

黄瓜抗黑星病不同基因源的遗传分析

李全辉, 沈 镝, 李锡香, 王海平, 邱 杨, 宋江萍

(中国农业科学院蔬菜花卉研究所, 北京 100081)

摘要: 基于苗期人工接种鉴定结果, 获得 2 份抗黑星病黄瓜材料 (HX1, *Cucumis sativus* var. *sativus*, DI = 5; HX5, *C. sativus* var. *xishuangbannensis*, DI = 38.7) 和 1 份感病材料 (HX8, *C. sativus* var. *sativus*, DI = 80)。利用上述 3 份材料构建了 2 个组合 (HX1 × HX8, HX5 × HX8) 的 6 世代群体 (P_1 、 P_2 、 F_1 、 F_2 、 B_1 和 B_2), 并分别进行黑星病苗期人工接种鉴定。采用主基因 + 多基因联合遗传分析方法进行遗传分析, 结果表明 2 份材料抗黑星病的遗传规律不同。组合 HX1 × HX8 的 F_1 单株表现为抗病, 而组合 HX5 × HX8 的 F_1 单株基本表现为感病。HX1 对黑星病的抗性符合两对加性 - 显性 - 上位性主基因 + 加性 - 显性多基因混合遗传模型 (E₁ 模型), HX5 的抗性遗传符合加性 - 显性多基因模型 (C 模型)。在组合 HX1 × HX8 中, 两对主基因的加性效应均大于显性效应, B_1 、 B_2 和 F_2 群体的主基因遗传率分别为 72.51%、98.19% 和 96.91%, 多基因遗传率均为 0, 表明 HX1 对黑星病的抗性以主基因遗传为主; HX5 对黑星病的抗性遗传以多基因的显性效应为主。

关键词: 黄瓜; 抗黑星病; 主基因 + 多基因; 遗传分析

Genetic Analysis of Resistance to *Cladosporium cucumerinum* from Different Gene Sources in Cucumber

LI Quan-hui, SHEN Di, LI Xi-xiang, WANG Hai-ping, QIU Yang, SONG Jiang-ping

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

Abstract: Based on the resistance identification of scab at seedling stage in cucumber, two lines resistant to *Cladosporium cucumerinum* (HX1, *Cucumis sativus* var. *sativus*, DI = 5 and HX5, *C. sativus* var. *xishuangbannensis*, DI = 38.7) and one susceptible material (HX8, *C. sativus* var. *sativus*, DI = 80) were obtained. Six generations (P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , B_1 and B_2) of two combinations (HX1 × HX8 and HX5 × HX8) were used as genetic populations and resistance identification of scab at seedling stage were performed. The genetic characteristics of scab resistance were analyzed with a mixed model of major genes plus poly-gene. The results showed that the inheritance of scab resistance of the above two gene sources was different. The plants of F_1 generation of HX1 × HX8 combination expressed resistant while those of HX5 × HX8 combination were susceptible. The inheritance of HX1 agreed to a mix genetic model of two major genes with additive-dominance-epistatic effects plus poly-genes with additive-dominance effects (E₁ model) and that of HX5 was fitted to poly-gene (C) model. For high resistance material HX1, the additive effect of two major genes was larger than dominant effect. Heritabilities of the major genes in F_2 , B_1 and B_2 were estimated to be 96.91%, 72.51% and 98.19%, respectively. Poly-gene heritabilities of three generations were all 0, indicating that scab resistance in HX1 was controlled by major gene. For resistance material HX5, the heritability was mainly dominant effect of poly-gene.

Key words: Cucumber; Resistance to *Cladosporium cucumerinum*; Major gene + poly-gene; Genetic analysis

