

西双版纳黄瓜群体遗传多样性的 SSR分析

沈 镒, 方智远, 戚春章, 赵金艳, 宋江萍, 李全辉, 李锡香*

(中国农业科学院蔬菜花卉研究所, 北京 100081)

摘 要: 西双版纳黄瓜 (*Cucumis sativus* L. var. *xishuangbannanensis* Qi et Yuan) 是我国特有的黄瓜变种。以 20 世纪 70 年代末收集的 30 份西双版纳黄瓜种质 273 个样本为研究对象, 利用 SSR 技术从群体水平分析其遗传多样性。273 个样本的多态位点百分率、Nei's 基因多样性指数 (H) 和 Shannon 信息指数 (I) 分别为 92.86%、0.1818 和 0.2972。比较 30 份种质的遗传多样性指标, 显示种质间遗传变异 54.06%, 种质内遗传变异 45.94%。17 号种质的遗传多样性最高 ($H=0.1376$, $I=0.2032$, 多态位点百分率 37.21%)。聚类分析结果显示, 大多数种质的分组与瓜皮色和瓜肉色基本一致。按不同来源地将种质分为 5 个群体, 其中景洪群体的遗传多样性最高, 其多态位点百分率、 H 值和 I 值分别为 76.19%、0.1562 和 0.2516。群体间遗传一致度在 0.9071~0.9889 之间。聚类分析结果显示不同来源地的西双版纳黄瓜在遗传组成上存在差异。群体遗传分化系数和基因流分别为 0.2201 和 1.7718, 表明西双版纳黄瓜群体间基因分化不明显, 基因交流基本顺畅。

关键词: 黄瓜; 西双版纳黄瓜; SSR; 遗传多样性; 群体

中图分类号: S 642.2 **文献标识码:** A **文章编号:** 0513-353X (2009) 10-1457-08

Genetic Diversity Analyses of *Cucumis sativus* L. var. *xishuangbannanensis* Population Based on SSR Markers

SHEN Di, FANG Zhi-yuan, QI Chun-zhang, ZHAO Jin-yan, SONG Jiang-ping, LI Quan-hui, and LI Xi-xiang*

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

Abstract: Xishuangbanna cucumber (*Cucumis sativus* L. var. *xishuangbannanensis* Qi et Yuan) is a special variation in our country. Simple sequence repeat (SSR) analyses were conducted to assess the genetic diversity of 30 germplasm resources collected in Xishuangbanna prefecture in 1979 and 1980, which showed that relatively abundant genetic diversity existed in Xishuangbanna cucumber population. The percentage of polymorphic loci, Nei's gene diversity (H) and Shannon information index (I) of 273 samples were 92.86%, 0.1818 and 0.2972, respectively. The indexes of genetic diversity of 30 germplasm showed that the genetic variation among germplasm was 54.06% and that within germplasm was 45.94%. The genetic diversity of No. 17 germplasm was the highest among 30 germplasm ($H=0.1376$, $I=0.2032$, percentage of polymorphic loci = 37.21%). Cluster analysis showed that the result of classification of most germplasm was consistent with fruit skin color and flesh color. Among 5 populations according to accession source, the genetic diversity of Jinghong population was the highest, whose polymorphic loci, H value and I value were 76.19%, 0.1562 and 0.2516 respectively. Genetic identity of 5 populations was between 0.9071 and 0.9889. Cluster analyses suggest that the difference of genetic background existed in 5 populations with different collecting source. The coefficient of genetic differentiation (G_{st}) and gene flow (N_m) were 0.2201 and 1.7718, which

收稿日期: 2009-04-10; 修回日期: 2009-07-13

基金项目: 国家科技支撑计划项目 (2006BAD13B06-3-4); 科技部科技基础性工作专项课题 (2006FY110708); 农业部园艺作物遗传改良重点开放实验室项目

*通讯作者 Author for correspondence (E-mail: lee0612@sina.com)

indicated that the genetic differentiation was relatively low, with relatively larger gene flow in *C. sativus* L. var. *xishuangbannanensis*

Key words: cucumber; *Cucumis sativus* L. var. *xishuangbannanensis*; genetic diversity; SSR; population

