



中国樱桃正反交 F_1 代果实主要性状的遗传分析

刘针杉^{1,2}, 涂红霞^{1,2}, 周荆婷^{1,2}, 马艳^{1,2}, 柴久凤^{1,2}, 王旨意^{1,2}, 杨鹏飞^{1,2}, 杨小芹², Kumail Abbas^{1,2}, 王浩¹, 王燕^{1,2}, 王小蓉^{1,2}✉

¹四川农业大学果蔬研究所, 成都 611130; ²四川农业大学园艺学院, 成都 611130

摘要:【目的】通过观测分析中国樱桃地方种质‘南早红’(早熟, 橙红)和‘红妃’(紫红, 综合性状优良)杂交 F_1 代果实主要性状的遗传表现, 探究果实主要性状遗传规律, 为优异性状基因挖掘奠定工作基础, 也为新品种选育和杂交亲本选择与选配提供参考依据。【方法】田间调查和测试分析‘南早红’(NZH)和‘红妃’(HF)正、反交 F_1 代群体 ($n=226$) 果实大小(单果质量、果实纵径、横径、侧径)、风味(可溶性固形物、可溶性糖、可滴定酸)、颜色(果实花色苷含量)、形状(果形指数)、果实生育期、果柄长度等 17 个性状的遗传变异, 分析其遗传倾向并预测遗传模式。【结果】正交(‘南早红’ $\times$ ‘红妃’)和反交(‘红妃’ $\times$ ‘南早红’) F_1 群体单果质量分离广泛, 分别为 2.59—7.46 和 2.45—6.48 g, 但平均单果质量(4.30 g、4.05 g)均小于中亲值(4.58 g)。可溶性固形物和可溶性糖含量杂种优势明显, 前者正、反交群体均值分别为 14.55% 和 14.51%, 高于亲本 HF (12.97%) 和 NZH (11.36%), 超高亲率分别达 78.52% 和 76.09%; 可滴定酸在正、反交群体中的均值(0.67 g/100 mL、0.59 g/100 mL)略低于中亲值(0.63 g/100 mL), 低亲率为 47.92% 和 41.94%。 F_1 果皮颜色也呈现连续变异, 包括橙红、红色、紫红和黑紫等类型, 以红色为主。果实花色苷含量变异较大, 分布范围分别为 3.12—112.51 和 1.80—79.94 mg·kg⁻¹。果实生育期在正反交 F_1 群体中存在差异, 正交的比反交的短 2 d。果柄长度表现为超亲遗传, 超高亲率分别为 49.25% 和 43.33%。遗传模型预测表明, 正、反交 11 个果实性状最适遗传模型的主基因数目完全一致, 果实纵径和果实生育期为 1 对主基因, 其他性状均为 2 对主基因。【结论】中国樱桃杂交 F_1 代果实主要性状均为多基因控制连续分布的数量性状, 其中单果质量、果实纵径、横径、侧径、可滴定酸、花色苷含量呈变小的趋势, 可溶性固形物、可溶性糖和果柄长度呈增大的趋势。

关键词: 中国樱桃; 正、反交; F_1 群体; 果实性状; 遗传倾向

Genetic Analysis of Fruits Characters in Reciprocal Cross Progenies of Chinese Cherry

LIU ZhenShan^{1,2}, TU HongXia^{1,2}, ZHOU JingTing^{1,2}, MA Yan^{1,2}, CHAI JiuFeng^{1,2}, WANG ZhiYi^{1,2}, YANG PengFei^{1,2}, YANG XiaoQin², Kumail Abbas^{1,2}, WANG Hao¹, WANG Yan^{1,2}, WANG XiaoRong^{1,2}✉

¹Institute of Pomology and Olericulture, Sichuan Agricultural University, Chengdu 611130; ²College of Horticulture, Sichuan Agricultural University, Chengdu 611130

Abstract: 【Objective】 The aim of this study was to pave the way for the construction of high-density genetic map and QTL (quantitative trait locus) analysis, so as to facilitate the parental selection and mating design in the breeding programs targeting for new varieties in Chinese cherry (*Cerasus pseudocerasus* (Lindl.) G.Don) by investigating and analyzing fruit traits of F_1 progenies

收稿日期: 2022-03-22; 接受日期: 2022-07-26

基金项目: 国家自然科学基金(31672114)、四川省青年科技创新研究团队项目(2019JDTD0010)、樱桃资源四川省科技资源共享服务平台项目、四川省科技创新苗子工程项目(2021065)、四川农业大学大学生创新训练计划项目(202110626077)、四川农业大学学科建设双支计划培育创新团队项目(P202107)

联系方式: 刘针杉, E-mail: l33yona@163.com. 通信作者王小蓉, E-mail: wangxr@sicau.edu.cn

between Nanzaohong (NZH, early maturity, orange red) and Hongfei (HF, purple red, with good comprehensive characteristics).

【Method】 The heredity variation and inheritance tendency of 17 fruit quality traits in the F_1 segregating populations ($n=226$) were investigated, which were derived from the reciprocal cross between NZH and HF. These traits included fruit weight, longitudinal, transverse and lateral diameter, total soluble solids (TSS), soluble sugar (SS), titratable acid (TA), anthocyanin content, fruit shape index, fruit development period, and fruit stalk length, etc. 【Result】 The average fruit weight in offspring of both $NZH \times HF$ (4.30 g; range: 2.59-7.46 g) and $HF \times NZH$ (4.05 g; range: 2.45-6.48 g) was smaller than the mid-parent value (4.58 g). The TSS content (14.55% and 14.51%) was higher than those of two parents (12.97% and 11.36%), and the ratio of individuals with TSS content higher than high parent (HH) was 78.52% and 76.09%. The average TA content of individuals from the reciprocal cross was lower than the low parent (LL) (47.92% and 41.94%). Peel color segregated in the F_1 progenies, with orange red, red, purple red and black purple being observed. Hybrids with red fruit color accounted for the largest proportion. The anthocyanin content is in the range of 3.12-112.51 and 1.80-79.94 mg/kg. The average fruit development period of $NZH \times HF$ progenies was two days shorter than that of $HF \times NZH$ progenies, which was mainly affected by the male parent. The fruit stalk length showed heterosis with HH values of 49.25% and 43.33%, respectively. The mixed major gene and polygene inheritance model method was evaluated for their fitness relating to these traits. Two major genes plus polygenes model was the optimal genetic model for 11 (out of 12) quantitative traits except for the fruit longitudinal diameter, which was controlled by one major gene plus polygenes. 【Conclusion】 The main fruit quality characteristics were quantitative traits controlled by polygenic loci. The inheritance trend of the fruit weight, longitudinal, transverse, lateral diameter, TA, and anthocyanin content tended to be decreased, while the TSS, SS content and fruit stalk length tended to be increased.

Key words: Chinese cherry [*Cerasus pseudocerasus* (Lindl.) G.Don]; reciprocal cross; F_1 populations; fruit characters; inheritance tendency

0 引言

【研究意义】中国樱桃 [*Cerasus pseudocerasus* (Lindl.) G.Don] 原产于我国, 俗称小樱桃, 隶属蔷薇科 (Rosaceae) 樱属 (*Cerasus*), 素有“春果第一枝”的美誉, 是世界四大主栽樱桃种之一^[1]。小樱桃, 大产业, 近年在我国脱贫攻坚和乡村振兴中发挥重要作用^[2-3]。当前, 我国樱桃栽培面积约 26.7 万 hm^2 , 年产量约 7×10^5 t, 但依然供不应求, 年进口量超过 2×10^5 t。我国已是世界樱桃第一大消费国和进口国, 樱桃也是我国水果进口量最大的果树种类之一^[4]。自主发展我国樱桃产业, 优良种质是基础。基于对已有文献整理和过去 10 余年笔者课题组对我国 12 个省 (市) 106 个乡镇的中国樱桃实地考察和性状评价发现, 原产我国的中国樱桃虽然适应性广、抗逆性强、品质安全, 但普遍存在果小、味酸、果柄短、色泽单一、不易采摘和不耐储运等缺点^[2-3,5]。因此, 亟需樱桃优良种质创制及其关键方法技术创新。通过种质创制, 利用杂交群体解析优异性状遗传规律, 加速优新品种选育和定向遗传改良是改变当前我国樱桃消费依赖进口的根本途径。【前人研究进展】果树作物的主要性状多为数量性状, 由多基因和环境共同作用^[6-8]。目前, 甜樱桃^[9-10]、桃^[11]、李^[12]、杏^[13]、苹果^[14-15]、枇杷^[16]等果树基于杂交群体已有关于果实品质性状、抗性性状遗传倾向的研究报道^[17-18]。中国樱桃种质创制及关键方法技术研究方面, 分子辅助选择标记如

