

辣椒种间 (*Capsicum annuum* × *C. frutescens*) 遗传图谱的构建与分析

周坤华^{1,2}, 陈学军^{1,*}, 方 荣¹, 陈丽珍³, 宗洪霞^{1,4}, 缪南生¹

(¹江西省农业科学院蔬菜花卉研究所, 南昌 330200; ²江西省农业科学院油料作物重点实验室, 南昌 330200;
³江西省农业科学院, 南昌 330200; ⁴江西农业大学农学院, 南昌 330045)

摘 要: 以一年生辣椒 (*Capsicum annuum*) B₉₄₃₁ 为母本 (P₁), 中国野生灌木辣椒 (*C. frutescens*) H108 为父本 (P₂) 进行种间杂交, 得到包含 180 个单株的 F₂ 作图群体, 利用 SRAP、SSR、ISSR 标记和形态标记构建辣椒遗传图谱。该图谱共包含 14 个连锁群, 涉及 264 个 SRAP 标记、32 个 SSR 标记和 2 个 ISSR 标记, 控制软肉落果性状的 *S* 基因定位于 LG8。图谱总长 1 023.45 cM, 标记间平均图距 3.42 cM。每个连锁群的标记数在 2~44 个之间, 连锁群的长度在 13.84~129.93 cM 范围内, 平均图距在 2.38~12.90 cM 之间。以 SSR 标记为锚定标记, 将该图谱与 Minamiyama 等构建的图谱进行了初步对应。

关键词: 辣椒; 种间遗传图谱; SRAP; SSR; ISSR

中图分类号: S 641.3

文献标志码: A

文章编号: 0513-353X (2013) 11-2171-09

Construction and Analysis of an Interspecific Linkage Map of *Capsicum annuum* × *C. frutescens*

ZHOU Kun-hua^{1,2}, CHEN Xue-jun^{1,*}, FANG Rong¹, CHEN Li-zhen³, ZONG Hong-xia^{1,4}, and MIAO Nan-sheng¹

(¹Vegetable and Flower Institute, Jiangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanchang 330200, China; ²The Key Laboratory of Oil Crop, Jiangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanchang 330200, China; ³Jiangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanchang 330200, China; ⁴College of Agriculture, Jiangxi Agricultural University, Nanchang 330045, China)

Abstract: In this study, a population of F₂ generation including 180 individual plants was derived from the interspecific cross between the female line *Capsicum annuum* B₉₄₃₁ and the male line *C. frutescens* H108. The SRAP, SSR, ISSR markers and morphological marker were used in constructing a genetic map. A genetic linkage map containing 14 linkage groups (LGs) was constructed using 264 SRAP, 32 SSR and 2 ISSR. The *S* gene controlling the soft flesh and deciduous fruit was located at LG8. The map covered 1 023.45 cM with an average marker interval of 3.42 cM. Number of markers included in linkage groups varied from 2 to 44, mean marker interval distance from 2.38 cM to 12.90 cM and the length of linkage groups from 13.84 cM to 129.93 cM individually. Furthermore, the links between the map published by Minamiyama et al. and ours were established by the public microsatellites (SSR markers).

收稿日期: 2013-06-24; 修回日期: 2013-09-09

基金项目: 国家自然科学基金项目 (30860173, 31060203)

* 通信作者 Author for correspondence (E-mail: 19889766@163.com)

Key words: pepper; interspecific genetic map; SRAP; SSR; ISSR

辣椒属(*Capsicum* spp.)的5个栽培种(*Capsicum annuum*、*C. chinense*、*C. baccatum*、*C. frutescens*和*C. pubescens*)中,一年生辣椒(*C. annuum*)是栽培最广泛的种,灌木辣椒(*C. frutescens*)则主要分布于美洲、亚洲和非洲的低纬度地区,是辣椒素和抗病基因的重要来源(Moury et al., 2000; Caranta et al., 2002)。利用一年生辣椒和灌木辣椒种质构建辣椒种间分子遗传图谱,对于辣椒种间优异基因的发掘和辣椒重要性状的分子标记辅助选择具有重要意义。自 Tanksley 等(1988)构建世界上第一张辣椒分子遗传图谱以来,国际上目前已有许多张辣椒遗传图谱问世。根据作图群体亲本之间的亲缘关系,可以将图谱分为种内图谱(Lefebvre et al., 1995; Ben-chaim et al., 2001; Minamiyama et al., 2006; Barchi et al., 2007)、种间图谱(Livingstone et al., 1999; Kang et al., 2001; Rao et al., 2003; Yi et al., 2006)以及整合图谱(Paran et al., 2004; Lee et al., 2009)等几类,使用的分子标记主要有 RFLP、AFLP、RAPD 和 SSR 等,图谱覆盖辣椒基因组长度多在 1 110 ~ 1 800 cM 之间。中国相关研究起步较晚,张宝玺等(2003)建立了1个辣椒框架图谱,共8个连锁群,43个 AFLP 标记;安静等(2007)用54个 AFLP 标记、15个 RAPD 标记和1个 SSR 标记构建了一张长度为 429.02 cM 的遗传图谱;刘军等(2011)用26个 SSR 标记、78个 SRAP 标记构建了一张长度为 762.2 cM 的连锁图谱,这几张图谱均为种内图谱,且标记密度较低,限制了其应用。SRAP 标记是 Li 和 Quiros (2001)发展的一种针对外显子区域进行扩增的新型标记,具有操作简单、稳定性好、多态性高等优点,已应用于多种作物图谱的构建(Lin et al., 2003; 潘俊松 等, 2005; Sun et al., 2007)。SSR 标记位点单一,稳定性高,在植物基因组内广泛分布,是一种很好的锚定标记,有助于图谱连锁群和染色体的归并,因而在图谱的构建、整合和比较等研究中广泛采用(陈庆山 等, 2005; Minamiyama et al., 2006; Varshney et al., 2007)。