黄瓜是我国乃至全世界的重要蔬菜作物, 我国黄瓜的年播种面积及总产量均居世界首位。由瓜枝孢霉

(*Cladosporium cucumerinum* Ell. et Arthur) 引起的黄瓜黑星病是一种世界性病害, 给黄瓜生产带来巨大损失。

收稿日期: 2010-03-04 修回日期: 2010-09-29

基金项目: 国家科技支撑计划项目 (2006BAD13B06-3-4); 农业部园艺作物遗传改良重点开放实验室项目

作者简介: 李全辉, E-mail: Liqianhui_2008@163.com

通讯作者: 沈镝, 副研究员, 主要从事蔬菜种质资源收集保存、鉴定评价及优异基因挖掘。E-mail: shendi@mail.caas.net.cn

对黄瓜黑星病的抗性鉴定及遗传规律研究早有报道。Bailey^[1]认为黄瓜黑星病的抗性可能由不完全显性基因控制。Lebeda^[2]对249个黄瓜品种及品系进行鉴定,其中85%表现出明确的反应(34%抗病,51%感病),其他材料则表现不同程度的中间反应,同时认为黑星病菌可能存在生理分化。李淑菊等^[3]对280余份材料的抗病性鉴定过程中得到类似结果,即大部分材料表现或为高抗和免疫,或为高度感病,只有少数材料,如我国的地方品种长春密刺、北京小刺表现出中度感病。大多数学者认为黄瓜黑星病的抗性由显性单基因控制^[4-6]。

盖钧镒等^[7]研究开发的植物数量性状主基因+多基因混合遗传模型分析法可检测和鉴定数量性状主基因和多基因的存在,并可对基因效应和方差等遗传参数进行估算。已报道的黄瓜抗黑星病遗传分析结果均采用了传统的分析方法。本研究基于苗期鉴定结果筛选获得了不同黄瓜抗黑星病种质,并分别构建6世代群体,利用主基因+多基因模型分析黄瓜抗黑星病的遗传规律,以期为黄瓜抗黑星病优异种质创新及抗病分子机制等深入研究提供一定的理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

基于苗期人工接种鉴定结果,筛选获得2份抗病材料HX1(DI=5.0)、HX5(DI=38.7)和1份感病材料HX8(DI=80.0)。HX1是以国外黄瓜品种373/85与北京刺瓜杂交,经4代选择,后又与来自东北地区的品种8970杂交,经过多代选择获得的高代自交系。HX5是从1份西双版纳黄瓜变种资源中自交2代筛选获得的自交系。

利用上述3份材料分别杂交获得 F_1 , F_1 自交并与其各自的2个亲本回交,获得了 F_2 、 BC_1P_1 (B_1)和 BC_1P_2 (B_2)群体。2个组合HX1×HX8和HX5×HX8的6世代试验材料分别于2008年12月9日和2009年5月9日播种于中国农业科学院蔬菜花卉研究所日光温室,不分离世代均设置3次重复。HX1×HX8组合的 P_1 、 F_1 和 P_2 群体每重复15株, F_2 群体250株, B_1 和 B_2 群体各150株。HX5×HX8组合 P_1 、 F_1 和 P_2 的每重复20株, F_2 群体435株, B_1 群体60株, B_2 群体275株。当幼苗长至1叶1心时,各世代单株均移至人工气候室进行黑星病苗期人工接种鉴定。

1.2 试验方法

1.2.1 黄瓜抗黑星病苗期人工接种鉴定方法 菌液的制备 黑星病病原由中国农业科学院蔬菜花卉研究所病理课题组提供。将保存于PDA斜面上的黑星病菌,加少量无菌水,振荡,使分生孢子悬浮。取少量分生孢子悬浮液加到预先铺好的PDA平板上,涂匀,于22℃温箱中培养5~7d。接种前用无菌水洗下分生孢子,双层纱布过滤后,用血球计数板计数,浓度为 $1.5\sim 2\times 10^6$ 个/ml^[8]。

接种方法 于幼苗1叶1心时人工喷雾接种。用手持喷雾器将孢子悬浮液进行全株喷雾,塑料膜保湿48h,温度为20℃左右,于接种7d后调查发病情况^[8]。

病情级别划分(图1) 0级:无病症;1级:叶片上有零星病斑,茎上无病斑;2级:叶柄缢缩,叶上有零星病斑,茎上有小病斑;3级:叶柄缢缩,心叶凋萎,茎上病斑微下陷;4级:叶柄缢缩,心叶干枯,茎上病斑下陷;5级:叶柄、叶片全部凋萎枯死,茎上病斑缢缩。**1.2.2 分析方法** 采用主基因+多基因混合遗传模型进行遗传分析^[7]。假设数量性状分别受1对主

