

# 黄瓜抗白粉病染色体片段导入系的 SSR 鉴定

林肖剑, 许学文, 钱红梅, 齐晓花, 徐 强, 陈学好\*

(扬州大学园艺与植物保护学院, 江苏扬州 225009)

**摘 要:** 以黄瓜高抗白粉病品种 JIN5-508 为供体亲本, 以高感白粉病品种 D8 为轮回亲本, 通过多代回交后自交, 并在每个世代结合白粉病抗性进行接种鉴定, 获得了 17 个以 D8 为遗传背景但具有抗白粉病的染色体片段导入系。利用平均分布于黄瓜 7 条染色体上的 324 对 SSR 引物对 17 个导入系 63 个抗病单株 (病情指数  $\leq 10$ ) 的染色体导入片段特征进行了鉴定。结果表明: 74 对 SSR 引物在亲本间表现多态性; 63 个抗病单株中单片段导入系共 25 株, 占 39.68%; 导入双片段的共 32 株, 占 50.79%; 有 3 个供体片段导入的为 4 株, 占 6.35%; 无片段导入的 2 株, 占 3.17%。出现频率较高的导入片段共 4 个, 分别位于 1 号染色体的 23.4~41.3 cM、3 号染色体的 51.1~54.0 cM、4 号染色体的 9.3~11.3 cM 和 6 号染色体的 1.4~3.2 cM 处, 出现的频率分别为 74.6%、44.4%、25.4%和 7.9%。

**关键词:** 黄瓜; 白粉病; SSR; 染色体片段导入系

**中图分类号:** S 642.2

**文献标识码:** A

**文章编号:** 0513-353X (2012) 03-0485-08

## Analysis of Cucumber Chromosome Segment Introgression Line with Powdery Mildew Resistance Based on SSR Markers

LIN Xiao-jian, XU Xue-wen, QIAN Hong-mei, QI Xiao-hua, XU Qiang, and CHEN Xue-hao\*

(College of Horticulture and Plant Protection, Yangzhou University, Yangzhou, Jiangsu 225009, China)

**Abstract:** 17 cucumber chromosome segment introgression lines (CSILs) were constructed from a cross between the powdery mildew susceptible cultivar (D8) and resistant cultivar (JIN5-508), and 63 plants with high powdery mildew resistance (disease index  $\leq 10$ ) were selected. In this study, 324 pairs of SSR primers were applied to analysis the polymorphic level between JIN5-508 and D8, and 91 pairs of SSR primer which generated polymorphic bands were applied to analysis the distribution, segment size of the chromosome segments. The results indicated that 25 CSILs were single segment introgression line, which accounted for 39.68% of the total CSILs; Most of the CSILs were double segment introgression lines, take up to 50.79%; Four CSILs were imported 3 chromosome segments; No donor introgression segments were found in 2 lines. 4 donor segments occupied the highest frequency, which located on 23.4 - 41.3 cM of chromosome 1, 51.1 - 54.0 cM of chromosome 3, 9.3 - 11.3 cM of chromosome 4 and 1.4 - 3.2 cM of chromosome 6, respectively.

**Key words:** cucumber; powdery mildew; SSR; CSIL

收稿日期: 2011-11-01; 修回日期: 2012-02-21

基金项目: 国家自然科学基金项目 (31171978); 江苏省研究生培养创新工程项目

\* 通信作者 Author for correspondence (E-mail: xhchen@yzu.edu.cn)

白粉病是黄瓜生产上危害严重的主要病害之一, 尤其以设施栽培条件下危害更为严重。白粉病菌主要在植株生长中后期侵染黄瓜叶片, 导致受害叶片光合作用能力下降, 严重时导致整株萎蔫干枯, 常造成 20%~40% 的产量损失, 已成为黄瓜生产中亟待解决的关键问题 (侯锋 等, 1999; 冯建明 等, 2008; 齐晓花 等, 2010)。