本研究中以 *C. annuum* B₉₄₃₁ 和 *C. frutescens* H108 为亲本,构建种间 F₂ 群体,联合应用 SRAP、SSR 和 ISSR 标记进行遗传分析,构建辣椒种间分子连锁遗传图谱,旨在为中国野生灌木辣椒有益基因发掘和辣椒重要数量性状 QTL 定位奠定基础。

1 材料与方法

1.1 作图群体构建

以1年生辣椒(*C. annuum*)B₉₄₃₁(陈学军 等,1999)为母本(P₁),中国野生灌木辣椒(*C. frutescens*)H108(陈学军 等,2011)为父本(P₂),通过人工授粉得到杂交一代(F₁),F₁套袋自交,获得包含180个单株的种间F₂作图群体。B₉₄₃₁为特早熟自交系,具有在第1~2节开花坐果的特性,H108为海南野生灌木辣椒经多代单株自交而获得的纯系。上述材料均由江西省农业科学院蔬菜花卉研究所提供。

1.2 基因组 DNA 提取与检测

取双亲、F₁及F₂单株苗期鲜嫩幼叶,提取基因组DNA,提取方法采用改良CTAB法(Murry & Thompon, 1980)。用1%的琼脂糖凝胶电泳检测DNA质量,紫外分光光度计检测其浓度,并稀释至20 ng·μL⁻¹, -20℃保存备用。

1.3 SRAP 分析

根据 Li 和 Quiros (2001)设计 SRAP 引物的原则,设计了26条锚定外显子区域的引物和29条

锚定非翻译区的引物, 总共得到 754 对引物组合。PCR 反应体系和反应程序参照周坤华等 (2010) 方法。PCR 产物检测采用 6% 变性聚丙烯酰胺凝胶电泳, 电泳缓冲液为 1× TBE, 70 W 恒功率电泳 1.5 h。参照许绍斌等 (2002) 方法进行快速银染法染色显影, 在荧光灯上观察分析条带。

1.4 SSR 分析

SSR 引物组合序列信息主要来自 Yi 等 (2006) 和 Minamiyama 等 (2006) 的报道, 引物序列由 Sangon 公司合成。PCR 反应体系和反应程序参照 Minamiyama 等 (2006) 方法并加以改进成 10 μL 扩增体系: 1× PCR buffer 溶液、0.5 U *Taq* DNA 聚合酶、0.8 mmol · L⁻¹ Mg²⁺、0.2 mmol · L⁻¹ dNTPs、0.4 μmol · L⁻¹ 引物、20 ng 模板 DNA。反应程序为: 94 °C 预变性 3 min; 94 °C 变性 60 s, 65 °C 退火 30 s (每个循环降低退火温度 1 °C), 72 °C 延伸 45 s, 进行 10 个循环; 94 °C 变性 60 s, 55 °C 退火 30 s, 72 °C 延伸 45 s, 进行 30 个循环; 最后 72 °C 延伸 8 min。PCR 产物检测与 SRAP 标记相同。

1.5 ISSR 分析

ISSR 反应体系 20 μL, 其中含 1× PCR buffer 溶液、1.0 U *Taq* DNA 聚合酶、1.0 mmol · L⁻¹ Mg²⁺、0.2 mmol · L⁻¹ dNTPs、0.4 μmol · L⁻¹ 引物、20 ng 模板 DNA。PCR 扩增程序为: 94 °C 预变性 5 min; 94 °C 变性 60 s, 55 °C 复性 90 s, 72 °C 延伸 120 s, 35 个循环; 72 °C 延伸 10 min。PCR 产物在 1.5% 琼脂糖凝胶上电泳分离 2.0 h, 电压为 10 V · cm⁻¹, 0.5 μg · L⁻¹ 的溴化乙锭染色, 300 nm 透射紫外灯检测扩增结果, 利用 WD-9413C 凝胶分析仪进行凝胶分析。

1.6 软肉落果性状的分析

野生灌木辣椒存在的软肉落果性状是由 *S* 基因控制的完全显性性状 (Rao & Paran, 2003)。2011 年春季将种间 F₂ 群体 180 个单株定植于塑料大棚, 定植行株距 60 cm × 35 cm, 栽培管理与常规相同。在果实红熟期调查每个单株果实软肉落果性状的有无, 即辣椒红熟果是否存在果实与果柄自然分离脱落和果肉自溶现象, 并统计分析其分离比例。

