

• 导读 •

## 黄瓜重要农艺性状的分子生物学

张圣平, 顾兴芳

(中国农业科学院蔬菜花卉研究所/农业农村部园艺作物生物学与种质创制重点实验室, 北京 100081)

## Molecular Biology of Important Agronomic Traits in Cucumber

ZHANG ShengPing, GU XingFang

(Institute of Vegetables and Flowers, Chinese Academy of Agricultural Sciences/Key Laboratory of Horticultural Crop Biology and Germplasm Creation, Ministry of Agriculture and Rural Areas, Beijing 100081)

黄瓜是我国的重要蔬菜作物, 尤其在设施生产中占有举足轻重的地位, 2017 年收获面积为 123.52 万  $\text{hm}^2$ , 产量达到 6 482.46 万  $\text{t}^{[1]}$ 。丰产优质多抗新品种是黄瓜绿色高效生产的重要保障, 而优良新品种的选育离不开准确高效的育种技术。重要农艺性状分子生物学研究, 如遗传图谱构建、分子标记开发、优异基因挖掘、功能基因组研究等, 是高通量高效率分子设计育种技术研发的基础。由于黄瓜遗传背景狭窄, 在全基因组序列信息破译之前, 相关分子生物学研究进展缓慢。

2009 年, 黄瓜全基因组测序完成, 数据量达到 17.2 G, 测序深度 72.2 $\times$ , 注释了 26 682 个基因<sup>[2]</sup>, 使黄瓜成为第一个以二代测序技术为主完成测序的植物, 也是世界上第一个完成测序的蔬菜作物, 开启了黄瓜分子生物学和遗传育种快速发展的新时期。10 年来, 基于黄瓜基因组测序的带动和功能基因组学的迅速发展, 在黄瓜研究上凝聚了一批研究人员、谋划了一批科研项目、取得了一批研究成果, 特别是在高密度遗传图谱构建、高质量分子标记开发、重要农艺性状基因挖掘、基因调控网络解析等方面取得了较大进展, 发表了影响因子大于 6 的 SCI 论文 25 篇, 其中影响因子大于 8 的高水平论文 12 篇, 申请国内外专利超过 200 件, 创建了高效的分子标记聚合育种技术, 实现了育种技术的更新换代, 国内 2 项成果“黄瓜基因组和重要农艺性状基因研究”和“黄瓜优质多抗种质资源创制与新品种选育”荣获国家级奖励。

在我国完成华北密刺型黄瓜 9930 的全基因组测序之后, 美国完成了加工型黄瓜 GY14 的全基因组测序<sup>[3]</sup>。最近中国农业科学院蔬菜花卉研究所的科研人员进一步组装完成了 9930 黄瓜 V3.0 参考基因组, 利用 10 $\times$ genomics 技术平台和 Hi-C 测序数据, 组装获得了总长度 226.2 Mb, 共包含 174 contigs 的参考基因组, 包含 1 374 个全长末端逆转录转座子和 1 078 个新基因, 可以更好的服务于黄瓜遗传研究<sup>[4]</sup>。以 9930 基因组为参考, 通过对 115 份黄瓜核心种质进行深度重测序, 构建了包含 360 多万个位点的全基因组遗传变异图谱, 为全面了解黄瓜进化及多样性提供了新思路, 并为全基因组设计育种奠定了良好基础<sup>[5]</sup>。

黄瓜高密度遗传图谱构建方面, 第一张整合的高密度遗传图谱于 2012 年完成, 使得定位在图谱上的标记位点达到 1 369 个<sup>[6]</sup>。随后利用永久群体重组自交系 (RILs) 结合基因组测序, 构建了包含 1 681 个标记的分子连锁图谱<sup>[7]</sup>。为重要农艺性状基因定位提供了有力的工具。