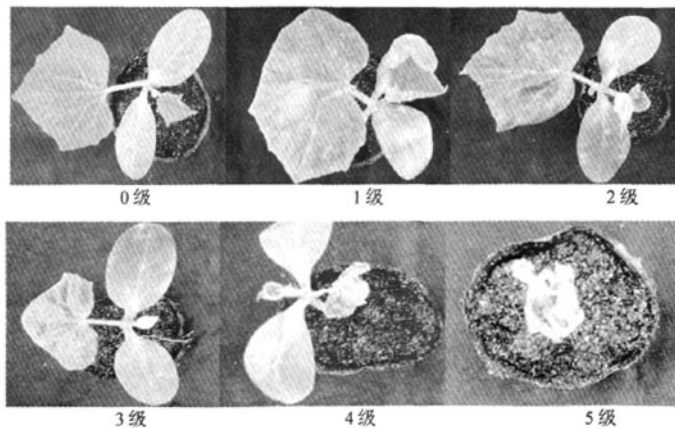


图1 黄瓜黑星病病情级别划分

Fig. 1 Classification of different resistance grades

基因、2 对主基因、多基因、1 对主基因 + 多基因和 2 对主基因 + 多基因控制,分别建立 A-E 类 24 个遗传模型。根据 AIC 检验及相应模型适合性检验来确定最适遗传模型,并估算遗传参数。

2 结果与分析

2.1 两组合黑星病病级的次数分布

对 2 个组合 HX1 × HX8 和 HX5 × HX8 的 6 世

代群体分别进行苗期人工接种鉴定,调查各世代单株的病级级别,2 组合 6 世代群体对黑星病抗性的次数分布分别见图 2 和图 3。从图中可以明显看出,亲本 HX1 和 HX5 表现为抗病,与感病亲本 HX8 差异显著,HX1 抗性明显高于 HX5。组合 HX1 × HX8 的 F₁ 单株病级均为 0 级和 1 级,表明其抗病基因为显性。组合 HX5 × HX8 的 F₁ 单株病级多为 3 级和 4 级,推测其抗病基因可能为隐性。

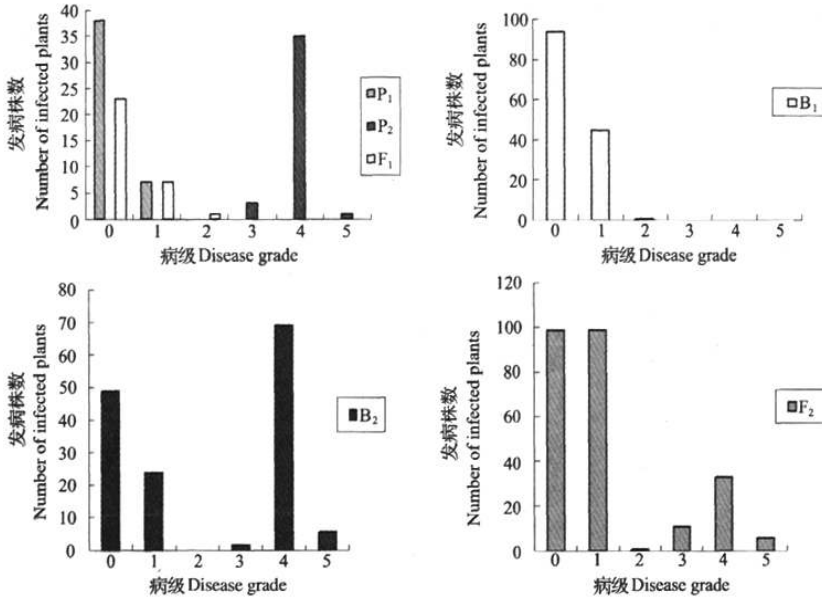


图 2 HX1 × HX8 组合的 6 世代抗性级值次数分布图

Fig. 2 Distribution of the number of plants with different resistance grades in 6 populations of combination HX1 × HX8