InDels 和 SSRs 等取得一定进展^[19-22], 但中国樱桃种内和种间杂交及杂交后代性状遗传表现相关研究报道较少^[23-26], 性状遗传倾向和遗传模型预测尚未见报道。

【本研究切入点】针对樱桃种质存在成熟期集中、果小、味酸和不耐储运等制约产业发展难点, 笔者研究团队利用资源实地考察和比较评价筛选的种质, 设计了多个樱桃杂交组合, 开展樱桃杂交育种, 已建立多个中国樱桃种内杂交 F_1 群体^[24]。【拟解决的关键问题】本研究拟以地方种质‘南早红’ (早熟, 橙红) 和‘红妃’ (紫红, 综合性状优良) 正、反交 F_1 群体为材料, 观测分析该 F_1 群体 ($n=226$) 果实主要性状的遗传表现, 并对其进行遗传倾向分析和遗传模式预测。

1 材料与方法

1.1 材料

杂交调查群体为中国樱桃地方种质‘南早红’‘红妃’及其 226 株真杂种 F_1 代^[20]。亲本‘南早红’为早熟品种, 单果质量 3.30—4.45 g, 果橙红色, 果实肾形, 风味甜酸; 亲本‘红妃’为中熟、大果 (4.50—5.50 g) 品种, 果紫红色, 果实心脏形, 风味甜酸。正交群体‘南早红’ $\times$ ‘红妃’ ($NZH \times HF$) 135 株, 反交群体‘红妃’ $\times$ ‘南早红’ ($HF \times NZH$) 91 株。2016 年建立正反交群体, 2017 年定植于四川农业大学现代农业研发基地 (四川成都), 株行距为 1.5 m $\times$ 2.0 m, 生长期间亲本与杂交群体采用相同的施肥、灌溉等管理措施。正反交群体 2019 年开始结果, 2021 年

稳定结果^[24]。

1.2 方法

1.2.1 果实采收 为保证亲本及杂种后代果实成熟度的一致性, 同一采样者于上午 8:00—11:00 采收树冠外围具有成熟特征, 充分表现株系固有风味的果实, 每个株系选取 100 个果实观测, 10 个果实用于外观性状观测, 剩余果实-20℃保存用于内在品质测定。

1.2.2 果实性状观测 果实风味、果皮颜色、果顶形状、果肉颜色和果实形状等描述性指标参照《樱桃种质资源描述规范和数据标准》^[27]和中国樱桃表型分级指南^[24]。糖酸风味和苦味采取多人品鉴 (n>5), 综合所有品尝者的描述确定。单果质量使用百分之一电子天平进行测定, 果实纵径、横径、侧径和果柄长度使用游标卡尺进行测定, 计算果形指数 (果实纵径/横径)。可溶性固形物使用数显折光仪 (ATAGO, 日本) 测定, 果实可滴定酸采用 pH 计电位滴定法测定, 果实可溶性糖和花色苷分别采用蒽酮比色法和盐酸乙醇比色法^[28]测定。内在品质性状设置 3 个生物学重复。

1.3 数据统计分析

1.3.1 遗传分析 采用 Excel 2019 整理各性状数据, 计算平均值, 使用 IBM SPSS Statistics 25.0 进行正态分布检验和差异显著性分析, 使用 Origin 2018 绘图。相关计算公式如下: 变异系数 CV (%) = S/F × 100; 广义遗传力 H_b^2 (%) = [VH - (Vp₁ + Vp₂)/2]/V_H × 100^[29];

遗传传递力 T_a (%) = (F/MP) × 100^[30]; 杂种优势率 H (%) = [(F-MP)/MP] × 100; 超高亲率 HH (%) = Σhp/n × 100; 超中亲率 HM (%) = Σmp/n × 100; 低亲率 LL (%) = Σlp/n × 100。其中, S 和 F 分别为 F₁ 代表型标准差和平均值, V_H、Vp₁ 和 Vp₂ 分别代表 F₁ 代、母本和父本的表型方差, hp 为表型值超过高亲的杂交 F₁ 代, mp 为表型值超过中亲值的杂交 F₁ 代; lp 为表型值低于低亲的杂交 F₁ 代, n 为杂交 F₁ 群体数目。

1.3.2 遗传模型分析 根据植物数量性状主基因+多基因混合遗传模型分析方法^[31], 分析中国樱桃正反交 F₁ 代 (假 F₂) 11 个数量性状单个分离世代的遗传模型, 采用最小 AIC (Akaike's information criterion) 值准则筛选最适遗传模型, 最小二乘法估计相应的主基因效应。

2 结果

2.1 ‘南早红’与‘红妃’正反交后代果实性状遗传倾向

如表 1 和图 1、图 2 所示, 中国樱桃‘南早红’与‘红妃’正反交后代果实大小、风味、颜色、形状等变异丰富, 广泛分离。经单样本 K-S 检验, 除果实花色苷含量外, 正、反交后代 11 个果实性状均呈正态分布 (图 2), 表现为数量性状遗传特点。

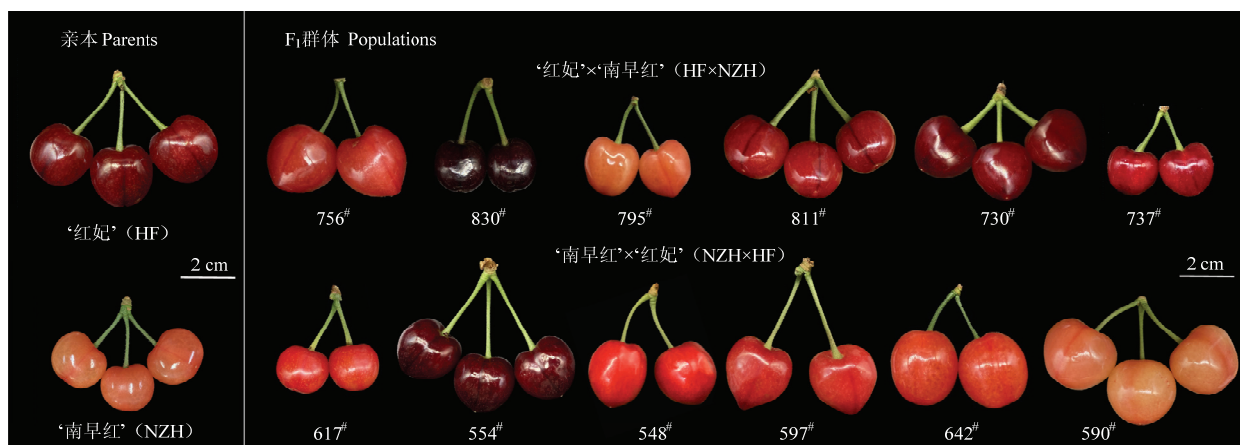


图 1 中国樱桃‘南早红’和‘红妃’杂交亲本及 F₁ 代表个体的果实外观性状

Fig. 1 Fruit phenotypes of cross parents Nanzaohong (NZH) and Hongfei (HF) as well as representative F₁ progenies

2.1.1 果实大小 中国樱桃果实大小由单果质量和果实纵径、横径、侧径反映。如表 1 所示, 正、反交的 F₁ 代单果质量广泛分离, 分布范围分别为 2.59—

7.46 g 和 2.45—6.48 g, 平均值 (分别为 4.30 g 和 4.05 g) 介于低亲值 (3.81 g) 与中亲值 (4.58 g) 之间, 变异系数分别为 21.46% 和 18.89%, 变异程度较高。正、

