

# 黄瓜 ZYM V-CH抗性遗传与连锁分子标记研究

罗建华<sup>1,2</sup> 张海英<sup>2\*</sup> 毛爱军<sup>2</sup> 张 峰<sup>2</sup> 王永健<sup>2</sup> 浦铜良<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>兰州大学生命科学学院, 甘肃兰州 730000; <sup>2</sup>国家蔬菜工程技术研究中心, 北京 100097)

**摘 要:** 小西葫芦黄化花叶病毒中国株系 (ZYM V-CH) 是危害我国黄瓜的主要病毒之一。本试验以抗病的‘秋棚’和感病的‘欧洲 8号’杂交获得的 115份重组自交系 (R L) 为材料, 进行了黄瓜抗 ZYM V-CH遗传规律和连锁分子研究。结果表明: 病情指数在黄瓜 R L群体呈双峰分布, 表明其对 ZYM V的抗性受主基因控制的性状, 但也存在微效基因的修饰作用。采用集团分离分析法 (BSA) 和 AFLP技术, 获得与 ZYM V-CH抗性基因连锁的两条特异性片段 (E-ACG/M-CAG-182和 E-ACG/M-CAG-180), 遗传连锁距离分别为 5 cM 和 11 cM。将 E-ACG/M-CAG-180特异片段转化成共显性的 SCAR 标记 SCAR3-109, 与 ZYM V-CH的抗性基因遗传连锁距离为 11 cM。该标记可以作为黄瓜抗 ZYM V辅助选择的分子标记。

**关键词:** 黄瓜; ZYM V-CH; 抗性基因; AFLP; SCAR

**中图分类号:** S 642.2 **文献标识码:** A **文章编号:** 0513-353X (2006) 05-1001-06

## The Resistance Genetic Analysis and Tightly Linked Molecular Markers for ZYM V-CH in Cucumber

Luo Jianhua<sup>1,2</sup>, Zhang Haiying<sup>2\*</sup>, Mao Aijun<sup>2</sup>, Zhang Feng<sup>2</sup>, Wang Yongjian<sup>2</sup>, and Pu Tongliang<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>Lanzhou University Life Science College, Lanzhou, Gansu 730000, China; <sup>2</sup>National Engineering Research Center for Vegetables, Beijing 100089, China)

**Abstract:** The Chinese strain of zucchini yellow mosaic virus (ZYM V-CH) is a major disease in cucumbers. A R L population of a cross between ‘European 8’ and ‘Qiupeng’ were used for virus resistance evaluations. The frequency distribution in cucumber R L population for disease index involving resistance to the ZYM V-CH showed two peaks, which indicated that the resistance to this diseases was controlled by main gene, but some minor gene also had moderate effect. AFLP and BSA were adopted to identify DNA markers linked to the resistance-related gene in the R L<sub>6</sub> population. Two markers, E-ACG/M-CAG-182 and E-ACG/M-CAG-180 were linked to it, and the genetic distances were 5 cM and 11 cM, respectively. The E-ACG/M-CAG-180 marker had transferred into a co-dominant SCAR marker (SCAR3-109), and the genetic distances was 11 cM. The result showed that this scarmarker could be useful in marker-assisted selection in ZYM V cucumber resistance breeding.

**Key words:** Cucumber; ZYM V-CH; Resistance gene; AFLP; SCAR

小西葫芦黄化花叶病毒 (Zucchini yellow mosaic virus, ZYM V) 是危害黄瓜的主要病毒之一<sup>[1,2]</sup>。近年来, 日光温室中越冬茬黄瓜病毒病发生严重, 甚至造成大面积减产, 而防治病毒病的主要措施就是培育抗病毒病的新品种。分子标记辅助选择技术可为黄瓜抗病毒病的分子育种提供一条新途径。

目前, 各国学者在病毒病的病毒种类、鉴定和遗传规律方面开展了大量的基础研究工作, 并取得了不少成果。Provvidenti等<sup>[3]</sup>最早对 ZYM V的遗传规律进行了研究, 认为 ZYM V抗性基因受一对隐性

