

番石榴杂交F₁代基于SRAP标记的鉴定及果实性状的遗传倾向分析

黄婉莉¹, 张冬敏¹, 符喜喜², 陈心怡², 张朝坤^{1*}

(¹漳州市农业科学研究所, 福建漳州 363005; ²福建农林大学, 福州 350002)

摘要:【目的】通过鉴定番石榴杂交F₁代真实性以及探究其果实主要性状的遗传倾向, 丰富番石榴遗传规律研究, 期为番石榴杂交育种亲本选配提供参考依据。【方法】以母本红香1号番石榴、父本帝王番石榴及其104个杂交F₁代单株为研究材料, 应用SRAP分子标记鉴定杂种的真实性, 并对亲本与F₁代群体遗传多样性、遗传关系和果实品质的遗传倾向进行分析。【结果】利用SRAP标记对杂交F₁代群体进行鉴定, 真杂种率为98.08%。聚类分析图谱显示, 在0.90阈值处可将父母本及杂交F₁代群体分为6类; 杂交F₁代单果质量、果实纵径、横径、果形指数、果心直径、果肉厚度、果实可滴定酸(TA)含量和可溶性固形物(TSS)含量等8个性状都表现为较典型的正态分布, 属于由多个基因控制的数量性状; 杂交F₁代单果质量、果实纵径、横径、果形指数和TSS含量呈增大变异的遗传趋势, 果实TA含量呈现趋小变异的遗传趋势; 杂交F₁代果实6个质量性状果实形状、果面质地、果皮颜色、果肉颜色、果肉质地以及果实香气离散幅度较大, 多样性指数较高。6种质量性状受不同的基因控制, 其中果实形状、果面质地、果皮颜色、果肉颜色受父本影响较大, 果肉质地和果实香气主要受母本影响。【结论】番石榴8个数量性状中, 单果质量、果实纵径、横径和果形指数超亲优势明显, 表明番石榴果实大小的遗传受加性效应的影响; 番石榴6个质量性状中, 果实形状、果面质地、果皮颜色、果肉颜色受父本影响较大, 果肉质地和果实香气主要受母本影响。

关键词: 番石榴; 杂交后代; SRAP分子标记; 果实品质; 遗传规律

中图分类号: S667.9

文献标志码: A

文章编号: 1009-9980(2024)09-1731-15

Identification by SRAP and genetic tendency analysis of fruit characteristics of hybrids in guava

HUANG Wanli¹, ZHANG Dongmin¹, FU Xixi², CHEN Xinyi², ZHANG Chaokun^{1*}

(¹Zhangzhou Institute of Agricultural Sciences, Zhangzhou 363005, Fujian, China; ²Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002, Fujian, China)

Abstract: 【Objective】Guava (*Psidium guava* L.) is a perennial fruit tree. Identification of authentic F₁ hybrids and verification of genetic tendency of hybrid population is important for enhancing breeding efficiency in guava. 【Methods】104 seedlings derived from a cross between Hongxiang No. 1 and Emperor were used as materials, SRAP markers were used to identify the authenticity of the hybrids. UPGMA clustering method was used to calculate genetic distance using NTSYS-pc 2.10, and cluster analysis was conducted. And the quantitative traits [single fruit quality, fruit longitudinal diameter, transverse diameter, fruit shape index, fruit core diameter, fruit flesh thickness, fruit titratable acid (TA) content and soluble solids (TSS) content] and quality traits (fruit shape, fruit surface texture, fruit skin color, fruit flesh color, fruit flesh texture, and fruit aroma) of mature fruits of the two parent varieties and F₁ individuals were measured, and the genetic diversity, genetic relationships, and genetic tendencies of fruit characteristics of the F₁ individuals were analyzed. 【Results】102 true hybrid plants were identified through SRAP markers, and the true hybrid rate was 98.08%. The clustering analysis showed that at a

收稿日期: 2024-04-22 接受日期: 2024-06-25

基金项目: 福建省科技计划项目(2022N0045)

作者简介: 黄婉莉, 女, 助理研究员, 硕士, 研究方向为热带亚热带果树遗传育种。E-mail: 408644380@qq.com

*通信作者 Author for correspondence. E-mail: 1042106808@qq.com

genetic similarity coefficient of 0.90, the parental and 102 hybrid plants could be divided into 6 categories. The F_1 hybrids showed a typical normal distribution of the eight quantitative traits, including the single fruit weight, fruit longitudinal diameter, transverse diameter, fruit shape index, fruit core diameter, fruit flesh thickness, fruit TA content, and TSS content, which should be controlled by the multiple genes. The genetic trend of increasing variation in the single fruit weight, fruit longitudinal diameter, transverse diameter, fruit shape index, and TSS content in F_1 generation was evident, with obvious heterobeltiosis. The TA content in the fruit showed a genetic trend of decreasing variation, while the diameter of the fruit core and the thickness of the fruit flesh showed a genetic trend of decreasing variation. The six quality traits of the fruits in the F_1 population, including the fruit shape, fruit surface texture, fruit skin color, fruit flesh color, fruit flesh texture and fruit aroma, showed a significant segregation in the F_1 generation, with a large degree of dispersion and a high diversity index. The dispersion characteristics and genetic diversity levels of different fruit quality traits varied, indicating that the six quality traits were controlled by different genes. Among them, fruit shape, fruit surface texture, fruit skin color, and fruit flesh color were greatly influenced by the male parent, while fruit flesh texture and fruit aroma were mainly influenced by the female parent. 【Conclusion】 The SRAP markers were successfully used to identify the true hybrids in guava. At a genetic similarity coefficient of 0.90, the parent varieties and 102 true hybrid plants were divided into 6 categories. The eight quantitative traits of pomegranate, including the single fruit weight, fruit longitudinal diameter, transverse diameter, and fruit shape index, have significant heterobeltiosis, indicating that the inheritance of the fruit size in guava would be influenced by additive effects. Among the six quality traits, the fruit shape, surface texture, skin color, and flesh color might be greatly influenced by the male parent, while flesh texture and fruit aroma might be mainly influenced by the female parent.

Key words: *Psidium guava*; Hybrid offspring; SRAP molecular markers; Fruit quality; Genetic laws

番石榴 (*Psidium guava*) 在分类上属桃金娘科 (Myricaceae)、番石榴属 (*Psidium*) 植物, 俗称芭乐、鸡屎 (矢) 果、那拔等, 原产热带美洲, 番石榴传入中国种植已有数百年历史^[1-2], 主要种植在福建、台湾、广东、广西、云南、四川等地。番石榴果实营养价值丰富^[3-4], 每 100 g 果肉含总糖 5.0~10.3 g, 蛋白质 0.9~1.4 g, 维生素 A 60~75 μg , 维生素 C 210~305 mg。番石榴植株适应性强、早结丰产、种植效益高, 既可作为新鲜水果食用, 也可加工成各种增值产品, 是少数药食同源的水果之一, 其在食品、保健、医药领域都具有独特的应用^[5-7]。中国番石榴生产仍然面临主栽品种单一、栽培管理模式落后、品种退化等问题, 因此提高番石榴栽培育种水平、选育出特色优良品种、调整品种结构、树立品牌意识是促进番石榴产业稳健发展的重要任务。

在果树杂交育种过程中, 杂交后代的性状受父母本性状影响, 研究亲本的性状遗传规律可以指导正确选择和选配亲本, 提高育种效率。果树品种的优良特征主要体现在其果实品质上, 番石榴果实的

品质性状主要包含果实纵横径、质量、果肉颜色、香气、硬度、可溶性固形物含量、可滴定酸含量等, 研究番石榴果实品质性状遗传倾向对杂交亲本选配具有重要的指导意义。前人对梨、苹果、枇杷、枣等^[8-11]果实性状遗传规律进行了大量的研究, 而关于番石榴果实性状遗传方面暂未有报道。番石榴为多年生木本植物, 生长世代长, 果实种子多, 其杂交育种工作繁杂, 对其后代性状遗传规律进行积极的探索, 不仅能够为杂交后代早期选择提供参考从而提高育种效率, 同时还可作为番石榴进一步杂交育种科学选配亲本提供依据。

随着生物分子技术日益完善, 分子标记技术以准确、科学的特点已被应用于植物育种研究中。SRAP 标记 (相关序列扩增多态性, sequence-related amplified polymorphism) 是建立在 PCR (polymerase chain reaction) 基础之上的 DNA 分子标记系统, 可利用特定引物设计对整个未知序列的基因组进行扩增, 因其高效、稳定、多态性丰富、操作简单而被广泛应用于植物遗传育种、遗传多样性和亲缘分析等方

面^[12-14]。目前,SRAP标记已经被成功应用在金柑^[15]、椰子^[16]、樱桃^[17]等果树遗传多样性、遗传图谱等研究领域。笔者在本试验中以软肉浓香型番石榴红香1号(H1)为母本、硬肉淡香型番石榴帝王(DW)为父本,进行田间杂交,对番石榴亲本及其104株杂交F₁代群体进行亲缘关系鉴定及遗传多样性分析,并对其果实经济性状遗传倾向进行系统分析,以此丰富番石榴遗传规律研究,进一步总结育种经验,为培育番石榴新品种奠定基础。

1 材料和方法

1.1 试验材料

供试材料为漳州市农业科学研究所热带水果种质资源圃中的番石榴植株,番石榴亲本为3年生植株,亲本分别为红香1号(母本)和帝王(父本)。红香1号果实卵圆形,平均单果质量222.65 g,成熟果实果皮黄绿色,果面较光滑,果肉果心均为红色,肉质软绵细腻,香气浓郁。帝王果实椭圆形,平均单果质量241.90 g,成熟果实果皮绿色,果面光滑程度中等,果心果肉均为白色,肉质脆爽,淡香。于2021年4月进行人工杂交授粉,2021年9月收集杂交果实并播种,播种后约20 d种子萌发,获得杂交F₁代104株