反交 F₁ 代分别有 14 个 (10.37%) 和 4 个 (4.40%) 超高亲株系。正、反交后代果实纵径、横径、侧径的变异程度较低 (CV=7.06%—8.83%), 平均值均低于中亲值, 为趋小遗传。果实纵径和横径的广义遗传力较高 (52.11%—74.12%), 其变异主要受遗传效应影响, 侧径的广义遗传力较低 (35.78%和 32.52%), 更易受环境影响。

2. 1. 2 果实风味 正、反交后代可溶性固形物平均值

分别为 14.55%和 14.51%, 高于高亲值 (12.97%), 超高亲率达到 78.52%和 76.09% (表 2), 表现为超亲遗传, 表明 ‘南早红’ 和 ‘红妃’ 杂交能够获得较高可溶性固形物的杂种后代。正、反交后代可溶性糖平均值均高于中亲值, 超高亲后代分别达到 41.56%和 46.34%, 杂种优势明显。遗传传递力达到 109.42%—114.59%, 表明可溶性糖的遗传存在加性效应。正、反交后代可滴定酸含量广泛分离, 变异系数分别为

表 1 中国樱桃 ‘南早红’ 和 ‘红妃’ 正、反交 F₁ 群体果实性状的遗传变异
Table 1 The hereditary variation of fruit characters in the F₁ progenies derived from reciprocal cross between Nanzaohong and Hongfei

性状 Trait	组合 Cross	亲本 Parent			子代 F ₁ progeny										
		NZH	HF	MP	均值 Average	范围 Range	CV (%)	H _b ² (%)	T _a (%)	H (%)	HH (%)	HM (%)	LL (%)	K	SK
单果质量 Fruit weight (g)	NZH×HF	3.81±0.55	5.35±0.38	4.58	4.30	2.59-7.46	21.46	73.92	93.82	-6.18	10.37	28.89	34.81	1.02	0.93
	HF×NZH				4.05	2.45-6.48	18.89	62.18	88.51	-11.49	4.40	28.57	40.66	0.10	0.33
果实纵径 Longitudinal diameter (mm)	NZH×HF	17.36±0.82	21.88±1.16	19.62	19.32	15.99-24.66	8.83	65.37	98.50	-1.50	8.89	37.04	13.33	0.38	0.56
	HF×NZH				18.97	16.15-23.82	7.65	52.11	96.69	-3.31	4.40	27.47	10.99	1.22	0.73
果实横径 Transverse diameter (mm)	NZH×HF	18.63±0.89	21.45±0.60	20.04	19.81	15.59-23.83	7.63	74.12	98.86	-1.14	14.07	42.22	21.48	0.16	0.52
	HF×NZH				19.49	16.32-22.67	7.06	68.70	97.24	-2.76	7.69	35.16	25.27	-0.35	0.01
果实侧径 Lateral diameter (mm)	NZH×HF	17.03±1.38	18.77±0.63	17.90	17.22	14.35-21.07	7.71	35.78	96.20	-3.80	11.85	28.89	48.15	0.22	0.37
	HF×NZH				17.04	14.12-20.44	7.60	32.52	95.20	-4.80	9.89	29.67	47.25	-0.33	0.05
可溶性固形物 Total soluble solid (%)	NZH×HF	11.36±0.82	12.97±0.90	12.17	14.55	8.10-19.70	14.40	83.11	119.61	19.61	78.52	90.37	5.93	0.17	0.11
	HF×NZH				14.51	9.20-23.20	15.19	84.73	119.28	19.28	76.09	88.04	4.35	2.31	0.76
可溶性糖 Soluble sugar (g·kg ⁻¹)	NZH×HF	92.35±1.70	117.27±0.91	104.81	116.07	56.57-178.92	21.36	99.78	109.42	9.42	41.56	68.83	14.29	0.26	0.17
	HF×NZH				120.10	67.97-199.76	27.81	99.88	114.59	14.59	46.34	65.85	19.51	-0.59	0.33
可滴定酸 Titratable acid (g/100 mL)	NZH×HF	0.67±0.01	0.58±0.02	0.63	0.60	0.31-1.13	32.60	89.50	95.60	-4.40	33.33	41.67	47.92	0.22	0.75
	HF×NZH				0.59	0.25-0.96	24.01	80.11	94.31	-5.69	16.13	45.16	41.94	1.06	0.02
果实花色苷 Anthocyanin content (mg·kg ⁻¹)	NZH×HF	6.96±0.53	42.02±0.61	24.49	23.58	3.12-112.51	84.81	99.86	96.30	-3.70	14.10	30.77	8.97	6.58	0.26
	HF×NZH				22.20	1.80-79.94	73.84	99.79	90.64	-9.36	12.20	31.71	7.32	3.18	1.70
果形指数 Fruit shape index	NZH×HF	0.87±0.02	1.02±0.05	0.95	0.98	0.86-1.12	5.58	47.71	102.85	2.85	22.39	68.66	1.49	-0.29	0.56
	HF×NZH				0.97	0.87-1.12	4.56	21.57	102.61	2.61	14.29	71.43	0.75	0.16	0.57
果实生育期 Fruit development period (d)	NZH×HF	49.00	54.00	51.50	53.07	44-61	8.23	/	103.04	3.04	42.22	61.48	16.30	-0.93	0.14
	HF×NZH				51.52	43-61	7.83	/	100.03	0.03	26.37	46.15	26.37	-0.86	0.24
果柄长度 Fruit stalk length (mm)	NZH×HF	19.43±3.04	19.94±3.33	19.69	20.03	7.24-35.30	20.60	40.30	101.74	1.74	49.25	52.99	44.78	1.61	0.36
	HF×NZH				19.62	9.93-30.01	20.38	36.43	99.67	-0.33	43.33	47.78	50.00	0.06	0.28

MP: 中亲值; CV: 变异系数; H_b²: 广义遗传力; T_a: 组合传递力; H: 杂种优势率; HH: 超高亲率; HM: 超中亲率; LL: 低低亲率; K: 峰度; SK: 偏度; /: 无计算值。下同
MP: Mid-parent mean; CV: Coefficient of variation; H_b²: Broad-sense heritability; T_a: genetic transmitting ability of cross combinations; H: Heterosis; HH: Ratio of higher than the high parent; HM: Ratio of higher than the middle parent; LL: Ratio of lower than low parent; K: Kurtosis; SK: Skewness; /: No value. The same as below