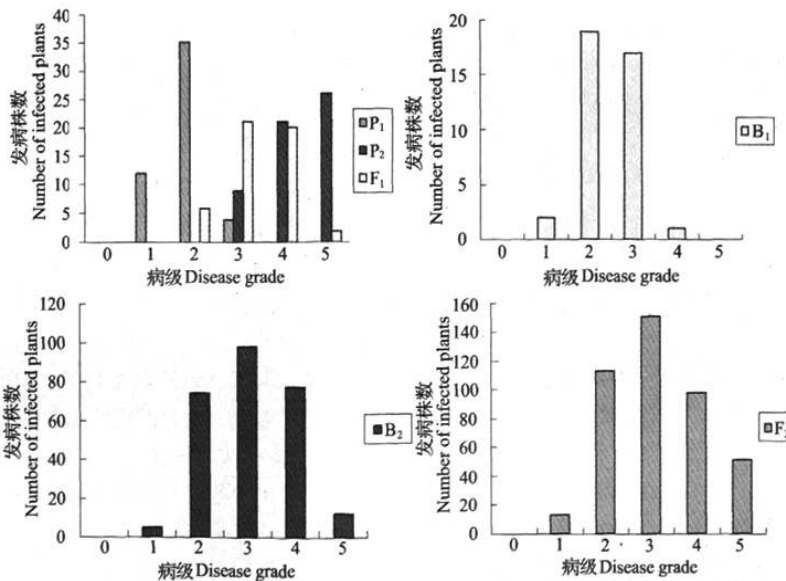


图 3 HX5 × HX8 组合的 6 世代抗性级值的次数分布图

Fig. 3 Distribution of the number of plants with different resistance grades in 6 populations of combination HX5 × HX8

2组合3个分离世代单株病级的次数分布表现出较大差异。组合HX1×HX8与抗病亲本回交的B₁群体的病级主要分布于0级和1级。B₂和F₂群体的单株病级分别在低值和高值区呈现双峰分布,表现出主基因+多基因遗传特征。HX5×HX8组合的B₁群体的次数分布图为单峰偏向抗病亲本HX5。B₂和F₂群体的分布接近正态分布,表现出多基因特征。

表1 两组合遗传模型的AIC值

Table 1 The AIC values of the different genetic models in two combinations

组合 Combination	模型 Model	极大似然值 Max likelihood value	AIC AIC value	组合 Combination	模型 Model	极大似然值 Max likelihood value	AIC AIC value
HX1×HX8	A_1	-673.176025	1354.35	HX5×HX8	A_1	-1258.94	2525.876
	A_2	-1102.91211	2211.82		A_2	-1267.51	2541.03
	A_3	-676.399414	1358.8		B_1	-1219.12	2458.231
	A_4	-1218.18005	2442.36		B_2	-1245.31	2502.625
	B_1	-533.790527	1087.58		B_3	-1400.99	2809.98
	B_2	-659.481445	1330.96		B_4	-1282.45	2570.894
	B_3	-1130.98071	2269.96		B_5	-1305.73	2619.46
	B_4	-1097.64099	2201.28		B_6	-1312.42	2630.842
	B_5	-674.370483	1356.74		C_0	-1229.87	2479.735
	B_6	-691.091736	1388.18		C_1	-1281.96	2577.916
	C_0	-911.424011	1842.85		D_0	-1213.65	2451.291
	C_1	-913.268311	1840.54		D_1	-1231.34	2480.677
	D_0	-587.337769	1198.68		D_2	-1219.4	2454.801
	D_1	-652.987	1323.97		D_3	-1231.47	2478.931
	D_2	-652.991943	1321.98		D_4	-1231.41	2478.819
	D_3	-783.185364	1582.37		E_0	-1214.13	2464.254
	D_4	-899.758789	1815.52		E_1	-1215.83	2461.666
E_0	-532.956604	1101.91	E_2	-1244.23	2510.46		
E_1	-551.267628	1132.54	E_3	-1230.45	2478.892		
E_2	-616.120483	1254.24	E_4	-1282.06	2580.121		
E_3	-886.227051	1790.45	E_5	-1244.87	2507.731		
E_4	-912.715698	1841.43					
E_5	-662.885803	1343.77					

组合HX1×HX8的AIC值较小的3个模型为B₁、E₀和E₁模型,均为2对主基因范畴。对这3个模型进行适合性检验(表2),选择统计量达到显著水平个数较少的模型作为最优模型。结果表明,在30个检验统计量中,B₁有18个达到显著水平($\alpha=0.05$),E₀、E₁达到显著水平的统计量为16个和13个。因此,选择E₁模型,即2对加性-显性-上位性主基因+加性-显性多基因混合遗传模型,为HX1×HX8组合抗黑星病的最佳模型。

在组合HX5×HX8中,AIC值较小的模型为D₀、D₂、B₁、D₄和C模型,结合表型数据及次数分

2.2 主基因+多基因遗传分析

用作物数量性状主基因+多基因混合遗传模型分析方法,对黄瓜黑星病抗性进行6个世代的联合分析,获得1对主基因(A)、2对主基因(B)、多基因(C)、1对主基因+多基因(D)和2对主基因+多基因(E)等5类遗传模型的极大对数似然函数值和AIC值(表1)。

