

甜椒育种材料 N1345 的疫病抗性遗传分析

张晓芬, 韩华丽, 陈 斌, 耿三省, 耿利华

(北京市农林科学院蔬菜研究中心, 北京 100097)

摘要: 阐明了以甜椒 N1345 为抗原的疫病抗性遗传机制, 为甜辣椒抗疫病新品种选育提供依据。通过稳定高抗疫病甜椒育种材料 N1345, 与高感疫病辣椒材料 N1308 构建的 P_1 、 P_2 、 F_1 、 B_1 、 B_2 、 F_2 六个世代, 应用植物数量性状主基因 + 多基因联合分离分析方法, 进行了疫病抗性遗传分析。结果显示, 以甜椒 N1345 为抗原的疫病抗性由 2 对加性 - 显性 - 上位性主基因控制 ($B-1-1$), 两主基因加性效应、显性效应均相等, 主基因遗传率在 B_1 、 B_2 和 F_2 世代分别为 63.43%、82.32% 和 83.46%。

关键词: 甜椒育种材料 N1345; 疫病; 主基因 + 多基因遗传

Inheritance of Resistance to Phytophthora Blight in Sweet Pepper Line N1345

ZHANG Xiao-fen, HAN Hua-li, CHEN Bin, GENG San-sheng, GENG Li-hua

(Beijing Vegetable Research Center, Beijing Academy of Agricultural and Forestry Sciences, Beijing 100097)

Abstract: The inheritance of resistance to phytophthora blight of N1345 is important for pepper breeding resistant to phytophthora blight. Using the model of major gene plus polygene of quantitative traits, a joint analysis of six-generations from a sweet pepper line N1345 highly resistant to phytophthora blight and a highly susceptible hot pepper line N1308 was performed. The resistance to phytophthora of N1345 was shown to be controlled by two major genes ($B-1-1$) with equal additive and dominant effects, and the major genes heritabilities of B_1 , B_2 and F_2 were 63.43%, 82.32% and 83.46%, respectively.

Key words: Sweet pepper line N1345; Phytophthora blight; Major gene plus polygene; Inheritance

疫病 (Phytophthora blight) 是世界范围内严重危害甜辣椒生产的一种毁灭性病害。疫病的药剂防治和栽培措施防治效果不理想, 选育抗病品种成为甜辣椒疫病防治措施中最重要、最有效的一项工作。

甜辣椒 (*Capsicum annuum* L.) 疫病抗性遗传规律相当复杂, 不同的抗原材料抗病遗传模式不同。据报道, PI201234 的抗性由一个显性基因控制^[1], CM334 抗性由两个非连锁隐性基因控制^[2], 而 PM217 的抗性则为多基因遗传^[3]。以往研究认为, 大多数材料的疫病抗性由多基因控制, 但不同材料间少有共有信息。尽管辣椒疫病的遗传研究已取得一定进展, 并找到了与主效 QTLs 紧密连锁的标

记^[4-5], 但由于疫病不同抗原间抗性遗传规律的复杂性, 其标记、图谱信息难以被利用。

甜辣椒疫病抗性种质资源缺乏, 特别是甜椒抗疫病材料^[6-7]。刘建华等^[7]对 1079 份辣椒种质资源进行疫霉的抗病性鉴定与评价, 发现其中抗病材料仅占 5.56%。本研究以高抗疫病甜椒育种材料 N1345 与高感疫病辣椒材料 N1308 为双亲, 采用六世代联合分析法, 结合疫病灌根人工接种抗病性鉴定技术, 应用植物数量性状主基因 + 多基因联合分离分析方法对 N1345 疫病抗性进行遗传分析, 以期以 N1345 为抗原的抗疫病新品种选育提供依据。