1.7 数据统计

分子标记的记载方法参照 JoinMap 4.0 说明书 (van Ooijen, 2006)。共显性标记: 母本带型记为 “A”, 父本带型记为 “B”, 杂合带型记为 “H”。显性标记记载有两种情况: 若母本等位基因为显性, 则父本带型记为 “B”, 杂种带型记为 “D”; 若父本等位基因为显性, 则母本带型记为 “A”, 杂种带型记为 “C”。无论在显性标记还是共显性标记中, 由于某些原因造成的带型不清或数据缺失均用 “-” 表示。标记位点直接以所用的引物编号命名, 若一对引物同时检测到多个位点, 则在后面加小写字母 “a, b, c” 等以示区别。软肉落果形态标记的分析参照显性分子标记的方法进行。

1.8 遗传图谱构建

用 JoinMap 4.0 软件对位点分离类型进行判别, 删除严重偏离分离的位点。在 Grouping 选项中以 *LOD* 值为参数进行分群, 设定 *LOD* 的起始值为 2.0, 终止值为 10.0, 步进值为 1.0, 均为 JoinMap 4.0 软件包的默认状态, 并用 Create Groups Using the Groupings Tree 命令获得用于作图的组群。在 Calculation Options 下的 Group 命令中选中 Regression Mapping, 在 Regression Mapping Function 命令中选中 Kosambi 为作图函数, 用 Calculate Map 命令构建每个群的连锁图谱, 在默认值下分析后通过调整临界值将更多的标记加到图谱中去, 其中参数设置最低 *LOD* 值为 1.00, 最高重组率为 0.400。用 MapDraw V2.1 (刘仁虎和孟金陵, 2003) 绘制遗传连锁图谱。

2 结果与分析

2.1 标记分析

SRAP 分析：利用双亲基因组 DNA 筛选了 754 对 SRAP 引物组合，得到 94 对多态性好的引物组合。用筛选出的 94 对引物组合对 F₂ 群体的 180 个单株基因组 DNA 进行 PCR 扩增，聚丙烯酰胺凝胶检测。每对引物组合可产生 30 ~ 52 条清晰条带，大小在 20 ~ 2 500 bp 之间，条带总数 3 720 条，多态性标记为 296 个，平均每对引物产生 3.14 个多态性标记。多态性标记 68.3%来自父本 H108，31.7%来自母本 B₉₄₃₁。这些标记绝大部分为显性标记，经卡平方 (χ^2) 测验 ($P=0.001$)，有 205 个标记偏离了孟德尔分离比例，占标记总数的 69.26% (表 1)。

SSR 分析：利用双亲基因组 DNA 筛选了 60 对 SSR 引物，其中 30 对引物多态性较好。用筛选出的 30 对引物组合在 F₂ 群体的 180 个单株基因组 DNA 进行 PCR 扩增，聚丙烯酰胺凝胶检测，能重复检出 F₂ 群体有多态性且带型清晰的引物 24 对。由于大部分标记在后代中没有同时出现 AA、Aa 和 aa 带型，因此为了统计方便，对于只表现为 Aa 和 aa 基因型的共显性标记按照显性标记进行统计，这些引物共产生 36 个显性标记。经卡平方 (χ^2) 测验 ($P=0.001$)，在 36 个标记中，偏离孟德尔分离比例的标记有 27 个，占 75.00 % (表 1)。

ISSR 分析：在双亲间共筛选了 15 对 ISSR 引物，其中 5 对可检测到较好的多态性，在 F₂ 群体中能重复检出多态性且带型清晰的引物有 3 对。经卡平方 (χ^2) 测验 ($P=0.001$)，在 3 个标记中，偏离孟德尔分离规律的标记有 1 个，占 33.33% (表 1)。

形态标记 (S)：灌木辣椒软肉落果性状是由 S 基因控制的完全显性性状。在本研究中，F₂ 群体 180 个单株有 143 株能正常坐果，其中，102 株具软肉落果性状，41 株无此性状，经卡平方 (χ^2) 测验 ($P=0.001$)，其比例符合 3 : 1 孟德尔分离规律。

表 1 不同类型标记筛选和作图情况
Table 1 The number of different type of markers used in this study

| 标记类型 Type of markers | 筛选引物数 Number of screened primer of pairs | 多态性好的引物数 Number of better polymorphism pairs | 标记总数 Total number of markers | 偏分离标记数 Number of skewed markers | 偏分离比例/% Percent of skewed markers |
|------------------------------|--|--|------------------------------------|---------------------------------------|---|
| SRAP | 754 | 94 | 296 | 205 | 69.26 |
| SSR | 60 | 24 | 36 | 27 | 75.00 |
| ISSR | 15 | 3 | 3 | 1 | 33.33 |
| 形态标记 Morphological marker | - | - | 1 | 0 | 0 |
| 合计 Total | 829 | 121 | 336 | 233 | 69.34 |