染色体片段导入系是利用杂交、回交和分子标记辅助选择构建的覆盖作物整个基因组的一系列片段代换系, 其基因组只有较少来自供体亲本的染色体片段, 而其余部分与轮回亲本相同。与传统方法相比, 利用 (单) 片段代换系进行 QTL 定位分析只局限在很窄的染色体区段上, 消除了遗传背景变异的干扰, 这就从遗传和统计两个方面保证了定位的精确性。到目前为止, 番茄、水稻、玉米、小麦、大麦和油菜 (Eshed & Zamir, 1995; Howell et al., 1996; Doi et al., 1997; Korff et al., 2004; Liu et al., 2006; 王立秋 等, 2007) 等作物均已培育出了染色体片段导入系, 并进行了抗白粉病 QTL 精细定位研究。

目前对黄瓜抗白粉病基因的 QTL 定位研究仍基于  $F_2$  或 RIL 初级群体 (Sakata et al., 2006; 刘龙洲 等, 2008; Alfandi et al., 2010), 而初级群体除了对 QTL 的定位精确度不高外, 还很难发现微效 QTL。在黄瓜上虽然已有培育染色体片段导入系的报道 (李学峰 等, 2011; 史建磊 等, 2011), 但均没有针对某一特异性状进行选择鉴定。

本研究中利用 SSR 标记对已构建的抗白粉病的黄瓜片段导入系进行鉴定, 以期为进一步构建次级分离群体进行抗白粉病基因精细定位及图位克隆奠定基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 黄瓜白粉病抗性片段导入系构建

本实验室前期通过田间自然发病鉴定和人工接种白粉病菌鉴定, 筛选获得了黄瓜 (*Cucumis sativus* L.) 高抗白粉病自交系 JIN5-508 (长蔓, 病情指数 = 0) 和易感自交系 D8 (短蔓, 病情指数 > 35.0)。

利用 JIN5-508 与 D8 杂交, 以 D8 作为轮回亲本进行连续 12 代回交, 而后自交获得抗白粉病片段导入系。在每个回交世代中, 首先在苗期用本实验室获得的与黄瓜矮生性连锁的 SCAR 标记 UBC818-S 对所有植株进行标记辅助选择, 淘汰蔓生植株 (沈丽平, 2009), 再对矮生植株接种白粉病菌, 并用本实验室获得的与黄瓜对白粉病抗性连锁的 SCAR 标记进行鉴别 (Alfandi et al., 2009), 选择抗病性强且带有抗病 SCAR 标记的单株进入下一代回交及矮生性和抗病性鉴定, 由此得到的片段导入系, 其白粉病病情指数显著低于轮回亲本 D8。

### 1.2 片段导入系的形态特征鉴定

JIN5-508 与 D8 除了在白粉病抗性方面存在显著差异外, 株高差异也非常显著, 其中 JIN5-508 为蔓生, D8 为矮生。因此抗白粉病片段导入系的特征应兼具矮生性和抗白粉病特性。经过连续多代回交后, 各导入系株高与 D8 基本一致, 仅在抗白粉病抗性上有差异。本研究的试验材料为 17 个导入系、JIN5-508 和 D8, 于 2011 年 3、4 月分别播种, 定植在扬州大学园艺与植物保护学院实验大棚内。采用完全随机设计的试验方法, 在开花期对 17 个导入系共 449 个单株以及原始亲本 JIN5-508 和 D8 进行了株高测量, 重复 3 次, 每个重复测定 8 株, 取平均值进行统计分析和多重比较。

### 1.3 片段导入系白粉病抗性鉴定

对 17 个导入系共 449 个单株以及原始亲本 JIN5-508 和 D8 进行两次白粉病菌病接种, 于植株三

叶一心时进行第一次接种, 一周后进行第二次接种, 在第二次接种后一周统计病情指数, 试验设计同 1.2。

病情指数参照张桂华等(2004)的标准进行并略有调整。0 级: 无病症; 1 级: 有少数病斑, 病斑占叶面积的比例少于 1/3; 2 级: 病斑占叶面积的 1/3~2/3; 3 级: 病斑面积超过叶面积的 2/3; 4 级: 病斑遍布整张叶片; 5 级: 病斑遍布整张叶片, 黄化严重, 叶片枯死。按照下述公式进行病情指数(DI)计算:  $DI = \sum (\text{发病级别} \times \text{相应发病级别的叶数}) / 5 \times \text{调查总叶数} \times 100$ 。