收稿日期: 2010-10-21 修回日期: 2011-01-18

基金项目: 国家科技支撑计划 (2009BADB8B01); 北京市科技计划 (D08070500690803); 北京市常规育种财政专项

作者简介: 张晓芬, 硕士, 助理研究员, 主要从事甜辣椒遗传育种工作。E-mail: zhangxiaofen@nervc.org

通讯作者: 耿三省, 硕士, 研究员, 主要从事甜辣椒遗传育种工作。E-mail: gengsansheng@nervc.org

1 材料与方法

1.1 试验材料

N1345 为本课题组利用本组种质资源经四亲杂交、多代自交选育出的综合性状优良的甜椒自交系,经过连续 2 年 4 个季节的人工接种疫病抗性鉴定,病情指数 (DI) 稳定在 4.0 ~ 8.0,对疫病表现为高抗。N1308 为本课题组选育出的长羊角型辣椒自交系,经过连续 2 年 4 个季节的人工接种疫病抗性鉴定,其 DI 值介于 75.0 ~ 90.0,对疫病抗性表现为高感。以 N1345 与 N1308 为亲本,构建 P₁、P₂、F₁、B₁、B₂ 和 F₂ 六联合世代。疫霉病原菌 (*Phytophthora capsici* L.) 由中国农科院蔬菜花卉研究所植物保护研究室提供。

1.2 试验方法

2009 年春季,于北京市农林科学院蔬菜研究中心农场将 N1345 与 N1308 杂交,得到 F₁ 种子,2009 年冬季,于本中心海南三亚农场, F₁ 自交、并分别与 N1345 和 N1308 回交,分别获得 F₂、B₁ 和 B₂ 种子。2010 年春季,六个世代的种子经消毒后,播种于无菌培养土,温室内育苗。P₁、P₂、F₁、B₁、B₂ 和 F₂ 六个世代的样本容量分别为 27、24、29、131、129 和 251。试验分别设 PM217 和 FS871 为抗、感对照。待辣椒幼苗 6 片真叶展平时,以每株 3000 个游动疫霉孢子的浓度进行根部灌根接种。接种至发病期保持土壤高湿度,保持温室温度为 25 ± 1℃。调查于接种后第 3 天、第 7 天和第 14 天进行。

辣椒幼苗疫病抗性调查分级标准为:0 级:无病;1 级:幼苗根颈部稍有变黑,叶片不萎蔫或可恢复性萎蔫;2 级:幼苗根颈部变黑达 1 ~ 2cm,叶片不可恢复性萎蔫,下部叶片偶有脱落;3 级:幼苗根颈部变黑超过 2cm,叶片明显萎蔫或落叶明显;4 级:幼苗基部变黑缢缩,除生长点外全部叶脱落或整株萎蔫;5 级:植株枯死。病情指数 (DI) 计算公式为:

$$\text{病情指数} = \frac{\sum (\text{各病级数值} \times \text{该病级株数})}{(\text{最高病级数值} \times \text{调查总株数})} \times 100$$

植株疫病抗病性分级标准:高抗 (HR): DI ≤ 10;抗病 (R): 10 ≤ DI ≤ 30;中抗 (MR): 30 ≤ DI ≤ 50;感病 (S): DI > 50。

1.3 数据分析

采用植物数量性状主基因 + 多基因混合遗传模型进行多世代联合分析^[8-9]。通过极大似然函数法和 IECM 算法对混合分布中的有关成分分布参数做出估计,然后通过 AIC 值的判别和适合性测验,选万方数据

出最优遗传模型,并估计主基因和多基因效应值和方差等遗传参数。

2 结果与分析

2.1 主基因 + 多基因遗传模型的确定

应用 P₁、P₂、F₁、B₁、B₂ 和 F₂ 六世代联合分析法,对疫病抗性进行分离分析。共获得 A 类 (1 对主基因) 与 B 类 (2 对主基因) 10 种遗传模型的极大似然函数值和 AIC 值 (表 1)。依据期望熵最大为最优假设原则,即 AIC 值最小原则,选择 B-1-1 为最佳可能模型, A-1 和 A-3 为备选模型。经适合性检验 (表 2), A-1 模型中有 23 个统计量达到显著差异,即模型与分离群体的分布是不一致的, A-3 模型与 B-1-1 模型中分别有 25、20 个统计量达到显著差异。表明 B-1-1 模型为最优遗传模型,即甜椒疫病抗性受 2 对加性-显性-上位性主基因控制。

表 1 各种遗传模型的对数极大似然函数值和 AIC 值

Table 1 AIC values and Max likelihood values of different genetic models of *Phytophthora capsici* resistance in pepper