2.2 遗传图谱构建

用 Joinmap 4.0 分析计算上述 336 个标记的连锁关系，将 299 个标记，包括 264 个 SRAP 标记、32 个 SSR 标记、2 个 ISSR 标记及 1 个形态标记定位于 14 条连锁群上。图谱全长 1 023.45 cM，标记间距 0.01 ~ 31.26 cM，平均 3.42 cM。最长连锁群是 LG1，长 129.93 cM，最短连锁群是 LG13，只有 13.84 cM。标记平均间距最小的是 LG3，为 2.50 cM。标记最多的是 LG2，包含了 44 个标记。标记最少的是 LG13 和 LG14，标记数分别只有 2 个 (图 1，表 2)。有 32 个 SRAP 标记、4 个 SSR 标记和 1 个 ISSR 标记未能进入连锁图谱，占总标记数的 11.01%。

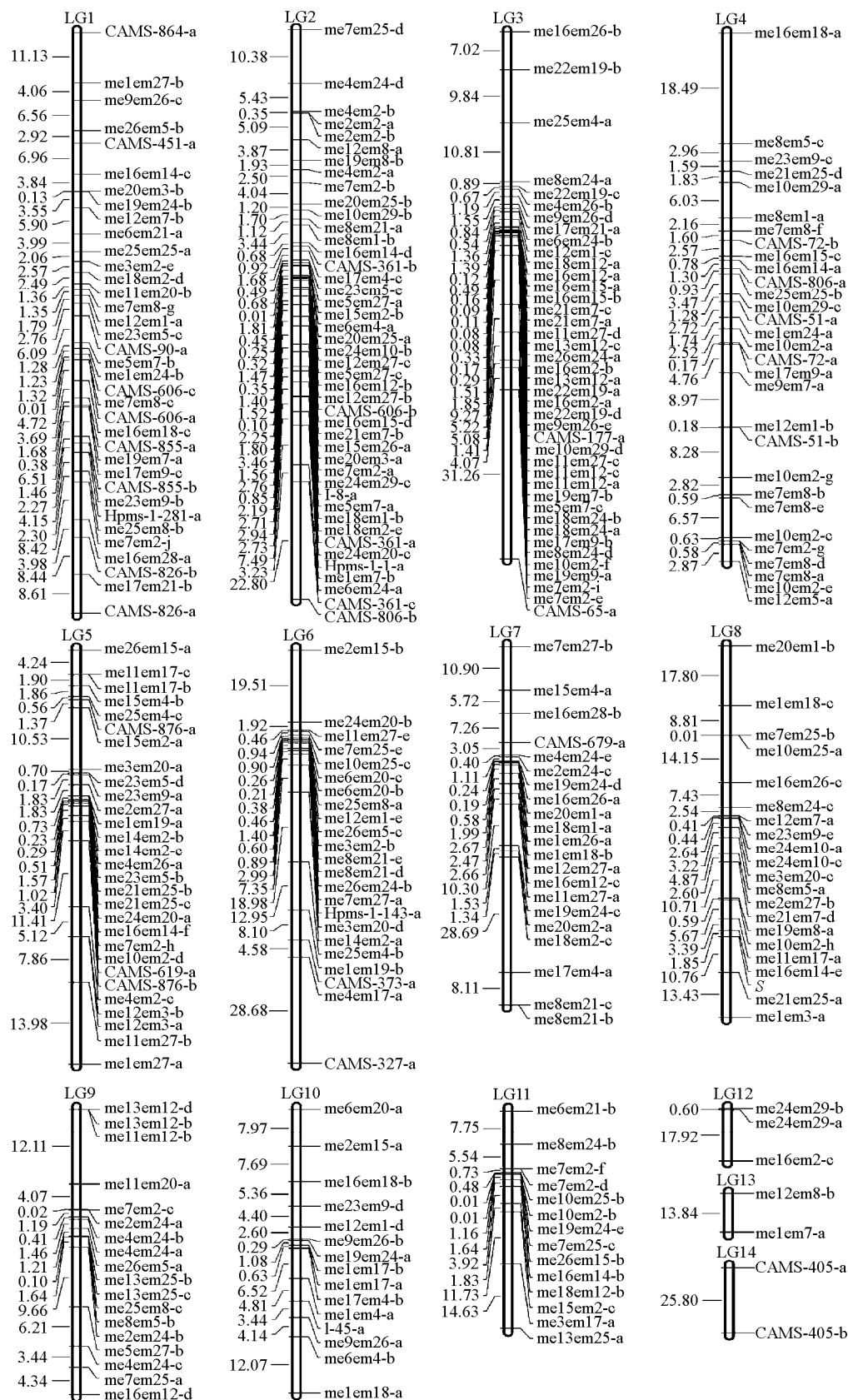


图 1 利用 SRAP、SSR 和 ISSR 标记构建的辣椒种间遗传图谱

Fig. 1 The genetic map of *Capsicum annuum* × *C. frutescens* constructed by SRAP, SSR and ISSR markers