收稿日期: 2005 - 11 - 09; 修回日期: 2006 - 07 - 27

基金项目: 北京市自然科学基金项目 (5062008、5050001); 国家自然科学基金资助项目 (30471186、30570997)

\*通讯作者 Author for correspondence

基因控制, Kabelka等<sup>[4]</sup>的研究结果也是如此。Park等<sup>[5]</sup>在构建黄瓜遗传图谱的基础上,对 PRSV-W (番木瓜环斑病毒西瓜株系)和 ZYMV抗性基因进行了定位研究,发现二者紧密连锁,连锁距离仅为 2.2 cM,其中 AFLP标记 E15/M47-F-197与 ZYMV抗性基因共分离。张海英等<sup>[6]</sup>研究表明,我国华北露地型黄瓜品种‘秋棚’可以同时抗 ZYMV、PRSV、WMV (西瓜花叶病毒)等多种病毒病,且抗 ZYMV、PRSV与 WMV的基因连锁,连锁距离是 WMV-6 cM-ZYMV-7 cM-PRSV-W,与 Park等<sup>[5]</sup>的研究结果相比,连锁距离较远,可能与作图亲本不同有关。同时,本实验室前期研究显示 E15/M47-F-197标记在本试验所采用的作图群体亲本中没有多态性,因此需要继续寻找与黄瓜抗 ZYMV基因紧密连锁的分子标记。本研究以黄瓜抗、感 ZYMV-CH (小西葫芦黄化花叶病毒中国株系)亲本组合的重组自交系 (RL)分离群体为试材,通过苗期人工接种鉴定,采用 BSA (Bulked Segregant Analysis, 集团分离分析法)和 AFLP技术,筛选与黄瓜抗 ZYMV-CH基因连锁的 AFLP标记和 SCAR标记,以期建立黄瓜抗 ZYMV-CH分子标记辅助选择技术,为开展黄瓜抗病毒病新品种的选育和抗病基因的克隆奠定基础。

## 1 材料与方 法

### 1.1 材料

材料取自北京市农林科学院蔬菜研究中心。以不同生态型的母本‘欧洲8号’耐弱光自交系 (OB)和父本‘秋棚’光敏自交系 (QP)杂交,从 F<sub>2</sub>材料中随机抽样自交,通过单粒传获得 F<sub>6</sub>重组自交系构成 RL群体。经鉴定欧洲8号对 ZYMV、PRSV-W和 WMV感病;秋棚则抗这3种病毒。

### 1.2 方法

1.2.1 苗期抗病性接种鉴定 ZYMV-CH毒源由美国康奈尔大学纽约州农业试验站 Provvidenti教授提供,在西葫芦上繁殖,发病后采集病叶。用 0.2 mol/L (pH 7.0)的磷酸缓冲液稀释。供试的黄瓜材料种子用纱布包好,55℃温汤浸种消毒后,再浸泡 4 h,置于 28℃恒温培养箱中催芽 18 h,播于装有灭菌营养土的 72孔穴盘中。每个黄瓜株系重复 3次,每重复 10株苗。生长于防虫网室内。当黄瓜子叶展平时,在子叶上撒少量 600~800目金刚砂后进行人工摩擦接种,再用清水冲洗,并用缓冲液摩擦接种健康黄瓜幼苗作无病对照,在 25~30℃无虫条件下培养。接种后 7 d和 20 d分别调查局部症状和系统症状,计算病情指数 (DI)并划分黄瓜材料的抗病类型。

小西葫芦黄化花叶病毒病的病情分级标准:0级,无症状;1级,1~2片叶明脉;3级,少数叶片轻花叶,形态正常;5级,多数叶片花叶,形态正常,个别叶片畸形;7级,多数叶片严重花叶,新叶畸形;9级,几乎所有叶片严重花叶、畸形或植株矮化。