西双版纳黄瓜 (*Cucumis sativus* L. var. *xishuangbannanensis* Qi et Yuan) 是我国特有的黄瓜变种, 仅分布在我国云南省西双版纳州及周边地区, 处于半栽培状态。其果实近圆至长圆形、果肉橙黄, 这些特征与普通黄瓜明显不同而与甜瓜相近, 但对其染色体数、与普通黄瓜杂交的可育性、一代杂种的表现和过氧化物酶同工酶酶谱等方面的鉴定, 证明其属于黄瓜 (戚春章等, 1983)。西双版纳黄瓜已被应用于黄瓜种质创新。Simon和 John (1997) 利用我国的 1 份西双版纳黄瓜创新了 3 份高胡萝卜素加工类型黄瓜新种质。分子评价结果显示西双版纳黄瓜与普通栽培黄瓜的亲缘关系较远 (李锡香等, 2004a, 2004b; 穆生奇等, 2008)。

SSR 标记具有多态性丰富、共显性遗传等特性, 已被用于黄瓜的遗传多样性分析和遗传连锁图谱构建。Katzir等在 1996 年即证实了 SSR 在黄瓜中存在多态性, 能够很好地揭示黄瓜属不同类型材料间存在的明显差别 (陈劲枫等, 2003), 但在分析黄瓜栽培品种内的遗传多态性时需更多的 SSR 标记 (Danin-Poleg et al, 2001)。利用多态性 SSR 引物分析栽培黄瓜材料的遗传多样性, 主成分与系统聚类分析结果均与形态学分类相吻合 (穆生奇等, 2008)。此外, 部分 SSR 标记已被用于黄瓜遗传图谱构建 (Danin-Poleg et al, 2000; 张海英等, 2004)。SSR 标记对于黄瓜资源鉴别和遗传多样性分析十分可靠和有效。

在以往黄瓜资源遗传多样性研究中, 少数涉及到了西双版纳黄瓜种质, 但主要作为黄瓜属内或种内不同类型的代表性材料, 份数较少。笔者通过对西双版纳黄瓜种质资源的形态鉴定和品质分析, 初步发现不同类型种质间具有明显差异。迄止尚未见以西双版纳黄瓜为研究对象的遗传多样性报道。本研究中利用 SSR 标记, 以 20 世纪 70 年代末从云南收集的 30 份西双版纳黄瓜种质为对象, 从群体水平探讨西双版纳黄瓜的遗传多样性及种质间亲缘关系, 以期对西双版纳黄瓜的起源分化和资源的保存利用提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

30 份 (共种植 33 份种质, 其中 11、12 和 18 号种质因种子活力较低未能取样) 西双版纳黄瓜种质 (表 1) 均收集自云南省西双版纳州的景洪市 (州府) 和勐腊县。景洪指景洪市区, 攸乐公社即现在的景洪市基诺山乡, 小勐养位于景洪市境内的勐养镇。勐醒和勐伦均属勐腊县勐伦镇。

由于保存的种子数量较少, 每份种质只播种 20 粒, 30 份种质出苗, 共 273 个单株即为 273 个样本 (表 1)。

1.2 DNA 提取和 SSR 分析

对 273 个样本分别提取基因组 DNA。每个样本取 200 mg 嫩叶放入离心管中, 加液氮用玻璃棒磨碎, DNA 提取采用改良的 CTAB 法 (Clark, 1997)。

PCR 反应主要参照 Katzir等 (1996) 的方法: 20 μ L 反应体系包括 1 U *Taq* 酶 (天根公司), PCR 10 \times buffer 2.0 μ L, 1.5 mmol \cdot L⁻¹ MgCl₂, 0.5 mmol \cdot L⁻¹ dNTP, 0.2 mmol \cdot L⁻¹ 引物, 20 ng 模板 DNA。PCR 反应在 PTC 200 PCR 扩增仪中完成。PCR 反应程序如下, 94 预变性 5 min, 94 变性 30 s, 55 复性 30 s, 72 延伸 60 s, 35 个循环。最后 72 延伸 7 min。

PCR 扩增产物在 6% 变性聚丙烯酰胺凝胶电泳, 采用银染技术检测 (Charters et al, 1996)。

1.3 数据统计分析

选择清晰、可重复的条带统计。有带记为 1，无带记为 0。利用 Popgene 1.32 软件（Yeh et al，1999）计算 Nei's 基因多样性指数（ H ）、Shannon 信息指数（ I ）、群体间基因分化系数（ Gst ）、基因流（ Nm ）、多态性位点数（NPL）、多态性位点百分率（PPL）及不同种质和不同来源地群体间 Nei's 遗传距离（ GD ），群体间遗传距离聚类图的绘制用 MEGA3.1 软件（Kumar et al，2004）完成。