模型 Model	对数极大 似然值 MLV	AIC	模型 Model	对数极大 似然值 MLV	AIC
A-1	-705.352	1418.703	B-1-2	-704.485	1420.969
A-2	-942.477	1890.953	B-1-3	-961.174	1930.348
A-3	-705.527	1417.055	B-1-4	-1088.374	2182.749
A-4	-1140.794	2287.588	B-1-5	-912.354	1832.709
B-1-1	-697.102	1414.204	B-1-6	-1071.360	2148.719

2.2 遗传参数的估计

由表 3 可见,控制疫病抗性的 2 对主基因的加性效应、显性效应和显性度均为 -1.08、0.92 和 -0.85,说明 2 对主基因对疫病抗性具有相等的加性效应和显性效应。0 < |h_a/d_a| = |h_b/d_b| < 1,表明 2 对主基因对疫病抗性的控制均以加性效应为主。由表 3 可推知, F = ∑ hd < 0, 鉴于 P₁ 为小值亲本, P₂ 为大值亲本, 所以 P₁ 对 P₂ 表现为显性优势, 即疫病抗性对感病表现为显性。i = 1.28 > 0, 表明 2 对主基因间存在明显的加性 × 加性互作效应。j_{ab} = j_{ba}, 表明 2 对主基因对增强疫病抗性的贡献相等。在上位性效应中, 2 对主基因的加性 × 加性互作效应较大。B₁、B₂ 和 F₂ 世代的主基因遗传率分别为 63.43%、82.32% 和 83.46%。由于 B 类模型中, 群

体平均数 m 未含有多基因效应,故 B - 1 - 1 模型中,多基因方差不予考虑。上述结果表明,甜椒材料

N1345 的疫病抗性由 2 对等效主基因控制,受环境影响较小。

表 2 模型适合性检验

Table 2 Test for goodness-of-fit about genetic model of phytophthora capsici resistance

模型 Model	世代 Generation	U_1^2	U_2^2	U_3^2	χ^2	D_n
A - 1	P ₁	0.001(0.979)	0.595(0.440)	10.144(0.001)	1.404*	0.430*
	F ₁	3.292(0.069)	3.776(0.052)	0.556(0.455)	1.126*	0.387*
	P ₂	9.270(0.002)	5.661(0.017)	5.175(0.022)	2.316*	0.635*
	B ₁	1.342(0.246)	7.700(0.005)	43.731(0)	5.424**	0.485*
	B ₂	52.315(0)	45.553(0)	1.031(0.309)	7.102**	0.433*
	F ₂	122.081(0)	168.289(0)	82.769(0)	31.090**	0.701*
A - 3	P ₁	0.096(0.756)	1.093(0.295)	8.896(0.002)	1.420*	0.452*
	F ₁	3.905(0.048)	4.277(0.038)	0.383(0.536)	1.160*	0.399*
	P ₂	9.277(0.002)	5.667(0.017)	5.173(0.022)	2.317*	0.635*
	B ₁	1.639(0.200)	8.249(0.004)	42.640(0)	5.453*	0.489*
	B ₂	52.733(0)	45.735(0)	1.152(0.283)	7.132*	0.433*
	F ₂	120.581(0)	167.266(0)	84.707(0)	30.965**	0.700**
B - 1 - 1	P ₁	3.139(0.076)	4.335(0.037)	2.150(0.142)	1.736*	0.545*
	F ₁	1.440(0.230)	2.274(0.131)	1.917(0.166)	1.057*	0.337*
	P ₂	2.749(0.097)	0.430(0.511)	14.426(0)	1.774*	0.553*
	B ₁	1.399(0.236)	7.809(0.005)	43.522(0)	5.429**	0.486*
	B ₂	6.889(0.008)	3.686(0.054)	6.178(0.012)	2.280*	0.283*
	F ₂	136.672(0)	177.861(0)	65.094(0)	32.306**	0.713*

*: 在 0.05 水平差异显著; **: 在 0.01 水平差异显著

*: Significant difference at 0.05 level; **: Significant difference at 0.01 level

表 3 疫病抗性的遗传参数估计

Table 3 Estimates of parameters of phytophthora capsici resistance

一阶参数 1 st order parameter	估计值 Estimate	二阶参数 2 nd order parameter	估计值 Estimate		
			B ₁	B ₂	F ₂
m	1.28	σ^2_p	1.723	3.563	3.810
d_a	-1.08	σ^2_{mg}	1.093	2.933	3.180
d_b	-1.08	σ^2	0.63	0.63	0.63
h_a	0.92	$h^2_{mg}(\%)$	63.43	82.32	83.46
h_b	0.92				
h_a/d_a	-0.85				
h_b/d_b	-0.85				
j_{ab}	-1.09				
j_{ba}	-1.09				
i	1.28				
l	-2.79				