选择病情指数低于 10 的单株为高抗白粉病单株, 利用 SSR 分子标记进行导入片段的特征鉴定。

## 1.4 SSR 引物筛选

参考黄瓜基因组数据库信息(Huang et al., 2009)进行了 4 次选择。第一次是在 7 条染色体上平均 10 cM 随机选取一对 SSR 引物, 共 85 对。第二次是将引物密度增加到每 5 cM 选取一对 SSR 引物, 共选取了 169 对 SSR 引物; 同时, 针对第一次选取的引物中在亲本间无多态性标记的相同位点处再选取一对 SSR 引物进行检测, 如仍无多态性, 则继续按此方法选择 SSR 引物检测, 直至该位点处无引物可选; 然后在位点上下游最近处继续选择 SSR 引物检测, 依此类推。最终, 每条染色体平均 2 cM 有一对 SSR 引物入选, 共计检测了 321 对 SSR 引物, 覆盖率达 85.2%。

### 1.4.1 双亲间 SSR 多态性鉴定

DNA 的提取采用改良的 Roger 法, 用 0.8% 的琼脂糖凝胶电泳进行检测。将 324 对 SSR 引物在 D8 与 JIN5-508 间进行 PCR 扩增。扩增体系共 25  $\mu\text{L}$ , 其中 dNTPs ( $2.5 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1}$ ) 2.0  $\mu\text{L}$ , DNA ( $20 \text{ ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$ ) 0.5  $\mu\text{L}$ , 引物 ( $2 \mu\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$ ) 0.5  $\mu\text{L}$ , *rTaq* (5U) 0.5  $\mu\text{L}$ ,  $10 \times \text{PCR Buffer}$  (含有  $\text{Mg}^{2+}$ ) 2.5  $\mu\text{L}$ , ddH<sub>2</sub>O 19  $\mu\text{L}$ 。

SSR 的 PCR 反应程序为: 94  $^{\circ}\text{C}$  预变性 5 min; 94  $^{\circ}\text{C}$  变性 1 min; 45~50  $^{\circ}\text{C}$  退火 45 s; 72  $^{\circ}\text{C}$  延伸 1 min; 共 40 个循环; 72  $^{\circ}\text{C}$  延伸 1 min。

扩增产物在 6% 非变性聚丙烯酰胺凝胶上电泳分离, 银染检测。能够在两亲本间扩增出差异常带的引物确定为亲本间多态性 SSR 引物。

### 1.4.2 导入抗白粉病片段特征的 SSR 鉴定

田间接种白粉病菌后, 在 17 个导入系共 449 株中, 将白粉病病情指数低于 10 的单株确定为高抗白粉病单株, 共 63 株, 单株取样并利用在 D8 与 JIN5-508 间表现差异的 SSR 引物进行抗白粉病片段导入系的鉴定。试验方法同 1.4.1。

## 1.5 抗白粉病抗性导入片段在感病株系中的验证

2011 年 11 月 12 日在温室内播种了 7 个病情指数在 30 以上的近等基因系, 共进行两次白粉病菌接种鉴定, 第一次接种于植株三叶一心时进行, 一周后进行第二次接种, 在第二次接种后一周统计病情指数。选择了 20 个病情指数大于 30 的感病单株用于验证在抗病单株中特异的标记是否在这些感病植株中存在, 进一步确定抗白粉病导入片段的准确性。

## 2 结果与分析

### 2.1 片段导入系株高及白粉病病情指数的比较

由表 1 可以看出: 导入系的株高较 JIN5-508 均明显矮化, 与矮生亲本 D8 的株高相近或差异不显著甚至矮于 D8。这表明在与 D8 多次回交的过程中, 矮生这一特异性状的遗传背景基本趋于轮回亲本, 片段导入系与 D8 的差异主要在于对白粉病抗性的差异。

病情指数的分析结果显示,不同导入系对白粉病抗性存在一定差异,有 64.71%的品系病情指数低于 D8 (5%显著水平),其中 20 号品系的白粉病抗性最好。

表 1 片段导入系株高及白粉病病情指数  
Table 1 Plant height and powdery mildew disease index of cucumber CSILs