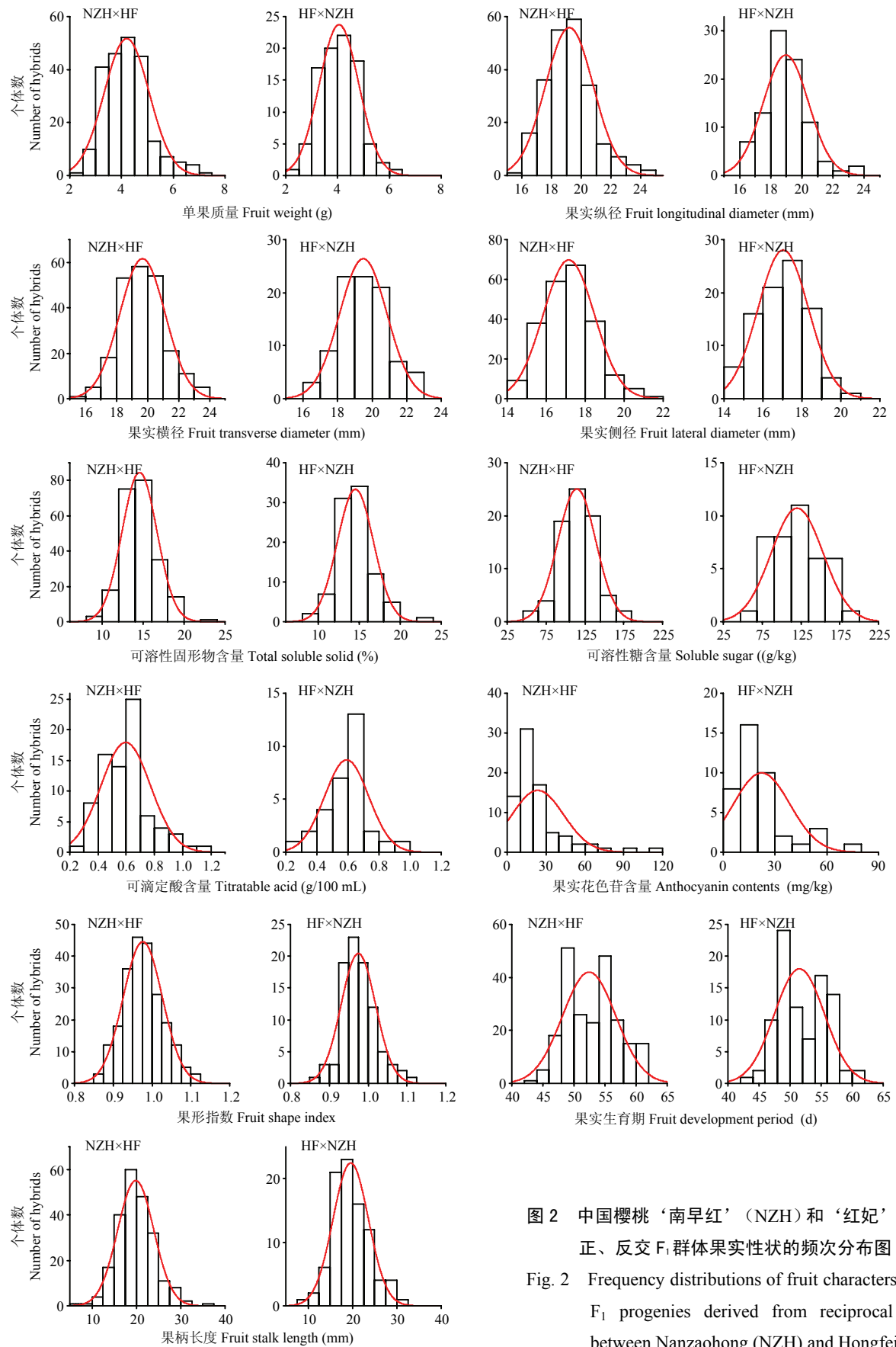


图2 中国樱桃‘南早红’(NZH)和‘红妃’(HF)正、反交 F_1 群体果实性状的频次分布图

Fig. 2 Frequency distributions of fruit characters in the F_1 progenies derived from reciprocal cross between Nanzaohong (NZH) and Hongfei (HF)

表 2 中国樱桃‘南早红’和‘红妃’正、反交 F₁ 群体果实风味的遗传变异
Table 2 The heredity variation of fruit flavor in the F₁ progenies derived from reciprocal cross between Nanzaohong and Hongfei

性状 Trait	组合 Cross	亲本 Parent		杂交 F ₁ 代性状分离比例 Separation proportion for F ₁ hybrids (%)			
		NZH	HF				
风味 Flavor	NZH×HF	酸甜 Sour-sweet	甜酸 Sweet-sour	酸 Sour (5.97)	甜酸 Sweet-sour (42.54)	酸甜 Sour-sweet (21.64)	甜 Sweet (29.85)
	HF×NZH			酸 Sour (3.26)	甜酸 Sweet-sour (52.17)	酸甜 Sour-sweet (25.00)	甜 Sweet (19.57)
苦味 Bitter flavor	NZH×HF	有苦味 Bitter	无苦味 De-bitter	无苦味 De-bitter (97.04)		有苦味 Bitter (2.96)	
	HF×NZH			无苦味 De-bitter (91.30)		有苦味 Bitter (8.70)	

32.60%和 24.01%，平均值介于低亲值与中亲值之间，低低亲率分别达到 47.92%和 41.94%，具有趋低遗传特性。由此可见，‘南早红’和‘红妃’杂交后代鲜食风味的趋甜特性可能由糖超亲遗传、酸趋低遗传产生。

果实风味主要受果实糖酸含量及比例影响，正、反交 F₁ 代果实风味相关性状均呈正态分布（图 2）。亲本‘南早红’果实风味以酸甜为主，有苦味；‘红妃’以甜酸为主。正、反交 F₁ 代分别有 29.85%和 19.57%果实风味为甜，F₁ 代风味为甜酸的占比最大，分别为 42.54%和 52.17%，仅 5.97%和 3.26%表现为酸。果实风味均表现为趋甜的遗传倾向。另外，正、反交后代中分别有 2.96%和 8.70%的果实风味带有苦味（表 2）。

2.1.3 果实颜色 亲本‘南早红’和‘红妃’果皮颜色分别为橙红和紫红。F₁ 代的果皮颜色广泛分离，

表现为橙红色、红色、紫红色和黑紫色。其中以红色数量最多，在正、反交后代中占比分别为 53.38%和 61.54%，其次是橙红色（27.82%、25.27%），紫红色（12.78%、10.99%）和黑紫色（6.02%、2.20%）。亲本‘南早红’和‘红妃’的果肉颜色分别黄色和乳白色，正、反交后代果实果肉颜色以黄色（56.72%、61.96%）和乳白色（35.07%、27.17%）为主，少量为红色（5.22%和 7.61%）和紫红色（2.99%、3.26%）（表 3）。

果实花色苷含量在正、反交 F₁ 群体中呈非正态分布（图 2），变异程度大，变异系数分别为 84.81%和 73.84%。正、反交后代的分布范围分别为 3.12—112.51 和 1.80—79.94 mg·kg⁻¹，极值差为 109.39 和 78.14 mg·kg⁻¹（表 1），表明果实花色苷含量在正、反交 F₁ 代中分离广泛，选择潜力大。

表 3 中国樱桃‘南早红’和‘红妃’正、反交 F₁ 群体果肉颜色和果皮颜色的遗传变异
Table 3 The heredity variation of flesh color and peel color in the F₁ progenies derived from reciprocal cross between Nanzaohong and Hongfei

性状 Trait	组合 Cross	亲本 Parent		杂交 F ₁ 代性状分离比例 Separation proportion for F ₁ hybrids (%)			
		NZH	HF				
果肉颜色 Flesh color	NZH×HF	黄 Yellow	乳白 Cream-white	乳白 Cream-white (35.07)	黄 Yellow (56.72)	红 Red (5.22)	紫红 Purple red (2.99)
	HF×NZH			乳白 Cream-white (27.17)	黄 Yellow (61.96)	红 Red (7.61)	紫红 Purple red (3.26)
果皮颜色 Peel color	NZH×HF	紫红 Purple red	橙红 Orange red	橙红 Orange red (27.82)	红 Red (53.38)	紫红 Purple red (12.78)	黑紫 Black purple (6.02)
	HF×NZH			橙红 Orange red (25.27)	红 Red (61.54)	紫红 Purple red (10.99)	黑紫 Black purple (2.20)

2.1.4 果实形状 正、反交 F₁ 代果形指数呈正态分布（图 2），平均值分别为 0.98 和 0.97，略高于中亲值（0.95）。变异系数分别为 5.58%和 4.56%，变异程度较小。‘南早红’和‘红妃’果实形状分别为肾形和心脏形，正、反交 F₁ 代中出现了肾形、扁圆形、近

圆形、椭圆形和心脏形的分离，其中肾形果实占比最高，分别为 46.27%和 35.16%，扁圆形（2.24%和 5.49%）和椭圆形（10.45%和 4.40%）占比最少。‘南早红’与‘红妃’果顶分别为凹和凸，杂种后代果顶形状为平的株系数最多（39.55%和 39.56%）（表 4）。

表 4 中国樱桃‘南早红’和‘红妃’正、反交 F₁ 群体果实形状和果顶形状的遗传变异
Table 4 The heredity variation of fruit shape and fruit top shape in the F₁ progenies derived from reciprocal cross between Nanzaohong and Hongfei

