

利用重组自交系群体构建番茄 AFLP 遗传连锁图谱

陈丽静^{1,3,*}, 王利¹, 王玉坤¹, 陶承光³, 李君明², 王晓武², 李天来^{1,*}

(¹ 沈阳农业大学, 辽宁省农业生物技术重点实验室, 设施园艺省部共建教育部重点实验室, 沈阳 110866; ² 中国农业科学院蔬菜花卉研究所, 北京 100081; ³ 辽宁省农业科学院, 沈阳 110866)

摘要: 以普通栽培番茄 (*Solanum lycopersicum*) 99165-30 为母本, 野生多毛番茄 (*Solanum habrochaites*) LA1777 为父本进行杂交, 通过单粒传得到了含有 80 个 F_{5:6} 家系的重组自交系分离群体, 利用荧光 AFLP 分子标记技术构建番茄分子遗传连锁图谱。AFLP 标记采用 *Mse* I 和 *Eco*R I 两种内切酶及荧光标记 (IRD-700 或 IRD-800) 的 E + 3 和非荧光标记的 M + 3 引物组合进行选择扩增, 扩增结果经 95 °C 预变性后在 6% 变性聚丙烯酰胺凝胶上电泳 2.5 h, 运用 LICOR 公司的 NEN Global Edition IR² DNA Analyzer (Model 5200 LI-COR Biosciences, Lincoln, NE) 荧光扫描检测 DNA 多态性。对 RILs 群体中产生分离的 274 个 AFLP 标记运用 JoinMap 3.0 软件分析, 得到一张番茄分子遗传连锁图谱, 图谱总长度为 662 cM, 共包括 18 个主要连锁群, 125 个多态性分子标记。每条连锁群上的标记数在 3 ~ 22 个之间, 连锁群的长度在 14.0 ~ 58.0 cM 的范围内, 平均图距在 2.27 ~ 13.3 cM。总平均距离 5.3 cM, 本研究中构建的番茄永久遗传图谱, 为番茄分子辅助育种及重要农艺性状的定位奠定了基础。

关键词: 番茄; RILs 群体; AFLP 标记; 荧光标记引物; 遗传连锁图谱

中图分类号: S 641.2

文献标志码: A

文章编号: 0513-353X (2012) 12-2377-08

Construction AFLP Genetic Linkage Map of Tomato Using Recombinant Inbred Lines (RILs) Population

CHEN Li-jing^{1,3,*}, WANG Li¹, WANG Yu-kun¹, TAO Cheng-guang³, LI Jun-ming², WANG Xiao-wu², and LI Tian-lai^{1,*}

(¹Bioscience and Technology Institute of Shenyang Agricultural University, Key Laboratory of Agriculture Biotechnology Liaoning Province, Key Laboratory of Protected Horticulture, Shenyang Agricultural University, Ministry of Education, Shenyang 110866, China; ²Institute of Vegetables and Flowers, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China; ³The Liaoning Academy of Agricultural Sciences, Shenyang 110866, China)

Abstract: A genetic linkage map of tomato was constructed using a RILs (recombinant inbred lines) population of 80 individuals which was developed by crossing *Solanum lycopersicum* 99165-30 and *Solanum habrochaites* LA1777 through single-seed descent (SSD). AFLPs were generated by the use of restriction enzymes *Eco*R I in combination with either *Mse* I. Pre-amplification was carried out using primers corresponding to *Eco*R I and *Mse* I adaptors with no selective base. Selective amplifications were

收稿日期: 2012-09-17; 修回日期: 2012-11-12

基金项目: 辽宁省自然科学基金项目 (20072124); 辽宁省自然科学基金博士启动基金项目 (20081067)

* 通信作者 Author for correspondence (E-mail: Chenlijing1997@126.com; litianlai@126.com; Tel: 024-88487004)

performed using IRD700 or IRD800 labeled *EcoR* I primers and non-labeled *Mse* I primers. The resulting products were denatured in formamide at 95 °C and separated by electrophoresis 2.5 h on 6% polyacrylamide gel using IR² DNA Analyzer (Model 5200 LI-COR Biosciences, Lincoln, NE). The segregation of each marker and linkage analysis was done using the program JoinMap version 3.0. With 22 primer pairs, a total of 247 parental polymorphic bands were detected and 125 used for mapping, the total map length was 662 cM, consisted of 18 linkage groups, number of markers in the linkage groups varied from 3 to 22, the length of linkage groups were from 14.0 cM to 58.0 cM and mean marker interval distance from 2.27 cM to 13.3 cM individually, and a mean marker interval distance of 5.3 cM between markers. The map developed in the present study could be used for genetic mapping and molecular marker assisted breeding and quantitative trait locus mapping of tomato.