病情指数  $DI = \left[ \frac{\text{级别} \times \text{株数}}{\text{总株数} \times 9} \right] \times 100$ 。采用 SYSTAT统计分析软件,绘制供试重组自交系的柱型分布图,从双峰的谷底取点为界,将 RL群体分为抗、感两部分。即病情指数大于 35定为感病,小于 35定为抗病。

用卡平方  $\chi^2$ 检验重组自交系对 ZYMV-CH的抗性是否符合 1:1的比例。 $\chi^2 = \sum \frac{(|O - E|^2 / E)}$ , O为观察值, E为理论值。

1.2.2 AFLP分析 采用 CTAB法<sup>[7]</sup>提取基因组 DNA,将纯化后的 DNA部分稀释到 40 ng/μL备用。AFLP-PCR反应体系及程序参照 Vos等<sup>[8]</sup>发表的方法并略有改动。(1)基因组 DNA双酶切体系:反应体系共 12.5 μL: ddH<sub>2</sub>O 4.0 μL, 5×reaction buffer [50 mmol/L Tris-HCl (pH 7.5), 50 mmol/L Mg (Ac)<sub>2</sub>, 250 mmol/L KAc] 2.5 μL, 基因组 DNA (40 ng/μL) 5 μL, EcoR I/Mse I (1.25 U/μL) 1.0 μL。37℃ 4 h后 70℃ 15 min灭活。(2)连接:在酶切反应管中加入接头-连接反应液 [EcoR I/Mse I 接头, 0.4 mmol/L ATP, 10 mmol/L Tris-HCl (pH 7.5), 10 mmol/L Mg (Ac)<sub>2</sub>, 50 mmol/L KAc] 12.0 μL, T4 DNA连接酶 (1 U/μL) 0.6 μL, 总体积为 25.1 μL,离心混匀后 20℃连接 3~4 h。(3)预扩增:体系共 12.8 μL: 10×PCR缓冲液 [200 mmol/L Tris-HCl (pH 8.4), 15 mmol/L MgCl<sub>2</sub>, 500

mmol/L KCl] 1.3  $\mu$ L, 预扩增反应混合液 10  $\mu$ L, 酶切连接产物 1.25  $\mu$ L 和 *rTaq* E (5 U/ $\mu$ L, Takara) 0.25  $\mu$ L。反应程序: 94 预变性 2 min; 94 30 s 56 1 min 72 1 min, 20个循环; 最后 72 5 min; 4 保温。(4) 选择性扩增: 反应体系共 10.00  $\mu$ L: ddH<sub>2</sub>O 3.8  $\mu$ L, 10  $\times$ PCR 缓冲液 1.0  $\mu$ L, *Eco*R I+3引物 0.25  $\mu$ L, *Mse* I+3引物 2.25  $\mu$ L, 预扩增产物 2.5  $\mu$ L, *rTaq* E (5 U/ $\mu$ L) 0.20  $\mu$ L。扩增条件: 94 2 min; 94 30 s 65 30 s 72 1 min, 每次循环的退火温度降低 0.7  $^{\circ}$ C, 共 13个循环; 94 30 s 56 30 s 72 1 min, 共 23个循环; 72 延伸 5 min, 4 保温。反应在 Eppendorf PCR 仪上进行。

电泳检测: 取选择性扩增样品与载样缓冲液 (98%甲酰胺, 10 mmol/L EDTA, 0.25%溴酚蓝, 0.25%二甲苯青) 各 5  $\mu$ L 混合, 94 变性 5 min, 立即置于冰上冷却。每个样品取 5  $\mu$ L 上样, 80 W 恒功率电泳, 直至二甲苯青指示剂跑到胶的 2/3 处结束。银染显现结果并分析。