(编号为HD1-HD104),2021年10月对杂交F₁代进行移栽,试验材料在资源圃中采用统一方法进行肥水管理、整形修剪和病虫害防治,植株长势一致且生长良好。2023年3月采集番石榴亲本和杂交F₁代无病虫害幼叶,洗净并晾干叶片上的水分保存于-80℃冰箱备用。2023年4月上旬番石榴亲本及杂交F₁代开花,2023年7月下旬果实陆续成熟,收集亲本和杂交F₁代的果实样品进行品质测定。

1.2 试验方法

1.2.1 果实品质指标测定 用T1000型电子天平测定番石榴亲本与杂交F₁代的单个果实质量;用游标卡尺测量果实最大处纵径和横径,计算果实纵径和横径的比值,即为果形指数;将果实对半切开,用直尺测定果心最宽处距离即为果心直径和果心边缘至外果皮最宽处的果肉厚度;采用酸碱滴定法(以柠檬酸计)测定果实中的可滴定酸(TA)含量;利用SWEVY型号数显折射仪测定果实的可溶性固形物(TSS)含量。

参考《热带作物种质资源描述规范 番石榴》^[18],采用观测法对番石榴果实形状、果面质地、果皮颜色、果肉颜色、果肉质地、果实香气6个质量性状进行调查(表1)。

1.2.2 基因组DNA提取与检测 使用基因组DNA

表1 番石榴果实质量性状描述
Table 1 Description of quality traits of guava fruit

果实形状 Fruit shape	果面质地 Fruit surface texture	果皮颜色 Skin color	果肉颜色 Fruit flesh color	果肉质地 Fruit texture	果实香气 Fruit aroma	赋值 Assignment
扁圆形 Flat circular shape	光滑 Smooth	淡黄色 Pale yellow	白色 White	嫩滑 Tender and smooth	无 Nothing	1
卵圆形 Oval shape	中等 Moderate	黄绿色 Yellow green	淡黄色 Pale yellow	疏松 Loose	淡 Light	2
椭圆形 Ellipse	粗糙 Rough	绿色 Green	黄色 Yellow	酥脆 Crispy	浓 Strong	3
长椭圆形 Long elliptical shape	-	浅红色 Light red	浅红色 Light red	-	-	4
梨形 Pear shaped	-	红紫色 Red Purple	红色 Red	-	-	5

提取试剂盒(生工生物工程股份有限公司),以番石榴新鲜健康、无病虫害叶片为材料,提取基因组DNA,用1×TAE电泳缓冲液、1.5%琼脂糖凝胶电泳进行定性分析,用BiophotoMETre型核酸蛋白仪检测其浓度并将待检测样品DNA保存于-20℃备用。

1.2.3 SRAP引物的筛选及PCR扩增 根据杨祥燕等^[19]优化番石榴SRAP反应体系中的引物信息,选择本试验SRAP分子标记引物由8个正向引物和8个反向引物两两组合成64对引物组合,以亲本H1

和DW基因组DNA为模板,对64对引物进行筛选,每对引物2次重复,筛选出多态性好、条带稳定且具有父本特异条带的引物组合用于杂交F₁代鉴定。SRAP-PCR反应体系总体积为20 μL,10×PCR Buffer(含25 mmol·L⁻¹的Mg²⁺)2 μL,上下引物各0.1 μL(10 μmol·L⁻¹),dNTP(均10 mmol·L⁻¹)0.4 μL,基因组DNA模板1 μL,Taq Plus DNA Polymerase(5 U·μL⁻¹)0.5 μL,ddH₂O 15.9 μL。扩增程序为:95℃预变性5 min;95℃变性30 s、35~45℃退火15 s、72℃延伸

30 s, 5 个循环; 95 °C 变性 30 s, 40~50 °C 退火 30 s, 72 °C 延伸 60 s, 35 个循环, 循环结束后于 72 °C 延伸 5 min, 12 °C 保存。

1.2.4 数据统计与分析 运用 Excel 2019 对数据进行整理和绘制图表, 使用 IBM SPSS Statistics 19.0 对数据进行频率分析、相关性分析和多样性指数分析等。变异系数、遗传传递率等计算方法参考赵爽等^[20]的研究方法。

利用 SoteGenetics GeneMarker 3.0.0 软件将每对引物扩增的等位基因位点进行统一标记, 以“1”或“0”表示相同位置上电泳条带的有或无, 并转换成 0/1 矩阵。利用软件 NTSYS-pc2.10 按 Nei&Li 方法计算遗传距离(D), 采用类平均聚类方法(UPGMA)构建番石榴聚类树状图, 用 PopGene 软件对得到的相关数据进行遗传分析。

多样性指数采用 Shannon-Weinner 指数(H'), $H' = -\sum P_i \ln P_i$, s 为表型分类数, P_i 为该性状第 i 类

的表现频率;

$$\text{变异系数}(CV, \%) = (S \cdot F^{-1}) \times 100;$$

$$\text{遗传传递力}(Ta, \%) = (F \cdot MP^{-1}) \times 100;$$

$$\text{超高亲率}(Hq, \%) = (F_1 \text{代群体表型高于亲本的单株数} / F_1 \text{代单株总数}) \times 100;$$

$$\text{低低亲率}(La, \%) = (F_1 \text{代群体表型低于亲本的单株数} / F_1 \text{代单株总数}) \times 100;$$

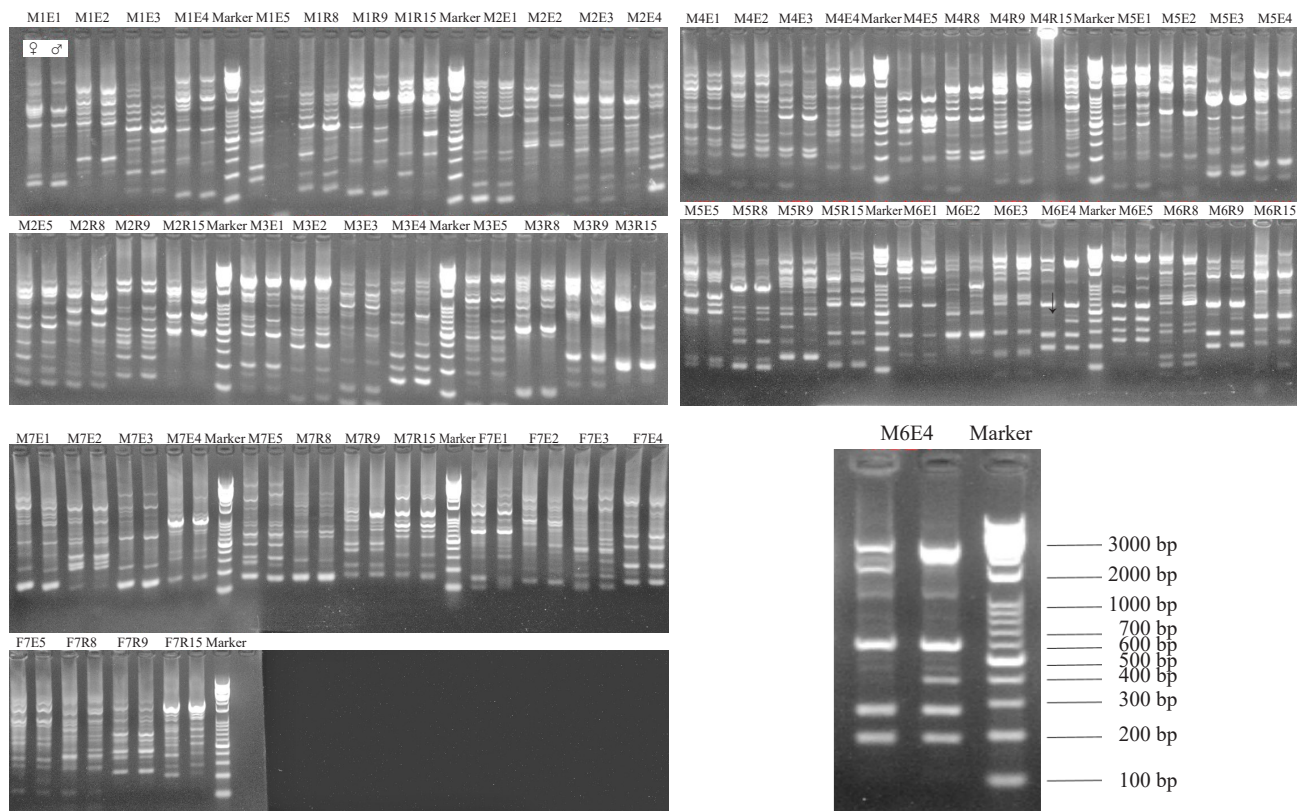
$$\text{优势率}(P, \%) = [(F - MP) \cdot MP^{-1}] \times 100;$$

公式中 S 表示杂交 F_1 植株数据的标准差, F 表示杂交 F_1 植株数据的平均值, MP 表示亲本平均值(中亲值)。

2 结果与分析

2.1 SRAP 引物筛选及杂交 F_1 代鉴定

如图 1 所示, 64 对 SRAP 引物按标准反应体系, 取亲本(H1、DW)为样本进行 PCR 筛选, 50 °C 的 PCR 退火条件, 电泳检测, 筛选出 7 对扩增效果较



引物编号注释在每对引物对应的条带上方, 左侧为母本红香 1 号, 右侧为父本帝王; 箭头指示引物(M6E4)为特异性引物。
The primer number annotation is above the corresponding band of each pair of primers, with the female parent Hongxiang No. 1 on the left and the male parent Emperor on the right; The arrow indicates that the primer (M6E4) is a specific primer.