Key words: tomato; recombinant inbred line; AFLP; IRD700 or IRD800 labeled *EcoR* I primers; genetic linkage map

遗传图谱可以用来研究基因遗传和变异的规律, 定位和标记目标基因, 推动标记辅助育种 (Marker-assisted Breeding, MAS) 在生产上的应用, 还可以进行基因克隆和 QTL 分析, 同时也是分析生物复杂本质的特征信息, 基因和种质资源的多态性, 以及生物系统学、物种进化和分类等理论与实践上研究的有效手段 (Tuinstra et al., 1996)。

番茄作为模式植物, 遗传图谱的构建起步较早。早在 1926 年到 1931 年间, MacArthur 利用形态标记, 绘制了第一张番茄遗传图谱, 当时只标定了 20 个基因的近似位置, 后来, Altman 和 Dittmer 将 164 个基因定位在番茄 12 条染色体上 (余诞年 等, 1999)。20 世纪 80 年代初, 美国加州大学的 Rick 绘制了番茄的经典遗传图谱, 标记的基因座位数约有 330 多个。随着 DNA 水平的 RFLP 等分子生物技术的诞生, Tanksley 等 (1992) 构建了第一张番茄高密度的 RFLP 分子遗传连锁图谱, 该图谱包括 1 030 个分子标记, 1 276 个图谱单位, Foolad 和 Jones (1993) 通过 RAPD 构建了一个番茄种内基因图谱, Grandillo 和 Tanksley (1996b) 使用一个优良加工番茄品系及与其紧密相关的野生种醋栗番茄 (*Solanum pimpinellifolium*) LA1589 构建了一张长度为 1 279 cM, 平均间距为 10.7 cM, 包含 115 个 RFLP、5 个 RAPD 和 2 个形态标记的基因图谱。Alpert 和 Tanksley (1996) 通过对染色体 2 的一个主要控制果实质量的 QTL 位点 Fw2.2 构建一个高密度的物理图谱和基因图谱, 为克隆该基因提供了可能; Zhang 等 (2002) 以栽培种番茄 (*S. lycopersicum*) 与多毛番茄 (*S. habrochaites*) PII26445 的 BC₁ 群体绘制了含 142 个 RFLP 标记、29 个抗病基因类似物 (resistance gene analogs, RGAs) 标记的图谱, 该图谱总长度为 1 469 cM 的分子遗传图谱, 标记间平均距离为 8.6 cM, 为进行抗病相关基因定位及图位克隆提供了有力工具。Zabeau 和 Vos (1993) 将限制性酶切和 PCR 技术相结合, 开发了 AFLP 标记。利用该技术, Haanstra 等 (1999) 构建了一张 RFLP-AFLP 整合遗传连锁图谱, Saliba 等 (2000) 构建了番茄种间的 RFLP、RAPD、AFLP 图谱, Suliman 等 (2002) 利用来自潘那利番茄 (*S. pennellii*) 的永久群体构建了 AFLP、SSR 及 SNP 图谱。所有这些标记图谱的建立, 为番茄遗传资源鉴定、基因定位及基因克隆奠定了良好基础。由于 RFLP 等标记的复杂性和不方便性, 从番茄遗传育种实践考虑, 众多研究一直致力于开发相对方便的特异 PCR 标记, Bai 等 (2004) 构建了番茄染色体 9、10、11、12 的 CAPs 标记图谱。同时, 人们还发现相当一部分已经开发的稳定的 SSR 标记位于番茄染色体着丝点附近, 不能完全覆盖整个基因组。针对上述问题, Frary 等 (2005) 以普通番茄 (*S. esculentum*) LA925 × 潘那利番茄 (*S. pennellii*) LA716 永久群体, 开发了一张包含 76 个 SSR 和 76 个 CAPs 标记的连锁图谱, 这 152 个特异 PCR 标记非常均匀地覆盖 95% 的番茄染色体组, 平均图距为 10.0 cM, 而且这些标记用普通的琼脂糖凝胶即可获得多态