表 1 30 份西双版纳黄瓜种质的编号、来源地及样本数

Table 1 The background information of 30 Xishuangbanna cucumbers

编号 Code	种质 Germplasm	来源地 Source	样本数 Samples number	编号 Code	种质 Germplasm	来源地 Source	样本数 Samples number
1	西双版纳黄瓜 Xishuangbanna Huanggua	OT	11	19	白圆黄瓜 Baiyuan Huanggua	MX	3
2	西双版纳黄瓜 Xishuangbanna Huanggua	JH	14	20	黄皮圆黄瓜 Huangpi Yuanhuanggua	ML	15
3	西双版纳黄瓜 Xishuangbanna Huanggua	JH	3	21	圆形黄皮黄瓜 Yuanxing Huangpi Huanggua	ML	12
4	黄皮圆黄瓜 Huangpi Yuan Huanggua	YL	5	22	黄皮圆筒形黄瓜 Huangpi Yuantongxing Huanggua	ML	3
5	西双版纳黄瓜 Xishuangbanna Huanggua	JH	17	23	乳白皮圆黄瓜 Rubai pi Yuanhuanggua	MX	5
6	西双版纳黄瓜 Xishuangbanna Huanggua	YL	13	24	黄皮长筒形黄瓜 Huangpi Changtongxing Huanggua	XYM	4
7	圆形黄皮黄瓜 Yuanxing Huangpi Huanggua	JH	9	25	白长圆黄瓜 Baichangyuan Huanggua	MX	14
8	圆黄皮黄瓜 Yuanhuangpi Huanggua	YL	9	26	白长圆黄瓜 Baichangyuan Huanggua	MX	11
9	圆形黄皮黄瓜 Yuanxing Huangpi Huanggua	YL	1	27	圆形黄皮黄瓜 Yuanxing Huangpi Huanggua	ML	14
10	西双版纳黄瓜 Xishuangbanna Huanggua	JH	6	28	圆黄瓜 Yuan huanggua	MX	11
13	西双版纳黄瓜 Xishuangbanna Huanggua	JH	9	29	圆白黄瓜 Yuanbai huanggua	MX	9
14	西双版纳黄瓜 Xishuangbanna Huanggua	JH	11	30	白皮圆黄瓜 Baipi Yuanhuanggua	MX	15
15	西双版纳黄瓜 Xishuangbanna Huanggua	JH	4	31	乳白皮圆黄瓜 Rubai pi Yuanhuanggua	MX	10
16	西双版纳黄瓜 Xishuangbanna Huanggua	JH	1	32	西双版纳黄瓜 Xishuangbanna Huanggua	OT	14
17	西双版纳黄瓜 Xishuangbanna Huanggua	JH	9	33	西双版纳黄瓜 Xishuangbanna Huanggua	OT	11

注：OT：西双版纳州，具体采集地不详；JH：景洪市区；YL：攸乐公社；MX：勐醒；XYM：小勐养公社；ML：勐伦中寨。

Note: OT: Xishuangbanna Prefecture; JH: Jinghong City; YL: Youle Country; MX: Mengxing Country; XYM: Xiaomengyang Country; ML: Menglun Country.

2 结果与分析

2.1 SSR引物筛选及位点多态性

选表型性状差异较大的 1、10 和 32 号种质的 3 个代表性样本筛选引物。从已报道的 135 对黄瓜（73 对）和甜瓜（62 对）SSR 引物中筛选了重复性好、在西双版纳黄瓜中具多态性的 13 对引物（表 2）。其中来源于黄瓜和甜瓜基因组的引物分别为 3 对和 6 对，来源于黄瓜和甜瓜 EST 序列的分别为 3 对和 1 对。

来源于甜瓜的 SSR 引物占多态性引物总数的 53.85%，有效等位基因数占总数的 64.10%。西双版纳黄瓜在瓜形、瓜肉色等性状上具有与甜瓜相近而与普通黄瓜明显不同的表型特征。从比较基因组学的角度暗示在西双版纳黄瓜群体内具有比普通黄瓜更为丰富且与甜瓜更为相近的等位变异位点。

表 2 多态性 SSR 引物信息

Table 2 Polymorphism primer information of SSR used among Xishuangbanna cucumbers