黄瓜抗病性状分子生物学研究方面, 将抗黑星病基因 *Ccu* 精细定位在 Chr.2 上 0.29 cM 的区域内, 获得 6 个候选基因<sup>[8]</sup>; 将抗西葫芦黄化花叶病毒基因 *ymv* 精细定位于 Chr.6 上 50 kb 的区段内<sup>[9]</sup>; 将枯萎病抗病主效 QTL 定位在 Chr.2 上 2.4 cM 内<sup>[10]</sup>; 检测到 PI197088 黄瓜的 11 个与霜霉病抗性相关的 QTL, 4 个与白粉病抗性相关的 QTL<sup>[11]</sup>; 检测到 TH118FLM 黄瓜 5 个与霜霉病抗性相关的 QTL<sup>[12]</sup>; 检测到

收稿日期: 2019-12-14; 接受日期: 2019-12-30

基金项目: 中国农业科学院创新工程 (CAAS-ASTIP-2017-IVF)

联系方式: 张圣平, E-mail: zhangshengping@caas.cn。顾兴芳, E-mail: guxingfang@caas.cn

PI183967 黄瓜 5 个与茎部蔓枯病抗性相关的 QTL<sup>[13]</sup>; 在 Chr.5 上检测到抗角斑病 QTL 位点 *psl5.1* 和 *psl5.2*<sup>[14]</sup>。图位克隆了 GY14 黄瓜抗炭疽病候选基因, 该基因属于 *STAYGREEN* 家族的植物抗病基因<sup>[15]</sup>。黄瓜 *STAYGREEN* 的感病丢失突变带来了永久广谱抗病性, 为黄瓜抗病育种起到了重要作用, 支撑了美国黄瓜产业的发展<sup>[16]</sup>。

黄瓜果实品质性状分子生物学研究方面, 图位克隆了短果基因 *SFI*<sup>[17]</sup>、小叶基因 *LL*<sup>[18]</sup>、圆形叶片基因 *CsPID*<sup>[19]</sup>、软刺基因 *ts*<sup>[20]</sup>、果瘤基因 *Tu*<sup>[21]</sup>、超高密度果刺新位点 *fsd6.1*<sup>[22]</sup>, 其中 *SFI* 泛素化修饰并降解自身及其底物 *ACS2*, 进而影响乙烯含量变化; *LL* 编码 WD40 重复蛋白并且与黄瓜器官大小的发育密切相关; *CsPID* 编码丝氨酸/苏氨酸蛋白激酶。检测到了 8 个与果实大小相关的 QTL<sup>[23]</sup>; *CsERF025* 可以增强果实中乙烯的含量, 进而导致果实发生弯曲<sup>[24]</sup>; *APRR2*、*TKN4* 和 *TKN2* 三个基因通过相互作用共同调节叶绿素含量的积累, 从而影响嫩瓜果皮颜色<sup>[25]</sup>; 将多效应黑刺基因 *B* 精细定位于 Chr.4 上 50 kb 的区段内, 获得候选基因 *R2R3-MYB* 转录因子<sup>[26]</sup>; 将心皮数基因 *CsCLAVATA3* 精细定位在 Chr.1 上<sup>[27]</sup>, 将果实多刺基因 *ns* 精细定位在 Chr.2 上<sup>[28]</sup>, 将黄绿叶色基因 *v-1* 精细定位在 Chr.6 上 50.9 kb 内<sup>[29]</sup>。

黄瓜植株形态建成相关性状分子生物学研究方面, 解析了分枝、花打顶等株型调控机制, *CsBRC1* 是控制分枝的关键基因, 通过抑制生长素运输基因 *PIN3*, 导致侧枝中生长素过量积累, 从而抑制侧枝的生长发育<sup>[30]</sup>。克隆了控制有限生长的关键基因 *CsTFL1*, 该基因通过与 *CsNOT2a* 互作来影响花发育<sup>[31]</sup>。在性别表达和开花时间研究上, 将雄性不育基因精细定位到了 76 kb 区间, 获得候选基因 *Csa3M006660*<sup>[32]</sup>; 检测到 3 个调控开花时间的 QTL, 其中 FT6.2 是主效 QTL<sup>[33]</sup>。

