充分运用性状间的相关性,实现对目标性状的间接选择。

遗传力是指亲代传递其遗传特性的能力,体现遗传因素对表型性状的影响程度;因此,对遗传力大的性状,可以进行早期选择<sup>[25]</sup>。本试验对 RIL 群体的 7 个农艺性状遗传力的研究表明,各个农艺性状的遗传力较高,说明性状的表型受环境的影响较小,这一结果与许健等<sup>[26]</sup>利用 6 个烤烟品种进行配合力分析时所得的结果一致。另外,有研究表明广义遗传力只能表明表型与基因型的相符程度大小,如果同时伴随着较高的相对遗传进度,则表明表型性状用于选择的潜力较高<sup>[27]</sup>。本研究 RIL 群体的 7 个性状除了节距和最大叶叶长外,都同时具有较高的遗传力和遗传进度;因此,在烟草目标性状的育种中,对这些性状进行早期选择,有望提高育种效率。最近几年,随着 QTL 定位成为研究热点,在定位之前分析目标性状的遗传模型,能使定位具有明确的方向性,也可以校验 QTL 定位所揭示的性状遗传组成。本研究对利用主基因+多基因混合遗传模型分离分析方法对 7 个农艺性状进行遗传模型分析,结果表明各性状具有复杂的遗传规律。其中叶片数、最大叶叶宽和最大叶叶长分别表现为 2 对隐性上位的主基因模型、3 对独立完全等加性的主

表 5 RIL 群体中优良株系的农艺性状

Table 5 Agronomic traits of elite lines in the RIL population

株系	株高/cm	叶片数	节距/cm	茎围/cm	最大叶叶长/cm	最大叶叶宽/cm	最大叶叶重/g
1	118.3	20	5.9	8.6	50.6	32.3	44.7
5	110.0	19	5.8	7.8	51.6	24.6	36.7
32	105.8	19	5.2	8.8	51.4	27.1	43.32
59	96.20	20	4.8	8.6	49.8	26.8	37.79
63	110.0	19	5.7	8.1	53.4	26.8	36.65
84	114.6	20	5.7	9.2	53.9	28.2	42.1
平均值	109.1	19	5.5	8.5	51.7	27.8	40.2
超高率/%	20.74	26.31	-9.56	1.38	15.33	-3.7	21.59

基因模型和 4 对加性上位的主基因模型,且不存在多基因效应,这与张兴伟等<sup>[11]</sup>对叶片数的遗传模型研究不一致,可能是因为采用不同的烟草群体和分析方法。株高、最大叶叶重、节距和茎围表现为 2 对主基因+多基因混合遗传模型,性状中 2 对主基因间的效应不同,并存在多基因效应,株高和节距的多基因遗传率占了很大的比重,多基因效应发挥重要的作用。王日新等<sup>[10]</sup>利用植物数量性状主基因+多基因多世代联合分析方法对株高进行遗传分析,发现株高符合 2 对加性-显性-上位性主基因+加性-显性多基因混合遗传模型,与本研究发现的株高遗传模型虽然都是两个主基因+多基因的遗传方式,但遗传效应有所不同。综上所述,对烟草目标性状进行育种时,应根据目标性状的遗传规律,制订相应的育种策略,提高育种效率。