编号 No.	引物 Primer	有效等位基因 Effective allele	来源 Origin	引物获得文献 Reference of primer
T17	CMBR43	3	甜瓜基因组 Melon genome	Patricia et al, 2004
T18	CMBR49	3	甜瓜基因组 Melon genome	Patricia et al, 2004
T19	CMBR48	4	甜瓜基因组 Melon genome	Patricia et al, 2004
T20	CMBR39	6	甜瓜基因组 Melon genome	Patricia et al, 2004
T21	CMBR56	3	甜瓜基因组 Melon genome	Patricia et al, 2004
T22	CMBR42	2	甜瓜基因组 Melon genome	Patricia et al, 2004
F21	CSWCT12	3	黄瓜基因组 Cucumber genome	Fazio et al, 2002
F26	CSWCT15	4	黄瓜基因组 Cucumber genome	Fazio et al, 2002
F29	CSWCT19	1	黄瓜基因组 Cucumber genome	Fazio et al, 2002
CM55	DV635022	4	甜瓜 EST 序列 Melon-EST	Kong et al, 2006
CS06	CK758791	3	黄瓜 EST 序列 Cucumber-EST	Kong et al, 2007
CS41	DN909316	1	黄瓜 EST 序列 Cucumber-EST	Kong et al, 2007
CS52	CK085473	2	黄瓜 EST 序列 Cucumber-EST	Kong et al, 2007

利用上述 13 对引物组合分析了 30 份种质的 273 个西双版纳黄瓜样本 (图 1)，共获得 42 个清晰、可重复性条带，其中 39 个为多态性条带，多态位点百分率为 92.86%，平均多态性条带为 3.0。将 273 个样本视为一个群体，其 H 和 I 值分别为 0.1818 和 0.2972。

比较 273 个样本的 SSR 图谱发现，其中 73 个样本具有各自特异的图谱类型，分属 25 份种质。其他 200 个样本共有 40 个类型，其中包含样本数最多的一种图谱类型有 32 个样本。在 30 份种质中，除 22 号、9 号和 16 号种质外 (后两份种质仅存 1 份样本)，其他 27 份种质内的不同样本间均存在不同程度的遗传差异。

上述分析表明，无论在群体水平还是种质内亚群体水平，作为黄瓜种内一个变种的西双版纳黄瓜均具有一定的遗传多样性。

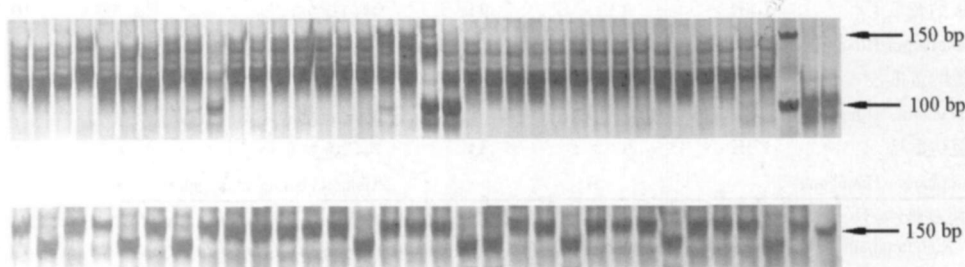


图 1 引物 T21 (上图) 和 CS06 (下图) 对西双版纳黄瓜扩增电泳图

Fig. 1 Amplification profiles of Xishuangbanna cucumbers using primer T21 (upper) and CS06 (lower)

2.2 不同种质间遗传多样性及聚类分析

利用 Popgene 1.32 软件分析 30 份种质的遗传多样性，总遗传多样性 (H_t) 为 0.1380，种质内基因多样性 (H_s) 为 0.0634。种质间 G_{st} 为 0.5406，表明 30 份种质间遗传变异为 54.06%，种质内遗传变异为 45.94%。通过比较 30 份种质的 H 值、 I 值和多态性位点百分率，结果显示，17 号种质的遗传多样性最高 ($H=0.1376$, $I=0.2032$, 多态位点百分率 37.21%)，其次为 7 号、1 号、20 号等种