1.2.3 SCAR 分析 AFLP 标记的回收, 转化与克隆。选择性扩增的 PCR 产物在 6% 的聚丙烯酰胺凝胶上分离, 通过银染显色, 用 ddH<sub>2</sub>O 冲洗干净, 用刀片切取差异条带, 浸泡在高盐缓冲液 (20%乙醇, 1 mol/L LiCl, 10 mmol/L Tris) 中 24 h, 然后氯仿抽提, 乙醇沉淀后吹干, 溶于 ddH<sub>2</sub>O 中, 取 5  $\mu$ L 用作模板, 在与选择性扩增相同的 PCR 条件下重新扩增。产物在 1% 的琼脂糖上检测, 如果确定为目标带, 采用购自博大泰克 (BioDev, 北京) 的玻璃奶凝胶 DNA 纯化试剂盒对目的片段进行纯化。PCR 产物与载体的连接采用 Promega 公司的 PGEM-T easy vector 系统。参照《分子克隆实验指南》中的方法进行重组质粒的转化与筛选。利用碱式裂解法提取重组质粒, 采用酶切方法和 PCR 法对其进行检测。

目的片段的测序。上海生工生物工程技术服务有限公司进行测序并提供结果。根据测序结果设计 SCAR 引物并在上海生工生物工程技术服务有限公司进行合成, SCAR 扩增反应体系共 25  $\mu$ L, 包括: ddH<sub>2</sub>O 16.2  $\mu$ L; 10  $\times$ buffer 2.5  $\mu$ L; dNTP (2.5 mmol/L) 2.0  $\mu$ L; Primer 1 (15 ng/ $\mu$ L) 1.0  $\mu$ L; Primer 2 (15 ng/ $\mu$ L) 1.0  $\mu$ L; 模板 DNA (5 ng/ $\mu$ L) 2.0  $\mu$ L; *Taq* E (5 U/ $\mu$ L) 0.3  $\mu$ L。SCAR 扩增的反应程序为: 94 预变性 5 min 后, 94 变性 1 min, 55 退火 1 min, 70 延伸 2 min, 35 个循环, 最后 72 延伸 10 min, 4 保存。PCR 仪型号为 DNA Thermal 480 (PERKIN ELMER, 美国)。

SCAR 标记的验证与扩增产物的快速检测。利用 SCAR 引物对亲本、F<sub>1</sub> 和 115 个 F<sub>2</sub> 株系进行 PCR 扩增, 将扩增产物上样于含 0.5  $\mu$ g/mL EB 的 2.5% 琼脂糖凝胶中, 以 1  $\times$ TBE 为电泳缓冲液, 在 80 V 电场强度下稳压电泳约 1~2 h, 至指示剂距底端约 1 cm。DNA 检测以 GeneRulerTM 100 bp DNA Ladder Plus 做标准分子量标记 (MB I 分装), 确定 DNA 片段在胶上的相对位置。利用 Kodak EDAS-120 凝胶分析仪进行分析保存。

1.2.4 数据记录、标记命名与连锁分析 AFLP 标记的命名采用引物组合和其片段大小, SCAR 标记的命名采用 SCAR 引物组号加扩增片段分子量大小。

采用 JoinMap 3.0 软件<sup>[9]</sup>对 AFLP 标记、SCAR 标记和 ZYMV-CH 表型性状之间遗传关系进行数据分析。标记与抗病亲本 QP 带型一致的命名为 A, 与感病亲本 OB 带型一致的命名为 B。计算出两个 AFLP 标记、SCAR 标记与 ZYMV-CH 抗病基因的连锁距离。

## 2 结果与分析

### 2.1 RL F<sub>2</sub> 代分离群体对 ZYMV-CH 抗性鉴定

选用 115 个黄瓜重组自交系株系和两个亲本对 ZYMV 进行了抗病性鉴定。结果表明, 亲本秋棚抗 ZYMV-CH, 而欧洲 8 号则感该病毒。重组自交系群体接种后, 52 个株系抗 ZYMV-CH, 63 个株系感 ZYMV-CH, 其抗感株系分离基本符合 1:1 的理论比例,  $\chi^2$  值为 1.1, 抗性受一对基因控制, 与前人的研究结果<sup>[3,4]</sup>一致。

