

萝卜优异种质对芜菁花叶病毒抗性的遗传分析

李红双, 李锡香, 沈 楠, 杨宇红, 邱 杨, 王海平, 龚慧芝

(中国农业科学院蔬菜花卉研究所, 北京 100081)

摘要:为了深入认识萝卜优异种质对芜菁花叶病毒(TuMV)的抗性遗传机制,本研究以高抗 TuMV 的自交系 Q07-12(P_1)和高感自交系 KB07-10(P_2)为亲本,构建了包括 P_1 、 P_2 、 F_1 、 B_1 、 B_2 及 F_2 的 6 个群体,采用数量性状主基因+多基因混合遗传的六世代联合分析法,对其抗性遗传规律进行了研究。结果表明,萝卜对 TuMV 的抗性受两对主基因控制,并符合“加性-显性-上位性主基因+加性-显性-上位性多基因”模型,其中主基因遗传率在 B_1 、 B_2 及 F_2 群体中分别为 89%、55% 和 95%,多基因的遗传率分别为 0.40、9% 和 0,环境因素对抗性强弱的影响较小。此结果表明了该优异种质在萝卜抗病毒遗传改良中的利用价值,为萝卜抗病育种和抗病基因的挖掘提供了理论依据。

关键词:萝卜;TuMV;抗病性;遗传分析

Genetic Analysis of the Resistance to TuMV in Elite Radish Germplasm

LI Hong-shuang, LI Xi-xiang, SHEN Di, YANG Yu-hong, QIU Yang, WANG Hai-ping, GONG Hui-zhi

(Institute of Vegetables and Flowers, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081)

Abstract: In order to further understand the genetic mechanism on the resistance to turnip mosaic virus (TuMV) in elite radish germplasm, the inheritance was analyzed by applying the joint segregation analysis of a mixed genetic model of major gene plus polygene in six generations (P_1 , P_2 , F_1 , B_1 , B_2 and F_2) from the cross between highly resistant inbred line Q07-12 (P_1) and highly susceptible line KB07-10 (P_2). The inheritance of resistance to TuMV was fitted by the two major genes plus polygenes mixed model (E model). In B_1 , B_2 and F_2 populations, the estimated heritability of major genes were 89%, 55% and 95%, respectively. The heritability of polygenes were 0.40, 9% and 0 respectively. The environmental factors had small effect on the resistance to TuMV in radish. These results indicate that the elite resistant radish germplasm is of value in radish genetic improvement, and provide the genetic basis for improving the efficiency of breeding for TuMV-resistance.

Key words: Radish; TuMV; Resistance; Genetic analysis

病毒病是一类广泛发生并危害十字花科蔬菜作物的世界性病害。在中国,病毒病严重影响十字花科蔬菜的产量和品质,每年导致减产 20%~30%。危害十字花科蔬菜作物的病毒病原主要有芜菁花叶病毒(TuMV)、黄瓜花叶病毒(CMV)和萝卜耳突花叶病毒(REMV),其中 TuMV 与其他病毒复合侵染占 54%、单独侵染占 32%,研究表明 TuMV 是危害萝卜的主要病原之一^[1-3]。

有关对 TuMV 抗性遗传规律的研究在十字花科

蔬菜作物中已有报道。其中多采用经典数量遗传学中的单世代分析法或六世代平均数分析方法。王超等^[4]选用 4 个甘蓝高代自交系,采用 Griffing 双列杂交法,分析表明甘蓝对 TuMV 的抗性表现为完全显性,受两对独立的显性基因控制。曹光亮等^[5]通过完全双列杂交法对 3 份不结球白菜抗源进行了抗 TuMV 遗传研究,表明其对 TuMV 的抗性表现为不完全显性,且存在一定的细胞质遗传。魏毓棠等^[6]通过配合力分析法,表明大白菜对 TuMV 的抗性遗传

收稿日期:2009-03-20

修回日期:2009-05-13

基金项目:国家科技支撑计划(2006BAD13B06、2008BADB1B03)