致谢:南京农业大学章元明教授为研究提供 RIL 群体主基因+多基因混合遗传模型的分析软件。

#### 参考文献

- [1] 肖炳光,朱军,卢秀萍,等. 烤烟主要农艺性状的遗传与相关分析[J]. 遗传, 2006, 28(3): 317-323.
- [2] 戴培刚,罗成刚,唐义芝,等. 晒晾烟重要农艺性状遗传分析[J]. 植物遗传资源学报, 2014, 15(2): 441-446.
- [3] 巫升鑫,潘建菁,彭怀俊,等. 烤烟若干农艺性状的杂种优势及其遗传分析[J]. 中国烟草学报, 2001, 7(4): 19-24.
- [4] 李全鑫,刘仁祥,丁飞,等. 烤烟自育种质 GDH88 的遗传力及杂种优势分析[J]. 中国烟草科学, 2013, 34(3): 31-35.
- [5] 陈顺辉,巫升鑫,倪金应,等. 烤烟主要数量性状的配合力研究[J]. 中国烟草学报, 2004, 10(3): 29-32.
- [6] BUTORAC J. Heterosis and combining ability of certain chemical traits in burley tobacco[J]. Rostlinna výroba, 2000, 46(5): 219-224.
- [7] 徐航,刘仁祥,徐如宏,等. 烤烟主要农艺性状的遗传分析[J]. 中国烟草科学, 2013, 34(5): 62-66.
- [8] LALITHA D D, LAKSHMINARAYANA R, ATLURI J B. Genetic variability and correlation studies on seed and other quantitative characters in *Nicotiana tabacum* L.[J]. Tobacco research, 2002, 28(2): 90-96.
- [9] 蒋予恩,艾树理,王秀蓉. 烤烟主要经济性状的相关和通径分析[J]. 中国烟草, 1984(3): 25-28.
- [10] 王日新,任民,张兴伟,等. 普通烟草栽培种内株高性状的加多基因遗传分析[J]. 中国烟草科学, 2009, 30(2): 15-20.
- [11] 张兴伟,王志德,任民,等. 烤烟几个重要植物学性状的遗传分析[J]. 中国烟草科学, 2012, 33(5): 1-8.
- [12] 王新宁,杜旭烨,李斌,等. 察雅折达 29×偃展 1 号重组自交系群体主要农艺性状遗传分析[J]. 山东农业科学, 2010(7): 17-19.
- [13] 王变银,杜旭烨,翟军,等. 大拇指矮×偃展 1 号重组自交系群体主要农艺性状遗传分析[J]. 山东农业科学, 2011(8): 18-20.
- [14] 国家烟草专卖局. YC/T 142—1998 中华人民共和国烟草行业标准-烟草农艺性状调查方法[S]. 北京: 中国标准出版社, 1998.
- [15] 刘念析,李穆,李秀平,等. 大豆主要农艺性状间的相关性分析[J]. 大豆科学, 2013, 32(4): 570-572.
- [16] 盖钧镒,章元明,王建康. 植物数量性状遗传体系[M]. 北京: 科学出版社, 2003: 120-126.
- [17] 章元明,盖钧镒. 利用 DH 或 RIL 群体检测 QTL 体系并估计其遗传效应[J]. 遗传学报, 2000, 27(7): 634-640.
- [18] 章元明,盖钧镒,王永军. 利用 P1、P2 和 DH 或 RIL 群体联合分离分析的拓展[J]. 遗传, 2001, 23(5): 467-470.
- [19] 郭龙彪,罗利军,钟代斌,等. 粳交重组自交系群体主要农艺性状分析[J]. 中国水稻科学, 2001, 15(3): 62-65.
- [20] 马育华. 田间试验和统计方法[M]. 北京: 中国农业出版社, 1999: 91-125.
- [21] 高维维,陈立凯,胡朝旭,等. 基于粳交重组自交系的水稻籽粒性状的遗传变异研究[J]. 西北农业学报, 2016, 25(7): 979-988.
- [22] 李华丽,陈美霞,阮奇城,等. 烟草 F(2:3) 家系 7 个主要产量性状的遗传变异分析[J]. 中国农学通报, 2011, 27(16): 94-98.
- [23] PANDEYA R S, DIRKS V A, POUSSHINSKY G. Quantitative genetic studies in flue-cured tobacco (*Nicotiana tabacum*)[J]. Agronomic characters. Canadian journal of genetics and cytology, 1983, 25(2): 336-345.
- [24] 牛佩兰,刘洪祥,刘伟. 烤烟几个主要数量性状相关遗传力的初步研究[J]. 中国烟草, 1984, 6(4): 4-5.
- [25] 杨创业,吴丹阳,王庆恒,等. 马氏珠母贝生长性状遗传力估计[J]. 中国农学通报, 2015, 31(23): 25-29.
- [26] 许健,杨德,张锦伟. 烤烟亲本配合力的双列杂交分析[J]. 烟草科技, 2004(1): 29-32.
- [27] 曹海潮,谢甫缙,张惠君,等. 大豆远缘杂交 F2 代农艺性状的遗传规律研究[J]. 大豆科学, 2008, 27(4): 576-580.