性状 Trait	组合 Cross	亲本 Parent		杂交 F ₁ 代性状分离比例 Separation proportion for F ₁ hybrids (%)				
		NZH	HF					
果实形状 Fruit shape	NZH×HF	肾形 Reniform	心脏形 Heart	肾形 Reniform (46.27)	扁圆形 Oblate (2.24)	近圆形 Near round (12.69)	椭圆形 Ellipse (10.45)	心脏形 Heart (28.36)
	HF×NZH			肾形 Reniform (35.16)	扁圆形 Oblate (5.49)	近圆形 Near round (21.98)	椭圆形 Ellipse (4.40)	心脏形 Heart (33.00)
果顶形状 Fruit top shape	NZH×HF	凹 Concave	凸 Convex	凹 Concave (29.10)		平 Flat (39.55)		凸 Convex (31.34)
	HF×NZH			凹 Concave (18.68)		平 Flat (39.56)		凸 Convex (41.76)

2.1.5 果实生育期 亲本‘南早红’和‘红妃’分别为早熟和中熟种质，果实生育期为 49 d 和 54 d。正、反交后代果实生育期的极值差相近，分别为 17 d 和 18 d。正交 F₁ 代果实生育期平均值（53.07 d）高于中亲值（51.50 d），其中生育期长于‘红妃’的株系占比 42.22%，短于‘南早红’的比例为 16.30%，表明正交 F₁ 代果实生育期的遗传倾向于生育期较长的亲本。反交 F₁ 代果实生育期平均值为 51.52 d，接近中亲值，其中生育期短于‘南早红’的株系占比 26.37%；反交 F₁ 代果实生育期遗传倾向于生育期较短的亲本。结果表明，以早熟亲本‘南早红’为父本，更容易出现生育期较短的后代，早熟杂种优势明显（表 1）。

2.1.6 果柄长度 正、反交后代果柄长度分别为 7.24—35.30 mm 和 9.93—30.01 mm，极值差分别为 28.06 mm 和 20.08 mm，变异系数分别为 20.60%和 20.38%，变异程度较高。后代超高亲率分别为 49.25%和 43.33%，表现出超亲遗传特征（表 1）。

2.2 果实数量性状遗传模式分析

根据最小 AIC 遗传模型优选原则，每个性状选择 AIC 值最小的 3 个模型作为备选（表 5）。11 个性状的备选模型均通过 U1²、U2²、U3²（均匀性检验），nW²（Smirnov 检验）和 Dn（Kolmogorov 检验）的适合性检验，达到显著水平的统计量个数为 0。因此，选择 AIC 值最小的为最适模型。正、反交获得相同最适遗传模型的性状共 7 个（表 6），其中单果质量和可溶性固形物的最佳模型为 2MG-AD（2 对加性-显性主基因模型），果实纵径和果实生育期的最佳模型为 1MG-A（1 对加性主基因模型），果实侧径的最佳模型为 2MG-EA（2 对等加性主基因模型），可滴定酸的最佳模型为 2MG-A（2 对加性主基因模型）。果实横径、可溶性糖、果实花色苷含量、果形指数和果柄长度均符合 2 对主效基因的遗传模型，在正交群体中

最佳遗传模型均为 2MG-AD，而反交群体为 2MG-EA。不同群体估算的基因互作效应略有差别。NZH×HF 群体的果形指数和果柄长度的最适遗传模型分别为 2MG-EA 和 2MG-A，HF×NZH 群体的果形指数和果柄长度的最适遗传模型均为 2MG-AD。

对各性状最佳遗传模型进行遗传参数估计（表 6），结果显示，除正交后代果实横径的第 2 对主效基因和果柄长度的第 1 对主基因表现为负向加性效应，其余性状的主基因加性效应均为正向增效。其中控制果实侧径的 2 对等加性主基因在正交和反交群体中可分别增加 0.66%和 0.62%。正、反交群体可溶性固形物的第 1 对主基因的加性效应（1.88%、1.67%）显著大于第 2 对（0.55%、1.26%），表明可溶性固形物的加性效应以第 1 对主基因为主；两对主基因的显性效应在正、反交群体间均表现负向效应。控制可溶性糖的 2 对主基因在正、反交群体中的加性效应值较接近，介于 19.35%—22.97%。果实纵径和果实生育期均受 1 对主效基因控制，正交群体主基因的加性效应值分别为 1.95%和 4.30%，反交分别为 1.22%和 3.66%。

3 讨论

3.1 中国樱桃正反交群体果实主要性状遗传趋势

本研究对中国樱桃正、反交 F₁ 群体的果实主要性状进行了遗传倾向分析，供试性状均呈现广泛分离，部分性状存在远高于高亲值和远低于低亲值的极端单株，具备选育优新品种的潜力。果实质量呈偏小的遗传趋势，受低值亲本影响大，这与人人在中国樱桃‘红妃’×‘蒲江红花’F₁ 代^[32]、甜樱桃^[9]、杏^[13]、葡萄^[33]和欧李^[34]等结果一致。这可能是由于蔷薇科果树长期被杂交定向选育，使大果品种具有明显的非加性效应，而在有性杂交后代中非加性效应解体，出现退化趋势。因此，通过杂交选育大果品种时应避免选择小

表 5 果实主要性状候选遗传模型及其极大似然函数值和 AIC 值

Table 5 Candidate genetic models of fruit characters and their maximum log likelihood values and AIC values

性状 Trait	NZH×HF				HF×NZH			
	备选模型 Model	极大似然值 MLV	AIC 值	AIC value	备选模型 Model	极大似然值 MLV	AIC 值	AIC value
果质量 Fruit weight	2MG-AD	-158.9561	329.9123		2MG-AD	-97.4125	206.8250	
	2MG-A	-163.5741	335.1482		2MG-EA	-102.5554	211.1109	
	2MG-EA	-164.5972	335.1944		1MG-A	-103.3361	212.6722	
果实纵径 Longitudinal diameter	1MG-A	-256.1247	518.2493		1MG-A	-158.1745	322.3489	
	2MG-A	-255.7949	519.5899		2MG-EA	-158.3125	322.6250	
	1MG-AD	-255.9692	519.9385		1MG-AD	-158.0700	324.1400	
果实横径 Transverse diameter	2MG-AD	-237.5514	487.1027		2MG-EA	-154.2085	314.4170	
	2MG-EA	-244.3091	494.6182		2MG-AD	-151.5555	315.1110	
	1MG-A	-244.4566	494.9132		0MG	-157.5688	319.1377	
果实侧径 Lateral diameter	2MG-EA	-225.2212	456.4423		2MG-EA	-148.4416	302.8831	
	1MG-A	-225.3303	456.6606		1MG-A	-150.5678	307.1356	
	2MG-A	-224.8276	457.6553		2MG-AD	-148.3132	308.6263	
可溶性固形物 Total soluble solid	2MG-AD	-282.5172	577.0345		2MG-AD	-192.1946	396.3893	
	2MG-EA	-285.9259	577.8517		2MG-A	-196.4489	400.8979	
	1MG-A	-286.1594	578.3188		2MG-EA	-198.4019	402.8039	
可溶性糖 Soluble sugar	2MG-AD	-359.3510	730.7020		2MG-EA	-196.4061	398.8121	
	2MG-A	-362.0946	732.1892		1MG-AD	-195.5200	399.0401	
	2MG-EA	-363.7563	733.5126		1MG-A	-196.6420	399.2839	
可滴定酸 Titratable acid	2MG-A	19.4123	-30.8247		2MG-A	22.4635	-36.9270	
	1MG-A	18.1227	-30.2453		2MG-AD	22.9213	-33.8426	
	1MG-AD	18.1240	-28.2481		2MG-EA	18.2742	-30.5484	
花色苷含量 Anthocyanin content	2MG-AD	-308.7738	629.5476		2MG-EA	-159.7461	325.4923	
	1MG-AD	-311.2824	630.5649		2MG-AD	-157.1097	326.2195	
	2MG-EA	-312.9347	631.8694		2MG-A	-159.7025	327.4050	
果形指数 Fruit shape index	2MG-EA	205.0708	-404.1417		2MG-AD	160.6529	-309.3059	
	2MG-A	203.9652	-399.9304		2MG-EA	158.3081	-308.6163	
	1MG-A	202.7257	-399.4513		2MG-A	157.1782	-308.3565	
果实生育期 Fruit development period	1MG-A	-379.6368	765.2737		1MG-A	-247.9257	501.8514	
	1MG-AD	-379.6406	767.2812		1MG-AD	-246.9941	501.9882	
	1MG-EAD	-380.9697	769.9394		1MG-NCD	-247.9908	503.9815	
果柄长度 Fruit stalk length	2MG-A	-376.5200	761.0400		2MG-AD	-244.6610	501.3221	
	2MG-EA	-377.7745	761.5490		0MG	-251.9375	507.8750	
	1MG-A	-377.8436	761.6871		2MG-EA	-251.1569	508.3138	