品系 Strains	株高/cm Height	病情指数 Powdery mildew disease index	品系 Strains	株高/cm Height	病情指数 Powdery mildew disease index
1	36.59 hi	10.23 hi	12	49.80 def	38.02 ab
2	37.00 ghi	18.93 fg	13	67.99 b	37.61 abc
3	50.44 cdef	30.76 bcd	14	55.50 cde	29.03 de
4	49.54 def	12.54 ghi	16	50.13 cdef	22.34 ef
5	49.68 def	13.35 ghi	17	45.38 fgh	31.42 abcd
6	58.76 cd	30.24 cde	18	36.00 i	16.34 fgh
7	45.53 fg	31.74 abcd	20	45.67 fg	8.46 i
8	54.11 cdef	31.51 abcd	JIN5-508	86.38 a	0.00 j
9	58.34 cd	35.38 abcd	D8	48.11 ef	38.52 a
10	54.79 cde	14.78 fghi			

注: 同列不同小写字母表示在 5%水平上差异显著。

Note: Different lower case letters in the same column indicate significance at level of 5%; Different capital letters in the same column indicate significance at level of 1%.

2.2 特异 SSR 引物的筛选

在 324 对 SSR 引物中共有 74 对 SSR 引物在亲本间呈现多态性, 占 22.84%。

图 1 表示 1 对 SSR 引物在 JIN5-508 和 D8 间的差异 PCR 结果, 这一引物在 D8 中只扩增出一条带, 大小在 200 bp 以下, 而在 JIN5-508 中扩增获得两条约 210 bp 和 300 bp 大小的条带(箭头所示)。由于两者的条带数量和条带大小均不同, 认为该引物为两亲本的多态性引物。

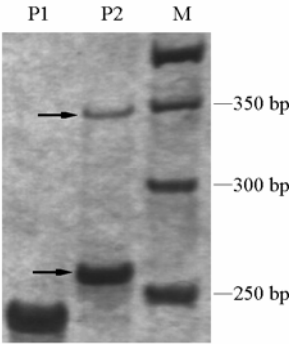


图 1 特异 SSR 标记在供试双亲中的扩增谱带

M: DNA 分子量标记; P1: 亲本 D8; P2: 亲本 JIN5-508。

Fig. 1 Amplified profile of specific SSR markers in parental lines

M: DNA marker; P1: D8; P2: JIN5-508.

按照此原则,共筛选获得了 74 对多态性 SSR 引物,其在黄瓜 7 条染色体上的分布分别为 10、7、16、4、4、23 和 10 对,如图 2 所示。

图 3 表示引物 SSR15755 对 23 个抗病单株及双亲的扩增结果,23 个抗病单株(病情指数依次为: 1.25、8.33、4.29、6.67、1.67、9.09、9.67、2.89、1.26、5.33、8.00、2.86、2.86、4.29、1.82、10.00、

8.57、5.33、8.57、3.75、8.00、4.62、2.67) 皆与抗白粉病亲本 JIN5-508 (P2) 有特异条带, 而 P1 无特异条带, 说明 23 个抗病单株成功导入了抗病亲本 JIN5-508 的染色体片段。

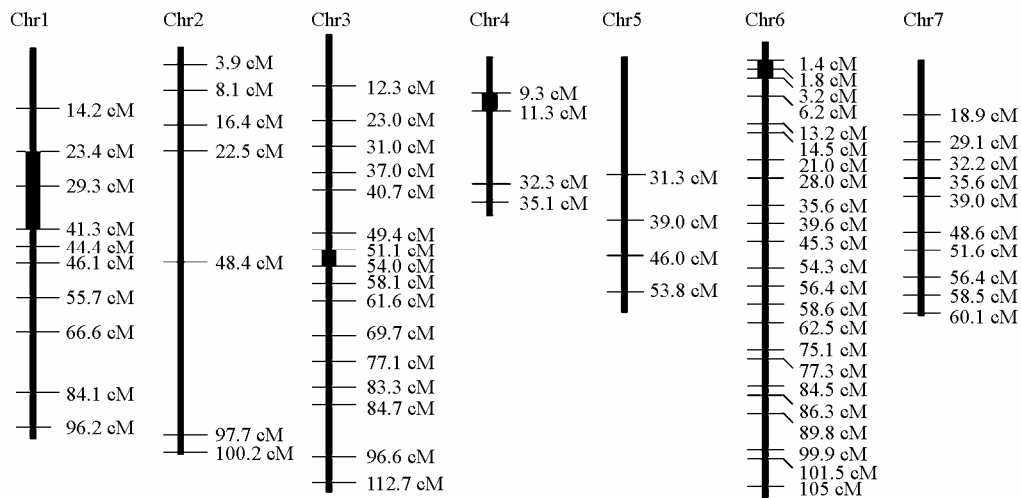


图 2 特异 SSR 标记和导入抗白粉病片段在各染色体上的分布

■ 导入片段。

Fig. 2 Distribution of specific SSR markers and donor fragments on 7 chromosomes of cucumber