性, 使该图谱的利用更为简洁方便。

本研究中利用园艺性状优良的栽培番茄 (*S. lycopersicum*) 99165-30 和野生多毛番茄 (*S. habrochaites*) LA1777 远缘杂交获得 F_2 , F_2 单粒传获得 $F_{5:6}$ 代重组自交系永久分离群体, 以此为试材, 运用荧光 AFLP 标记技术构建了一张番茄分子连锁遗传图谱, 为番茄分子育种及重要农艺性状的定位奠定基础。

1 材料与方法

1.1 作图群体

试验在中国农业科学院蔬菜花卉研究所生物技术研究室进行。

以普通栽培番茄 (*Solanum lycopersicum*) 99165-30 为母本, 野生多毛番茄 (*Solanum habrochaites*) LA1777 为父本, 人工去雄进行杂交, 得到 F_1 代。

2002 年 1 月将远缘杂种 F_1 代种子播种于温室, 观察发现, 远缘杂种植株和多毛番茄植株极其相似, 表现为生长势强, 叶片及茎部均着生绒毛, 植株有多毛番茄的特殊气味, 花序较长, 开花后柱头外露, 可育, 但田间自然坐果能力极低, 人工授粉后可以提高坐果率。5 月对 F_1 代进行辅助授粉自交, 自交得到 F_2 代, 单株采果留种。远缘杂种一代的果实和野生种的相似, 果皮着生较多绒毛, 果实较小, 果面有褐色条纹, 但果实成熟后为黄绿色, 单果 10 g 左右, 果实内有成熟的种子。2002 年 8 月将单株的 F_2 代种子约 240 粒播种, 播种基质为经高温湿热灭菌的蛭石与草炭 (2:1), 另加 2% 氮磷复合肥。采用温室营养钵 (口径 7 cm) 单株育苗。将 F_2 单粒传 5 代, 得到 $F_{5:6}$ 的 80 个单株作为作图群体。

1.2 AFLP 分析与图谱构建

取番茄鲜嫩幼叶 90 ~ 100 mg, 采用 Retch 磨样机磨样, DNA 的提取采用改良的 CTAB 法 (Williamson et al., 1994)。

AFLP 的分析参照 Vos 等 (1995) 的方法, 并略做改进。本研究中的预扩增引物采用 (E + A) / (M + C) 组合; 选择性引物采用荧光标记 (IRD-700 或 IRD-800) 的 E + 3 和非荧光标记的 M + 3 引物组合。其中, E + 3 和 M + 3 分别表示 *Eco*R I 和 *Mse* I 引物的共同碱基序列: 5'GACTGCGTACCA ATTC3' 和 5'GATGAGTCCTCACTAA3', 然后在 3' 端分别结合 3 个选择性碱基。选择性扩增反应体系为 10 μ L, 包括 5 μ L 预扩增反应产物 30 倍稀释液、0.5 U Taqase、1 μ L 10 \times PCR buffer、15 mmol \cdot L⁻¹ MgCl₂, 2 mmol \cdot L⁻¹ dNTPs、15 ng *Mse* I 引物和 0.5 μ L IRD 荧光标记引物。选择性扩增产物加等量 10 \times loading buffer, 于 94 $^{\circ}$ C 变性 5 min, 在冰上迅速冷却。运用 LICOR 公司的 NEN Global Edition IR² DNA Analyzer (Model 5200 LI-COR Biosciences, Lincoln, NE) 检测 DNA 多态性。在 6% 变性聚丙烯酰胺凝胶上电泳 2.5 h, 荧光扫描获取 DNA 多态性图片。

分离后代中条带与母本相同的记为 “a”, 与父本相同的记为 “b”, 带型不清或缺失者记为 “n”。运用 JoinMap3.0 软件构建遗传图谱, 先用 “New Project” 命令创建一个新的文件夹, “Load data” 命令导入标记数据, 再用命令 “Individual genot. freq.” 排除缺失数据过多的单株, 用 “Locus genot. freq.” 命令分析标记的偏分离情况, 用 Group 命令进行分组, 最后用 Map 命令构建连锁图谱, 采用 Kosambi 函数计算图距。

2 结果与分析

2.1 引物筛选

采用 $(E+3)/(M+3)$ 引物组合 (其中 $E+3$ 为荧光标记引物) 进行 AFLP 分析。首先利用双亲对 8 个荧光标记引物和 8 个非荧光标记引物组成的 64 对引物组合进行筛选, 共筛选出 22 对多态性较好的引物组合, 多态性标记共有 810 个, 平均每个引物组合产生多态性标记 11.4 个。