图 1 亲本间多态性 SRAP 引物筛选结果
Fig. 1 Screening results of polymorphic SRAP primers between parents

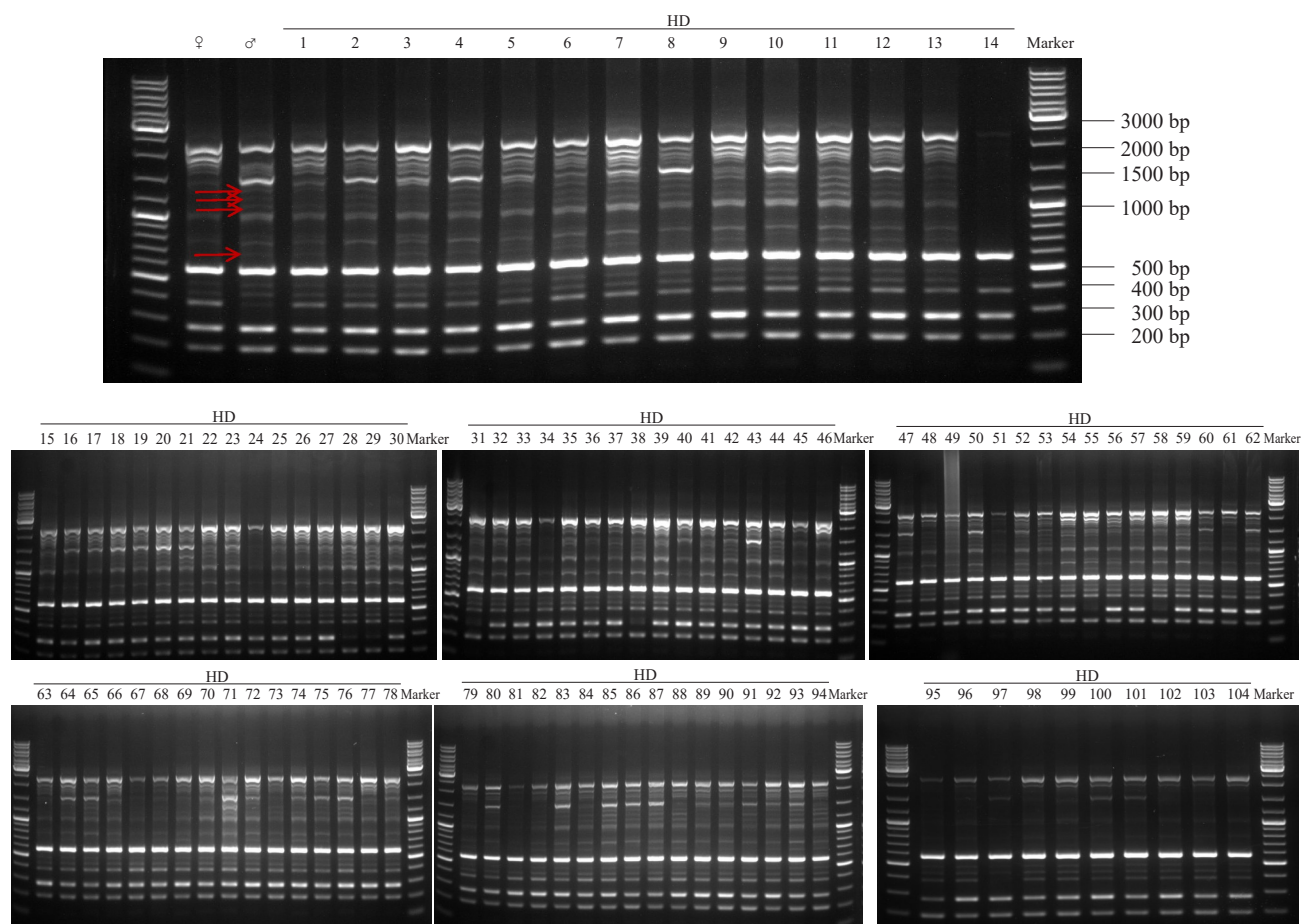
好,且在亲本间质检有多态性的引物。根据杂交F₁代中是否有父本特征条带,进而从7对引物中再筛选出1对(M6E4)SRAP引物用于父本帝王、母本红香1号与杂交F₁代亲缘关系的鉴定。应用筛选出来的SRAP引物(M6E4)对杂交F₁代群体进行真假杂种鉴定,对特定引物M6E4的扩增产物进行检测,发现4条父本特征条带(图2),在杂交F₁代株系中仅2株未检测到父本特征性条带,剩余102株杂交F₁代株系含有父本特征性条带,真杂种率达到98.08%。

2.2 杂交F₁代与亲本的聚类分析

利用特异性引物(M6E4)对番石榴杂交母本红香1号、父本帝王及其杂交F₁代群体进行PCR基因组序列扩增,获得多态性丰富的带型,产物片段大小在200~5000 bp之间,共获得17个位点,利用软件NT-SYS-pc2.10按Nei&Li方法计算番石榴亲本与后代之间的相似系数,采用类平均聚类方法(UPGMA)构

建番石榴聚类树状图。结果表明,母本红香1号和父本帝王遗传相似系数为0.82,杂交父母本相似度为中等水平。杂交F₁代群体的遗传相似系数在0.522~1.000之间,其中HD81与HD95植株之间的遗传相似系数最小,为0.522。大部分杂交F₁代植株间的相似系数在0.700~0.938之间。母本红香1号与杂交F₁代HD14和HD81植株间遗传相似系数最小,为0.700,与HD17、HD40、HD66、HD70、HD80等相似系数最大,为1.000。父本帝王与HD81相似系数最小(0.609),与HD1、HD3、HD4、HD5、HD6、HD7、HD9、HD12、HD20、HD21、HD23、HD87、HD93、HD94等14株杂交F₁代植株间遗传相似系数最大(0.970)。

按照UPGMA方法进行聚类分析,构建了亲本及102株后代的聚类树状图(图3),结果显示,以相似系数为0.900为标准,可将父母本及102株杂交F₁代群体植株划分为6类。其中,第I类仅有杂交F₁

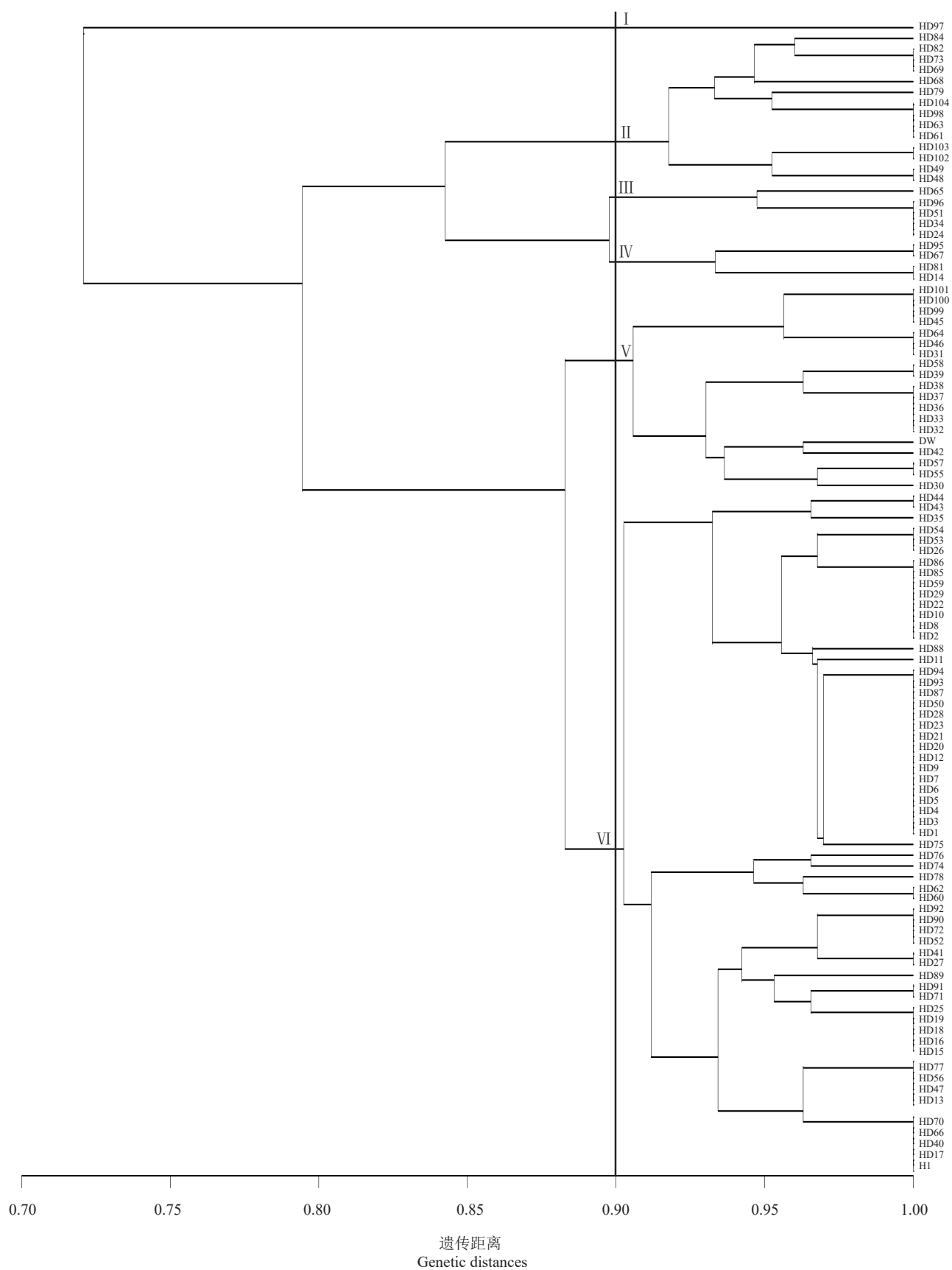


1~104. 杂交F₁代群体; ♀. 母本红香1号; ♂. 父本帝王。箭头所指为父本特征性条带。

1-104. Hybridized F₁ generation population; ♀. The female parent is Hongxiang No.1; ♂. The male parent is Emperor. The arrows point to the characteristic bands of the male parent.