表 2 图谱中各连锁群的图距及标记分布
Table 2 The genetic distance of LGs and distribution of markers on the map

| 连锁群 Linkage group | 标记数 Number of markers | | | | 总数 Total | 连锁群长度/cM Length of linkage group | 标记平均距离/cM Average distance |
|--------------------------|-----------------------|-----|------|------------------------------|-------------|--|-------------------------------|
| | SRAP | SSR | ISSR | 形态标记 Morphological marker | | | |
| LG1 | 26 | 10 | 0 | 0 | 36 | 129.93 | 3.61 |
| LG2 | 37 | 6 | 1 | 0 | 44 | 109.94 | 2.50 |
| LG3 | 39 | 2 | 0 | 0 | 41 | 97.67 | 2.38 |
| LG4 | 25 | 5 | 0 | 0 | 30 | 88.37 | 2.95 |
| LG5 | 26 | 3 | 0 | 0 | 29 | 71.09 | 2.45 |
| LG6 | 20 | 3 | 0 | 0 | 23 | 111.53 | 4.85 |
| LG7 | 20 | 1 | 0 | 0 | 21 | 89.19 | 4.25 |
| LG8 | 20 | 0 | 0 | 1 | 21 | 111.33 | 5.30 |
| LG9 | 18 | 0 | 0 | 0 | 18 | 45.84 | 2.55 |
| LG10 | 14 | 0 | 1 | 0 | 15 | 60.99 | 4.07 |
| LG11 | 14 | 0 | 0 | 0 | 14 | 49.42 | 3.53 |
| LG12 | 3 | 0 | 0 | 0 | 3 | 18.51 | 6.17 |
| LG13 | 2 | 0 | 0 | 0 | 2 | 13.84 | 6.92 |
| LG14 | 0 | 2 | 0 | 0 | 2 | 25.80 | 12.90 |
| 标记数 Number of markers | 264 | 32 | 2 | 1 | 299 | 1023.45 | 3.42 |

2.3 标记在图谱上的分布

经 Excel 中相关系数公式计算, 本研究中所得到的标记数和图谱长度的相关系数为 0.995, 达到极显著水平, 表明这些标记在图谱上是随机分布的。32 个 SSR 标记分布于 8 个连锁群上, ISSR 标记分布于 LG2 和 LG10 上, 控制软肉落果性状的 *S* 基因定位于 LG8 上, 与 me16em14-e、me21em25-a 两个标记连锁, 遗传距离分别为 1.85 cM 和 10.76 cM (图 1)。

在本图谱 299 个标记中, 有 217 个标记表现偏分离, 其中, 偏向父本 H108 的占 83.87%, 偏向母本 B₉₄₃₁ 的占 16.13%。每个连锁群均有偏分离位点, 其中 LG3、LG2 和 LG1 偏分离标记较多, 分别为 38、33 和 25 个。

3 讨论

据预测, 辣椒基因组遗传图距约为 1 498 ~ 2 268 cM (Tanksley et al., 1988)。本研究中以 *C. annuum* × *C. frutescens* 种间 F₂ 分离群体为材料, 联合应用 SRAP、SSR、ISSR 和形态标记, 构建了总长 1 023.45 cM, 平均标记间距为 3.42 cM 的辣椒种间连锁遗传图谱, 与 Minamiyama 等 (2006) 构建的辣椒种内图谱长度 (1 042 cM) 相当。目前国际上已发表的几张辣椒种间图谱, 其长度在 1 110 ~ 1 320 cM (Livingstone et al., 1999; Kang et al., 2001; Rao et al., 2003; Yi et al., 2006)。Rao 等 (2003) 应用 RFLP 和种间 (*C. annuum* × *C. frutescens*) BC₂ 群体, 构建的图谱长 1 110 cM, 标记间距 12.07 cM; Livingstone 等 (1999) 利用 RFLP、RAPD 和 AFLP 标记构建的种间 (*C. annuum* × *C. chinense*) 图谱覆盖辣椒基因组长度 1 245.7 cM, 框架图标记间距为 9.0 cM; Kang 等 (2001) 应用 RFLP 和 AFLP 构建的种间 (*C. annuum* × *C. chinense*) 图谱长 1 320 cM, 标记间距 12.06 cM。国内发表的辣椒遗传图谱长度在 429 ~ 830 cM 之间, 标记平均间距 6.13 ~ 10.92 cM (张宝玺 等, 2003; 安静 等, 2007)。可见, 本图谱是密度较高的辣椒种间遗传图谱, 将在辣椒重要农艺性状的 QTL 定位和辣椒种间优异基因的发掘等方面发挥重要作用。