■ Donor fragments.

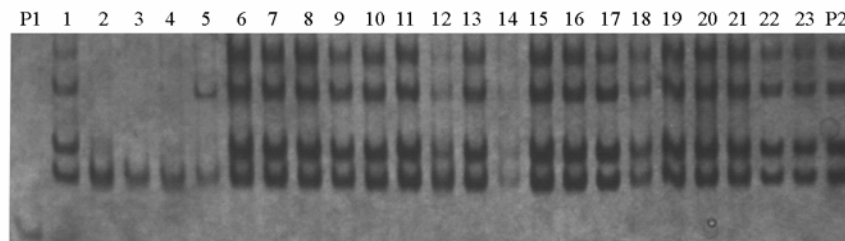


图 3 特异 SSR 标记在供试材料中的扩增谱带

P1: D8; P2: JIN5-508; 1 ~ 23: 1 ~ 23 号抗病单株。

Fig. 3 Distribution of specific SSR markers in CSILs

P1: D8; P2: JIN5-508; 1 ~ 23: 1 ~ 23 CSIL.

### 2.3 白粉病抗性片段导入系的鉴定

用筛选出的 74 对在亲本间有差异的 SSR 引物在入选的 63 株表型为抗白粉病的单株中进行鉴定, 结果表明: 共得到 6 个供体染色体片段, 其中 4 个片段出现频率较高, 分别位于 1 号染色体的 23.4 ~ 41.3 cM、3 号染色体的 51.1 ~ 54.0 cM、4 号染色体的 9.3 ~ 11.3 cM 和 6 号染色体 1.4 ~ 3.2 cM 处 (图 2), 出现的频率分别为 74.6%、44.4%、25.4% 和 7.9%。

在 63 株表型为抗白粉病的单株中, 仅有 1 个供体片段即单片段导入的为 25 株, 占 39.68%; 有 2 个供体片段导入的为 32 株, 占 50.79%; 有 3 个供体片段导入的为 4 株, 占 6.35%; 无片段导入的为 2 株, 占 3.17% (表 2)。

可见, 绝大多数表型为抗白粉病的单株都有供体片段导入。

表 2 抗白粉病单株的供体导入片段鉴定  
Table 2 Analysis of donor segments in cucumber chromosome segment introgression lines with high powdery mildew resistance

品系 Strains	单株 Resistant plant	病情指数 Disease index	导入片段数 Number of imported donor segments	品系 Strains	单株 Resistant plant	病情指数 Disease index	导入片段数 Number of imported donor segments
1	1	1.25	2	5	32	8.75	1
	2	8.33	2		33	2.67	1
	3	4.29	2		34	9.23	1
	4	6.67	2		35	6.67	1
	5	1.67	2		36	3.07	1
	6	9.09	1		37	6.67	1
	7	9.67	2		38	2.86	1
	8	2.89	1		39	8.00	1
	9	1.26	1		40	8.75	1
2	10	5.33	2	10	41	1.44	0
	11	8.00	2		42	5.00	1
	12	2.86	2		43	6.67	0
	13	2.86	2		44	8.00	1
	14	4.29	1		45	9.33	1
	15	1.82	1		46	7.50	1
	16	10.00	1		47	8.33	1
4	17	8.57	2	14	48	6.67	1
	18	5.33	2		49	7.14	1
	19	8.57	1		50	5.88	2
	20	3.75	3		51	1.54	2
	21	8.00	2		52	6.25	2
	22	4.62	2		53	7.50	2
	23	2.67	2		54	6.67	2
	24	2.67	2		55	4.29	2
	25	1.25	2		56	2.86	1
	26	2.50	2		57	5.00	2
	27	5.33	2		58	5.00	3
	28	3.07	3		59	5.00	2
	29	8.57	2		60	3.53	2
	30	2.67	3		61	5.71	2
	31	3.33	2		62	6.67	1
					63	2.86	2