2.2 AFLP 标记的分离

运用筛选出的 22 对引物组合对 $F_{5:6}$ 永久群体进行 AFLP 分析。共产生多态性标记 247 个, 其中 125 个标记可以用于构建连锁群, 平均每对引物组合产生多态性标记 6.8 个。

在 80 个单株的 $F_{5:6}$ 永久群体中, 对获得的 247 个 AFLP 标记进行分析, 来自父本野生多毛番茄材料 LA1777 的位点 117 个 (占 47.95%), 来自母本 99165-30 的位点 127 (52.05%) 个, 接近 1:1 的分离比; 在 $P < 0.05$ 的水平下, 对所得的 AFLP 标记进行适合性测验, 有 131 个 AFLP 标记表现的分离比率符合孟德尔分离比例 (显性 3:1, 共显性 1:2:1), 113 个标记表现为偏分离, 偏分离比率为 46.3%。在偏分离的 113 个标记中, 56 个标记位点为母本 99165-30 的特异位点, 57 个位点为父本 LA1777 的特异位点。

2.3 分子连锁图谱的构建

利用 JoinMap3.0 软件对该群体进行连锁分析, 得到一张包含 18 个主要连锁群的遗传连锁图, 125 个 AFLP 标记在 LOD 值 4~7 范围内分布于各个连锁组群 (LGs) 上, 连锁群数与番茄的染色体数 (12) 不相同。该连锁图覆盖基因组总长度为 662 cM, 标记间平均图距 5.3 cM。在 18 个主要连锁群中, 连锁群长度变化在 14.0~58.0 cM 之间, 其中 LG12 最长, LG14 最短 (图 1, 表 1)。各个连锁群表现出不同的特征 (表 1)。

AFLP 分子标记在连锁群上的分布不太均匀, 在 LG2、LG3、LG4、LG5、LG7、LG8、LG11、LG12、LG13、LG15、LG16 和 LG17 上出现了大于 10 cM 的空隙, 但是大于 20 cM 的比较大的间隔只出现了 1 个 (LG13 中)。在连锁图谱上并未发现很多的标记密集区, 只在 LG1 和 LG9 中各出现了 1 个明显的分子标记密集区。不同连锁群间的图距有一定差异, 各连锁群平均图距集中在 1.6 cM (LG1)~8.6 cM (LG3) 之间。平均每个连锁群上的分子标记数为 7.4 个, LG1 上分子标记数最多, 为 21 个, LG5、LG13、LG15、LG16、LG17 分子标记数分布最少, 只有 3 个。18 个连锁群对应的空隙数也不等, 变化范围为 2~20 个。

对偏分离分子标记在连锁群上的分布进行了统计, 每个连锁群或多或少存在偏分离标记, 不过大多数偏分离位点主要分布在少数几个连锁群 (表 1)。在 LG1 连锁群上, 有 5 个偏分离位点; 在 LG3 和 LG8 连锁群上, 4 个标记表现为偏分离; 在 LG4 和 LG9 连锁群上, 分别分布着 2 和 1 个偏分离位点。LG1 和 LG4 连锁群上的大多数偏分离位点主要来自 CC-156, 而 RC-144 特异的偏分离位点主要分布在 LG8 和 LG10。在 247 个 AFLP 标记中, 有 113 个标记未进入连锁群, 未连锁标记比率为 45.75%。在 80 个单株的 $F_{5:6}$ 永久群体中, 统计了 247 个位点的基因型分布, 来自父本野生多毛番茄材料 LA1777 的位点 117 个 (占 47.95%), 127 (52.05%) 个来自母本 99165-30, 接近 1:1 的分离比; 在 $P < 0.05$ 的水平下, 对所得的 AFLP 标记进行适合性测验, 有 131 个 AFLP 标记表现的分离比率符合孟德尔分离比例 (显性 3:1, 共显性 1:2:1), 113 个标记表现为偏分离, 偏分离比率为 46.3%。在偏分离的 113 个标记中, 56 个标记位点为母本 99165-30 的特异位点, 57 个位点为父本 LA1777 的特异位点。AFLP 分子标记在连锁群上的分布不太均匀, 在 LG13、LG16 和 LG17

上出现了大于 10 cM 的空隙, 没有大于 20 cM 的比较大的间隔出现。在连锁图谱上并未发现很多的标记密集区, 只在 LG1 和 LG9 中各出现了 1 个明显的分子标记密集区。