3 讨论

甜辣椒疫病抗性遗传规律复杂。在已报道的甜万方数据

辣椒抗疫病材料中,有的材料疫病抗性为单基因遗传,如 Saini 等^[10]、Kim 等^[1] 分别认为 Waxy Globe、P1201234 和品系 28 - 20 的抗性由 1 个显性基因控制,一球型果品系的抗性则受 1 个隐性基因控制。有的材料疫病抗性受寡基因控制,如 Guerrero-Moreno 等^[2] 研究表明,CM334 的抗性受 2 个非连锁隐性基因控制,Reifschneider 等^[11] 认为,CM334 的一个自交系 CNPH148 的抗性受 1 个显性基因和 1 个隐性上位基因控制,Cristinzio 等^[12] 则报道,另一自交系 PAR21 的抗性由 2 个独立的显性基因控制。李智军等^[13] 报道 Bangchang 对广东辣椒疫霉菌菌株 ZLT0566 的抗性受 1 对不完全显性基因控制,而 P038 的抗性遗传符合 2 对相互独立的不完全显性互补基因控制模式。有的材料为多基因遗传,Po-chard^[3] 认为 PM217 对疫病抗性为多基因遗传,Bartual 等^[14] 也认为辣椒对 *P. capsici* 的抗性为多基因遗传。Thabuis 等^[4] 对 3 个不同抗疫病甜辣椒材料构建的 F₂ 群体,分别采用根部灌根法与茎部伤口接种法,应用相同分子标记进行疫病抗性 QTL 定位分析,结果显示,3 个群体绝大多数 QTLs 位点都两两

不同。这说明除受接种病原菌、接种方法等因素影响外,不同的甜辣椒材料其疫病抗性遗传模式不同。对于疫病抗性的田间育种,应针对育种材料进行准确遗传分析,以确定抗疫病品种的选育路线。

以往甜辣椒的疫病抗性遗传分析,大都采用经典数量遗传学方法,而经典数量遗传学方法并不能区分主基因及多基因的存在,也无法区分不同基因在效应上的差异,只能估测基因的总效应。近年来发展起来的植物数量性状主基因+多基因混合遗传模型分析方法,得到了较成功的广泛应用^[15-17],在甜辣椒上已对株高、始花结位等数量性状进行准确数量遗传分析^[18-19],本研究首次利用该方法对具疫病高抗性的甜椒育种材料,应用 P₁、P₂、F₁、B₁、B₂ 和 F₂ 六个联合世代,进行了准确的疫病抗性遗传分析,结果显示,以甜椒育种材料 N1345 为抗原的疫病抗性由 2 对加性-显性-上位性主基因控制,2 对主基因效应相等,无微效基因作用,且抗病对感病表现为显性。

疫病为世界范围内危害甜辣椒的一种毁灭性病害,抗疫病育种为甜辣椒作物的一项重要任务。而甜辣椒的抗疫病资源缺乏,尤其是甜椒。甜椒自交系 N1345 对疫病抗性表现为高抗,抗性稳定,其抗病遗传规律的阐明,对甜辣椒的抗疫病育种具有重要意义。