布图可以看出,各分离世代基本表现为单一正态分布,主基因效应不明显。因此,确定多基因模型为该组合的最佳模型。对模型适合性的联合尺度检验结果显示(表3), $\chi^2=0.56$,自由度为3,显著性概率为 $0.9 < P < 0.95$ 。 χ^2 测验不显著,表明加性-显性多基因模型为这一组合的适合遗传模型。

2.3 遗传参数的估算

HX1×HX8组合的最优模型为两对加性-显性-上位性主基因+加性-显性多基因模型。2对主基因的加性效应相等,第1主基因的显性作用大于第2主基因,说明显性效应以第1主基因为主;2对主基因显性度的绝对值均小于1,表明2对主基

表 2 HX1 × HX8 遗传模型的适合性检验

Table 2 Test for goodness-of-fit about HX1 × HX8 genetic model

模型 Model	世代 Generation	U_1^2	U_2^2	U_3^2	nW^2	D_a
B_1	P ₁	0.455(0.5001)	1.821(0.1772)	7.762(0.0053)*	2.4045	0.4709(0.2074)
	F ₁	1.531(0.2159)	0.907(0.3409)	0.966(0.3256)	1.2724	0.4126(0.2525)
	P ₂	3.052(0.0806)	8.004(0.0047)	20.705(0.0000)	2.6205	0.5358(0.2236)
	BC ₁	0.007(0.9346)	0.333(0.5636)	6.906(0.0086)	3.9966	0.3500(0.1158)
	BC ₂	0.307(0.5796)	2.468(0.1162)	17.128(0.0000)	2.3644	0.3110(0.1118)
	F ₂	0.684(0.4081)	2.461(0.1167)	9.435(0.0021)	2.7679	0.2087(0.0865)
E_0	P ₁	7.849(0.0051)	7.109(0.0077)	0.035(0.8525)	3.2513	0.5793(0.2074)
	F ₁	8.684(0.0032)	1.491(0.2220)	42.623(0.0000)	2.668	0.6211(0.2525)
	P ₂	1.074(0.3001)	0.006(0.9370)	18.744(0.0000)	2.4661	0.5050(0.2236)
	BC ₁	1.988(0.1585)	0.114(0.7361)	16.919(0.0000)	4.0863	0.3687(0.1158)
	BC ₂	1.009(0.3152)	0.885(0.3468)	0.016(0.8991)	1.8637	0.2346(0.1118)
	F ₂	1.674(0.1957)	0.309(0.5782)	7.769(0.0053)	2.8161	0.2272(0.0865)
E_1	P ₁	0.222(0.6377)	0.208(0.6482)	13.315(0.0003)	2.318	0.4319(0.2074)
	F ₁	1.152(0.2832)	0.287(0.5920)	4.050(0.0442)	1.5609	0.4907(0.2525)
	P ₂	0.003(0.9594)	1.550(0.2131)	22.883(0.0000)	2.3552	0.4490(0.2236)
	BC ₁	0.993(0.3189)	1.713(0.1906)	1.889(0.1693)	4.1949	0.3860(0.1158)
	BC ₂	0.003(0.9545)	0.078(0.7801)	0.803(0.3702)	1.8511	0.2631(0.1118)
	F ₂	0.412(0.5210)	0.032(0.8582)	3.136(0.0766)	2.7201	0.2226(0.0865)

U_1^2, U_2^2, U_3^2 : 均匀性检验; nW^2 : Smirnov 检验; D_a : Kolmogorov 检验

U_1^2, U_2^2 and U_3^2 : Uniformity test; nW^2 : Smirnov test; D_a : Kolmogorov test

表 3 联合尺度检验

Table 3 Joint scaling test

世代 Generation	株数 No.	平均数 的抽样 方差 Variance	加权后		估计值 Estimate value	差异 Diffe- rence	卡方 χ^2
			平均 Mean value	平均数 Mean value			
P ₁	60	0.31	1.77	2.32	2.35	-0.029	0.000871
P ₂	65	0.56	4.29	8.62	8.99	-0.371	0.137
F ₁	58	0.6	3.39	5.94	6.36	-0.416	0.173
B ₁	48	0.49	2.37	3.83	4.02	-0.191	0.0366
B ₂	275	0.81	3.07	6.44	6.8	-0.353	0.125
F ₂	435	1.09	3.15	5.46	5.75	-0.288	0.083