作者简介:李红双,博士,主要从事蔬菜种质资源与分子生物学研究。E-mail:zhixi18@tom.com

通讯作者:李锡香,研究员,主要从事蔬菜种质资源与分子生物学研究。E-mail:lee0612@sina.com

传属于数量性状,表现为不完全隐性,至少受 4 对以上微效基因控制。Yoon 等^[7]选用大白菜抗 TuMV 自交系 0-2,通过六世代平均数分析法研究表明,其对 TuMV 的抗性受 2 个隐性基因控制。黄祖仪^[8]通过单一世代分析认为萝卜对 TuMV 的抗性属于数量性状遗传,符合加性-显性模型,以加性效应为主。显然,在不同作物中,采用不同的抗源和应用不同的分析方法,所揭示出的十字花科蔬菜对 TuMV 抗性遗传规律不尽相同。

本研究采用植物数量性状主基因+多基因混合遗传的六世代联合分析方法^[9-10],对我国萝卜特有抗源对 TuMV 的抗性进行遗传解析,以进一步明确萝卜特异抗源对 TuMV 的抗性遗传机制,为萝卜抗 TuMV 优质基因源的挖掘、种质资源创新和持久抗病育种提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

试验所用萝卜材料为高抗 TuMV 的自交系 Q07-12 和高感自交系 KB07-10。Q07-12 易抽薹,茎秆多刺毛,花色淡紫色,叶面无皱缩,叶缘齿状深裂,叶尖尖形,叶面有刺毛,叶型羽叶,叶色深绿色。KB07-10 耐抽薹,茎秆光滑无刺毛,花色紫色,叶面皱缩,叶缘波状浅裂,叶尖圆形,叶面无刺毛,叶型板叶,叶色浅绿。上述材料由中国农业科学院蔬菜花卉研究所种质资源研究室经 5~6 代自交纯化获得,其抗、感特性稳定。TuMV 株系为经过纯化鉴定的北京地区主流株系 C₄,由中国农业科学院蔬菜花卉研究所植物病理研究室提供。

1.2 方法

1.2.1 群体构建

2007 年 1-12 月,将萝卜高抗自交系 Q07-12 (P₁)与高感自交系 KB07-10 (P₂)种植于中国农业科学院蔬菜花卉研究所试验温室内,二者进行杂交获得 F₁,二亲本分别与 F₁ 回交获得 B₁ (F₁ × P₁), B₂ (F₁ × P₂), F₁ 自交获得 F₂。2008 年 3 月,将 P₁、P₂、F₁、B₁、B₂ 和 F₂ 材料播种于定温温室中的网室内,于 8cm × 8cm 营养钵中每钵 1 粒种子,基质为草炭:蛭石 = 3:1,经高温灭菌。亲本及 F₁ 各种植 30 株,3 次重复,每重复 10 株,分别置于 B₁、B₂ 和 F₂ 群体待鉴定幼苗之中,以便于控制环境条件的一致性。B₁ 与 B₂ 群体分别育苗 180 株和 148 株, F₂ 群体育苗 264 株。所有材料摆放密度一致,保持均匀一致的温光条件。

1.2.2 抗病性鉴定

按照行业标准 (NY/SH037-1999) 进行。取预先接种了 TuMV 的 C₄ 白菜病叶放入研钵中,加入含有 K₂HPO₄ (1%) 和 Na₂SO₃ (0.1%) 的缓冲液 (pH = 7.0), 研磨成匀浆,经干净的纱布过滤,再加入缓冲液稀释至接种所需浓度 (接种浓度为鲜叶重的 20 倍液,即 1:20)。待萝卜幼苗 2~3 叶时接种,采用摩擦法,即将 600 目金刚砂均匀撒布于叶面,用棉纱浸取菌液于叶片上磨擦接种,然后用清水冲洗叶面。接种鉴定分两次进行,间隔 3 d。接种在温室的防虫网内进行,接种后植株进行正常肥水管理 (温度保持在 25~30℃,正常光照管理)。

1.2.3 病情调查与分级标准

接种后 18d 调查幼苗发病情况。单株病级的分级标准按病情的轻重分为 0、1、3、5、7、9 共 6 个病级。0 级:无病症;1 级:接种叶出现少数退绿斑或心叶明脉;3 级:心叶及中部叶花叶;5 级:心叶及中部叶花叶,心叶叶片皱缩呈畸形;7 级:心叶及中外部叶片重花叶,2~3 片叶畸形皱缩,植株轻度矮化;9 级:重花叶,多数叶片畸形、皱缩,叶片出现坏死斑及叶脉坏死,植株严重矮化,甚至死亡。