采用 SYSTAT 统计分析软件进行统计分析, 获得了 ZYMV-CH 抗性的柱形分布图 (图 1)。病情指数在 RL 群体中呈双峰连续分布, 但在双峰之间也有小峰存在。由此可以推测, 在本试验中, 双亲间抗 ZYMV-CH 的差异可能由一个主效基因控制, 并存在多个微效 QTL 的修饰。由于微效 QTL 的修饰作用, 使得应在 10% 和 50% 的峰值移至中间 35% ~ 45%。

## 2.2 利用 AFLP 结合 BSA, 筛选抗 ZYMV-CH 连锁分子标记

用 64 对 (E + 3) / (M + 3) 的 AFLP 引物对 OB、QP、F<sub>1</sub> 和 RL<sub>6</sub> 抗感基因池 (每池 10 个株系) 进行 AFLP 扩增筛选, 其中 5 对 AFLP 引物在亲本和抗感基因池之间扩增出稳定可重复的 DNA 多态性。将以上 5 对引物对 OB、QP 的 115 个 RL<sub>6</sub> 单株进行 AFLP 扩增并进行连锁分析, 结果发现引物 E-ACG/M-CAG 的两条多态性产物与 ZYMV-CH 抗性基因具有连锁关系, 分别定名为 E-ACG/M-CAG-182 和 E-ACG/M-CAG-180 (图 2, 图 3)。采用 JoinMap 3.0 软件进行连锁分析, 两标记与 ZYMV-CH 抗性基因的连锁距离分别为 5 cM 和 11 cM。

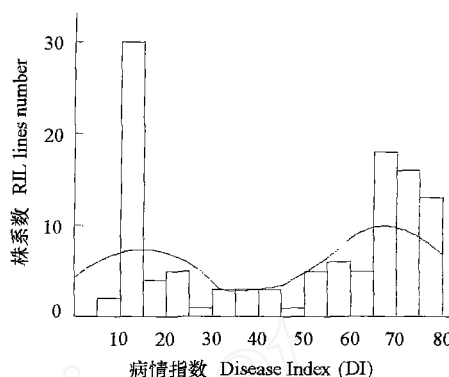


图 1 黄瓜 ZYMV-CH 病情指数在重组自交系中的柱形分布

Fig. 1 The frequency distribution in cucumber RL population for disease index traits involving resistance to ZYMV

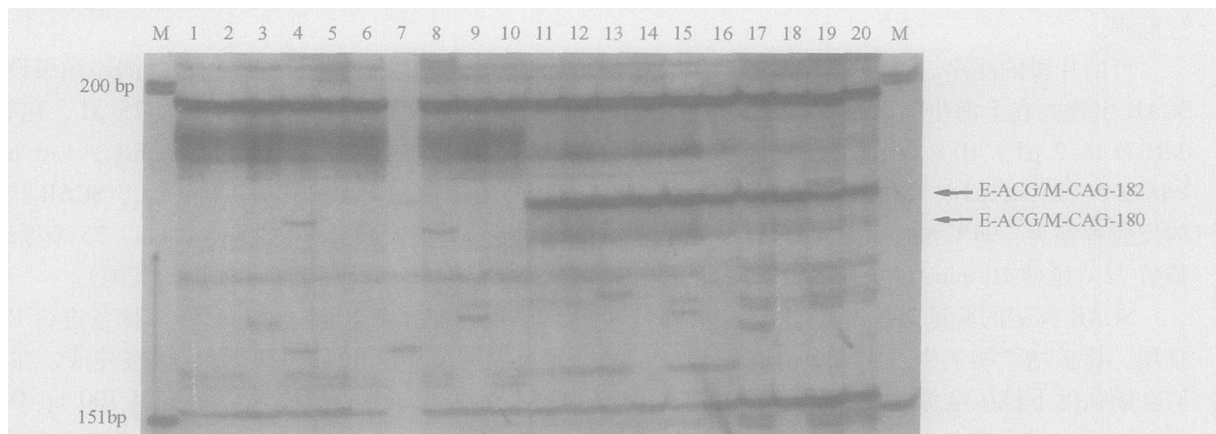


图 2 引物 E-ACG/M-CAG 对抗感池单株的 AFLP 扩增结果

M: Ladder DNA; 1 ~ 10: 感病基因池单株; 11 ~ 20: 抗病基因池单株。

Fig. 2 AFLP amplification with primer E-ACG/M-CAG in resistant and susceptible gene bulk individuals