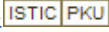
参考文献

- [1] Kim B S, Hur J M. Inheritance of resistance to bacterial spot and Phytophthora blight in peppers[J]. J Korean Soci Horticult Sci, 1990, 31: 350-357
- [2] Guerrero-Moreno A, Laborde J A. Current status of pepper breeding for resistance to Phytophthora capsici in Mexico[C]//Synopsis of the IVth Meeting of Capsicum Working Group of Eucarpia, Wageningen, 1980; 52-56
- [3] Pochard E. Recherches sur le piment, in Rapport de activete. Station de Amelioration des Plantes Maraicheres, 1985-1986[C]//Station de Amelioration des Plantes Maraicheres, Montfavet, 1987; 49-66
- [4] Thabuis A, Palloix A, Palloix A, et al. Comparative mapping of Phytophthora resistance loci in pepper germplasm: evidence for conserved resistance loci across Solanaceae and for a large genetic diversity[J]. Theor Appl Genet, 2003, 106: 1473-1485
- [5] Sugita T, Yanaguchi K, Kinoshita T, et al. QTL analysis for resistance to phytophthora blight (*Phytophthora capsici* Leon.) using an intraspecific doubled-haploid population of *Capsicum annuum* [J]. Breed Sci, 2006, 56: 137-145
- [6] Kimble K A, Grogan K G. Resistance to Phytophthora root rot in peppers[J]. Plant Dis Rep, 1960, 44: 872-873
- [7] 刘建华, 杨宇红, 卢鉴植, 等. 辣椒种质资源对疫霉的抗病性鉴定研究[J]. 湖南农业科学, 1998(3): 30-31
- [8] 盖钧镛, 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: 224-260
- [9] 盖钧镛. 试验统计方法[M]. 北京: 中国农业出版社, 2000: 125-127
- [10] Saini S S, Sharma P P. Inheritance of resistance to fruit rot (*Phytophthora capsici* Leon.) and induction of resistance in bell pepper[J]. Euphytica, 1978 (27): 721-723
- [11] Reifschneider F J B, Boiteux L S, Vecchia P T, et al. Inheritance of adult-plant resistance to *Phytophthora capsici* in pepper[J]. Euphytica, 1992, 62: 45-49
- [12] Cristinzio G, Zema V, Errico A, et al. Introduction of resistance genes to *Phytophthora capsici* into cultivar of *Capsicum annuum*-Friariello [J]. Capsic Newsl, 1992(s): 189-193
- [13] 李智军, 龙卫平, 郑锦荣, 等. 2 个辣椒疫病抗性资源的抗性遗传分析[J]. 华南农业大学学报, 2008, 29(2): 30-33
- [14] Bartual R, Carbonell E A, Marsal J I, et al. Gene action in the resistance of peppers (*Capsicum annuum*) to *Phytophthora stem blight* (*Phytophthora capsici* L.) [J]. Euphytica, 1991, 54: 195-200
- [15] 李红双, 李锡香, 沈镛, 等. 萝卜优异种质对芜菁花叶病毒抗性的遗传分析[J]. 植物遗传资源学报, 2010, 11(2): 152-156
- [16] 严慧玲, 方智远, 刘玉梅, 等. 甘蓝显性雄性不育材料 DGMS79-399-3 不育性的遗传效应分析[J]. 园艺学报, 2007, 34(1): 93-98
- [17] 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
- [18] 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
- [19] 陈学军, 陈劲枫. 辣椒株高遗传分析[J]. 西北植物学报, 2006, 26(7): 1342-1345
- [20] 成观察[J]. 莱阳农学院学报, 1990, 7(2): 125-128
- [21] Deo P C, Tyagi A P, Taylor M, et al. Improving taro (*Colocasia esculenta* var. *esculenta*) production using biotechnological approaches[J]. South Pacific J Nat Sci, 2009, 27: 6-13
- [22] Quero-Garcia J, Ivancic A, Lebot V. Root and Tuber Crops[M], Handbook of Plant Breeding, 2010, 7: 149-172
- [23] Isshiki S, Otsuka K, Tashiro Y, et al. A probable origin of triploids in taro [*Colocasia esculenta* (L.) Schott] [J]. J Jpn Soc Hort Sci, 1999, 68(4): 774-779
- [24] 陆绍春, 李储学. 诱导芋头开花的初步研究[J]. 莱阳农学院学报, 1988, 5(3): 66-69
- [25] 辛红婵, 陆绍春, 王福春, 等. 芋大小孢子发生和雌雄配子体形成观察[J]. 莱阳农学院学报, 1990, 7(2): 125-128
- [26] 龙春林, 程治英, 蔡秀珍. 大野芋种子形成丛芽的微繁殖[J]. 云南植物研究, 2005, 27(3): 327-330
- [27] Zhang D X, Zhang G M. Preliminary studies on evolution and classification of taro (*Colocasia* spp.) in China[C]. Ethnobotany and genetic diversity of Asian taro: focus on China (IPGRI), 1998, 30-45
- [28] Ivancic A, Lebot V. Descriptors for Taro (*Colocasia esculenta* Schott) [M]. IPGRI, 1999
- [29] 黄新芳, 柯卫东. 芋种质资源描述规范和数据标准[M]. 北京: 中国农业出版社, 2006