质。遗传多样性较低的有 29号、24号、3号和 13号种质等。

30份种质的聚类分析结果如图 2所示，在遗传相似系数约 0.9的位置，可将所有种质分为 5组。16和 19号种质分别单独归于第 1组和第 2组，与其他种质距离较远。两份种质均为浅色瓜皮类型，SSR 检测结果显示均具有特异图谱类型。两份种质保留的样本数较少，群体小可能突出了单个样本特异性对群体的贡献，从而加大了与其他种质的遗传距离。第 3组和第 5组分别由 11份和 16份种质组成。在第 3组中，有 7份种质均为圆白西双版纳黄瓜类型，除 21和 22号种质外，其他种质的单株后代多表现为浅色瓜皮类型。在第 5组中，除 2、14、25和 26号种质外，其他种质基本均为棕黄皮西双版纳黄瓜类型。第 4组仅有 10号 1份种质，这是惟一 1份果肉黄白色，与普通黄瓜无差异，而其他农艺性状均与西双版纳黄瓜相近的种质类型。从不同种质的来源地看，来源于景洪市的大部分种质被分别聚在第 1、4、5组，而来源于勐腊县的种质基本聚在了第 2组和第 3组。

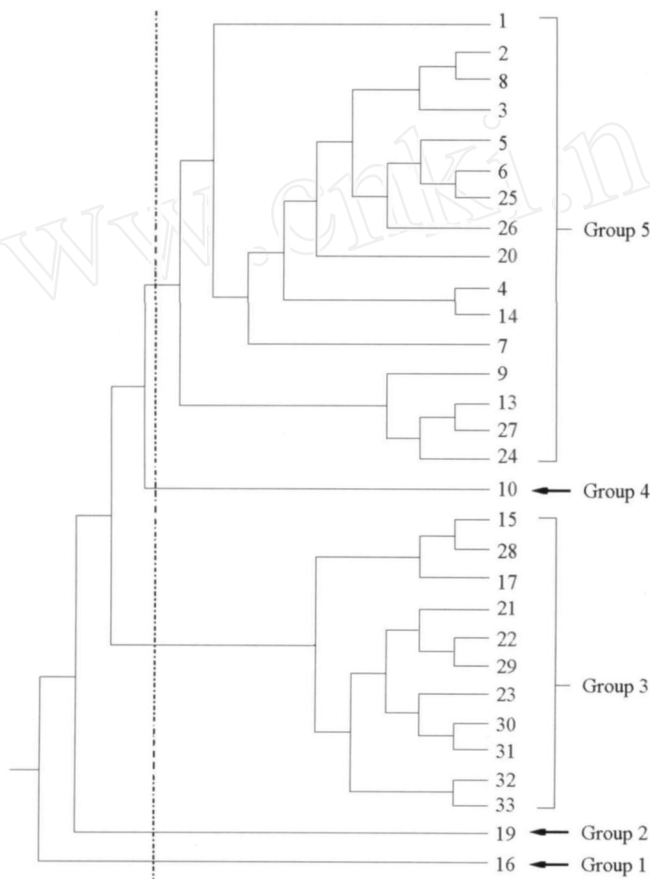


图 2 30份西双版纳黄瓜种质聚类图

Fig. 2 Cluster dendrogram of 30 Xishuangbanna cucumber germplasm s

2.3 不同来源地西双版纳黄瓜群体的遗传多样性及遗传距离

按照不同来源地将 27份种质分为 5个群体，分别为景洪（JH）、攸乐（YL）、勐醒（MX）、勐伦（ML）、小勐养（XMY）。各群体的样本数、多态性位点百分率、 H 值和 I 值见表 3。JH群体的多态性位点百分率（76.19%）、 H 值（0.1562）和 I 值（0.2516）均位列第一，说明该群体的遗传多样性最丰富，勐醒和勐伦群体分列第 2和第 3位。值得注意的是，采集自小勐养的 24号种质仅保留下来了 4个样本，仍具有一定的遗传多样性。

表 3 不同来源地群体遗传多样性分析
Table 3 Analyses of genetic diversity among 5 populations

群体 Pop	来源地 Sample source	样本量 Sample number	<i>H</i>	<i>I</i>	<i>NPL</i>	<i>PPL</i> / %
JH	景洪 Jinghong	83	0.1562	0.2516	32	76.19
YL	攸乐 Youle	28	0.1090	0.1731	19	45.24
MX	勐醒 Mengxing	78	0.1475	0.2298	24	57.14
ML	勐伦 Menglun	44	0.1342	0.2130	23	54.76
XY	小勐养 Xiaomengyang	4	0.0293	0.0424	3	7.14

5个不同来源西双版纳黄瓜群体的遗传一致度和遗传距离分别在 0.9071 ~ 0.9889和 0.0112 ~ 0.0975之间 (表 4), 表明群体间相似程度较高, 亲缘关系较近。