1.2.4 统计分析

统计分析采用盖钧镛等^[9]的植物数量性状的主基因+多基因混合遗传分析软件和方法。对 Q07-12 × KB07-10 组合的 6 个世代单株的抗 TuMV 鉴定数据进行分析,通过 1 对主基因 (A)、2 对主基因 (B)、多基因 (C)、1 对主基因+多基因 (D)、2 对主基因+多基因 (E) 等 5 类 24 种遗传模型的极大似然估计,结合 AIC 准则 (Akaike's Information Criterion)、似然比检验及一组适合性测验 (均匀性测验、Smirnov 检验和 Kolmogorov 检验的 5 个统计量 U_1^2 、 U_2^2 、 U_3^2 、 W^2 和 D_n^*), 从中选择出最适遗传模型 (AIC 值相对较小,适合性较好),用最小二乘法估计相应的遗传参数,估计基因相互作用效应的大小、主基因和多基因的遗传率等。

2 结果与分析

2.1 6 世代群体各病级植株次数分布

在 Q07-12 × KB07-10 组合的 6 个世代群体中,抗病亲本 (P₁) 单株平均抗病级值为 0.1,感病亲本 (P₂) 单株平均抗病级值为 6.667,双亲抗病性差异显著;F₁ 单株平均抗病级值为 2.6,介于双亲之间,偏向于抗病亲本。

分离群体 B₁、B₂ 和 F₂ 各病级植株次数分布见图

1,从图中可以看出, B_1 、 B_2 和 F_2 群体单株的病级次数分布均呈现出偏态分布,这表明萝卜对 TuMV 的抗性属于数量性状遗传,抗性遗传受主效基因的影响,且存在多基因效应。

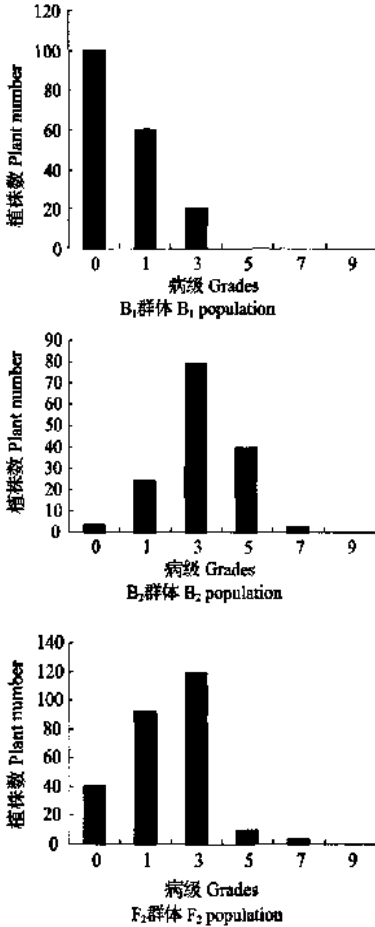


图1 Q07-12 × KB07-10 组合分离群体各病级植株数次数分布

Fig.1 Number of plants with different grades in the separate populations

2.2 萝卜抗源对 TuMV 抗性的主基因 + 多基因遗传

根据 6 世代群体抗病鉴定结果的实际分布,采用数量性状主基因 + 多基因混合遗传的六世代联合分析法,对 Q07-12 × KB07-10 组合 6 世代群体抗病性进行分析,得到 1 对主基因(A)、2 对主基因(B)、多基因(C)、1 对主基因 + 多基因(D)、2 对主基因 + 多基因(E)等 5 类 24 种遗传模型的极大似然值(略)和 AIC 值(表 1)。其中 2 对主基因 + 多基因遗传模型 E、E_1 和 E_3 的 AIC 值相对较低,最适

模型中选出,可见萝卜组合 Q07-12 × KB07-10 抗 TuMV 的遗传是受 2 对主基因控制的。结合适合性检验结果表明,在 30 个统计量中, E_1 和 E_3 模型统计量达到显著水平的个数分别为 13 个和 16 个,而 E 模型统计量达到显著水平的个数仅为 10 个,说明 E 模型有 10 个适合性检验统计量表明模型与分离群体的分布是不一致的,绝大多数都是适合的,适合性较好,因而可以确定 E 模型即“两对加性 - 显性 - 上位性主基因 + 加性 - 显性 - 上位性多基因”模型为萝卜抗源抗 TuMV 遗传的最佳模型。