M: Ladder DNA; 1 - 10: Susceptible gene bulk individuals; 11 - 20: Resistant gene bulk individuals

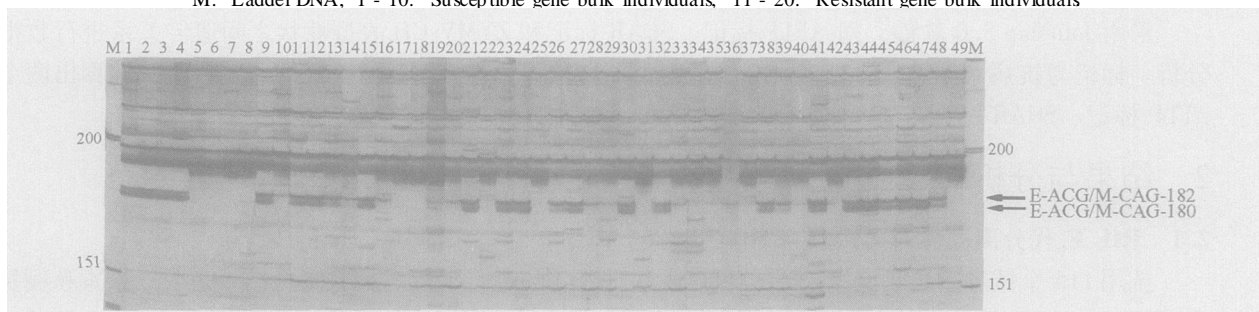


图 3 引物 E-ACG/M-CAG 在 RL<sub>6</sub> 群体中的 AFLP 验证结果

M: Ladder DNA; 其余部分: RL<sub>6</sub> 株系。

Fig. 3 AFLP amplification with primer E-ACG/M-CAG in RL<sub>6</sub> lines

M: Ladder DNA; Other lanes: RL<sub>6</sub> lines

### 2.3 SCAR分析

将连锁标记进行克隆测序, 并根据测序结果设计 SCAR 引物对。由于 AFLP 标记片段都很小, 所以转成 SCAR 的难度比较大。而且, E-ACG/M-CAG-180 标记片段两端 AT 含量过高, 不适合全片段扩增引物的设计, 所以本试验根据实际情况适当截去两头序列进行引物设计。所得的 SCAR 产物比原始片段短, 为 109/95 bp。上游引物序列 5' CACATTGAA TAGATTCCTATTCTCTT 3', 下游引物序列 5' ACTTTGACGGATTACGCTTGTT 3'。