图2 M6E4引物番石榴亲本与杂交F₁代植株的扩增结果

Fig. 2 Amplification results of M6E4 primer on pomegranate parents and hybrid F₁ plants

图3 杂交 F_1 代与父母本关系的聚类分析Fig. 3 Cluster analysis of the relationship among hybrid F_1 generation and parents

代植株1株,为HD97,与其他后代以及亲本亲缘关系较远,主要表现为叶片为紫红色,果皮果肉均为紫红色,硬果淡香,果实形状为卵圆形;第Ⅱ类共有杂交F₁代植株14株,主要表现为叶片为浅绿色,果皮绿色,果肉白色,软果浓香,果实形状为梨圆形;第Ⅲ类共有杂交F₁代植株5株,主要表现为叶片为浅绿色,果皮绿色,果肉红色,硬果淡香,果实形状为扁圆形;第Ⅳ类共有杂交F₁代4株,主要表现为叶片为深绿色,果皮绿色,果肉白色,硬果淡香,果实形状为椭圆形;第Ⅴ类与父本帝王聚在一起,共有杂交F₁代植株18株,主要表现为叶片为浅绿色,果皮绿色,果肉白色,硬果淡香,果实形状为长椭圆形;第Ⅵ类与母本红香1号聚在一起,共有杂交F₁代植株60株,主要表现为叶片为深绿色,果皮绿色,果肉红色,软果浓香,果实形状为长椭圆形。

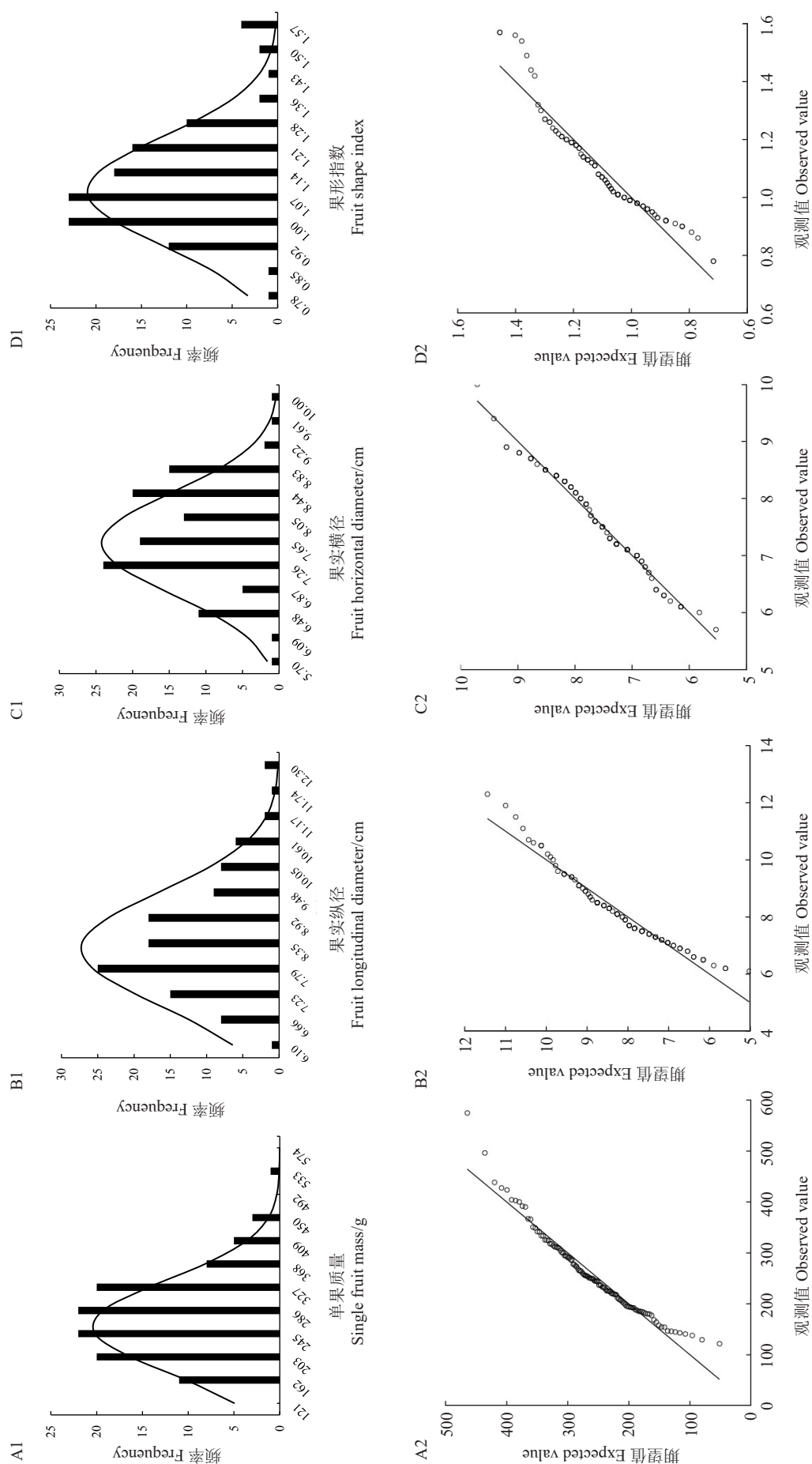
2.3 果实数量性状遗传分析

由表2可知,红香1号和帝王杂交F₁代单果质量为285.96 g,高于中亲值,性状分离范围为121.75~574.68 g,单果质量性状表现出较广泛的分离,其变异系数、遗传传递力和优势率均高于其他数量性状,分别为31.48%、111.92%和11.92%,超高亲率较高(53.98%)。单果质量正态分布曲线的峰度和偏度分别为1.51和0.97,同时结合图4-A1、A2的正态分布频率直方图和Q-Q图可知,杂交F₁代群体的单果质量表现为标准的正态分布,总体呈增大变异的遗传倾向,由于其性状分离范围较大,超高亲率较高,

因此能够为培育大果的番石榴品种提供育种材料;杂交F₁代果实纵径高于中亲值,分离范围为6.20~12.30 cm,变异系数为15.17%,遗传传递力为109.97%,优势率为9.97%,超高亲率为60.18%,低低亲率为25.66%。如图4-B1、B2所示,杂交F₁代群体果实纵径为标准的正态分布,属于由多基因共同控制的性状,总体呈趋于增大的遗传倾向;杂交F₁代群体果实横径为10.79 cm,高于中亲值,其性状分离范围为5.70~10.00 g,表现出广泛的分离。果实横径变异系数、遗传传递力、超高亲率和优势率均低于果实纵径,分别为10.79%、104.47%、51.33%和4.47%。根据分布曲线的峰度和偏度,再结合图4-C1、C2可知,杂交F₁代的果实横径表现为标准的正态分布,是典型的由多个基因控制的性状,遗传倾向总体呈增大趋势,变异系数较小;杂交F₁代果形指数高于中亲值,分离范围为0.78~1.57,变异系数为14.61%,遗传传递力为105.39%,优势率为5.39%,超高亲率为50.44%,低低亲率为37.17%。图4-D1、D2显示杂交F₁代的果形指数呈正态分布,总体呈增大变异的遗传倾向;杂交F₁代果心直径高于中亲值,分离范围为2.00~6.30 cm,变异系数为21.77%,遗传传递力为102.80%,优势率为2.80%,超高亲率为34.51%,低低亲率为22.12%。根据图5可知,杂交F₁代的果心直径呈标准的正态分布,总体呈趋中遗传的变异趋势(图5-A1、A2);杂交F₁代果肉厚度低于母本红香1号但高于中亲值,性状分离范围

表2 番石榴杂交F₁代果实数量性状遗传变异
Table 2 Genetic variation of fruit quantity traits in F₁ hybrid generation of guava

指标 Index	单果质量 Fruit mass/g	果实纵径 Longitudinal/ cm	果实横径 Horizontal/ cm	果形指数 Fruit shape index	果心直径 Horizontal/ cm	果肉厚度 Thickness/ cm	w(可滴定酸) TA content/%	w(可溶性 固形物) TSS content/%
母本 Female	219.10	7.38	7.07	1.05	3.50	2.00	0.20	8.06
父本 Male	241.90	7.63	7.52	1.01	4.00	1.70	0.23	7.77
中亲值 Mesophilic value	230.50	7.51	7.30	1.03	3.75	1.85	0.22	7.92
杂交后代 Hybrid progenise	285.96	8.25	7.62	1.09	3.85	1.92	0.20	8.18
分离范围 Separation range	121.72~574.68	6.20~12.30	5.70~10.00	0.78~1.57	2.00~6.30	1.00~3.40	0.11~0.26	6.00~12.00
变异系数 CV/%	31.48	15.17	10.79	14.61	21.77	20.50	15.41	15.54
遗传传递力 Ta/%	111.92	109.97	104.47	105.39	102.8	103.86	93.06	103.30
超高亲率 Hq/%	53.98	60.18	51.33	50.44	34.51	25.66	6.19	39.82
低低亲率 La/%	33.63	25.66	21.24	37.17	22.12	24.78	26.55	61.95
优势率 P/%	11.92	9.97	4.47	5.39	2.80	3.86	-6.94	3.30
峰度 Kurtosis	1.51	0.65	-0.30	1.52	0.34	1.43	0.91	1.32
偏度 Skewness	0.97	0.84	-0.05	1.09	0.38	0.67	-0.83	0.99