MG: 主基因; A: 加性效应; AD: 加性-显性; ADI: 加性-显性-上位性; EA: 等加性; EAD: 等加显性; NCD: 负向完全显性; 粗体表示针对该性状的最佳遗传模型; MLV: 极大似然值

MG: Major gene; A: Additive; AD: Additive-dominant; ADI: Additive-dominant-epitope; EA: Equal additive; EAD: Equal additive dominant; NCD: Negatively complete dominant; The bond digits are the best genetic models; MLV: Log_Max_likelihood_Value

表 6 最适遗传模型下果实主要性状的遗传参数估计
Table 6 Estimation of genetic parameters for main fruit characters as its optimal genetic model

性状 Trait	NZH×HF						HF×NZH					
	模型 Model	da	db	ha	hb		模型 Model	da	db	ha	hb	
单果质量 Fruit weight	2MG-AD	0.86	0.25	0.04	-0.40		2MG-AD	0.82	0.51	0.04	-0.09	
果实纵径 Longitudinal diameter	1MG-A	1.95	/	/	/		1MG-A	1.22	/	/	/	
果实横径 Transverse diameter	2MG-AD	1.76	-0.08	-0.09	0.91		2MG-EA	1.30	1.30	/	/	
果实侧径 Lateral diameter	2MG-EA	0.66	0.66	/	/		2MG-EA	0.62	0.62	/	/	
可溶性固形物 Total soluble solid	2MG-AD	1.88	0.55	-1.76	-1.38		2MG-AD	1.67	1.26	-0.30	-1.08	
可溶性糖 Soluble sugar	2MG-AD	22.50	19.35	8.65	7.98		2MG-EA	22.97	22.97	/	/	
可滴定酸 Titratable acid	2MG-A	0.00	0.22	/	/		2MG-A	0.02	0.07	/	/	
花色苷含量 Anthocyanin content	2MG-AD	17.05	8.45	-13.99	-0.50		2MG-EA	7.37	7.73	/	/	
果形指数 Fruit shape index	2MG-EA	0.05	0.05	/	/		2MG-AD	0.02	0.01/	-0.06	0.04	
果实生育期 Fruit development period	1MG-A	4.30	/	/	/		1MG-A	3.67	/	/	/	
果柄长度 Fruit stalk length	2MG-A	-0.24	2.62	/	/		2MG-AD	2.71	1.59	-3.09	-4.61	

da、db：主基因 A 和 B 的加性效应；ha、hb：主基因 A 和 B 的显性效应
da, db represents additive effect of major gene A and B; ha and hb represents dominant effect of major gene A and B

果品种作亲本，否则需要多代杂交才可聚合控制果实大小的基因，增大选育难度。尽管如此，正、反交 F₁ 代单果质量变异程度较高，选择潜力较大，共 18 个株系的单果质量超过高亲亲本，最大为 7.46 g，这为选育中国樱桃大果品种提供了丰富的种质基础。

果实风味直接影响樱桃的鲜食品质，甜酸风味受可溶性固形物、可溶性糖和可滴定酸含量的影响较大。正、反交 F₁ 代的可溶性固形物、可溶性糖和可滴定酸含量平均值差异较小，无明显的父母本遗传倾向，广义遗传力较高，表明糖酸的变异主要来自遗传效应，环境效应较小，遗传潜能大，这与苹果^[15]和杏^[35]的研究结果一致。正、反交共 176 个 F₁ 株系可溶性固形物含量超过高亲值，具有明显的杂种优势（19.61%和 19.28%），高于中国樱桃‘红妃’×‘蒲江红花’杂交 F₁ 代（8.89%）^[32]，由此可见，中国樱桃 F₁ 代可溶性固形物的杂种优势现象普遍存在，从 F₁ 代选育高可溶性固形物和风味更甜的株系具有优势。但由于亲本的异质程度不同，不同杂交组合杂种优势的表现程度也不同，这与越橘糖酸性状的超亲分离现象^[36]一致。

樱桃果实生育期的长短影响果实成熟期的划分，对其经济效应影响大^[7]。本研究发现，以短生育期亲本‘南早红’为父本，F₁ 代的平均生育期更短。反交后代平均生育期相比正交后代约短 2 d，且反交后代生育期短于短生育期亲本的比例更高，长于长生育期亲本的比例更低，受父本影响较大，这与越橘有机酸含

量和欧李果实大小的变化规律一致^[36-37]。中国樱桃成熟期正值早春鲜果淡季，且不同品种成熟期相对集中。因此，当以早熟为育种目标时，应选择短生育期品种作为父本选配适宜的杂交组合，更易筛选出早熟后代株系。

3.2 中国樱桃正反交群体果实主要性状遗传模式

与其他高度杂合的多年生木本植物相同，中国樱桃在杂交 F₁ 代即发生广泛分离，有别于两纯系亲本产生的 F₁ 不分离世代，可被认为是纯系亲本的杂交 F₂ 代。因此，本研究运用数量性状主基因+多基因混合遗传体系中单分离世代（F₂）类型进行遗传模型预测。结果发现，11 个性状在正、反交中检测到相同数量的主基因，其中果实纵径和侧径的主基因仅表现加性效应，单果质量和果实横径同时表现加性和显性效应，以加性效应为主，表明能一定程度发挥杂种优势选育大果株系。虽然单个分离世代难以像多世代联合分析一样将多基因效应与环境效应分开，但主基因的发现对理解中国樱桃及木本果树果实主要性状的遗传特点具有重要意义，可为后续精细定位相关基因以及指导中国樱桃遗传育种实践提供重要参考。