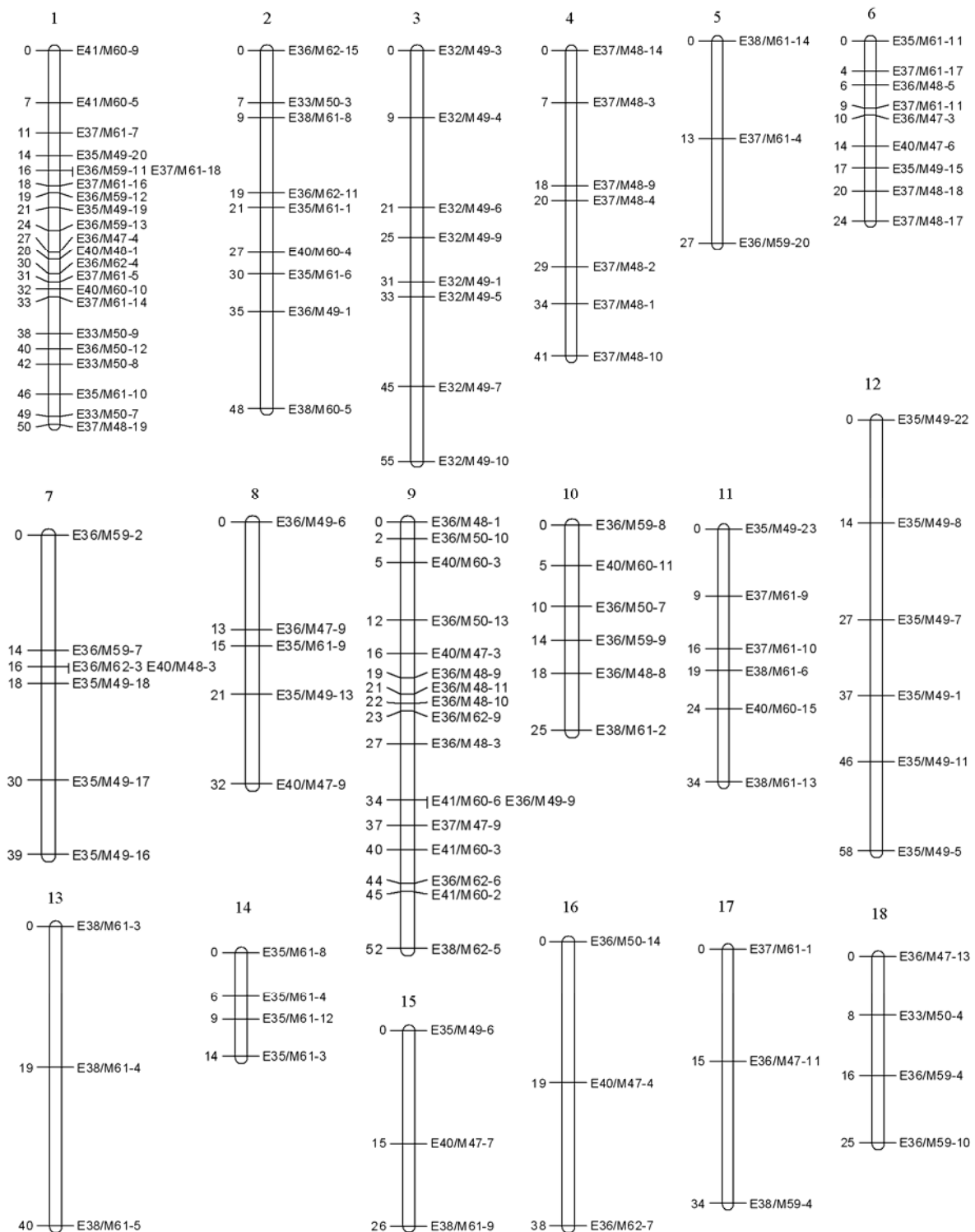


图 1 番茄 AFLP 标记遗传连锁图谱

左侧为绝对图距 (cM), 右侧为以引物组合为标志的分子标记。

Fig. 1 Genetic linkage map of tomato based on AFLP markers

Genetic distances in centiMorgans are indicated on the left side of the linkage groups and locus names are on the right side.