2.4 白粉病抗性导入片段在感病株系中的验证

用筛选出的 74 对 SSR 引物在 20 株感病单株中进行鉴定,结果显示: 64 对引物未在感病单株中检测到,只有 10 对引物出现在感病单株中,占 13.5%,其中,有两个标记分别位于 1 号染色体导入片段中的 23.4 cM、6 号染色体导入片段中的 3.2 cM 处。因此,今后仍需继续在该标记上下游增加或设计新的引物以进一步明确片段特征。而另外两个供体导入片段(3 号染色体的 51.1 ~ 54.0 cM 和 4 号染色体的 9.3 ~ 11.3 cM)的区域内在感病单株中未检测到多态性标记,因此,这两个片段可能与抗白粉病有关。

3 讨论

在黄瓜构建片段代换系的研究方面,前人以野生黄瓜品系为供体亲本进行了研究。李学峰等(2011)利用野生黄瓜品系 PI183967 为供体材料,栽培黄瓜‘新泰密刺’纯系为受体材料,经过 3 次回交和 1 次自交,创制了一套黄瓜片段代换系材料;利用 62 个 SSR 标记共选出 21 份单片段和 10 份双片段代换系材料,得到代换片段 41 个。史建磊等(2011)以栽培黄瓜‘北京截头’为受体亲本,以携带有多种抗性性状的黄瓜珍稀野生种酸黄瓜为供体亲本,通过多次回交和自交,结合 SSR

标记辅助选择构建了以‘北京截头’为遗传背景的黄瓜野生种染色体片段导入系, 该导入系群体共携带 38 个供体片段。这两套代换系材料由于回交代数较少导致获得的导入片段数较多, 而且这些导入片段可能与多个性状具有相关性, 没有对某一特定性状加以选择, 获得的单片段导入系目前也无法用来进行某一特定基因的精细定位。

本研究是在前期连续进行 12 代回交而后自交获得抗白粉病片段导入系的基础上, 对 17 个抗白粉病导入系的 63 株表型为抗白粉病的黄瓜单株进行鉴定, 25 个高抗白粉病单株为单片段导入系, 抗性相关导入片段共 6 个。SSR 标记的数量会在鉴定结果方面产生一定的误差, 为了确保得到更加准确可靠的结果, 尚需继续对现有片段代换系自交并同时增加 SSR 引物进行鉴定, 并在候选片段区域两侧继续增加引物进行分析鉴定, 缩短片段的长度, 从而进一步确定抗性片段特征。本实验室正在利用已经获得的片段代换系构建次级分离群体, 结合本研究成果并充分利用黄瓜基因组信息 (Huang et al., 2009), 精细定位黄瓜抗白粉病基因, 为以后黄瓜白粉病抗性基因的图位克隆工作奠定坚实基础。