4 结论

中国樱桃‘红妃’和‘南早红’正、反交 F₁ 代 11 个果实性状均为数量性状。其中单果质量、果实纵径、

横径、侧径、可滴定酸含量表现为趋小遗传,可溶性固形物、可溶性糖和果柄长度为超亲遗传。以短生育期亲本‘南早红’为杂交父本,更易获得早熟 F_1 代。

参考文献 References

- [1] 俞德浚. 中国植物志. 第三十八卷. 北京: 科学出版社, 1986.
YU D J. Flora of China (Vol. 38). Beijing: Science Press, 1986. (in Chinese)
- [2] 黄晓姣, 王小蓉, 陈涛, 陈娇, 汤浩茹. 中国樱桃遗传资源多样性研究进展. 果树学报, 2013, 30(3): 470-479.
HUANG X J, WANG X R, CHEN T, CHEN J, TANG H R. Research progress of germplasm diversity in Chinese cherry (*Cerasus pseudocerasus*). Journal of Fruit Science, 2013, 30(3): 470-479. (in Chinese)
- [3] 王小蓉, 洪莉. 樱桃种质资源研究与生产关键技术. 北京: 中国农业科学技术出版社, 2019.
WANG X R, HONG L. Research on Cheery Germplasm Resources and Key Technology of Production. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2019. (in Chinese)
- [4] 段续伟, 李明, 谭钺, 张晓明, 王宝刚, 闫国华, 王晶, 潘凤荣, 刘庆忠, 张开春. 新中国果树科学研究 70 年——樱桃. 果树学报, 2019, 36(10): 1339-1351.
DUAN X W, LI M, TAN Y, ZHANG X M, WANG B G, YAN G H, WANG J, PAN F R, LIU Q Z, ZHANG K C. Fruit scientific research in new China in the past 70 years: Cherry. Journal of Fruit Science, 2019, 36(10): 1339-1351. (in Chinese)
- [5] 陈涛, 李良, 张静, 黄智林, 张洪伟, 刘胤, 陈清, 汤浩茹, 王小蓉. 中国樱桃种质资源的考察、收集和评价. 果树学报, 2016, 33(8): 917-933.
CHEN T, LI L, ZHANG J, HUANG Z L, ZHANG H W, LIU Y, CHEN Q, TANG H R, WANG X R. Investigation, collection and preliminary evaluation of genetic resources of Chinese cherry [*Cerasus pseudocerasus* (Lindl.) G. Don]. Journal of Fruit Science, 2016, 33(8): 917-933. (in Chinese)
- [6] QUERO-GARCÍA J, LETOURMY P, CAMPOY J A, BRANCHEREAU C, MALCHEV S, BARRENECHE T, DIRLEWANGER E. Multi-year analyses on three populations reveal the first stable QTLs for tolerance to rain-induced fruit cracking in sweet cherry (*Prunus avium* L.). Horticulture Research, 2021, 8: s41438-21. doi: 10.1038/s41438-021-00571-6.
- [7] HARDNER C M, HAYES B J, KUMAR S, VANDERZANDE S, CAI L C, PIASKOWSKI J, QUERO-GARCIA J, CAMPOY J A, BARRENECHE T, GIOVANNINI D, LIVERANI A, CHARLOT G, VILLAMIL-CASTRO M, ORAGUZIE N, PEACE C P. Prediction of genetic value for sweet cherry fruit maturity among environments using a 6K SNP array. Horticulture Research, 2019, 6: 6-15. doi: 10.1038/s41438-018-0081-7.
- [8] 徐强, 郝玉金, 黄三文, 邓秀新. 果实品质研究进展. 中国基础科学, 2016(1): 55-62.
XU Q, HAO Y J, HUANG S W, DENG X X. Advances in fruit quality researches. China Basic Science, 2016(1): 55-62. (in Chinese)
- [9] 赵慧. 甜樱桃果实大小性状的遗传分析与 QTL 定位[D]. 沈阳: 沈阳农业大学, 2018.
ZHAO H. Inheritance and QTL mapping for fruit size in sweet cherry [D]. Shenyang: Shenyang Agricultural University, 2018. (in Chinese)
- [10] CALLE A, CAI L C, IEZZONI A, WÜNSCH A. Genetic dissection of bloom time in low chilling sweet cherry (*Prunus avium* L.) using a multi-family QTL approach. Frontiers in Plant Science, 2020, 10: 1647. doi: 10.3389/fpls.2019.01647.
- [11] ZHOU H, MA R J, GAO L, ZHANG J Y, ZHANG A, ZHANG X J, REN F, ZHANG W H, LIAO L, YANG Q R, XU S L, OGUTU C O, ZHAO J B, YU M L, JIANG Q, KORBAN S S, HAN Y P. A 1.7-Mb chromosomal inversion downstream of a *PpOFP₁* gene is responsible for flat fruit shape in peach. Plant Biotechnology Journal, 2021, 19(1): 192-205. doi: 10.1111/pbi.13455.
- [12] VALDERRAMA-SOTO D, SALAZAR J, SEPÚLVEDA-GONZÁLEZ A, SILVA-ANDRADE C, GARDANA C, MORALES H, BATTISTONI B, JIMÉNEZ-MUÑOZ P, GONZÁLEZ M, PEÑA-NEIRA Á, INFANTE R, PACHECO I. Detection of quantitative trait *Loci* controlling the content of phenolic compounds in an Asian plum (*Prunus salicina* L.) F_1 population. Frontiers in Plant Science, 2021, 12: 679059. doi: 10.3389/fpls.2021.679059.
- [13] 刘家成, 章秋平, 牛铁泉, 刘宁, 张玉萍, 徐铭, 马小雪, 张玉君, 刘硕, 刘威生. ‘串枝红’与‘赛买提’杏正、反交后代果实性状遗传倾向分析. 果树学报, 2020, 37(5): 625-634.
LIU J C, ZHANG Q P, NIU T Q, LIU N, ZHANG Y P, XU M, MA X X, ZHANG Y J, LIU S, LIU W S. Analysis of inherited tendency of fruit characteristics in F_1 group of reciprocal crossing between ‘Chuanzhihong’ and ‘Saimaiti’ in apricots. Journal of Fruit Science, 2020, 37(5): 625-634. (in Chinese)
- [14] YANG C Q, SHA G Y, WEI T, MA B Q, LI C Y, LI P M, ZOU Y J, XU L F, MA F W. Linkage map and QTL mapping of red flesh locus in apple using a R1R1×R6R6 population. Horticultural Plant Journal, 2021, 7(5): 393-400.
- [15] 闫忠业, 伊凯, 刘志, 王冬梅, 吕天星, 李春敏, 陈东玫. ‘玉’×‘冠’果杂交后代果实糖酸组分遗传分析. 果树学报, 2017, 34(2):