在 55 °C 退火条件下获得了一个共显性标记, 命名为 SCAR3-109 (图 4)。

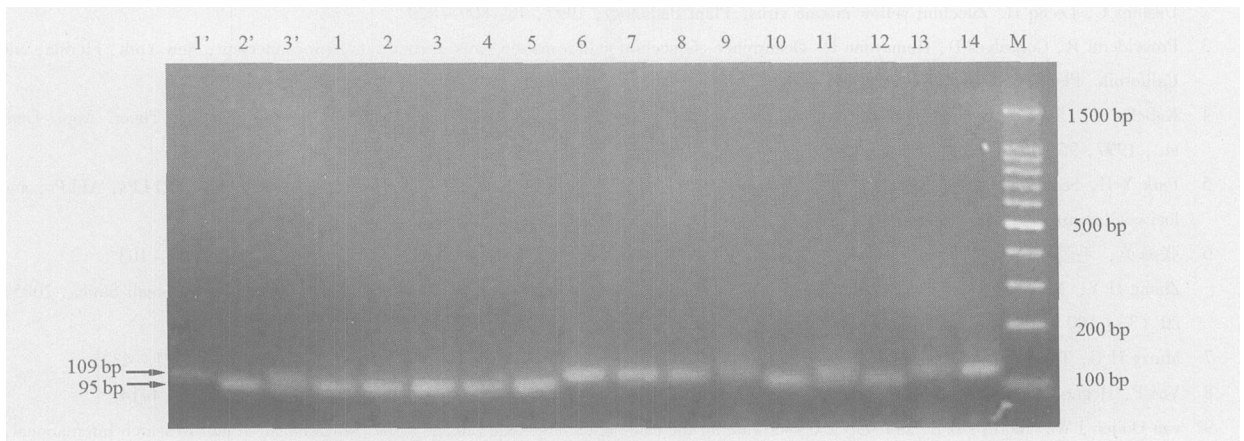


图 4 引物 SCAR3 对 OB, QP,  $F_1$  及  $RL_6$  株系的 SCAR 扩增结果

M: Ladder DNA; 1~14:  $RL_6$  单株; 1': OB; 2': QP; 3':  $F_1$ 。

Fig. 4 SCAR amplification with SCAR3 primer in OB, QP,  $F_1$  and  $RL_6$  individuals

M: Ladder DNA; 1 - 14:  $RL_6$  population; 1': OB; 2': QP; 3':  $F_1$ 。

### 2.4 AFLP 与 SCAR 标记的连锁分析

运用 JoinMap 软件进行连锁分析表明, 黄瓜抗 ZYMV-CH 与 AFLP 标记 (E-ACG/M-CAG-182、E-ACG/M-CAG-180)、SCAR 标记 (SCAR3-109) 存在稳定的连锁关系, 它们与 ZYMV-CH 的抗性基因遗传连锁距离分别为 5 cM、11 cM 和 11 cM。

## 3 讨论

遗传学家早就对黄瓜抗 ZYMV-CH 基因的遗传进行了研究, 认为抗性受隐性单基因控制。本试验进一步证实抗性由一对隐性单基因控制, 但也存在微效基因的作用。

黄瓜对 ZYMV-CH 的抗性是由隐性单基因控制的, 如果在构建抗感池时, 由于某种原因错误地将中间类型的个体划分为感病个体, 则感病池目标性状就会造成混杂, 在 BSA 分析时很难找到在两池间表现多态的标记。因此本研究构建抗病组 (10 个抗病株系) 和感病组 (10 个感病株系) 进行标记筛选, 只要组中有 8 个带型一致, 即初步认为该标记与抗病性有关, 提高了选择效率和准确性。

本试验利用 AFLP 结合 BSA 法快速筛选到与 ZYMV-CH 抗性基因连锁的 AFLP 标记, 而 AFLP 标记为显性标记, 不能区分纯合基因型和杂合基因型, 因而不能直接应用于辅助育种系统。试验获得的 SCAR 标记为共显性标记, 可以区别作为纯合基因型和杂合基因型, 因而该标记可以作为黄瓜抗 ZYMV-CH 基因的选择标记, 它避免了 AFLP 检测的繁琐过程以及高成本, 提高标记检测的稳定性, 缩短了检测的时间, 为继续进行黄瓜抗病毒病新品种选育奠定了技术基础。

严重危害黄瓜的病毒种类很多, 国内常见的主要病毒除 ZYMV 外, 还有 WMV、PRSV-W、CMV 等。目前国内大部分的黄瓜品种都具有对 CMV 的抗性, 因此, 今后的抗病毒病育种重点是聚合 ZYMV、WMV 和 PRSV-W 等的抗病基因。张海英等<sup>[10]</sup>研究了 PRSV-W、WMV 和枯萎病抗病基因的连

锁关系,并将所得标记定位到已有的黄瓜分子标记连锁图谱中,这将为选育不同生态类型和具有不同遗传背景、农艺性状优良的黄瓜自交系和品种奠定良好基础,以期建立比较完善的黄瓜育种分子标记辅助选择技术系统。