本图谱中定位的 32 个 SSR 标记中, 有 29 个标记产生于 Minamiyama 等 (2006) 文献中 18 对

SSR 引物, 通过与 Minamiyama 图谱的比较, 发现相同标记大部分具有共线性, 如本图谱 LG1 上的 SSR 标记 CAMS-864-a/CAMS-606-a/CAMS-606-c、CAMS-90-a/CAMS-855-a/CAMS-826-a, 分别位于 Minamiyama 图谱的 LG7 和 LG8 上; 本图谱 LG3 上的 2 个 SSR 标记 CAMS-177-a/CAMS-65-a 和 LG5 上的 3 个 SSR 标记 CAMS-619-a/CAMS-876-a/CAMS-876-b 分别位于 Minamiyama 图谱的 LG2 和 LG9 上; 本图谱 LG4 上的 5 个 SSR 标记 CAMS-72-b/CAMS-806-a/CAMS-51-a/CAMS-72-a/CAMS-51-b 位于 Minamiyama 图谱的 LG5 上, 且方向一致。但也有部分标记排序顺序不一致, 如本图谱 LG1 上的 SSR 标记 CAMS-90-a/CAMS-855-a/CAMS-826-a, 在 Minamiyama 图谱 LG8 上的排列顺序为: CAMS-826/CAMS-90/CAMS-855, 其可能原因一是相同 SSR 引物组合在本研究中多态性更高, 能产生更多的多态性片段, 二是野生 *C. frutescens* 可能与 *C. annuum* 存在染色体倒位的现象。Livingstone 等 (1999) 在构建种间 *C. annuum* × *C. chinense* 图谱时, 就发现 *C. annuum* 与 *C. chinense* 染色体存在易位现象。

本研究中利用一年生辣椒 *C. annuum* B₉₄₃₁ 和中国野生灌木辣椒 *C. frutescens* H108 为亲本, 构建种间分子遗传图谱, 偏分离标记比例较高, 达 69.34%。已有研究表明, 种间群体、DH 群体和重组自交群体偏分离比例均较高。例如, Livingstone 等 (1999) 构建的辣椒种间图谱 (*C. annuum* × *C. chinense*) 标记偏分离比例为 50.7%; 张立阳等 (2005) 构建的 DH 永久分子图谱, 偏分离标记频率为 45.0%; 郭得平和卢钢 (2004) 利用 AFLP 分子标记构建杂种葱的遗传图谱时, 偏分离标记达 41.5%。偏分离标记在植物遗传作图中是普遍存在的。Bradshaw 等 (1994) 研究发现偏分离标记具有与正常分离标记相当的作图效率。偏分离现象产生的原因很多。Beaumont 等 (1995) 认为偏分离的发生可能反映出两亲本间的差异。本研究构建 F₂ 作图群体使用的父本材料是中国野生灌木辣椒种质资源, 与一年生辣椒种质差异较大, 杂交时存在部分不亲和现象, 这可能是本研究偏分离比例较高的原因之一。此外, 遗传搭车效应 (Xu et al., 1997)、配子体或孢子体不同发育阶段基因型的选择等都是导致出现严重偏分离现象的重要原因 (Haanstra et al., 1999)。

References

- An Jing, Hu Yong-sheng, Zhang Bao-xi. 2007. Genetic linkage map construction and QTL analysis for *Phytophthora capsici* L. in pepper. China Vegetables, (10): 9 - 12. (in Chinese)
- 安 静, 胡勇胜, 张宝玺. 2007. 辣椒分子连锁遗传图谱的构建及抗疫病 QTL 定位. 中国蔬菜, (10): 9 - 12.
- Barchi L, Bonnet J, Boudet C, Signoret P, Nagy I, Lanteri S, Palloix A, Lefebvre V. 2007. A high-resolution, intraspecific linkage map of pepper (*Capsicum annuum* L.) and selection of reduced recombinant inbred line subsets for fast mapping. Genome, 50: 51 - 60.
- Beaumont V H, Rocheford T R, Widholm J M. 1995. Mapping the anther culture response gene in maize (*Zea mays* L.). Genome, 38 (5): 968 - 975.
- Ben-Chaim A, Paran I, Grube R C, Jahn M, Wijk R, Peleman J. 2001. QTL mapping of fruit-related traits in pepper (*Capsicum annuum*). Theoretical and Applied Genetics, 102: 1016 - 1028.
- Bradshaw H D, Villar M, Watson B D, Otto K G, Stewart S, Stettler R F. 1994. Molecular genetics of growth and development in *Populus*. III. A genetic linkage map of a hybrid poplar composed of RFLP, STS, and RAPD markers. Theoretical and Applied Genetics, 89: 167 - 178.
- Caranta C, Pflieger S, Lefebvre V, Daubeze A M, Thabuis A, Palloix A. 2002. QTLs involved in the restriction of cucumber mosaic virus (CMV) long-distance movement in pepper. Theoretical and Applied Genetics, 104: 586 - 591.
- Chen Qing-shan, Zhang Zhong-chen, Liu Chun-yan, Wang Wei-quan, Li Wen-bin. 2005. Construction and analysis of soybean genetic map using recombinant inbred line of Charleston × Dongnong 594. Scientia Agricultura Sinica, 38 (7): 1312 - 1316. (in Chinese)
- 陈庆山, 张忠臣, 刘春燕, 王伟权, 李文滨. 2005. 应用 Charleston × 东农 594 重组自交系群体构建 SSR 大豆遗传图谱. 中国农业科学, 38 (7): 1312 - 1316.
- Chen Xue-jun, Fang Rong, Wan Xin-jian. 1999. An extreme earliness inbred line 'B₉₄₃₁'. China Vegetables, (1): 37. (in Chinese)
- 陈学军, 方 荣, 万新建. 1999. 辣椒特早熟品系 B₉₄₃₁ 选育初报. 中国蔬菜, (1): 37.