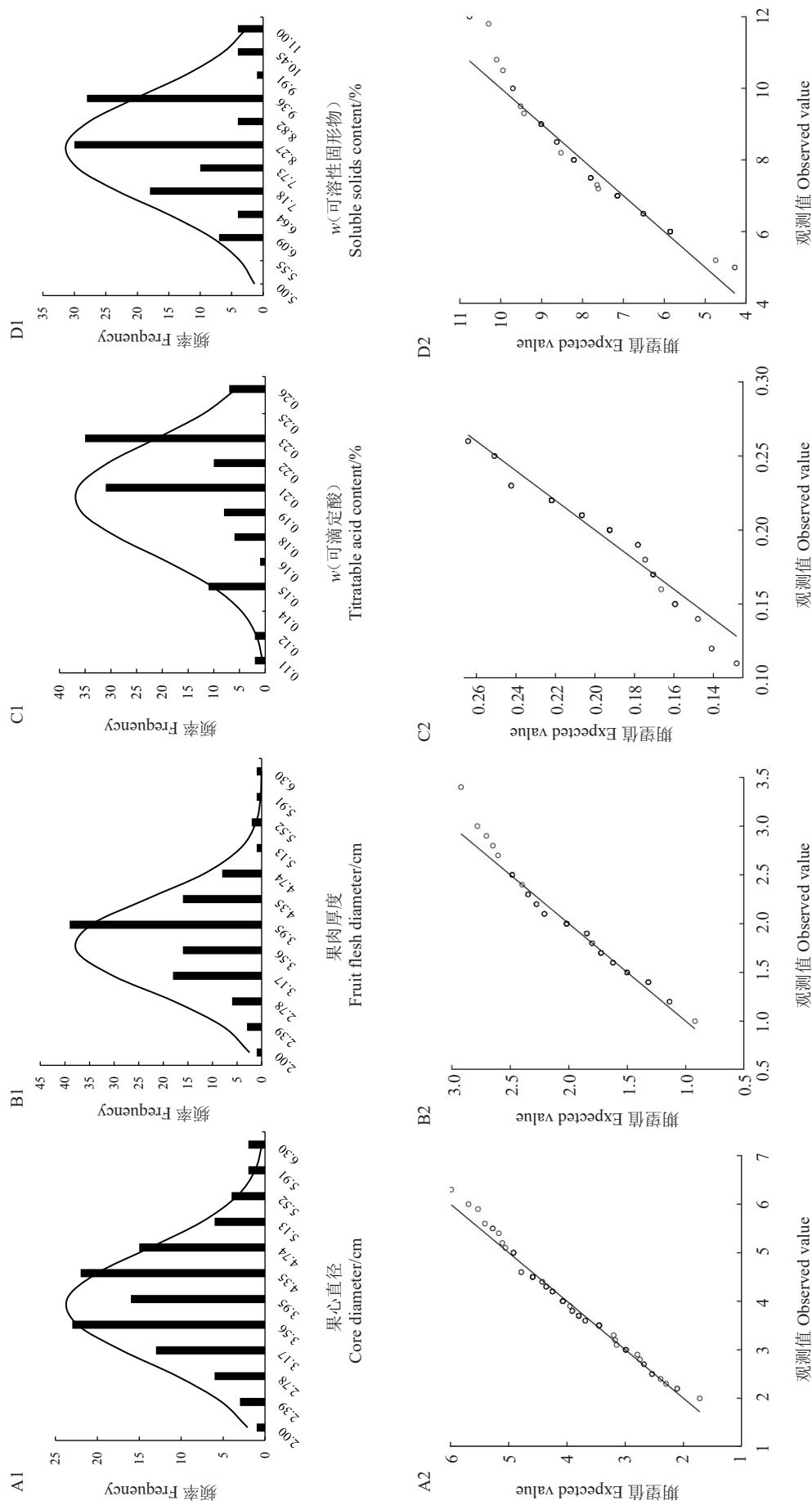


A. 单果质量; B. 果实纵径; C. 果实横径; D. 果形指数。1. 频率直方图; 2. 正态 Q-Q 图。

A. Single fruit mass; B. Fruit longitudinal diameter; C. Fruit horizontal diameter; D. Fruit shape index. 1. Frequency histogram; 2. Normal Q-Q diagram.

图 4 番石榴杂交 F_1 代表实数量性状频率直方图及正态 Q-Q 图

Fig. 4 Histogram and normal Q-Q chart of the frequency of quantitative traits in F_1 hybrid generation of guava



A. 果心直径; B. 果肉厚度; C. 可滴定酸含量; D. 可溶性固形物含量。1. 频率直方图; 2. 正态 Q-Q。
A. Core diameter; B. Fruit flesh diameter; C. Titratable acid content; D. Soluble solids content. 1. Frequency histogram; 2. Normal Q-Q.

图 5 番石榴杂交 F₁ 代果实数量性状频率直方图及正态 Q-Q 图

Fig. 5 Histogram and normal Q-Q chart of the frequency of quantitative traits in F₁ hybrid generation of guava

为1.00~3.40 cm,表现出广泛的分离。其变异系数为20.50%,仅次于单果质量,遗传传递力、超高亲率和优势率处于中等水平,分别为103.86%、25.66%和3.86%。杂交F₁代果肉厚度分布曲线的峰度和偏度分别为1.43和0.67,同时结合图5-B1、B2可知,杂交F₁代的果肉厚度表现为标准的正态分布,典型的由多个基因控制的数量性状,总体遗传表现为趋中倾向,变异系数较小;杂交F₁代果肉可滴定酸(TA)含量低于中亲值,分离范围为0.11%~0.26%,变异系数为15.41%,遗传传递力为93.06%,优势率为-6.94%,超高亲率为6.19%,低低亲率为26.55%。根据图5的频率直方图以及正态Q-Q图可知,杂交F₁代的TA含量正态分布,总体遗传倾向表现为较强的趋小变异,性状衰退表现较明显(图5-C1、C2);杂交F₁代果肉可溶性固形物(TSS)含量为8.18%高于中亲值,性状分离范围为6.00%~12.00%,表现出广泛的分离。其变异系数、遗传传递力、超高亲率和优势率均处于中等水平,分别为15.54%、103.3%、39.82%和3.30%。根据果实TSS含量正态曲线的峰度和偏度,同时结合图5-D1、D2可知,杂交F₁代的TSS含量呈正态分布,总体遗传倾向表现为趋大变异。

由图4、图5、表2可知,杂交F₁代的单果质量、果实纵径、横径、果形指数、果心直径、果肉厚度、果实TA含量和TSS含量等8个性状均呈较典型的正态分布,属于由多个基因控制的数量性状。8个数量性状在杂交F₁代中普遍出现较大的性状分离,变异系数为10.79%(果实横径)~31.48%(单果质量),遗传传递力为93.06%(TA含量)~111.92%(单果质量),优势率为-6.94%(TA含量)~11.92%(单果质

量),其中仅果实TA含量杂交F₁代的平均值低于中亲值,低低亲率为26.55%,杂种优势表现不明显,呈现趋小变异的遗传趋势。单果质量、果实纵径、横径和果形指数等4个性状超高亲率为50.44%(果形指数)~60.18%(果实纵径),总体呈增大变异的遗传趋势。果心直径和果肉厚度表现出趋中的遗传变异趋势。

2.4 果实质量性状遗传变异分析

番石榴杂交F₁代果实相关质量性状频度分布如表3所示,番石榴杂交F₁代102个单株的果实形状分离广泛,有扁圆形、卵圆形、椭圆形、长椭圆形、梨形,杂交F₁代果实形状主要遗传自父母本,其遗传亲本的频度为60.36%,后代植株果实形状与父本相同的频度高于母本,说明后代果实形状受父本影响较大。杂交后代中小部分的植株果实形状发生变异,部分后代果实形状为长椭圆形,为非亲本遗传的主要性状,其频度为28.83%;番石榴杂交F₁代果面质地以中等为主,其频度为47.92%,番石榴杂交F₁代果面质地遗传自亲本的频度为77.15%,其中后代植株果面质地与父本相同的频度远高于母本,表明后代果面质地主要受父本影响。后代群体中小部分植株果面质地与亲本有所差异,但差异频度为22.85%;番石榴杂交F₁代中果皮颜色共出现4类分别为淡黄色、黄绿色、绿色、浅红色,其中果皮颜色为黄绿色的频度最高(45.95%),杂交F₁代中果皮颜色遗传自亲本的频度为72.08%,其中后代果皮颜色与父本相同的频度为45.95%,高于母本,表明其后代果皮颜色主要受父本影响,部分后代植株果皮颜色发生变异,但频度仅为27.92%;番石榴杂交F₁代果

表3 番石榴杂交F₁代果实质量性状频度分布和多样性指数

Table 3 Frequency distribution and diversity index of fruit quality traits in F₁ hybrid generation of guava