表 1 番茄 18 个 AFLP 标记连锁群的特性
Table 1 The characters of 18 linkage groups constructed by AFLP markers in tomato

连锁群 Linkage group	标记数 Number of markers	平均标记数/ (个·cM ⁻¹) Density	空隙数 Number of intervals	大间距数 Number of gaps ^a	平均距离/cM Average interval	偏分离标记数 Number of distorted	长度/cM Length
LG1	22	0.44	20	0	2.27	5	50
LG2	9	0.19	8	0	5.3	1	48
LG3	8	0.15	7	0	6.875	4	55
LG4	7	0.17	6	0	5.86	2	41
LG5	3	0.11	2	0	9.0	1	27
LG6	9	0.38	8	0	2.67	1	24
LG7	7	0.18	5	0	5.57	2	39
LG8	5	0.16	4	0	6.4	4	32
LG9	17	0.33	15	0	3.06	1	52
LG10	6	0.24	5	0	4.16	1	25
LG11	6	0.18	5	0	5.67	1	34
LG12	6	0.10	5	0	9.67	1	58
LG13	3	0.08	2	1	13.3	2	40
LG14	4	0.29	3	0	3.5	4	14
LG15	3	0.12	2	0	8.67	0	26
LG16	3	0.08	3	0	12.67	0	38
LG17	3	0.09	2	0	11.3	1	34
LG18	4	0.16	3	0	6.25	3	25
总计/平均 Sum/Mean	125	0.19	104	1	5.3	34	662

注：gaps^a代表相邻标记距离大于 20 cM 的间距。
Note: gaps^a: A gap indicates a distance between two adjacent markers of more than 20 cM.

3 讨论

本研究中以番茄 RIL 群体为作图群体，应用 AFLP 分析得到的 247 个标记，构建了一张包括 18 个连锁群的番茄遗传连锁图谱，该图谱覆盖基因组长度 662 cM，平均图距为 5.3 cM。与 Tanksley 等（1992）构建的第一张番茄高密度的 RFLP 分子遗传连锁图谱（包括 1 030 个分子标记，1 276 个图谱单位）、Grandillo 和 Tanksley（1996b）以一个优良加工番茄品系及和其紧密相关的野生种醋栗番茄（*S. pimpinellifolium*）LA1589 构建的连锁图谱（1 279 cM，平均间距为 10.7 cM，包含 115 个 RFLP、5 个 RAPD 和 2 个形态标记）、Haanstra 等（1999）构建的一张 RFLP-AFLP 整合遗传连锁图谱，Suliman 等（2002）用来自潘那利番茄（*S. pennellii*）的永久群体构建的 AFLP、SSR 及 SNP 图谱相差较大，这主要是因为以往所构建的图谱实际上大都是利用 Haldane 函数计算图距，而本研究中采用 Kosambi 函数来计算遗传图谱的图距，Haldane 作图函数的不合理之处在于假定了完全没有交叉干扰，而 Kosambi 作图函数将交叉干扰的因素考虑进去，比 Haldane 作图函数更合理，Kosambi 作图函数算出的图距比 Haldane 作图函数的小（方宣钧 等，2001）。

在本研究中构建的图谱上有分子标记聚集现象，可能是由于本研究中采用的是 *EcoR* I -*Mse* I AFLP 标记，这种标记检测的位点多聚集在着丝粒两侧甲基化程度较高的重复序列区域。在以往的研究中也出现了这种现象，于拴仓等（2003）及王美等（2004）在大白菜、Herman 等（1995）在马铃薯、Powell 等（1996）在大麦、Paul 等（1997）在大豆上均发现了 *EcoR* I -*Mse* I AFLP 标记簇。聚集的原因尚不太清楚，可能与异染色质区重组率低有关，也有观点认为由于 *EcoR* I -*Mse* I

限制性酶切位点在异染色质区分布不均匀, 还有观点认为是由于高度重复序列在着丝粒及端粒附近区域的分布导致 AFLP 标记的聚集 (Powell et al., 1996; Paul et al., 1997; Qi et al., 1998)。可以采用其它的内切酶组合如 *Pst* I -*Mse* I 或利用其它特性互补的分子标记如 SSR 分子标记构建图谱以相互补充。

Tanksley 等 (1992) 构建了第一张番茄遗传图谱, 以后又相继构建了多张遗传图谱, 如 Foolad 和 Jones (1993)、Grandillo 和 Tanksley (1996b)、Alpert 和 Tanksley (1996a)、Haanstra 等 (1999)、Saliba 等 (2000)、Suliman 等 (2002)、Zhang 等 (2002)、Liu 等 (2005)、黄晓梅等 (2010) 分别构建了栽培番茄与野生番茄或多毛番茄的遗传图谱, 上述图谱的构建为 QTL 定位、分子标记辅助选择及图位克隆等提供了有力的工具。