- Chen Xue-jun, Fang Rong, Zhou Kun-hua, Miao Nan-sheng. 2011. Phenotypic identification and SRAP analysis of interspecific hybrids between *Capsicum annuum* and wild *C. frutescens*. *Boreali Occidentalia Sincia*, 31 (2): 286 – 290. (in Chinese)
- 陈学军, 方 荣, 周坤华, 缪南生. 2011. 辣椒种间杂种的表型鉴定及 SRAP 分析. *西北植物学报*, 31 (2): 286 – 290.
- Guo De-ping, Lu Gang. 2004. Construction of a genetic linkage map of a hybrid *Allium* using AFLP markers. *Scientia Agricultura Sinica*, 37 (4): 584 – 587. (in Chinese)
- 郭得平, 卢 钢. 2004. 利用 AFLP 分子标记构建杂种葱的遗传图谱. *中国农业科学*, 37 (4): 584 – 587.
- Haanstra J P W, Verbakel H, Meijer-Dekens F, van den Berg P, Odinet P, van-Heusden A W, Tanksley S, Lindhout P, Peleman J, Wye C. 1999. An integrated high-density RFLP-AFLP map of tomato based on two *Lycopersicon esculentum* × *L. pennellii* F₂ populations. *Theoretical and Applied Genetics*, 99: 254 – 271.
- Kang B C, Nahm S H, Huh J H, Yoo H S, Yu J W, Lee M H, Kim B D. 2001. An interspecific (*Capsicum annuum* × *C. chinense*) F₂ linkage map in pepper using RFLP and AFLP markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 102: 531 – 539.
- Lee H R, Bae I H, Park S W, Kim H J, Min W K, Han J H, Kim K T, Kim B D. 2009. Construction of an integrated pepper map using RFLP, SSR, CAPS, AFLP, WRKY, rRAMP, and BAC end sequences. *Molecules and Cells*, 27 (1): 21 – 37.
- Lefebvre V, Palloix A, Caranta C, Pochard E. 1995. Construction of an intra-specific integrated linkage map of pepper using molecular markers and doubled-haploid progenies. *Genome*, 38, 112 – 121.
- Li G, Quiros C F. 2001. Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction: Its application to mapping and gene tagging in *Brassica*. *Theoretical and Applied Genetics*, 103: 455 – 461.
- Lin Z X, Zhang X L, Nie Y C. 2003. Construction of a genetic linkage map for cotton based on SRAP. *Chinese Science Bulletin*, 98 (19): 2063 – 2067.
- Liu Jun, Zhang Wei, Shen Huo-lin. 2011. Construction of pepper genetic map and QTL analysis of fruit firmness. *China Vegetables*, (8): 17 – 21. (in Chinese)
- 刘 军, 张 维, 沈火林. 2011. 辣椒遗传连锁图谱的构建及果实硬度的 QTL 分析. *中国蔬菜*, (8): 17 – 21.
- Liu Ren-hu, Meng Jin-ling. 2003. MapDraw: A microsoft excel macro for drawing genetic linkage maps based on given genetic linkage data. *Hereditas*, 25 (3): 317 – 321. (in Chinese)
- 刘仁虎, 孟金陵. 2003. MapDraw, 在 Excel 中绘制遗传连锁图的宏. *遗传*, 25 (3): 317 – 321.
- Livingstone K D, Lackney V K, Blauth J R, van Wijk R, Jahn M K. 1999. Genome mapping in *Capsicum* and the evolution of genome structure in the Solanaceae. *Genetics*, 152 (3): 1183 – 1202.
- Minamiyama Y, Tsuru M, Hirai M. 2006. An SSR-based linkage map of *Capsicum annuum*. *Molecular Breeding*, 18: 157 – 169.
- Moury B, Pflieger S, Blattes A, Lefebvre V, Palloix A. 2000. A CAPS marker to assist selection of Tomato spotted wilt virus (TSWV) resistance in pepper. *Genome*, 43 (1): 137 – 142.
- Murry H G, Thompon W F. 1980. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucleic Acid Res*, 8 (19): 4321 – 4325.
- Pan Jun-song, Wang Gang, Li Xiao-zun. 2005. Construction of a genetic linkage map and QTL analysis of the first flower node trait in cucumber. *Progress in Natural Science*, 2 (15): 167 – 172. (in Chinese)
- 潘俊松, 王 刚, 李效尊. 2005. 黄瓜 SRAP 遗传连锁图的构建及始花节位的基因定位. *自然科学进展*, 2 (15): 167 – 172.
- Paran I, van der Voort J R, Lefebvre V, Jahn M, Landry L, van Schriek M, Tanyolac B, Caranta C, Ben-Chaim A, Livingstone K. 2004. An integrated genetic linkage map of pepper (*Capsicum* spp.). *Molecular Breeding*, 13 (3): 251 – 261.
- Rao G U, Ben-Chaim A, Borovsky Y, Paran I. 2003. Mapping of yield-related QTLs in pepper in an interspecific cross of *Capsicum annuum* and *C. frutescens*. *Theoretical and Applied Genetics*, 106 (8): 1457 – 1466.
- Rao G U, Paran I. 2003. Polygalacturonase: A candidate gene for the soft flesh and deciduous fruit mutation in *Capsicum*. *Plant Molecular Biology*, 51 (1): 135 – 141.
- Sun Z, Wang Z, Tu J, Zhang J, Yu F, McVetty P B E, Li G. 2007. An ultradense genetic recombination map for *Brassica napus*, consisting of 13 551 SRAP markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 114: 1305 – 1317.
- Tanksley S D, Bernatzky R, Lapitan N L, Prince P. 1988. Conservation of gene repertoirre but not gene order in pepper and tomato. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 85: 6419 – 6423.