表 1 用 IEMC 算法估计组合各种遗传模型的 AIC 值

Table 1 The estimation of AIC values of the different genetic models

模型 Model	AIC 值 AIC value	模型 Model	AIC 值 AIC value
A_1	2107.28	D	2154.52
A_2	2136.19	D_1	2042.59
A_3	2485.86	D_2	2185.82
A_4	2637.16	D_3	2186.58
B_1	1885.11	D_4	2940.95
B_2	2236.62	E	1741.26
B_3	2485.72	E_1	1758.21
B_4	2310.31	E_2	2210.52
B_5	2295.42	E_3	1673.45
B_6	2293.42	E_4	2252.83
C	2153.51	E_5	2206.86
C_1	2250.70	E_6	2218.78

2.3 遗传参数的估计

在 2 对主基因 + 多基因的 E 模型下,得到 6 世代群体抗病性分布的成分分布组成,根据成分分布计算出 E 模型下各遗传参数的极大似然估计值,并由此估计出一阶遗传参数和二阶遗传参数估计值(表 2、表 3)。

表 2 一阶遗传参数估计

Table 2 The estimates of 1st order in combination

阶参数 1st order parameter	估计值 Estimate
第一主基因的加性效应 d_1	-0.885
第二主基因的加性效应 d_2	-1.360
第一主基因的显性效应 h_1	0.532
第二主基因的显性效应 h_2	0.480
两个主基因之间的加性 × 加性互作效应 i	0.859
两个主基因之间的加性 × 显性互作效应 j_{1a}	-0.135
两个主基因之间的显性 × 加性互作效应 j_{2a}	0.365
两个主基因之间的显性 × 显性互作效应 L	1.364
第一主基因显性度 h_1/d_1	-0.601
第二主基因显性度 h_2/d_2	-3.529

表3 二阶遗传参数估计

Table 3 The estimates of 2nd order in combination

二阶参数 2nd order parameter	估计值 Estimate		
	B ₁	B ₂	F ₂
表型方差 σ_p^2	0.89	2.10	2.03
主基因方差 σ_{m}^2	0.80	1.15	1.94
环境方差 σ^2	0.09	0.09	0.09
多基因方差 σ_{n}^2	0	0.86	0
主基因遗传率 h_{m}^2 (%)	89	55	95
多基因遗传率 h_{n}^2 (%)	0	40.9	0
环境方差/表型方差 σ^2/σ_p^2 (%)	10.1	4.3	4.4

表2和表3显示,抗TuMV(C₄)的2对主基因其加性效应 $|d_a| < |d_b|$ 中,第1对主基因的加性效应小于第2对主基因的加性效应;2对主基因的显性效应与加性效应的比值分别为 $|h_a/d_a| < 1$ 和 $|h_b/d_b| > 1$,说明第1对主基因的遗传以加性效应控制为主,第2对主基因的遗传以显性效应控制为主;2对主基因的显性方向都表现抗病对感病性状为显性 ($-1 < h/d < 0$)。此外,2对主基因存在着明显的交互作用,存在上位性效应,加性×加性效应(i)为0.859, $i > 0$ 表明2对主基因共同作用时,抗性会增强;显性×显性效应(L)值为1.364;第1对主基因加性效应×第2对主基因显性互作效应(j_{ab})和第2对主基因加性效应×第1对主基因显性互作效应(j_{ba})值分别为-0.135和0.365,表明在组合中两对主基因对增强抗病性的贡献是不相等的,第2对主基因对增强抗性更有利。在Q07-12×KB07-10组合中,Q07-12的抗TuMV主基因在F₂遗传率最高,为95%,在B₁、B₂中主基因遗传率分别为89%和55%,多基因遗传率只在B₂群体中检测到,为40.9%。各群体的主基因遗传率都大于相应的多基因遗传率,可见,萝卜病毒病抗源Q07-12的抗性是由主基因和多基因共同控制的,并且以主基因遗传为主。主基因在某一群体中的遗传率较高,说明主基因在该群体中的作用较大,在育种实践中采用该群体进行性状选择效率较高,反之亦然^[11-12]。此外,Q07-12对TuMV的抗性受环境影响较小,环境方差仅占总方差的4.3%~10.1%。