质量性状 Quality traits	亲本 Parent		后代频度 Offspring frequency/%					多样性指数 Diversity index, H'
	母本 Female	父本 Male	1	2	3	4	5	
果实形状 Fruit shape	2	3	9.01	28.83	31.53	28.83	1.80	1.37
果面质地 Fruit surface texture	1	2	29.23	47.92	22.85			1.06
果皮颜色 Skin color	2	1	26.13	45.95	21.62	6.30	0.00	1.21
果肉颜色 Fruit flesh color	4	2	38.74	7.21	0.00	22.52	31.53	1.26
果肉质地 Fruit texture	1	3	59.46	3.60	36.94			0.80
果实香气 Fruit aroma	3	2	4.50	46.85	48.65			0.85

肉颜色为白色、淡黄色、浅红色和红色4种,其中白色频度较高(38.74%),其次为红色(35.53%),父本帝王果肉颜色为白色,母本红香1号为红色,表明F₁代果肉颜色主要遗传自亲本,后代果肉颜色表现为浅红色,可能受亲本间基因互作的影响,其中小部分单株果肉颜色发生变异,其频度为7.21%;番石榴杂交F₁代果肉质地为嫩滑、疏松和酥脆3种,以嫩滑为主,其频度为59.46%,其次为酥脆,其频度为36.94%,母本红香1号果肉质地为嫩滑,父本帝王果肉质地为酥脆。可见果肉质地受母本遗传影响较大;番石榴杂交F₁代果实香气主要遗传自父母本,其遗传亲本的频度为95.50%,后代植株果实香气与母本相同的频度高于母本,说明后代果实香气性状受母本影响较大。

根据番石榴杂交F₁代群体果实6个质量性状的Shannon-Weinner多样性指数(H')可知,番石榴杂交F₁代群体内不同植株果实质量性状表型多样性具有一定的差异,杂交F₁代果实质量性状多样性指数 H' 范围为0.80~1.37,平均值为1.09,其中果实形状多样性指数 H' 最高,为1.37,表明其后代遗传多样性最丰富,其次为果肉颜色,果肉质地和果实香气均较低,果面质地和果皮颜色的多样性水平处于中等。上述结果表明番石榴果实形状、果实质地、果皮颜色、果肉颜色、果肉质地和果实香气等6个质量性状在杂交F₁代群体中均表现出较明显的性状分离,其多样性指数高,离散幅度较大。

3 讨论

杂交育种是获得具有双亲优良特性的新品种的一种最有效的育种手段^[21-23]。而番石榴杂交F₁代数量较多,对杂交F₁代进行杂种鉴定,从中筛选真杂种,从而缩短育种周期、提高育种效率,对番石榴新品种培育具有重要意义。SRAP分子标记技术具有引物设计简单、准确度高等优点,已被广泛应用于植物种质鉴定和分子标记辅助育种中^[24-26]。本试验中SRAP分析结果显示,红香1号和帝王杂交F₁代中既有兼具双亲特异条带,也存在仅具父本和母本一方的特异条带,同时产生了新的特异条带。笔者推测番石榴杂交F₁代新条带的出现可能是因为在番石榴花粉和胚珠结合过程中染色体的不等价交换而产生的新片段,由此说明番石榴杂交F₁代既遗传亲本特性也产生新的变异。笔者在本研究中利用SRAP分

子标记技术对番石榴杂交组合的104株子代进行鉴定,真杂种率达到98.08%。

SRAP分子标记常用于遗传多样性分析,孙秀秀等^[27]通过SRAP分子标记技术,利用16对引物,将34份果桑种质分为五大类群。郭媛贞等^[28]利用形态标记和SRAP分子标记两种方法对22份菜豆资源的26个数量性状和18个质量性状进行测定、分析,将其分为三大类群体。周海琪等^[29]利用SRAP分子标记技术对89份香蕉种质资源进行遗传分析,种质间相似系数为0.241~1.000,在相似系数为0.49时可以将其分成六大类。谢锐等^[30]采用SRAP标记对收集的24份彩色马铃薯种质资源的遗传多样性进行分析,当相似系数为0.61时,24份彩色马铃薯种质被划分为四大类群。笔者在本研究中通过SRAP分子标记技术,对父母本及102株杂交F₁代植株采用聚类分析方法在遗传相似系数0.900处将其分为6类:第I类仅有杂交F₁代植株1株,为HD97;第II类共有杂交F₁代植株14株;第III类共有杂交F₁代植株5株;第IV类共有杂交F₁代植株4株;第V类与父本帝王聚在一起,共有杂交F₁代植株18株;第VI类与母本红香1号聚在一起,共有杂交F₁代植株60株。此结果与田间植株表型、果实性状鉴定基本吻合。

果树杂交育种获得的后代性状分离比较广泛,劣变率也较高,但也会出现超高亲植株^[31]。卢明艳等^[32]对梨杂交F₁代果实性状进行遗传规律研究,发现可溶性固形物含量和果形指数的组合传递力和优势率高,存在超亲分离的现象。Uddin等^[33]对杧果杂交F₁代株系的农艺性状进行遗传研究,发现杂交F₁代中存在单果质量和可溶性固形物含量较高的株系,且超过了亲本中较高的一方,表明这是加性基因的作用或超亲分离的现象。崔悦^[34]以不同越橘品种为亲本,配置3组正反交杂交组合,发现3组正反交后代可滴定酸含量遗传传递力均大于100%,表现为超亲分离现象。葛聪聪等^[35]对柠檬杂交群体子代表型进行分析,发现果形指数、单果质量等13个性状在杂种后代中符合数量性状遗传特点,各性状中均存在一定比例超亲个体。在本研究中,红香1号和帝王杂交F₁代单果质量、果实纵径、果实横径、果形指数、果心直径、果肉厚度、果实TA含量和TSS含量等8个性状都表现为较典型的正态分布,应是属于由多个基因控制的数量性状。8个性状在杂交F₁代中普遍出现较大程度的性状分离,其中单果质量、果

实纵径、果实横径和果形指数等4个性状总体呈增大变异的遗传趋势,超亲优势明显,说明番石榴果实大小的遗传受加性效应的影响。这与前人在草莓^[36]、柑橘^[37]、柿^[38]等中的研究结果一致。

在可溶性固形物含量方面,红香1号和帝王杂交F₁代TSS含量高于中亲值,杂交后代果实中TSS含量倾向于高TSS亲本,超亲优势明显。笔者在本研究中发现,番石榴果实中TSS含量的遗传模式与前人在苹果^[39]、枣^[40]、梨^[41]、猕猴桃^[42]、樱桃^[43]、山楂^[44]等果树研究中的结果相似,均属于遗传加性效应,是由微效多基因控制的数量性状遗传。在本研究中,杂交F₁代果实中TA含量平均值低于中亲值,杂种优势表现不明显,呈现趋小变异的遗传趋势。这与高磊等^[45]、郭修武等^[46]在葡萄上研究发现杂交后代果实可滴定酸含量大多数低于亲本平均值、呈低于双亲遗传的特点是相同的。上述试验结果可作为通过杂交方式培育出具有适当固酸比的高品质番石榴品种的前期基础和科学依据。

卢明艳等^[32]研究表明梨杂种后代果实质地、风味受母本影响较大。王刚刚^[47]研究认为苹果果皮颜色表现为一对基因控制的简单遗传,且受父本影响较大。笔者在本研究中发现番石榴果实6个质量性状果实形状、果面质地、果皮颜色、果肉颜色、果肉质地以及果实香气在F₁代群体中均表现出较明显的性状分离,不同质量性状间的多样性指数不同且均较高,由此表明番石榴果实质量性状间遗传多样性水平具有一定的差异性。同时番石榴6种质量性状受不同的基因控制,其中果实形状、果面质地、果皮颜色和果肉颜色受父本影响较大,果肉质地和果实香气主要受母本影响。

4 结 论

利用SRAP标记对番石榴红香1号×帝王杂交F₁代104个单株进行真伪鉴定,鉴定出真杂种102株,真杂种率达到98.08%。在遗传相似系数0.90阈值处可将番石榴父母本及杂交F₁代群体划分为6类;红香1号和帝王杂交F₁代单果质量、果实纵径、果实横径、果形指数、果心直径、果肉厚度、果实TA含量和TSS含量等8个性状都表现为较典型的正态分布,应是属于由多个基因控制的数量性状;杂交F₁代单果质量、果实纵径、果实横径、果形指数和TSS含量总体呈增大变异的遗传趋势,超亲优势明显。果

实TA含量呈现趋小变异的遗传趋势;杂交F₁代的果实形状、果面质地、果皮颜色、果肉颜色受父本影响较大,果肉质地和果实香气主要受母本影响。研究结果为番石榴杂交育种亲本科学选配提供了理论依据,同时为后续番石榴杂交育种和分子标记辅助育种奠定了基础。

参考文献 References:

- [1] RAI M K, ASTHANA P, JAISWAL V S, JAISWAL U. Biotechnological advances in guava (*Psidium guajava* L.): Recent developments and prospects for further research[J]. *Trees*, 2010, 24(1): 1-12.
- [2] KADAM D M, KAUSHIK P, KUMAR R. Evaluation of guava products quality[J]. *International Journal of Food Science and Nutrition Engineering*, 2012, 2(1): 7-11.
- [3] USMAN M, SAMAD W A, FATIMA B, SHAH M H. Pollen parent enhances fruit size and quality in intervarietal crosses in guava (*Psidium guajava*) [J]. *International Journal of Agriculture and Biology*, 2013, 15(1): 125-129.
- [4] GUTIÉRREZ R M P, MITCHELL S, SOLIS R V. *Psidium guajava*: A review of its traditional uses, phytochemistry and pharmacology[J]. *Journal of Ethnopharmacology*, 2008, 117(1): 1-27.
- [5] 刘荟娟, 张作军. 番石榴叶活性成分(TFPGL和TTPGL)对肥胖和血脂调节的影响[J]. *分子植物育种*, 2023, 21(18): 6159-6163.
- LIU Huijuan, ZHANG Zuojun. Effects of guava leaf active ingredients (TFPGL and TTPGL) on obesity and lipid regulation[J]. *Molecular Plant Breeding*, 2023, 21(18): 6159-6163.
- [6] 许凯博, 梁钰婵, 黄小帅, 芦昕蒂, 秦赫婕, 李莉娅. 番石榴多糖化学与生物活性研究进展[J]. *食品研究与开发*, 2024, 45(10): 209-216.
- XU Kaibo, LIANG Yuchan, HUANG Xiaoshuai, LU Xindi, QIN Hejie, LI Liya. Research progress on chemical and biological activity of *Psidium guajava* polysaccharides[J]. *Food Research and Development*, 2024, 45(10): 209-216.
- [7] 马泽华. 我国番石榴种质资源遗传多样性和遗传结构研究[D]. 广州: 广州大学, 2019.
- MA Zehua. Study on genetic diversity and genetic structure of guava germplasm resources in China[D]. Guangzhou: Guangzhou University, 2019.
- [8] 刘娟, 郭凯丽, 丁保朋, 牟晓庆, 贾浩田, 李六林, 杨盛. 梨杂交后代部分农艺性状遗传规律及相关基因的研究[J]. *果树资源学报*, 2022, 3(5): 1-7.
- LIU Juan, GUO Kaili, DING Baopeng, MU Xiaoqing, JIA Hao-tian, LI Liulin, YANG Sheng. Study on genetic rules and related genes of some agronomic traits in pear hybrid progenies[J]. *Journal of Fruit Resources*, 2022, 3(5): 1-7.
- [9] 杨植. 枣与酸枣杂交后代花与果实性状遗传规律研究[D]. 阿

- 拉尔:塔里木大学,2021.
- YANG Zhi. The heredity of flower and fruit characters in generation of Chinese jujube and sour jujube[D]. Alar: Tarim University, 2021.
- [10] 党伟锋. 苹果部分生物学性状的遗传分析及遗传连锁定位作图[D]. 杨凌:西北农林科技大学,2012.
- DANG Weifeng. Genetic analysis and preliminary localization of some biological traits of apple[D]. Yangling: Northwest A & F University, 2012.
- [11] 郭乙含,赵崇斌,李舒庆,徐红霞,黄天启,林顺权,陈俊伟,杨向晖. 枇杷叶片性状与单果质量的遗传规律研究[J]. 热带亚热带植物学报,2023,31(1):62-68.
- GUO Yihan, ZHAO Chongbin, LI Shuqing, XU Hongxia, HUANG Tianqi, LIN Shunquan, CHEN Junwei, YANG Xianghui. Study on inheritance patterns of leaf traits and fruit weight in loquat[J]. Journal of Tropical and Subtropical Botany, 2023, 31(1):62-68.
- [12] 尚晓星,张安世,刘莹,高登涛. 玫瑰香系葡萄种质资源 SRAP 遗传多样性分析及指纹图谱构建[J]. 分子植物育种,2020,18(6):1916-1922.
- SHANG Xiaoxing, ZHANG Anshi, LIU Ying, GAO Dengtao. Genetic diversity and fingerprints of Muscat Hamburg grapevine series germplasm resource based on SRAP markers[J]. Molecular Plant Breeding, 2020, 18(6):1916-1922.
- [13] 赵艺璇,王鑫,田琳,李明阳,刘易超,刘冬云. 39 个木槿品种亲缘关系 SRAP 分析[J]. 四川农业大学学报,2020,38(1):52-57.
- ZHAO Yixuan, WANG Xin, TIAN Lin, LI Mingyang, LIU Yichao, LIU Dongyun. Analysis the genetic diversity of *Hibiscus syriacus* germplasm resources by SRAP[J]. Journal of Sichuan Agricultural University, 2020, 38(1):52-57.
- [14] 李闻娟,齐燕妮,王利民,党照,赵玮,张建平. 运用 SRAP 分子标记对胡麻杂交种纯度的鉴定研究[J]. 甘肃农业科技,2019(9):59-62.
- LI Wenjuan, QI Yanni, WANG Limin, DANG Zhao, ZHAO Wei, ZHANG Jianping. Identification of the purity of flax hybrids by SRAP molecular markers[J]. Gansu Agricultural Science and Technology, 2019(9):59-62.
- [15] LIU B H, DING P, YE R C, LI Y, OU S H, GENTILE A, MA X F, DENG Z N. Genetic diversity analysis of Guangxi kumquat (*Fortunella Swing*) germplasm using SRAP markers[J]. Horticulturae, 2023, 9(6):689.
- [16] CHEN M Y, HE X H, ZHANG Y L, LU T T, HE W Q C, YANG J H, HUANG X, ZHU J W, YU H X, LUO C. Genetic diversity and relationship analyses of mango (*Mangifera indica* L.) germplasm resources with ISSR, SRAP, CDBP and CEAP markers[J]. Scientia Horticulturae, 2022, 301:111146.
- [17] 李沛华,王进,梁东,吕秀兰,周桂虹,李元美. 基于 SRAP 和 SCoT 标记分析不同甜樱桃品种遗传多样性[J]. 福建农业学报,2023,38(1):12-22.
- LI Peihua, WANG Jin, LIANG Dong, LÜ Xiulan, ZHOU Guihong, LI Yuanmei. SRAP and SCoT markers-based analysis on genetic diversity of sweet cherry cultivars[J]. Fujian Journal of Agricultural Sciences, 2023, 38(1):12-22.
- [18] 中华人民共和国农业农村部. 热带作物种质资源描述规范 番石榴:NY/T 3812—2020[S]. 北京:中国农业出版社,2020.
- Ministry of Agriculture and Rural Affairs of the People's Republic of China. Descriptors standard for tropical crops germplasm Guava: NY/T 3812—2020[S]. Beijing: China Agriculture Press, 2020.
- [19] 杨祥燕,蔡元保,陈豪军,甘卫堂,周全光,李莲英,黄小江. 番石榴 SRAP 反应体系的建立与正交优化[J]. 中国农学通报,2011,27(22):219-223.
- YANG Xiangyan, CAI Yuanbao, CHEN Haojun, GAN Weitang, ZHOU Quanguang, LI Lianying, HUANG Xiaojiang. Orthogonal optimization and establishment of SRAP-PCR amplification system of guava (*Psidium guajava* L.)[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2011, 27(22):219-223.
- [20] 赵爽,任俊杰,石鹤飞,齐国辉,李保国,赵福洞,陈利英. 早实核桃叶片性状遗传规律研究[J]. 植物遗传资源学报,2015,16(3):659-663.
- ZHAO Shuang, REN Junjie, SHI Hefei, QI Guohui, LI Baoguo, ZHAO Fudong, CHEN Liying. Study on leaf traits genetic law of precocious walnut[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2015, 16(3):659-663.
- [21] 陈旭强,杨亚州,刘莉,王英,武月妮,魏静,赵政阳. 以富士为核心亲本的苹果杂交群体的优系筛选[J]. 中国果树,2023(5):10-14.
- CHEN Xuqiang, YANG Yazhou, LIU Li, WANG Ying, WU Yue-ni, WEI Jing, ZHAO Zhengyang. Screening of elite lines with 'Fuji' as the core parental apple hybrid population[J]. China Fruits, 2023(5):10-14.
- [22] 李星. 芒果杂交后代杂种真实性鉴定与果实品质性状遗传分析[D]. 海口:海南大学,2023.
- LI Xing. Identification of hybrid authenticity and genetic analysis of fruit quality traits of mango hybrids[D]. Haikou: Hainan University, 2023.
- [23] 夏文娟,郑丽,孙雷明,徐绳武,施仕胜,柯金贤,余安安. 中国猕猴桃杂交育种现状与展望[J]. 湖北农业科学,2021,60(21):12-15.
- XIA Wenjuan, ZHENG Li, SUN Leiming, XU Shengwu, SHI Shisheng, KE Jinxian, YU An'an. Research status and prospect of kiwifruit crossbreeding in China[J]. Hubei Agricultural Sciences, 2021, 60(21):12-15.
- [24] 柯玲俊,彭坤桦,陆鑫眉,余惠文. 姜荷花桑巴杂种后代鉴定及遗传多样性[J]. 闽南师范大学学报(自然科学版),2023,36(4):127-132.
- KE Lingjun, PENG Kunhua, LU Luanmei, YU Huiwen. Identification and genetic diversity of the progeny of 'Siam TM Samba' (*Curcuma alismatifolia*) hybrids[J]. Journal of Minnan Nor-