总卡方值和显著概率 $\chi^2 = 0.56 \sim \chi^2(3), 0.9 < P < 0.95$

因均以加性效应为主。就主基因显性方向而言, $h_a/d_a > 0, h_b/d_b < 0$, 表明第 1 对主基因正向显性, 第 2 对主基因呈现部分负向显性。此外, 2 对主基因间存在明显的加性 × 加性、加性 × 显性、显性 × 加性和显性 × 显性的交互作用, 多基因间也存在加性和显性的交互作用。二阶遗传参数显示, B₁、B₂ 和 F₂ 群体的主基因遗传率分别为 72.51%、98.19% 和

96.91%, 多基因遗传率均为 0, 表明该组合对黑星病的抗性遗传以主基因效应为主。

在 HX5 × HX8 组合中, 根据联合尺度检验的方法估算遗传参数, $m = 2.94, \Sigma a = -1.20, \Sigma d = 0.26$, 表明该组合对黑星病的抗性遗传以多基因的显性效应为主(表 4)。

3 讨论

黄瓜是一种遗传背景较窄的作物^[9], 多年来由于品种选育和杂交优化使得栽培品种的遗传背景更为狭窄^[10-11]。单一的抗病基因源对农作物生产存在较大的隐患, 也不利于生产的可持续发展。本试验在对黄瓜种质资源进行黑星病抗性鉴定和筛选的基础上, 获得 2 份不同的抗病基因源。HX1 是一个具有国外品种 373/85、北京刺瓜和东北地方品种 8970 血统的高代自交系, 表现为高抗黑星病。HX5 是我国特有的西双版纳黄瓜变种资源^[12], 其特异性在形态水平^[13]、分子水平^[14-15]及细胞学研究^[16]中均已有报道。多次人工接种鉴定结果显示, HX5 对黑星病的抗性水平在抗病与中抗之间, 其病情指数高于 HX1, 但明显低于其他感病材料。

表4 HX1 × HX8 遗传参数估计

Table 4 The estimates of HX1 × HX8 genetic parameters in combination

一阶参数 1 st order parameter	估计值 Estimate	二阶参数 2 nd order parameter	估计值 Estimate		
			B ₁	B ₂	F ₂
<i>m</i>	1.442	σ_p^2	0.239	3.647	2.129
<i>d_a</i>	-1.030	σ_{mg}^2	0.173	3.581	2.064
<i>d_b</i>	-1.030	σ_{pg}^2	0	0	0
<i>h_a</i>	-0.573	σ_e^2	0.066	0.066	0.066
<i>h_b</i>	0.324	h_{mg}^2 (%)	72.51	98.19	96.91
<i>i</i>	0.571	h_{pg}^2 (%)	0	0	0
<i>j_{ab}</i>	-0.898				
<i>j_{ba}</i>	1.012				
<i>l</i>	-1.298				
[<i>d</i>]	0.091				
[<i>h</i>]	0.293				

d_a: 第1主基因的加性效应; *d_b*: 第2主基因的加性效应; *h_a*: 第1主基因的显性效应; *h_b*: 第2主基因的显性效应; *i*: 两个主基因之间的加性 × 加性互作效应; *j_{ab}*: 两个主基因之间的加性 × 显性互作效应; *j_{ba}*: 两个主基因之间的显性 × 加性互作效应; *l*: 两个主基因之间的显性 × 显性互作效应; [*d*]: 多基因加性效应值; [*h*]: 多基因显性效应值; σ_p^2 : 表型方差; σ_{mg}^2 : 主基因方差; σ_e^2 : 环境方差; σ_{pg}^2 : 多基因方差; h_{mg}^2 (%): 主基因遗传率; h_{pg}^2 (%): 多基因遗传率

d_a: Additive effects of the first major genes; *d_b*: Additive effects of the second major genes; *h_a*: Dominant effects of the first major gene; *h_b*: Dominant effects of the second major genes; *i*: The effect of additive × additive between two major genes; *j_{ab}*: The effect of additive × dominant between two major genes; *j_{ba}*: The effect of dominant × additive between two major genes; *l*: The effect of dominant × dominant between two major genes; [*d*]: Additive effects of poly genes; [*h*]: Dominant effects of poly genes; σ_p^2 : Phenotypic variance; σ_{mg}^2 : Variance of major genes; σ_e^2 : Environmental variance; σ_{pg}^2 : Variance of poly genes; h_{mg}^2 (%): Inheritability of major genes; h_{pg}^2 (%): Heritability of poly genes