- van Ooijen J W. 2006. JoinMap[®]4.0: Software for the calculation of genetic linkage maps in experimental populations. Kyazma B V, Wageningen, Netherlands: 1 - 59.
- Varshney R K, Marcel T C, Ramsay L, Russell J, Roder M S, Stein N, Waugh R, Langridge P, Niks R E, Graner A. 2007. A high density barley microsatellite consensus map with 775 SSR loci. Theoretical and Applied Genetics, 114 (6): 1091 - 1103.
- Xu Shao-bin, Tao Yu-fen, Yang Zhao-qing. 2002. A simple and rapid methods used for silver staining and gel preservation. Hereditas, 24 (3): 335 - 336. (in Chinese)
- 许绍斌, 陶玉芬, 杨昭庆. 2002. 简单快速的 DNA 银染和胶保存方法. 遗传, 24 (3): 335 - 336.
- Xu S J, Singh R J, Hymowitz T. 1997. Establishment of a cytogenetic map soybean: Progress and prospective. Soybean Genet Newsle, 24: 121 - 122.
- Yi G, Lee J M, Lee S, Choi D, Kim B D. 2006. Exploitation of pepper EST-SSRs and an SSR-based linkage map. Theoretical and Applied Genetics, 114 (1): 113 - 130.
- Zhang Bao-xi, Wang Li-hao, Huang San-wen, Guo Jia-zhen, Yang Gui-mei, Du Mei-zhen. 2003. Construction of a molecular linkage map and QTL analysis of fertility restorer of *Capsicum annuum* L. Scientia Agricultura Sinica, 36 (7): 818 - 822. (in Chinese)
- 张宝玺, 王立浩, 黄三文, 郭家珍, 杨桂梅, 堵玫珍. 2003. 辣椒分子遗传图谱的构建和胞质雄性不育恢复性的 QTL 分析. 中国农业科学, 36 (7): 818 - 822.
- Zhang Li-yang, Zhang Feng-lan, Wang Mei, Liu Xiu-cun, Zhao Xiu-yun, Xue Lin-bao. 2005. A linkage map construction for chinese cabbage based on AFLP, SSR, RAPD and isozyme markers using DH population. Acta Horticulturae Sinica, 32 (2): 249 - 255. (in Chinese)
- 张立阳, 张凤兰, 王 美, 刘秀村, 赵岫云, 薛林宝. 2005. 大白菜永久高密度分子遗传图谱的构建. 园艺学报, 32 (2): 249 - 255.
- Zhou Kun-hua, Fang Rong, Chen Xue-jun. 2010. Optimization of SRAP-PCR system in pepper using orthogonal design and selection of primers. Journal of Jiangxi Agricultural University, 32 (3): 595 - 600. (in Chinese)
- 周坤华, 方 荣, 陈学军. 2010. 正交设计优化辣椒 SRAP-PCR 反应体系及引物筛选. 江西农业大学学报, 32 (3): 595 - 600.

信 息

2013 年度华耐园艺科技奖在中国园艺学会第十二次 会员代表大会暨学术年会上隆重颁发

2013 年 10 月 21 日, 2013 年度华耐园艺科技奖在中国园艺学会第十二次会员代表大会暨学术年会上隆重颁发。中国园艺学会理事长、中国工程院方智远院士和北京华耐农业发展有限公司总经理贾俊为获奖者颁发了奖励证书和奖杯。

根据华耐园艺科技奖管理办法的有关规定, 经过认真评选, 河北农业大学枣产业科技创新研究团队(刘孟军等)、南京农业大学梨生殖生理与分子生物学研究团队(张绍铃等)、中国农业大学果树发育生物学及种质创新团队(韩振海等)、湖南省蔬菜所辣椒育种室研究团队(邹学校等)、华中农业大学番茄种质鉴定与遗传改良研究团队(叶志彪等)、武汉市蔬菜科学研究所水生蔬菜资源与育种创新团队(柯卫东等)、西北农林科技大学西甜瓜资源创新与遗传改良团队(张显等)、中国农业大学切花采后逆境生理与技术研发团队(高俊平等)等 8 个研究团队(名次不分先后)为 2013 年度获奖者。

华耐园艺科技奖是经科技部国家科学技术奖励工作办公室批准, 中国园艺学会和北京华耐农业发展有限公司联合设立的社会力量科技奖励项目, 奖励近 5 年来在国内园艺科技领域做出突出贡献的研究团队和个人。该奖每年评选一次, 每次获奖名额不超过 8 个, 每个奖金 5 万元人民币。

中国园艺学会

2013 年 10 月