#### 参考文献:

- 1 古勤生,范在丰,李怀方.葫芦科作物病毒名录.中国西瓜甜瓜,2002(1):45~47  
Gu Q S, Fan Z F, Li H F. Virus list in *Cucurbita*. Chinese Watermelon and Melon, 2002(1): 45~47 (in Chinese)
- 2 Desbiez C, Lecoq H. Zucchini yellow mosaic virus. Plant Pathology, 1997, 46: 809~829
- 3 Provvidenti R, Gonsalves D, Humaydan H. Occurrence of zucchini yellow mosaic virus in cucurbits from Connecticut, New York, Florida, and California. Plant Disease, 1984, 68: 443~446
- 4 Kabelka E, Ullah Z, Grunet R. Multiple alleles for zucchini yellow mosaic virus resistance at the *zgm* locus in cucumber. Theor Appl Genet, 1997, 95: 997~1004
- 5 Park Y H, Sensory S, Wye C, Antonise R, Peleman J, Havey M J. A genetic map of cucumber composed of RAPDs, RFLPs, AFLPs, and loci conditioning resistance to papaya ringspot and zucchini yellow mosaic viruses. Genome, 2000, 43: 1003~1010
- 6 张海英,毛爱军,王永健,张峰,许勇.4种主要黄瓜病害的遗传分析.华北农学报,2005,20(3):100~103  
Zhang H Y, Mao A J, Wang Y J, Zhang F, Xu Y. Genetic analysis of 4 major cucumber diseases. Acta Agriculture Boreali-Sinica, 2005, 20(3): 100~103 (in Chinese)
- 7 Murry H G, Thompson W F. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. Nucleic Acids Res, 1980, 8: 4321~4325
- 8 Vos P, Hogers R, Blecker M. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. Nucl Acids Res, 1995, 23: 4407~4414
- 9 van Ooijen J W, Voorrips R E. JoinMap 3.0, software for the calculation of genetic linkage maps. Wageningen: Plant Research International, 2001.
- 10 张海英,葛凤伟,王永健,许勇,陈青君.黄瓜分子遗传图谱的构建.园艺学报,2004,31(5):617~622  
Zhang H Y, Ge F W, Wang Y J, Xu Y, Chen Q J. Construction of a reference linkage map for cucumber. Acta Horticulturae Sinica, 2004, 31(5): 617~622 (in Chinese)

## “中国园艺学会番茄分会成立大会暨学术研讨会”在沈阳召开

2006年9月8日,“中国园艺学会番茄分会成立大会暨学术研讨会”在沈阳召开,来自全国各地从事番茄研究和生产的科技人员及有关企业代表60余人参会。大会选举产生了第一届理事会(24名常务理事),选举东北农业大学李景富教授为会长,中国农业科学院蔬菜花卉研究所杜永臣所长、华中农业大学叶志彪教授、辽宁省农科院李海涛副院长、江苏省农科院余文贵副院长为副会长,杜永臣兼任秘书长,推选中国园艺学会名誉理事长朱德蔚研究员为名誉会长。

与会代表分别就番茄常规育种、分子育种以及生产、销售等方面进行了广泛研讨。代表们的报告反映了全国各地番茄育种取得的成就和存在的问题,生物技术在番茄育种中的应用研究进展,制种生产中的新技术以及存在的问题等。大家还就番茄育种发展趋势及今后的研究方向提出了建议。通过交流,大家对当前番茄育种概况、研究方向、研究重点有了更深入的了解,这对于进一步加快我国番茄育种研究,提高育种的技术水平具有积极的意义。

中国园艺学会番茄分会的成立,为从事番茄生产、销售、研究的同行提供了一个学术和信息交流的平台。分会组织热切希望有更多的从事与番茄有关的企业和个人参加,从而更好地发挥分会在科学研究、技术推广、生产流通中的网络和桥梁作用,为我国番茄产业的稳步、健康、快速发展和社会主义新农村建设做出应有的贡献。

中国园艺学会番茄分会