表 4 Nei's氏遗传距离和遗传一致度
Table 4 Nei's original measures of genetic identity and genetic distance

Pop D	1	2	3	4	5
1	* * * *	0.9889	0.9761	0.9789	0.9264
2	0.0112	* * * *	0.9662	0.9825	0.9268
3	0.0242	0.0344	* * * *	0.9743	0.9071
4	0.0214	0.0177	0.0261	* * * *	0.9289
5	0.0764	0.0760	0.0975	0.0738	* * * *

UPCMA 聚类分析结果显示同属景洪市的京红和攸乐群体在遗传关系上更为相近, 而勐醒与勐作中寨县的 MX和 ML群体在遗传组成上存在差异。同属景洪市的小勐养群体被聚在与其他群体较远的位置, 说明该群体样本保留了自身的遗传特性 (图 3)。

5个不同来源地西双版纳黄瓜群体间的遗传分化系数 (*GST*) 为 0.2201, 群体间基因流 (*Nm*) 为 1.7718。表明西双版纳黄瓜群体间遗传变异为 22.01%, 群体内遗传变异为 77.99%。群体间基因分化不明显, 基因交流基本顺畅。

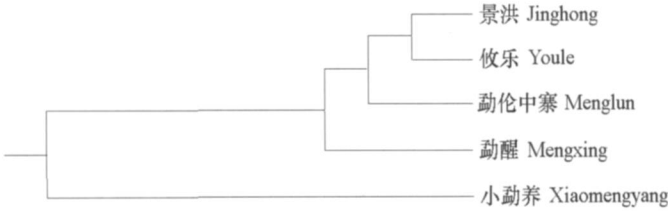


图 3 西双版纳黄瓜群体聚类图
Fig 3 Cluster dendrogram of Xishuangbanna cucumber populations

3 讨论

本研究中利用 SSR 标记首次从群体水平分析了西双版纳黄瓜的遗传多样性, 结果显示西双版纳黄瓜在不同样本、不同种质以及不同来源地群体间均存在一定的遗传差异, 其结果与西双版纳黄瓜在

形态鉴定和品质分析中表现出的多样性互为印证。对 30 份种质的形态鉴定发现, 西双版纳黄瓜的瓜形主要分为近圆形和长圆形两大类, 部分样本表现为两者的过渡类型。达到生理成熟度的老瓜皮色有乳白、灰白和棕黄 3 种主要类型, 同一份种质后代中可分离出不同皮色的老瓜。果肉色基本为橙黄, 但 10 号种质肉色为黄白。30 份种质的第一雌花节位 (23.20 ± 5.51)、雌花节率 ($11.19\% \pm 4.29\%$)、第一侧蔓节位 (6.33 ± 2.17) 和第一侧蔓长 ($58.68 \text{ cm} \pm 25.43 \text{ cm}$) 等变异幅度大, 差异明显。分析还显示, 18 份不同类型西双版纳黄瓜的 β -胡萝卜素、Fe 和 Zn 含量变异幅度分别在 $1.34 \sim 261.55$ 、 $0.24 \sim 2.26$ 和 $0.33 \sim 3.27 \text{ mg} \cdot \text{kg}^{-1} \text{ DW}$ 之间。上述分析说明西双版纳黄瓜群体不同于一般的地方品种, 尚处于比较原始的演化阶段, 仅以少数种质或少量样本难以全面了解其遗传变异。本研究的结果将有助于更全面地认识西双版纳黄瓜群体遗传多样性的存在形式, 更好地保存和利用资源。

群体遗传分化水平的高低与遗传漂变、选择和基因流等因素密切相关。随机性的遗传漂变和选择的作用是群体产生遗传分化重要因素, 强而大范围的基因流能够有效抑制由遗传漂变和选择作用引起的遗传分化, 使群体趋于一致 (杨泽宇 等, 2007)。Wright (1931) 认为, 如果群体间 $Nm > 1$, 基因流则能发挥均质化作用, 能有效防止不同地区亚群体间遗传分化的产生。本研究中不同来源地群体 SSR 位点的平均基因流值 $Nm = 1.7718$, 说明在 20 世纪 70 年代末期西双版纳黄瓜群体就存在较为广泛的基因交流。西双版纳黄瓜的产品器官是果实, 特别是达到生理成熟度的老瓜在当地非常受欢迎, 收获的产品不仅自家食用, 还进入农贸市场自由买卖, 这可能是西双版纳黄瓜种质基因交流的主要方式。景洪市是西双版纳州的州府, 也是 20 世纪 70 年代许多农产品的流通中心和集散地, 汇集了来自周边地区的西双版纳黄瓜资源, 因此来源于景洪市的西双版纳黄瓜种质具有最丰富的遗传多样性。但西双版纳州地处偏远, 当时的交通条件又极不便利, 与外界交流甚少, 不仅外来黄瓜种质很少见, 而且各县市间的交流亦较少, 导致不同来源地的西双版纳黄瓜种质在遗传组成上存在明显差异, 使西双版纳黄瓜群体内广泛的基因交流限制在一定地理区域内。