目前,大多数学者认为黄瓜黑星病抗性来源为国外材料,且为单基因显性。Miao等^[17]以欧洲温室型黄瓜9110Gt(抗黑星病)和华北型黄瓜9930为亲本材料构建的RIL群体为试验材料,构建了SSR分子遗传连锁图谱,并将抗黑星病的*Ccu*基因定位在黄瓜第2条染色体上。本研究对上述两份材料抗黑星病的遗传分析结果显示,HX1对黑星病的抗性由2对主基因控制,其中1对主基因的抗病对感病为显性。由于HX1具有国外材料的血统,推测这一主基因可能与已定位的抗黑星病基因相同。抗病性鉴定结果显示,北京小刺为中度感病^[3],推测HX1的另一主基因可能来源于北京刺瓜。分析结果还表明,HX5的抗病对感病为隐性,且以多基因的显性

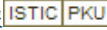
效应为主,与HX1的遗传特性明显不同。对上述黄瓜材料抗黑星病基因的挖掘和鉴定还有待进一步深入研究。

在以往分析黄瓜黑星病抗性遗传规律时通常采用 χ^2 检验对分离群体进行适合性检验,根据性状分离比例和孟德尔遗传规律基因型的契合程度确定遗传规律。 χ^2 检验适合于质量性状的分析,对于多基因控制的数量性状的分析,则表现出一定的局限性。数量性状由主基因与多基因共同控制是数量性状遗传的基本模型,而纯主基因或纯多基因的遗传模型只是特例。本试验对不同抗病基因源的6世代鉴定数据分析采用了盖钧镛等^[7]的主基因+多基因遗传模型统计方法,鉴别了高抗材料HX1主基因的存在个数,估算了其重要遗传参数,同时还确定了HX5抗黑星病的最适遗传模型为多基因模型,遗传效应以多基因的显性效应为主。

参考文献

- [1] Bailey R M. Progress in breeding cucumbers resistant to scab (*Cladosporium cucumerinum*) [J]. Proc Amer Soc Hort Sci, 1939, 36: 645-646
- [2] Lebeda A. Resistance of *Cucumis sativus* cultivars to *Cladosporium cucumerinum*. [J] Scientia Horticulturae, 1985, 26(1): 9-15
- [3] 李淑菊, 马德华, 霍振荣, 等. 黄瓜种质资源对黑星病的抗病性研究[J]. 天津农业科学, 2003(3): 234-237
- [4] 张桂华, 韩毅科, 孙小红, 等. 与黄瓜抗黑星病基因连锁的分子标记研究[J]. 中国农业科学, 2006, 39(11): 2250-2254
- [5] 王惠哲, 李淑菊, 曹焱. 与黄瓜抗黑星病相关基因紧密连锁的SSR标记[J]. 分子植物育种, 2009, 7(3): 550-553
- [6] 许勇, 周强. 黄瓜黑星病研究[J]. 中国蔬菜, 1994(6): 54-57
- [7] 盖钧镛, 章元明, 王建康. 植物数量性状遗传体系[M]. 北京: 科学出版社, 2003: 169-219
- [8] 关钟燕, 林蔚杉, 张志新, 等. 黄瓜黑星病苗期人工接种抗病性鉴定技术研究[J]. 北方园艺, 1993(6): 11-12
- [9] Horejsi T, Staub J E. Genetic variation in cucumber (*Cucumis sativus* L.) as assessed by random amplified polymorphic DNA [J]. Genetic Resources and Crops Evolution, 1999, 46: 337-350
- [10] 张海英, 王永健, 许勇, 等. 黄瓜种质资源遗传亲缘关系的RAPD分析[J]. 园艺学报, 1998, 25(4): 345-349
- [11] 李锡香. 黄瓜种质遗传多样性的形态和分子评价及其亲缘关系研究[D]. 北京: 中国农业科学院, 2002
- [12] 戚春章, 袁珍珍, 李玉湘. 黄瓜新类型: 西双版纳黄瓜[J]. 园艺学报, 1983, 10(4): 259-264
- [13] 沈镛, 李锡香, 方智远, 等. 西双版纳黄瓜种质资源形态鉴定和亲缘关系的初步研究[J]. 中国蔬菜, 2010(2): 21-27
- [14] 李锡香, 朱德蔚, 杜永臣, 等. 黄瓜种质资源遗传多样性及其亲缘关系的 AFLP 分析[J]. 园艺学报, 2004, 31(3): 309-314
- [15] 穆生奇, 顾兴芳, 张圣平, 等. 栽培黄瓜种质遗传多样性的SSR鉴定[J]. 园艺学报, 2008, 35(9): 1323-1330
- [16] 钱春桃, 陈劲枫, 姜群峰, 等. 黄瓜花粉母细胞减数分裂行为的研究[J]. 武汉植物学研究, 2003, 21(3): 11-15
- [17] Miao H, Gu X F, Zhang S P, et al. Construction of a genetic linkage map for cultivated cucumber [C]. Abstracts of the 4th International Cucurbitaceae Symposium, 2009, 9: 20-24