- mal University (Natural Science), 2023, 36(4): 127-132.
- [25] 夏玲, 杨梦飞, 梁昕景, 王学林. 西番莲种间杂交 F1 后代分子鉴定及遗传多样性分析[J/OL]. 热带农业科学, 2023: 1-9. (2023-10-07) [2024-03-25]. <https://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1038.s.20230927.1548.006.html>.
- XIA Ling, YANG Mengfei, LIANG Xinjing, WANG Xuelin. Passionflower interspecific hybrid F1 progeny molecular identification and genetic diversity analysis[J/OL]. Chinese Journal of Tropical Agriculture, 2023: 1-9. (2023-10-07). <https://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1038.s.20230927.1548.006.html>.
- [26] 凌吴, 李泽, 陈志文, 王芳, 赵敬伊, 李玉帆. LA 百合与亚洲百合远缘杂交及杂种后代的鉴定[J/OL]. 分子植物育种, 2023: 1-13. (2023-05-30) [2024-03-25]. <https://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20230529.1514.028.html>.
- LING Wu, LI Ze, CHEN Zhiwen, WANG Fang, ZHAO Jingyi, LI Yufan. Distant hybridization between *Lilium longiflorum* Thunb. × *Lilium asiatic* Hybrida and *Lilium asiatic* Hybrida and identification of their hybrid progeny[J/OL]. Molecular Plant Breeding, 2023: 1-13. (2023-05-30). <https://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20230529.1514.028.html>.
- [27] 孙秀秀, 林夏, 王景飞, 翁春雨, 张永豪, 陈宣. 基于 SRAP 分子标记的果桑种质资源遗传多样性分析[J]. 现代农业科技, 2023(15): 73-78.
- SUN Xiuxiu, LIN Xia, WANG Jingfei, WENG Chunyu, ZHANG Yonghao, CHEN Xuan. Genetic diversity analysis of fruit mulberry germplasm resources based on SRAP molecular markers[J]. Modern Agricultural Science and Technology, 2023 (15): 73-78.
- [28] 郭媛贞, 黄强, 叶新如, 陈芝, 黄枝, 陈海玲, 颜墩炜, 薛珠政. 基于形态标记与 SRAP 标记的菜豆种质资源遗传多样性分析[J]. 福建农业学报, 2023, 38(2): 166-173.
- GUO Yuanzhen, HUANG Qiang, YE Xinru, CHEN Zhi, HUANG Zhi, CHEN Hailing, YAN Dunwei, XUE Zhuzheng. Morphological and SRAP markers-based genetic diversity determination on *Phaseolus lunatus* L. germplasms[J]. Fujian Journal of Agricultural Sciences, 2023, 38(2): 166-173.
- [29] 周海琪, 夏玲, 吕顺, 曾莉莎, 王芳, 黄晓彦, 陈东仪, 刘文清, 梁少丽, 刘丽琴. 89 份香蕉种质资源 SRAP 分子标记亲缘关系分析[J/OL]. 热带作物学报, 2023: 1-12. (2023-04-17) [2024-03-25]. <https://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1019.s.20230414.1440.004.html>.
- ZHOU Haiqi, XIA Ling, LÜ Shun, ZENG Lisha, WANG Fang, HUANG Xiaoyan, CHEN Dongyi, LIU Wenqing, LIANG Shaoli, LIU Liqin. Genetic relationship analysis among 89 banana germplasms based on SRAP molecular markers[J/OL]. Chinese Journal of Tropical Crops, 2023: 1-12. (2023-04-17) [2024-03-25]. <https://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1019.s.20230414.1440.004.html>.
- [30] 谢锐, 金晓蕾, 周继鸿, 郭斌煜, 郭景山, 韩志刚. 基于 SRAP 分子标记分析彩色马铃薯品种间遗传关系[J]. 种子, 2022, 41(7): 35-41.
- XIE Rui, JIN Xiaolei, ZHOU Jihong, GUO Binyu, GUO Jingshan, HAN Zhigang. Genetic diversity research of color potato cultivars based on SRAP molecular markers[J]. Seed, 2022, 41(7): 35-41.
- [31] LABROO M R, STUDER A J, RUTKOSKI J E. Heterosis and hybrid crop breeding: A multidisciplinary review[J]. Frontiers in Genetics, 2021, 12: 643761.
- [32] 卢明艳, 王强, 闫兴凯, 武春昊, 赵滢, 张茂君. 梨杂交 F₁ 果实性状遗传倾向分析[J]. 植物遗传资源学报, 2024, 25(2): 294-302.
- LU Mingyan, WANG Qiang, YAN Xingkai, WU Chunhao, ZHAO Ying, ZHANG Maojun. Analysis of fruit trait genetics in F₁ plants of *Pyrus* species[J]. Journal of Plant Genetic Resources, 2024, 25(2): 294-302.
- [33] UDDIN M Z, ISLAM M S, MORTUZZA M G, BHUYAN M A J, AMIN M A. Studies on physico-morphological characteristics and yield of some mango hybrid lines[J]. Journal of Agroforestry and Environment, 2011, 5(1): 131-134.
- [34] 崔悦. 越橘杂交后代果实性状遗传规律研究[D]. 长春: 吉林农业大学, 2023.
- CUI Yue. Study on the genetic pattern of fruit traits in blueberry hybrid progeny[D]. Changchun: Jilin Agricultural University, 2023.
- [35] 葛聪聪, 王亚娜, 李鸾翔, 张艺琴, 袁小迈, 黄桂香. 香水柠檬 × 白花柠檬群体子代表型及遗传变异分析[J]. 果树学报, 2022, 39(2): 169-183.
- GE Congcong, WANG Yana, LI Luanxiang, ZHANG Yiqin, YUAN Xiaomai, HUANG Guixiang. Phenotypic and genetic variation of hybrid progenies of Xiangshui lemon × Baihua lemon[J]. Journal of Fruit Science, 2022, 39(2): 169-183.
- [36] 王怡, 王丽娟. 草莓杂交后代果实性状遗传规律分析[J/OL]. 分子植物育种, 2023: 1-19. (2023-04-12) [2024-03-26]. <https://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20230412.1137.006.html>.
- WANG Yi, WANG Lijuan. Genetic analysis of fruit traits in strawberry hybrid offspring[J/OL]. Molecular Plant Breeding, 2023: 1-19. (2023-04-12) [2024-03-26]. <https://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20230412.1137.006.html>.
- [37] 郑妮. ‘红美人’柑橘杂交后代群体果实主要性状的遗传分析及早熟优株的筛选[D]. 重庆: 西南大学, 2021.
- ZHENG Ni. Genetic analysis of major fruit traits in the hybrid offspring of citrus ‘Hongmeiren’ and screening for the superior early-maturing varieties[D]. Chongqing: Southwest University, 2021.
- [38] 张琦. 柿杂交亲本选配及子代性状遗传规律研究[D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2023.
- ZHANG Qi. Study on the selection of hybrid parents and the inheritance of characters in persimmon progeny[D]. Hohhot: Inner Mongolia Agricultural University, 2023.
- [39] 刘怡然. 嘎啦与藤牧一号 F₁ 代表型性状及品质遗传规律研

- 究[D]. 长春:吉林农业大学,2023.
- LIU Yiran. Inheritance study on phenotypic traits and fruit quality of hybrid F₁ offsprings of 'Gala' and 'Mato 1' [D]. Changchun: Jilin Agricultural University, 2023.
- [40] 谢欢. 枣杂交后代果实性状遗传变异及 QTL 定位研究[D]. 杨凌:西北农林科技大学,2022.
- XIE Huan. Genetic variation and QTL mapping of fruit characters of jujube hybrid progeny[D]. Yangling: Northwest A & F University, 2022.
- [41] 董秀娟,杨晓平,杜威,范净,胡红菊. 梨 F₁ 代果实品质性状遗传规律分析[J]. 北方园艺,2022(7):23-29.
- DONG Xiujian, YANG Xiaoping, DU Wei, FAN Jing, HU Hongju. Analysis of heredity of pear fruit F₁ generation quality traits[J]. Northern Horticulture, 2022(7):23-29.
- [42] 李璐璐. 猕猴桃种内/间杂交子代倍性分离及性状遗传规律研究[D]. 武汉:中国科学院大学(中国科学院武汉植物园), 2019.
- LI Lulu. Study on the ploidy and morphological traits inheritance of F₁ hybrids in *Actinidia* crossings[D]. Wuhan: Wuhan Botanical Garden, Chinese Academy of Sciences, 2019.
- [43] 杨鹏飞. 中国樱桃'红妃'和蒲江红花杂交 F₁ 群体主要性状调查与遗传分析[D]. 雅安:四川农业大学,2023.
- YANG Pengfei. Investigation and genetic analysis of main characters in F₁ populations of Chinese cherry [*Cerasus pseudocerasus* (Lindl.) G. Don] 'HF' and PJHH crosses[D]. Ya'an: Sichuan Agricultural University, 2023.
- [44] 王昊. 软核山楂 F₂ 代果实代表性状的变异与选优[D]. 秦皇岛:河北科技师范学院,2023.
- WANG Hao. Variation and selection of representative traits in F₂ generation of soft-endocarp hawthorn fruit[D]. Qinhuangdao: Hebei Normal University of Science & Technology, 2023.
- [45] 高磊,李慧,洪奔,郑焕,陶建敏. 葡萄品种钟山红玉与钟山红杂交后代的 SSR 鉴定及葡萄果实性状遗传倾向分析[J]. 江苏农业学报,2023,39(1):187-197.
- GAO Lei, LI Hui, HONG Ben, ZHENG Huan, TAO Jianmin. SSR identification and genetic tendency analysis of fruit characters of hybrid offspring of Zhongshan Hongyu and Zhongshan Hong[J]. Jiangsu Journal of Agricultural Sciences, 2023, 39(1): 187-197.
- [46] 郭修武,郭印山,李轶晖,李成祥,李坤. 葡萄主要性状遗传规律研究[C]//中国园艺学会. 中国园艺学会第五届青年学术讨论会论文集,2002:264-271.
- GUO Xiuwu, GUO Yinshan, LI Yihui, LI Chengxiang, LI Kun. Research on genetic laws of main grape traits[C]//Chinese Horticultural Society. Proceedings of the 5th Youth Academic Symposium of the Chinese Horticultural Society, 2002:264-271.
- [47] 王刚刚. 富士与粉红女士杂交 F₁ 代果实品质遗传规律及酸/低酸性状的 SSR 标记[D]. 杨凌:西北农林科技大学,2010.
- WANG Ganggang. The inheritance of fruit quality and SSR makers of fruit acid/low-acid trait of Fuji and Pink Lady F₁ generation of hybrid[D]. Yangling: Northwest A & F University, 2010.