3 讨论

从植物抗病反应的机理来讲,寄主和病原体相互识别与相互作用的过程一般遵循“基因对基因”

的假说。本试验利用萝卜抗病种质Q07-12和北京地区TuMV主流株系TuMV-C₄进行抗性遗传规律研究,这种采用特定抗源与TuMV的特定株系进行研究的策略也是诸多学者在抗病等位基因挖掘中所常用的^[13-16]。这有助于挖掘多样性的抗病等位基因,从垂直和水平抗性的不同角度提高培育品种的持久抗性。

本研究采用了数量性状的主基因+多基因混合遗传的六世代联合分析法,这种分析法因其较过去的单世代分析法提供更多的遗传信息而在农作物农艺性状和抗病性状的遗传研究中得到较广泛的应用^[17-21]。采用该方法的软件进行分析时,所需世代调查性状的数据类型既可以是连续的数据类型^[19],也可以是间断的数据类型(如分级)^[21],同样可以得到预期的结果。本试验用该方法对特定抗源的研究结果表明,萝卜对TuMV的抗性属于受两对主基因控制的数量性状,符合“加性-显性-上位性主基因+加性-显性-多基因”模型。本研究结果中揭示的萝卜对TuMV的抗性遗传规律与前人^[8]通过单一世代分析法对萝卜抗TuMV结果基本一致,两者研究均认为萝卜对TuMV的抗性属于数量性状遗传,遗传中存在基因的显性和加性效应。而本研究中通过多世代联合分析法,解析出了抗性的一阶和二阶遗传参数,使得人们对萝卜抗TuMV遗传规律的理解更为深刻、明确。

该研究有助于我们科学地利用该抗病种质以及深入挖掘该基因。随着更多的具有不同遗传背景的萝卜抗TuMV等位基因源的挖掘及其在育种中的利用,可望进一步提高萝卜栽培品种对TuMV的持久抗性。

参考文献

- [1] 裘维善. 植物病毒学[M]. 北京: 农业出版社, 1984: 1-3
- [2] 方中达. 植物研究方法[M]. 北京: 中国农业出版社, 1998: 254-260
- [3] 韩素中, 汪隆植, 濮拟芹. 南京市郊萝卜病毒病的调查和病原鉴定[J]. 南京农业大学学报, 1988, 11(3): 39-43
- [4] 王耀, 许鑫灿, 秦智伟. 甘蓝抗TuMV遗传规律的研究[J]. 东北农业大学学报, 1991, 22(4): 328-332
- [5] 曹光亮, 曹寿椿. 不结球白菜抗病育种研究 V. 抗TuMV遗传研究[J]. 南京农业大学学报, 1995, 18(1): 106-108
- [6] 魏毓棠, 李广海, 王允兰, 等. 大白菜对芜菁花叶病毒(辽宁一号分离物)的抗性遗传规律研究[J]. 植物病理学报, 1991, 21(3): 199-203
- [7] Yoon J Y, Green S K, Opens R T. Inheritance of resistance to turnip mosaic virus in Chinese cabbage[J]. Euphytica, 1993, 69: 103-108
- [8] 黄祖仪. 萝卜对TuMV抗性遗传的初步研究[D]. 南京: 南京农业大学, 1991
- [9] 孟鹤盛, 曹元明, 王健康. 植物数量性状遗传体系[M]. 北京:

- 科学出版社,2003:224-260
- [10] Gai J Y, Wang J K. Identification and estimation of a QTL model and its effects[J]. *Theor Appl Genet*,1998,97:1162-1168
- [11] 张素勤,顾兴芳,张圣平,等. 黄瓜白粉病抗性遗传机制的研究[J]. *园艺学报*,2005,32(5):899-901
- [12] 高军,徐海,苏小俊,等. 普通丝瓜果长遗传规律分析[J]. *江苏农业科学*,2007(5):123-125
- [13] Suh S K, Green S K, Park H G. Genetics of resistance to five strains of turnip mosaic virus in Chinese cabbage[J]. *Euphytica*, 1995,81:71-77
- [14] Walsh J A, Rusholme R L, Hughes S L, et al. Different classes of resistance to turnip mosaic virus in *Brassica rapa* [J]. *European Journal of Plant Pathology*,2002,108:15-20
- [15] Hughes S L, Hunter P J, Sharpe A G, et al. Genetic mapping of the novel Turnip mosaic virus resistance gene TuRB03 in *Brassica napus* [J]. *Theor Appl Genet*,2003,107:1169-1173
- [16] Robbins M A, Witsenboer H, Michelmore R W, et al. Genetic mapping of Turnip mosaic virus resistance in *Lactuca sativa* [J]. *Theor Appl Genet*,1994,89:583-589
- [17] 李广军,程利国,张国政,等. 大豆对豆卷叶螟抗性的主基因+多基因混合遗传[J]. *大豆科学*,2008,27(1):33-37
- [18] 禹山林,杨庆利,潘丽娟,等. 花生种子含油量的遗传分析[J]. *植物遗传资源学报*,2009,10(3):453-456
- [19] 张浩夫,戚存扣,浦惠明,等. 甘蓝型油菜花瓣缺失性状基因的主基因+多基因遗传分析[J]. *中国油料作物学报*,2007,29(3):227-232
- [20] 马雪霞,丁业掌,蒋峰,等. 亚洲棉纤维品质和产量性状的主基因与多基因遗传分析[J]. *植物遗传资源学报*,2008,9(2):212-217
- [21] 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
- [14] Walton P D. Quantitative inheritance of yield and associated factors in spring wheat [J]. *Euphytica*,1972,21:553-556
- [15] Sayed H I. Inheritance of five quantitative characters of bread wheat [J]. *Theor Appl Genet*,1978,52:73-76
- [16] Nanda G S, Hazarika G N, Gill K S. Inheritance of heading date, ear length and spikelets per spike in an intervarietal cross of wheat [J]. *Theor Appl Genet*,1981,60:167-171
- [17] 李立会,杨欣明,李秀全,等. 通过属间杂交向小麦转移冰草优异基因的研究[J]. *中国农业科学*,1998,31(6):1-5
- [18] Li L H, Dong Y C. Hybridization between *Triticum aestivum* L. and *Agropyron michnoi* Roshev: I. Production and cytogenetic study of F1 hybrids [J]. *Theor Appl Genet*,1991,81:312-316
- [19] Li L H, Dong Y C. A self-fertile trigeneric hybrid, *Triticum aestivum* × *Agropyron michnoi* × *Secale cereale* [J]. *Theor Appl Genet*,1993,87:360-368
- [20] Li L H, Dong Y C, Zhou R H, et al. Cytogenetics and self-fertility of intergeneric hybrids between *Triticum aestivum* and *Agropyron cristatum* [J]. *Chin J Genet*,1995,22:105-112
- [21] 李立会,李秀全,李培,等. 小麦-冰草异源附加系的创建 I. F₃、F₂BC₁、BC₄和 BC₃F₁ 世代的细胞学 [J]. *遗传学报*,1997,24(2):154-159
- [22] 李立会,杨欣明,周荣华,等. 小麦-冰草异源附加系的创建 II. 异源染色质的检测与培育途径分析[J]. *遗传学报*,1998,25(6):538-544
- [23] 刘伟华,郭勇,武军,等. 小麦-冰草附加系与小麦-杀配子染色体附加系杂交 F₁ 的细胞学特性 [J]. *作物学报*,2007,33(6):898-902
- [24] Wu J, Yang X M, Wang H, et al. The introgression of chromosome 6P specifying for increased numbers of florets and kernels from *Agropyron cristatum* into wheat [J]. *Theor Appl Genet*,2006,114:13-20
- [25] 朱军. 估算遗传方差和协方差的混合模型方法 [J]. *生物数学学报*,1992,7(1):1-11
- [26] 朱军. 作物杂种后代基因型值和杂种优势的预测方法 [J]. *生物数学学报*,1993,8(1):32-44
- [27] 朱军,李道藩,许毓华. 作物品种间杂种优势遗传分析的新方法 [J]. *遗传学报*,1993,20(3):262-271
- [28] 朱军. 广义遗传模型与数量遗传分析新方法 [J]. *浙江农业大学学报*,1994,20(6):551-559
- [29] Zhu J, Weir B S. Diallel analysis for sex-linked and maternal effects [J]. *Theor Appl Genet*,1996,92(1):1-9

(上接第 151 页)