黄瓜抗黑星病不同基因源的遗传分析

作者: [李全辉](#), [沈镛](#), [李锡香](#), [王海平](#), [邱杨](#), [宋江萍](#), [LI Quan-hui](#), [SHEN Di](#), [LI Xi-xiang](#), [WANG Hai-ping](#), [QIU Yang](#), [SONG Jiang-ping](#)
作者单位: [中国农业科学院蔬菜花卉研究所, 北京, 100081](#)
刊名: [植物遗传资源学报](#) 
英文刊名: [JOURNAL OF PLANT GENETIC RESOURCES](#)
年, 卷(期): 2011, 12(2)

参考文献(17条)

1. [李锡香;朱德蔚;杜永臣](#) 黄瓜种质资源遗传多样性及其亲缘关系的 AFLP 分析[期刊论文]-[园艺学报](#) 2004(03)
2. [沈镛;李锡香;方智远](#) 西双版纳黄瓜种质资源形态鉴定和亲缘关系的初步研究[期刊论文]-[中国蔬菜](#) 2010(02)
3. [戚春章;袁珍珍;李玉湘](#) 黄瓜新类型:西双版纳黄瓜 1983(04)
4. [李锡香](#) 黄瓜种质遗传多样性的形态和分子评价及其亲缘关系研究 2002
5. [张海英;王永健;许勇](#) 黄瓜种质资源遗传亲缘关系的 RAPD 分析 1998(04)
6. [Horejsi T;Staub J E](#) Genetic variation in cucumber(*Cucumis sativus* L.) as assessed by random amplified polymorphic DNA[外文期刊] 1999(4)
7. [Miao H;Gu X F;Zhang S P](#) Construction of a genetic linkage map for cultivated cucumber 2009
8. [钱春桃;陈劲枫;娄群峰](#) 黄瓜花粉母细胞减数分裂行为的研究[期刊论文]-[武汉植物学研究](#) 2003(03)
9. [穆生奇;顾兴芳;张圣平](#) 栽培黄瓜种质遗传多样性的 SSR 鉴定[期刊论文]-[园艺学报](#) 2008(09)
10. [Lebeda A](#) Resistance of *Cucumis sativus* cultivars to *Cladosporium cucumerinum*[外文期刊] 1985(01)
11. [Bailey R M](#) Progress in breeding cucumbers resistant to scab(*Cladosporium cucumerinum*) 1939
12. [关钟燕;林蔚杉;张志新](#) 黄瓜黑星病苗期人工接种抗病性鉴定技术研究 1993(06)
13. [盖钧镒;章元明;王建康](#) 植物数量性状遗传体系 2003
14. [许勇;周强](#) 黄瓜黑星病研究 1994(06)
15. [王惠哲;李淑菊;管炜](#) 与黄瓜抗黑星病相关基因紧密连锁的 SSR 标记[期刊论文]-[分子植物育种](#) 2009(03)
16. [张桂华;韩毅科;孙小红](#) 与黄瓜抗黑星病基因连锁的分子标记研究[期刊论文]-[中国农业科学](#) 2006(11)
17. [李淑菊;马德华;霍振荣](#) 黄瓜种质资源对黑星病的抗病性研究[期刊论文]-[天津农业科学](#) 2003(03)

本文链接: http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201102020.aspx