## References

- Alfandi M, Shen L P, Qi X H, Xu Q, Chen X H. 2009. SCAR marker linked to powdery mildew resistance for selection of the near-isogenic lines in cucumber. Academic Conference on Horticulture Science and Technology, 35 - 39.
- Alfandi M, Ji Y, Shen L P, Qi X H, Xu Q, Chen X H. 2010. Construction of genetic linkage map and localization of QTLs for powdery mildew resistance in cucumber (*Cucumis sativus* L.). Acta Horticulture, 871: 33 - 41.
- Doi K, Wata N, Yoshimura A. 1997. The construction of chromosome substitution lines of African rice (*Oryza glaberrima* Steud.) in the background of Japonica rice (*O. sativa* L.). Rice Genet Newsl, 14: 39 - 41.
- Eshed Y, Zamir D. 1995. An introgression line population of *Lycopersicon pennellii* in the cultivated tomato enables the identification and fine mapping of yield-associated QTL. Genetics, 141: 1147 - 1162.
- Feng Jian-ming, Zhang Hai-ying, Chen Nian-lai, Wang Yong-jian. 2008. Genetics and molecular markers of resistance to five diseases in cucumber. Chinese Agricultural Science Bulletin, 24 (8): 368 - 372. (in Chinese)
- 冯建明, 张海英, 陈年来, 王永健. 2008. 黄瓜重要病害抗性遗传规律及相关分子标记研究进展. 植物保护科学, 24 (8): 368 - 372.
- Hou Feng, Lü Shu-zhen, Ma De-hua. 1999. Cucumber. Tianjin: Tianjin Science and Technology Press. (in Chinese)
- 侯 锋, 吕淑贞, 马德华. 1999. 黄瓜. 天津: 天津科学技术出版社.
- Howell P M, Marshall D F, Lydiate D J. 1996. Towards developing intervarietal substitution lines in *Brassica napus* using marker-assisted selection. Genome, 39: 248 - 358.
- Huang S W, Li R Q, Zhang Z H, Li L, Gu X F, Fan W, Lucas W J, Wang X W, Xie B Y, Ni P X, Ren Y Y, Zhu H M, Li J, Lin K, Jin W W, Fei Z J, Li G C, Staub J, Kilian A, Edwin A. G., Wu Y, Guo J, He J, Jia Z Q, Ren Y, Tian G, Lu Y, Ruan J, Qian W B, Wang M W, Huang Q F, Li B, Xuan Z L, Cao J J, Asan, Wu Z G, Zhang J B, Cai Q L, Bai Y Q, Zhao B W, Han Y H, Li Y, Li X F, Wang S H, Shi Q X, Liu S Q, Cho W K, Kim J Y, Xu Y, Heller-Uszynska K, Miao H, Cheng Z C, Zhang S P, Wu J, Yang Y H, Kang H X, Li M, Liang H Q, Ren X L, Shi Z B, Wen M, Jian M, Yang H L, Zhang G J, Yang Z T, Chen R, Liu S F, Li J W, Ma L J, Liu H, Zhou Y, Zhao J, Fang X D, Li G Q, Fang L, Li Y R, Liu D Y, Zheng H K, Zhang Y, Qin N, Li Z, Yang G H, Yang S, Bolund L, Kristiansen K, Zheng H C, Li S C, Zhang X Q, Yang H M, Wang J, Sun R F, Zhang B X, Jiang S Z, Wang J, Du Y C, Li S G. 2009. The genome of the cucumber, *Cucumis sativus* L. Nature Genetics, 41: 1275 - 1281.
- Korff M, Wang H, Leon J, Pillen K. 2004. Development of candidate introgression lines using an exotic barley accession (*Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum*) as donor. Theor Appl Genet, 109: 1736 - 1745.
- Li Xue-feng, Hu Xiao-wen, Zhang Sheng-ping, Gu Xing-fang, Zhang Zhong-hua, Huang San-wen. 2011. Construction of wild cucumber substitution lines. Acta Horticulturae Sinica, 38 (5): 886 - 892. (in Chinese)
- 李学峰, 胡晓文, 张圣平, 顾兴芳, 张忠华, 黄三文. 2011. 野生黄瓜代换系的构建. 园艺学报, 38 (5): 886 - 892.
- Liu Long-zhou, Cai Run, Yuan Xiao-jun, He Huan-le, Pan Jun-song. 2008. Cucumber powdery mildew resistance QTL molecular mapping. Science