鉴于西双版纳黄瓜丰富的群体遗传多样性, 在收集保存时应注意加强不同地理区域内不同类型种质资源的收集保存, 加大收集保存种子量。在选择育种亲本时应增大后代群体数量, 在同一份种质内选留多个变异类型, 同时注意加强不同地区种质的收集和选择。

References

- Charters Y M, Robertson A, Wilkinson M J, Ramsay G. 1996. PCR analysis of oilseed rape cultivars (*Brassica napus* L. ssp. *oleifera*) using 5' anchored simple sequence repeat (SSR) primers. *Theoretical and Applied Genetics*, 92: 442 - 447.
- Chen Jin-feng, Zhuang Fei-yun, Dai Ming-hui, Qian Chun-tao, Ren Gang. 2003. Phylogenetic relationships in *Cucumis* (Cucurbitaceae) revealed by SSR and RAPD analyses. *Acta Phytotaxonomica Sinica*, 41 (5): 427 - 435. (in Chinese)
- 陈劲枫, 庄飞云, 逯明辉, 钱春桃, 任 刚. 2003. 采用 SSR 和 RAPD 标记研究黄瓜属 (葫芦科) 的系统发育关系. *植物分类学报*, 41 (5): 427 - 435.
- Clark M S. 1997. *Plant molecular biology—A laboratory manual*. Heidelberg: Springer Verlag Berlin: 4 - 6.
- Danin-Poleg Y, Reis N, Baudraco-Amas S, Pitrat M, Staub J E, Oliver M, Arus P, de Vicente CM, Katzir N. 2000. Simple sequence repeats in *Cucumis* mapping and map merging. *Genome*, 43: 963 - 974.
- Danin-Poleg Y, Reis N, Tzuri G, Katzir N. 2001. Development and characterization of microsatellite markers in *Cucumis*. *Theoretical and Applied Genetics*, 102 (1): 61 - 72.
- Fazio G, Staub J E, Chung S M. 2002. Development and characterization of PCR markers in cucumber (*Cucumis sativus* L.). *J Am Soc Hort Sci*, 127: 545 - 557.
- Katzir N, Danin poleg Y, Tzuri G, Karchi Z, Lavi U, Cregan P B. 1996. Length polymorphism and homologies of microsatellites in several Cucurbitaceae species. *Theoretical and Applied Genetics*, 93: 1282 - 1290.
- Kong Q, Xiang C, Yu Z. 2006. Development of EST-SSRs in *Cucumis sativus* from sequence database. *Molecular Ecology Notes*, 6: 1234 - 1236.