- 129-136.
- YAN Z Y, YI K, LIU Z, WANG D M, LÜ T X, LI C M, CHEN D M. A study of genetic trend of sugar and acid components in the fruits of apple hybrid progeny of 'Jonathan' × 'Golden Delicious'. *Journal of Fruit Science*, 2017, 34(2): 129-136. (in Chinese)
- [16] 赵崇斌, 郭乙含, 李舒庆, 徐红霞, 黄天启, 林顺权, 陈俊伟, 杨向晖. 宁海白×大房枇杷 F₁ 杂交群体果实性状的相关性及遗传分析. *果树学报*, 2021, 38(7): 1055-1065.
- ZHAO C B, GUO Y H, LI S Q, XU H X, HUANG T Q, LIN S Q, CHEN J W, YANG X H. Correlation and genetic analysis of fruit traits in F₁ hybrid population of loquat generated from Ninghaibai × Dafang. *Journal of Fruit Science*, 2021, 38(7): 1055-1065. (in Chinese)
- [17] IEZZONI A F, MCFERSON J, LUBY J, GASIC K, WHITAKER V, BASSIL N, YUE C Y, GALLARDO K, MCCracken V, COE M, HARDNER C, ZURN J D, HOKANSON S, WEG E V D, JUNG S, MAIN D, LINGE D S L, VANDERZANDE S, DAVIS T M, MAHONEY L L, FINN C, PEACE C. RosBREED: Bridging the chasm between discovery and application to enable DNA-informed breeding in rosaceous crops. *Horticulture Research*, 2020, 7(1): 177.
- [18] PEACE C P. DNA-informed breeding of rosaceous crops: Promises, progress and prospects. *Horticulture Research*, 2017, 4(1): 17006. doi: 10.1038/hortres.2017.6.
- [19] WANG L, WANG Y, ZHANG J, FENG Y, CHEN Q, LIU Z S, LIU C L, HE W, WANG H, YANG S F, ZHANG Y, LUO Y, TANG H R, WANG X R. Comparative analysis of transposable elements and the identification of candidate centromeric elements in the *Prunus* subgenus *Cerasus* and its relatives. *Genes*, 2022, 13(4): 641. doi: 10.3390/genes13040641.
- [20] LIU Z S, ZHANG J, WANG Y, WANG H, WANG L, ZHANG L, XIONG M R, HE W, YANG S F, CHEN Q, CHEN T, LUO Y, ZHANG Y, TANG H R, WANG X R. Development and cross-species transferability of novel genomic-SSR markers and their utility in hybrid identification and trait association analysis in Chinese cherry. *Horticulturae*, 2022, 8(3): 222.
- [21] 王珏, 王燕, 张静, 陈涛, 王磊, 陈清, 汤浩茹, 王小蓉. 中国樱桃 InDel 标记开发及其在蔷薇科果树中通用性评价. *园艺学报*, 2020, 47(1): 98-110.
- WANG J, WANG Y, ZHANG J, CHEN T, WANG L, CHEN Q, TANG H R, WANG X R. Development of insertion-deletion (InDel) markers based on whole-genome sequencing data in Chinese cherry and their transferability in Rosaceae fruit trees. *Acta Horticulturae Sinica*, 2020, 47(1): 98-110. (in Chinese)
- [22] 宗宇, 王月, 朱友银, 邵娟, 李永强, 郭卫东. 基于中国樱桃转录组的 SSR 分子标记开发与鉴定. *园艺学报*, 2016, 43(8): 1566-1576.
- ZONG Y, WANG Y, ZHU Y Y, SHAO X, LI Y Q, GUO W D. Development and validation of SSR markers based on transcriptomic data of Chinese cherry (*Prunus pseudocerasus*). *Acta Horticulturae Sinica*, 2016, 43(8): 1566-1576. (in Chinese)
- [23] WANG Y, WANG H, ZHANG J, LIU Z S, CHEN Q, HE W, YANG S F, LIN Y X, ZHANG Y T, LI M Y, ZHANG Y, LUO Y, TANG H R, WANG X R. Survey on intra-specific crossing and F₁ seedlings cultivation of seven combinations in Chinese cherry. *Horticultural Plant Journal*, 2022, 91(3): 267-275.
- [24] WANG Y, HU G P, LIU Z S, ZHANG J, MA L, TIAN T, WANG H, CHEN T, CHEN Q, HE W, YANG S F, LIN Y X, ZHANG Y T, LI M Y, ZHANG Y, LUO Y, TANG H R, WANG X R. Phenotyping in flower and main fruit traits of Chinese cherry [*Cerasus pseudocerasus* (Lindl.) G.Don]. *Scientia Horticulturae*, 2022, 296: 110920.
- [25] 杜含梅, 王小蓉, 陈涛, 张洪伟, 杜涛. 中国樱桃种内及与欧洲甜樱桃杂交的初步分析. *广西植物*, 2015, 35(2): 227-230, 193.
- DU H M, WANG X R, CHEN T, ZHANG H W, DU T. Preliminary study on intraspecific hybridization of *Cerasus pseudocerasus* and interspecific hybridization with *C. avium*. *Guihaia*, 2015, 35(2): 227-230, 193. (in Chinese)
- [26] 吴延军, 武凯翔, 袁玥, 董梦梦. 甜樱桃新种质种内及与中国樱桃种间杂交效率分析. *果树学报*, 2019, 36(9): 1112-1120.
- WU Y J, WU K X, YUAN Y, DONG M M. Analysis the efficiency of inter and intra-specific hybridization of new cultivars of sweet cherry and Chinese cherry. *Journal of Fruit Science*, 2019, 36(9): 1112-1120. (in Chinese)
- [27] 赵改荣, 李明. 樱桃种质资源描述规范和数据标准. 北京: 中国农业科学技术出版社, 2011.
- ZHAO G R, LI M. Descriptors and data standards for cherry. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 2011. (in Chinese)
- [28] 熊庆娥. 植物生理学实验教程. 成都: 四川科学技术出版社, 2003.
- XIONG Q E. Plant Physiology. Chengdu: Sichuan Scientific & Technical Publishers, 2003. (in Chinese)
- [29] CHEN X S, WU Y, CHEN M X, HE T M, FENG J R, LIANG Q, LIU W, YANG H H, ZHANG L J. Inheritance and correlation of self-compatibility and other yield components in the apricot hybrid F₁ populations. *Euphytica*, 2006, 150(1/2): 69-74. doi: 10.1007/s10681-006-9094-7.
- [30] 沈德绪. 果树育种学. 2 版. 北京: 中国农业出版社, 1997.
- SHEN D X. Fruit-Tree Breeding. Beijing: Chinese Agriculture Press, 1997. (in Chinese)
- [31] 王靖天, 张亚雯, 杜应雯, 任文龙, 李宏福, 孙文献, 葛超, 章元明.

- 数量性状主基因+多基因混合遗传分析 R 软件包 SEA v2.0. 作物学报, 2022, 48(6): 1416-1424.
- WANG J T, ZHANG Y W, DU Y W, REN W L, LI H F, SUN W X, GE C, ZHANG Y M. SEA v2.0: An R software package for mixed major genes plus polygenes inheritance analysis of quantitative traits. Acta Agronomica Sinica, 2022, 48(6): 1416-1424. (in Chinese)
- [32] 王燕, 刘针杉, 张静, 杨鹏飞, 马蓝, 王旨意, 涂红霞, 杨绍凤, 王浩, 陈涛, 王小蓉. 中国樱桃杂交 F_1 代花和果实若干性状遗传倾向分析. 园艺学报, 2022, 49(9): 1853-1865.
- WANG Y, LIU Z S, ZHANG J, YANG P F, MA L, WANG Z Y, TU H X, YANG S F, WANG H, CHEN T, WANG X R. Inheritance trend of flower and fruit traits in F_1 progenies of Chinese cherry. Acta Horticulturae Sinica, 2022, 49(9): 1853-1865. (in Chinese)
- [33] 王勇, 伍国红, 李玉玲, 孙锋, 骆强伟, 苏来曼·艾则孜, 郭平峰, 余义和. ‘红地球’葡萄杂交 F_1 代重要果实性状遗传倾向分析. 果树学报, 2015, 32(6): 1099-1106.
- WANG Y, WU G H, LI Y L, SUN F, LUO Q W, SULAIMAN Aizezi, GUO P F, YU Y H. Inheritance trend of the fruit traits of F_1 progenies of ‘Red Globe’ grapevine. Journal of Fruit Science, 2015, 32(6): 1099-1106. (in Chinese)
- [34] 王鹏飞, 付鸿博, 穆霄鹏, 张建成, 杜俊杰. ‘农大 6 号’与‘农大 7 号’欧李正反交 F_1 代果实品质的遗传变异分析. 中国果树, 2021(1): 50-55.
- WANG P F, FU H B, MU X P, ZHANG J C, DU J J. Genetic analysis of fruit quality in the F_1 generation from reciprocal crosses between ‘Nongda 6’ and ‘Nongda 7’ *Cerasus humilis*. China Fruits, 2021(1): 50-55. (in Chinese)
- [35] 姜凤超, 孙浩元, 杨丽, 张俊环, 王玉柱. ‘串枝红’×‘骆驼黄’杏 F_1 代糖酸性状的遗传变异分析. 果树学报, 2018, 35(6): 649-657.
- JIANG F C, SUN H Y, YANG L, ZHANG J H, WANG Y Z. Analysis of genetic variation of sugar and acid contents in F_1 population of apricot derived from ‘Chuanzhihong’ × ‘Luotuo Huang’. Journal of Fruit Science, 2018, 35(6): 649-657. (in Chinese)
- [36] 付鸿博, 王鹏飞, 徐豆, 穆霄鹏, 张建成, 付宝春, 杜俊杰. 农大 4 号与 DS-1 欧李正、反交 F_1 代果实品质的遗传变异分析. 核农学报, 2021, 35(10): 2223-2233.
- FU H B, WANG P F, XU D, MU X P, ZHANG J C, FU B C, DU J J. Heredity and variation analysis of fruit quality in the F_1 generation from reciprocal crosses between nongda 4 and DS-1 Chinese dwarf cherry (*Cerasus humilis*). Journal of Nuclear Agricultural Sciences, 2021, 35(10): 2223-2233. (in Chinese)
- [37] 刘有春, 魏永祥, 王兴东, 刘成, 蒋明三, 张舵, 袁兴福, 陶承光. 南高丛越橘品种‘Sapphire’和北高丛品种‘Berkeley’正反交后代果实糖酸组分含量的遗传倾向. 中国农业科学, 2014, 47(24): 4878-4885.
- LIU Y C, WEI Y X, WANG X D, LIU C, JIANG M S, ZHANG D, YUAN X F, TAO C G. Inheritance tendency of sugar and acid contents in the reciprocal cross progenies’ fruits of southern × northern high bush blueberry (*Vaccinium*). Scientia Agricultura Sinica, 2014, 47(24): 4878-4885. (in Chinese)

(责任编辑 赵伶俐)