(上接第 815 页)

- [21] Deo P C, Tyagi A P, Taylor M, et al. Improving taro (*Colocasia esculenta* var. *esculenta*) production using biotechnological approaches[J]. South Pacific J Nat Sci, 2009, 27: 6-13
- [22] Quero-Garcia J, Ivancic A, Lebot V. Root and Tuber Crops[M], Handbook of Plant Breeding, 2010, 7: 149-172
- [23] Isshiki S, Otsuka K, Tashiro Y, et al. A probable origin of triploids in taro [*Colocasia esculenta* (L.) Schott] [J]. J Jpn Soc Hort Sci, 1999, 68(4): 774-779
- [24] 陆绍春, 李储学. 诱导芋头开花的初步研究[J]. 莱阳农学院学报, 1988, 5(3): 66-69
- [25] 辛红婵, 陆绍春, 王福春, 等. 芋大小孢子发生和雌雄配子体

甜椒育种材料N1345的疫病抗性遗传分析

作者: 张晓芬, 韩华丽, 陈斌, 耿三省, 耿利华, ZHANG Xiao-fen, HAN Hua-li, CHEN Bin, GENG San-sheng, GENG Li-hua
作者单位: 北京市农林科学院蔬菜研究中心, 北京, 100097
刊名: 植物遗传资源学报 
英文刊名: Journal of Plant Genetic Resources
年, 卷(期): 2011(5)

参考文献(19条)

1. 陈学军;陈劲枫 [辣椒株高遗传分析](#) 2006(07)
2. 陈学军;陈劲枫;方荣 [辣椒始花节位遗传研究](#) 2006(01)
3. Reifschneider F J B;Boiteux L S;Vecchia P T [Inheritance of adult-plant resistance to Phytophthora capsici in pepper](#)[外文期刊] 1992
4. Saini S S;Sharma P P [Inheritance of resistance to fruit rot \(Phytophthora capsici Leon.\) and induction of resistance in bell pepper](#) 1978(27)
5. 张素勤;顾兴芳;张圣平 [黄瓜白粉病抗性遗传机制的研究](#) 2005(05)
6. 严慧玲;方智远;刘玉梅 [甘蓝显性雄性不育材料DGMS79-399-3不育性的遗传效应分析](#) 2007(01)
7. 李红双;李锡香;沈楠 [萝卜优异种质对芜菁花叶病毒抗性的遗传分析](#) 2010(02)
8. 盖钧镒;章元明;王建康 [植物数量性状遗传体系](#) 2003
9. 李智军;龙卫平;郑锦荣 [2个辣椒疫病抗性资源的抗性遗传分析](#) 2008(02)
10. Cristinzio G;Zema V;Errico A [Introduction of resistance genes to Phytophthora capsici into cultivar of Capsicum annumFriariello](#) 1992(s)
11. 刘建华;杨宇红;卢鉴植 [辣椒种质资源对疫霉的抗病性鉴定研究](#) 1998(03)
12. Kimble K A;Grogam K G [Resistance to Phytophthora root rot in peppers](#) 1960
13. Sugita T;Yanaguchi K;Kinoshita T [QTL analysis for resistance to phytophthora blight \(Phytophthora capsici Leon.\)using an intraspecific doubled-haploid population of Capsicum annum](#)[外文期刊] 2006
14. Thabuis A;Palloix A [Comparative mapping of Phytophthora resistance loci in pepper germplasm:evidence for conserved resistance loci across Solanaceae and for a large genetic diversity](#) 2003
15. Pochard E [Recherches sur le piment, in Rapport de activete. Station de Amelioration des Plantes Maraicheres, 1985-1986](#) 1987
16. Guerrero-Moreno A;Laborde J A [Current status of pepper breeding for resistance to Phytophthora capsici in Mexico](#) 1980
17. Kim B S;Hur J M [Inheritance of resistance to bacterial spot and Phytophthora blight in peppers](#) 1990
18. Bartual R;Carbonell E A;Marsal J I [Gene action in the resistance of peppers \(Capsicum annum\) to Phytophthora stem blight \(Phytophthora capsici L.\)](#) 1991
19. 盖钧镒 [试验统计方法](#) 2000

本文链接: http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201105025.aspx