- Kong Q, Xiang C, Yu Z, Zhang C, Liu F, Peng C, Peng X. 2007. Mining and characterizing microsatellites in *Cucumis melo* expressed sequence tags from sequence database. *Molecular Ecology Notes*, 7: 281 - 283.
- Kumar S, Tamura K, Nei M. 2004. MEGA 3: Integrated software for molecular evolutionary genetics analysis and sequence alignment. *Brief Bioinform*, 5: 150 - 163.
- Li Xi-xiang, Zhu De-wei, Du Yong-chen, Zhang Guang-ping, Shen Di. 2004a. Genetic diversity and phylogenetic relationship of cucumber (*Cucumis sativus* L.) germplasm based on RAPD analysis. *Journal of Plant Genetic Resources*, 5 (2): 147 - 152. (in Chinese)
- 李锡香, 朱德蔚, 杜永臣, 张广平, 沈 镒. 2004a. 黄瓜种质资源遗传多样性的 RAPD 鉴定与分类研究. *植物遗传资源学报*, 5 (2): 147 - 152.
- Li Xi-xiang, Zhu De-wei, Du Yong-chen, Shen Di, Kong Qiu-sheng, Song Jiang-ping. 2004b. Studies on genetic diversity and phylogenetic relationship of cucumber (*Cucumis sativus* L.) germplasm by AFLP technique. *Acta Horticulturae Sinica*, 31 (3): 309 - 314. (in Chinese)
- 李锡香, 朱德蔚, 杜永臣, 沈 镒, 孔秋生, 宋江萍. 2004b. 黄瓜种质资源遗传多样性及其亲缘关系的 AFLP 分析. *园艺学报*, 31 (3): 309 - 314.
- Mu Sheng-qi, Gu Xing-fang, Zhang Sheng-ping, Wang Xiao-wu, Wang Ye. 2008. Genetic diversity of cucumber (*Cucumis sativus* L.) germplasm by SSR. *Acta Horticulturae Sinica*, 35 (9): 1323 - 1330. (in Chinese)
- 穆生奇, 顾兴芳, 张圣平, 王晓武, 王 烨. 2008. 栽培黄瓜种质遗传多样性的 SSR 鉴定. *园艺学报*, 35 (9): 1323 - 1330.
- Patricia Silva Ritschel, Tulio Cesar de Lima Lins, Rodrigo Lourenço Tristan, Gláucia Salles Cortopassi Buso, José Amauri Buso, Márcio Elias Ferreira. 2004. Development of microsatellite markers from an enriched genomic library for genetic analysis of melon (*Cucumis melo* L.). *BMC Plant Biology*, 4: 9.
- Qi Chun-zhang, Yuan Zhen-zhen, Li Yu-xiang. 1983. A new type of cucumber - *Cucumis sativus* L. var. *xishuangbannanensis*. *Acta Horticulturae Sinica*, 10 (4): 259 - 264. (in Chinese)
- 戚春章, 袁珍珍, 李玉湘. 1983. 黄瓜新类型——西双版纳黄瓜. *园艺学报*, 10 (4): 259 - 264.
- Simon PW, John P Navazio. 1997. Early orange mass 400, early orange mass 402, and late orange mass 404: High-carotene cucumber germplasm. *HortScience*, 32 (1): 144 - 145.
- Wright S. 1931. Evolution in mendelian population. *Genetics*, 16: 97 - 159.
- Yang Ze-yu, Miao Yong-wang, Li Da-lin, Huo Jin-long, Chen Tao, He Chao-yang, Chuang Xiang-hui, Tang Shou-kun. 2007. Unfolding of population structure in Dehong Buffalo using microsatellite DNA markers. *Zoological Research*, 28 (6): 659 - 663. (in Chinese)
- 杨泽宇, 苗永旺, 李大林, 霍金龙, 陈 涛, 何朝阳, 创向辉, 汤守钲. 2007. 德宏水牛微卫星标记分析的群体遗传变异. *动物学研究*, 28 (6): 659 - 663.
- Yeh F C, Yang R C, Boyle T. 1999. Popgene version 1.31 quick user guide. Canada: University of Alberta, and Centre for International Forestry Research.
- Zhang Hai-ying, Ge Feng-wei, Wang Yong-jian, Xu Yong, Chen Qing-jun. 2004. Construction of a reference linkage map for cucumber. *Acta Horticulturae Sinica*, 31 (5): 617 - 622. (in Chinese)
- 张海英, 葛风伟, 王永健, 许 勇, 陈青君. 2004. 黄瓜分子遗传图谱的构建. *园艺学报*, 31 (5): 617 - 622.

期刊征订

欢迎订阅 《农业工程学报》

《农业工程学报》是由中国科学技术协会主管、中国农业工程学会主办的全国性学术期刊, 1985年创刊。

《农业工程学报》主要栏目有农业水土工程、农业装备工程与机械化、农业信息与电气技术、农业生物环境与能源工程、土地整理工程、农产品加工工程。

《农业工程学报》为月刊, 大 16 开本, 每期正文 300 页左右; 标准连续出版物号: ISSN 1002 - 6819, CN 11 - 2047/S; 邮发代号: 18 - 57, 每期定价 50 元, 全年 12 期, 共 600 元。若直接向编辑部订阅, 均可享受八折优惠。

编辑部地址: 北京市朝阳区麦子店街 41 号《农业工程学报》编辑部; 邮编: 100125; 电话: 010 - 65910066-2503/3503; 电话兼传真: 010 - 65929451; 电子信箱: tcsae@tcsae.org tcsae@sohu.com; 学报网址: www.tcsae.org