本研究构建的长度 662 cM 的 AFLP 标记遗传图谱, 平均图距 5.3 cM, 长度稍短, 饱和度略低, 但由于本研究中采用的作图群体是重组自交系 (RIL 群体), 重组自交系 (RIL 群体) 一种可以长期使用的永久性分离群体。永久性群体可以连续不断地提供家系内遗传上一致的种子, 使准确考察农艺性状成为可能, 同一群体可以满足不同时间, 地点研究的需要, 适于进行重复试验, 特别适于数量性状研究和抗性分析, 而且, RIL 群体连锁基因间发生重组的机会多, 可以更精确地估计遗传图距, 增加检测 QTL 的准确性。

References

- Alpert K B, Tanksley S D. 1996. High-resolution mapping and isolation of a yeast artificial chromosome contig containing fw2.2: A major fruit weight quantitative trait locus in tomato. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States*, 93: 15503 - 15507.
- Bai Y, van der Hulst R, Huang C C, Wei L, Stam P, Lindhout P. 2004. Mapping OI-4, a gene conferring resistance to *Oidium neolycopersici* and originating from *Lycopersicon peruvianum* LA2172, requires multi-allelic, single-locus markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 109 (6): 1215 - 1223.
- Fang Xuan-jun, Wu Wei-ren, Tang Ji-liang. 2001. Crop DNA marker-assisted breeding. Beijing: Science Press. (in Chinese)
- 方宣钧, 吴为人, 唐纪良. 2001. 作物 DNA 标记辅助育种. 北京: 科学出版社.
- Foolad M R, Jones R A. 1993. Mapping salt-tolerance genes in tomato (*Lycopersicon esculentum*) using trait-based marker analysis. *Theoretical and Applied Genetics*, 87: 184 - 192.
- Frery A, Xu Y, Liu J, Mitchell S, Tedeschi E, Tanksley S. 2005. Development of a set of PCR-based anchor markers encompassing the tomato genome and evaluation of their usefulness for genetics and breeding experiments. *Theoretical and Applied Genetics*, 111 (2): 291 - 312.
- Grandillo S, Tanksley S D. 1996a. QTL analysis of horticultural traits differentiating the cultivated tomato from the closely related species *Lycopersicon pimpinellifolium*. *Theoretical and Applied Genetics*, 92: 935 - 951.
- Grandillo S, Tanksley S D. 1996b. Genetic analysis of RFLP, GATA microsatellites and RAPD in a cross between *L. esculentum* and *L. pimpinellifolium*. *Theoretical and Applied Genetics*, 92: 957 - 965.
- Haanstra J P W, Wye C, Verbakel H, Meijer-Dekens F, Berg van den P, Odinet P, A Heusden van W, Tanksley S, Lindhout P, Peleman J. 1999. An integrated high-density RFLP-AFLP map of tomato based on two *Lycopersicon esculentum* × *L. pennellii* F₂ population. *Theoretical and Applied Genetics*, 99: 254 - 271.
- Herman J van Eck, Jeroen Rouppe van der Voort, Jan Draaiistra, Peter van Zandvoort, Ellen van Enckevort, Bart Segers, Johan Peleman, Evert Jacobsen, Johannes Helder, Jaap Bakker. 1995. The inheritance and chromosomal localization of AFLP markers in a non-inbred potato offspring. *Molecular Breeding*, 1: 397 - 410.
- Huang Xiao-mei, Wang Ao-xue, Xu Xiang-yang, Li Jing-fu, Li Ning. 2010. Construction of genetic linkage map and QTL analysis of *Phytophthora infestans* resistant gene *Ph-2* in tomato. *Acta Horticulturae Sinica*, 37 (7): 1085 - 1092. (in Chinese)
- 黄晓梅, 王傲雪, 许向阳, 李景富, 李 宁. 2010. 番茄遗传图谱构建和抗晚疫病基因 *Ph-2* 的 QTL 分析. *园艺学报*, 37 (7): 1085 - 1092.
- Liu Y, Chen H Y, Wei Y T, Zhuang T M. 2005. Construction of a genetic map and localization of QTLs for yield traits in tomato by SSR markers.