萝卜优异种质对芜菁花叶病毒抗性的遗传分析

作者: [李红双](#), [李锡香](#), [沈镛](#), [杨宇红](#), [邱杨](#), [王海平](#), [龚慧芝](#), [LI Hong-shuang](#), [LI Xi-xiang](#), [SHEN Di](#), [YANG Yu-hong](#), [QIU Yang](#), [WANG Hai-ping](#), [GONG Hui-zhi](#)

作者单位: [中国农业科学院蔬菜花卉研究所, 北京, 100081](#)

刊名: [植物遗传资源学报](#) **ISTIC** **PKU**

英文刊名: [JOURNAL OF PLANT GENETIC RESOURCES](#)

年, 卷(期): 2010, 11(2)

被引用次数: 2次

参考文献(21条)

1. 马雪霞;丁业掌;蒋峰 [亚洲棉纤维品质和产量性状的主基因与多基因遗传分析](#)[期刊论文]-[植物遗传资源学报](#) 2008(02)
2. 张洁夫;戚存扣;浦惠明 [甘蓝型油菜花瓣缺失性状基因的主基因+多基因遗传分析](#)[期刊论文]-[中国油料作物学报](#) 2007(03)
3. 禹山林;杨庆利;潘丽娟 [花生种子含油量的遗传分析](#)[期刊论文]-[植物遗传资源学报](#) 2009(03)
4. 盖钧镒;章元明;王健康 [植物数量性状遗传体系](#) 2003
5. 黄祖仪 [萝卜对TuMV抗性遗传的初步研究](#) 1991
6. Yoon J Y;Green S K;Opena R T [Inheritance of resistance to turnip mosaic virus in Chinese cabbage](#) 1993
7. 魏毓棠;李广海;王允兰 [大白菜对芜菁花叶病毒\(辽宁一号分离物\)的抗性遗传规律研究](#) 1991(03)
8. 曹光亮;曹寿椿 [不结球白菜抗病育种研究V. 抗TuMV遗传研究](#) 1995(01)
9. 王超;许蕊仙;秦智伟 [甘蓝抗TuMV遗传规律的研究](#) 1991(04)
10. 韩素中;汪隆植;濮祖芹 [南京市郊萝卜病毒病的调查和病原鉴定](#) 1988(03)
11. 方中达 [植病研究方法](#) 1998
12. 陈学军;陈劲枫;方荣 [辣椒始花节位遗传研究](#)[期刊论文]-[园艺学报](#) 2006(01)
13. 李广军;程利国;张国政 [大豆对豆卷叶螟抗性的主基因+多基因混合遗传](#)[期刊论文]-[大豆科学](#) 2008(01)
14. Robbins M A;Witsenboer H;Miehlmore R W [Genetic mapping of Turnip mosaic virus resistance in Lactuca sativa](#) 1994
15. Hughes S L;Hunter P J;Sharpe A G [Genetic mapping of the novel Turnip mosaic virus resistance gene TuRB03 in Brassica napus](#)[外文期刊] 2003(7)
16. Walsh J A;Rusholme R L;Hushes S L [Different classes of resistance to turnip mosaic virus in Brassica rapa](#) 2002
17. Suh S K;Green S K;Park H G [Genetics of resistance to five strains of turnip mosaic virus in Chinese cabbage](#)[外文期刊] 1995(1)
18. 高军;徐海;苏小俊 [普通丝瓜果长遗传规律分析](#)[期刊论文]-[江苏农业科学](#) 2007(05)
19. 张素勤;顾兴芳;张圣平 [黄瓜白粉病抗性遗传机制的研究](#)[期刊论文]-[园艺学报](#) 2005(05)
20. Gai J Y;Wang J K [Identification and estimation of a QTL model and its effects](#)[外文期刊] 1998(7)
21. 裘维蕃 [植物病毒学](#) 1984

引证文献(2条)

1. 沈镛. 方智远. 李锡香. 李全辉. 程嘉琪. 宋江萍. 王海平. 邱杨 [黄瓜果肉色的遗传分析](#)[期刊论文]-[植物遗传资源学](#)

报 2011(2)

2. 罗智敏, 王超楠, 闻凤英, 刘晓晖, 赵冰, 黄志银 萝卜主要性状遗传规律的研究进展[期刊论文]-长江蔬菜 2011(4)

本文链接: http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201002006.aspx