- in China: Series C, 38 (9): 851 - 856. (in Chinese)
- 刘龙洲, 蔡 润, 袁晓君, 何欢乐, 潘俊松. 2008. 黄瓜抗白粉病 QTL 分子标记定位. 中国科学 C 辑, 38 (9): 851 - 856.
- Liu S B, Zhou R H, Dong Y C, Li P, Jia J Z. 2006. Development, utilization of introgression lines using a synthetic wheat as donor. Theor Appl Genet, 112 (7): 1360 - 1373.
- Qi Xiao-hua, Luo Jing-jing, Mouammar Alfandi, Ma Wei, Xu Qiang, Chen Xue-hao. 2010. Construction of cucumber leaf cDNA library and analysis of expressed sequence tag. Acta Horticulturae Sinica, 37 (6): 931 - 938. (in Chinese)
- 齐晓花, 罗晶晶, Mouammar Alfandi, 马 威, 徐 强, 陈学好. 2010. 黄瓜抗白粉病品系cDNA文库构建及EST分析. 园艺学报, 37 (6): 931 - 938.
- Sakata Y, Kubo N, Morishita M, Kitadani E, Sugiyama M, Hirai M. 2006. QTL analysis of powdery mildew resistance in cucumber (*Cucumis sativus* L.). Theor Appl Genet, 112: 243 - 250.
- Shen Li-ping. 2009. Genetic analysis and preliminary mapping of QTL associated with powdery mildew resistance in cucumber [M. D. Dissertation]. Yangzhou: Yangzhou University. (in Chinese)
- 沈丽平. 2009. 黄瓜白粉病抗性遗传分析及相关 QTL 初步定位[硕士论文]. 扬州: 扬州大学.
- Shi Jian-lei, Lou Qun-feng, Qian Chun-tao, Wan Hong-jian, Zhou Xiao-hui, Chen Jin-feng. 2011. Construction and genetic evaluation of chromosome segment introgression lines in cucumber. Journal of Nanjing Agricultural University, 34 (1): 20 - 24. (in Chinese)
- 史建磊, 娄群峰, 钱春桃, 万红建, 周晓慧, 陈劲枫. 2011. 黄瓜染色体片段导入系的构建与遗传评价. 南京农业大学学报, 34 (1): 20 - 24.
- Wang Li-qiu, Zhao Yong-feng, Xue Ya-dong, Zhang Zu-xin, Zheng Yong-lian, Chen Jing-tang. 2007. Corn cohesion type segment of the construction and the import group evaluation. Acta Agronomica Sinica, 33 (4): 663 - 668. (in Chinese)
- 王立秋, 赵永锋, 薛亚东, 张祖新, 郑用琰, 陈景堂. 2007. 玉米衔接式单片段导入系群体的构建和评价. 作物学报, 33 (4): 663 - 668.
- Zhang Gui-hua, Du Sheng-li, Wang Ming, Ma De-hua. 2004. AFLP markers of cucumber powdery mildew resistance-related gene. Acta Horticulturae Sinica, 31 (2): 189 - 192. (in Chinese)
- 张桂华, 杜胜利, 王 鸣, 马德华. 2004. 与黄瓜抗白粉病相关基因连锁的 AFLP 标记的获得. 园艺学报, 31 (2): 189 - 192.

## 征 订

## 欢迎订阅《园艺学报》

《园艺学报》是中国园艺学会和中国农业科学院蔬菜花卉研究所主办的学术期刊, 创刊于 1962 年, 刊载有关果树、蔬菜、观赏植物、茶及药用植物等方面的学术论文、研究报告、专题文献综述、问题与讨论、新技术新品种以及园艺研究动态与信息, 适合园艺科研人员、大专院校师生及农业技术推广部门专业技术人员阅读参考。

《园艺学报》是中文核心期刊, 被英国《CAB 文摘数据库》、美国 CA 化学文摘、日本 CBST 科学技术文献速报、俄罗斯 AJ 文摘杂志、CSCD 中国科学引文数据库等多家重要数据库收录。《园艺学报》荣获第三届国家期刊奖及中国科技信息所“中国精品科技期刊”、武汉大学中国科学评价研究中心“中国权威学术期刊”、中国期刊协会和中国出版科学研究所“新中国 60 年有影响力的期刊”等称号。

根据“中国学术期刊影响因子年报(2011 版)”, 《园艺学报》复合总被引频次为 11 630, 期刊综合总被引频次 5 317, 复合影响因子 1.780, 期刊综合影响因子 1.124。

《园艺学报》为月刊, 每月 25 日出版。每期定价 40.00 元, 全年 480.00 元。国内外公开发行, 全国各地邮局办理订阅, 国内邮发代号 82 - 471, 国外发行由中国国际图书贸易总公司承办, 代号 M448。漏订者可直接寄款至本编辑部订购。

编辑部地址: 北京市海淀区中关村南大街 12 号 中国农业科学院蔬菜花卉研究所《园艺学报》编辑部;

邮政编码: 100081; 电话: (010) 82109523. E-mail: [yuanyixuebao@126.com](mailto:yuanyixuebao@126.com)。网址: <http://www.ahs.ac.cn>。