- Progress in Natural Science, 15 (9): 793 – 797.
- Paul Keim, James M Schupp, Steven E Travis, Kathryn Clayton, Tong Zhu, Liang Shi, Arnaldo Ferreira, David M Webb. 1997. A high-density soybean genetic map based on AFLP marker. Crop Science, 37 (2): 537 – 543.
- Powell W, Thomas W T B, Baird E, Lawrence P, Booth A, Harrower B, McNicol J W, Waugh R. 1996. Analysis of quantitative traits in barley by the use of amplified fragment length polymorphisms. Heredity, 79: 48 – 59.
- Qi X, Stam P, Lindout P. 1998. Use of locus-specific AFLP markers to construct a high-density molecular map in barley. Theoretical and Applied Genetics, 96: 376 – 384.
- Saliba Colombani V, Causse M, Gervais L, Philouze J. 2000. Efficiency of RFLP, RAPD and AFLP markers for the construction of an intraspecific map of the tomato genome. Genome, 43 (1): 29 – 40.
- Suliman Saskia Pollatschek, Kashkush Khalil Hadas Shats Joss Hillel, Urilavi. 2002. Generation and mapping of AFLP, SSRs and SNPs in *Lycopersicon esculentum*. Cellular and Molecular Biology Letters, 7: 583 – 597.
- Tanksley S D, Ganal M W, Prince J P, , Vicente de M C, Bonierbale M W, Broun P, Fulton T M, Giovannoni J J, Grandillo S, Martin G B. 1992. High density molecular linkage maps of the tomato and potato genomes. Genetics, 132 (7): 1141 – 1160.
- Tuinstra M R, Grote E, M, Goldsbrough P B, Ejeta G. 1996. Identification of quantitative trait loci associated with pre-flowering drought tolerance in *Sorghum*. Crop Science, 36, 1337 – 1344.
- Vos P, Hogers R, Bleeker M, Reijans M, van de Lee T, Hornes M, Frijters A, Pot J, Peleman J, Kuiper M. 1995. AFLP: A new technique for DNA fingerprinting. Nucleic Acids Res, 23 (21): 4407 – 4414.
- Wang Mei, Zhang Feng-lan, Meng Xiang-dong, Liu Xiu-cun, Zhao Xiu-yun, Fan Zhi-cheng. 2004. A linkage map construction for Chinese cabbage based on AFLP markers using DH population. Agriculturae Boreali Sinica, 19 (1): 28 – 33. (in Chinese)
- 王 美, 张凤兰, 孟祥栋, 刘秀村, 赵岫云, 樊治成. 2004. 中国白菜 AFLP 分子遗传图谱的构建. 华北农学报, 19 (1): 28 – 33.
- Williamson V M, Ho J Y, Wu F F, Miller N, Kaloshian I. 1994. A PCR-based marker tightly linked to the nematode resistance gene, *Mi*, in tomato. Theoretical and Applied Genetics, 87: 757 – 763.
- Yu Dan-nian, Wu Ding-hua, Chen Zhu-jun. 1999. Tomato genetics. Changsha: Hunan Science and Technology Press. (in Chinese)
- 余诞年, 吴定华, 陈竹君. 1999. 番茄遗传学. 长沙: 湖南科学技术出版社.
- Yu Shuan-cang, Wang Yong-jian, Zheng Xiao-ying. 2003. Construction and analysis of a molecular genetic map of Chinese cabbage (*Brassica campestris* L. ssp. *pekinensis*). Scientia Agricultura Sinica, 36 (2): 190 – 195. (in Chinese)
- 于拴仓, 王永健, 郑晓鹰. 2003. 大白菜分子遗传图谱的构建与分析. 中国农业科学, 36 (2): 190 – 195.
- Zabeau M, Vos P. 1993. Selective restriction fragment amplification: A general method for DNA fingerprinting. European Patent, Application No: 0534858.
- Zhang L P, Khan A, Niño-Liu D, Foolad M R. 2002. A molecular linkage map of tomato displaying chromosomal locations of resistance gene analogs based on a *Lycopersicon esculentum* × *Lycopersicon hirsutum* cross. Genome, 45: 133 – 146.

征 订

《新编拉汉英植物名称》

本书收集具有经济价值和学术价值或通俗常见的种子植物、蕨类植物、苔藓植物、藻类植物、真菌、地衣名称 55 800 条。每种植物名称有拉、汉、英, 3 种文字对照, 按拉丁文字母顺序排列。书后附有英文俗名和汉名索引。本书可供农、林、医药、环境保护等学科的管理机构、科研单位、大学中的科技人员以及生物工程、植物检疫、花卉园艺、新闻出版、旅游、外贸等专业的技术人员使用, 也是各类图书馆典藏的重要工具书。

定价: 185 元 (含邮费)。

购书者请通过邮局汇款至北京中关村南大街 12 号中国农科院蔬菜花卉所《园艺学报》编辑部, 邮编 100081。