基因调控网络解析方面, 明确了黄瓜苦味代谢和进化源于两个主转录因子直接调控的一个 9 基因模块<sup>[34]</sup>; *CsMYB6-CsTRY* 复合体调控果刺的其实发育<sup>[35]</sup>; *CsTu-TS1* 复合体调控果瘤的形成<sup>[36]</sup>; *CsSPL* 在转录因子 HD-ZIPIII 和 *CsWUS* 之间具有调配器的功能, 从而调控花粉和胚珠的发育<sup>[38]</sup>; 鉴定到一个控制果实长度的关键基因 *CsFUL1*, 该基因通过抑制生长素运输基因 *CsPIN1* 和 *CsPIN7* 的表达进而减少生长素积累<sup>[38]</sup>。

本专题所汇集的 5 篇论文, 分别在黄瓜植株形态

建成、雌花及果实发育、抗白粉病机制等方面取得了新进展。在黄瓜 Chr.1、Chr.2、Chr.3、Chr.4、Chr.5、Chr.6 上, 检测到 8 个与下胚轴长度密切关联的 SNP 位点, 挖掘到 8 个调控下胚轴长度的候选基因<sup>[39]</sup>。从 9930 基因组中鉴定得到 138 个 ERF 基因家族成员, 其中部分成员在不同性型材料中差异表达, 可能参与雌花分化初期的基因表达调控<sup>[40]</sup>。克隆得到果实发育调控网络中, 参与胎座框的形成的关键基因 *CsRPL*, 拟南芥异源过表达 *CsRPL1/2* 转基因植株的果荚变短, 花粉育性降低, 且种子发育受到抑制<sup>[41]</sup>。分别在 Chr.1、Chr.3、Chr.6 上检测到 4 个单性结实 QTL, 挖掘到 4 个与单性结实性状相关的候选基因<sup>[42]</sup>。筛选获得了抗白粉病新材料, 在成熟期叶片的防御信号途径相关基因表达上, 抗病材料的表达高于感病材料<sup>[43]</sup>。这些仅仅是黄瓜重要农艺性状分子生物学研究领域中的一小部分内容, 谨希望以专题的形式呈现, 促进该学科领域的快速发展。

## References

- [1] <http://www.fao.org/faostat/en/#data>, 2019.
- [2] 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 E, KILIAN A, VAN DER VOSSEN E A G, *et al.* The genome of the cucumber, *Cucumis sativus* L. *Nature genetics*, 2009, 41: 1275-1281.
- [3] YANG L M, KOO D H, LI Y H, ZHANG X J, LUAN F S, HAVEY M, JIANG J M, WENG Y Q. Chromosome rearrangements during domestication of cucumber as revealed by high-density genetic mapping and draft genome assembly. *Plant Journal*, 2012, 71(6): 895-906.
- [4] LI Q, LI H B, HUANG W, XU Y C, ZHOU Q, WANG S H, RUAN J, HUANG S W, ZHANG Z H. A chromosome-scale genome assembly of cucumber (*Cucumis sativus* L.). *GigaScience*, 2019, 8: 1-10.
- [5] QI J J, LIU X, SHEN D, MIAO H, XIE B Y, LI X X, ZENG P, WANG S H, SHANG Y, GU X F, DU Y C, LI Y, LIN T, YUAN J H, YANG X Y, CHEN J F, CHEN H M, XIONG X Y, HUANG K, FEI Z J, MAO L Y, TIAN L, STÄDLER T, RENNER S S, KAMOUN S, LUCAS W J, ZHANG Z H, HUANG S W. A genomic variation map provides insights into the genetic basis of cucumber domestication and diversity. *Nature genetics*, 2013, 45: 1510
- [6] ZHANG W W, PAN J S, HE H L, ZHANG C, LI Z, ZHAO J L, YUAN X J, ZHU L H, HUANG S W, CAI R. Construction of a

- high density integrated genetic map for cucumber (*Cucumis sativus* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 2012, 124(2): 249-259.
- [7] ZHOU Q, MIAO H, LI S, ZHANG S P, WANG Y, ZHANG Z H, HUANG S W, GU X F. A sequencing-based linkage map enables precise localization of Mendelian genes and quantitative trait loci in cucumber. *Molecular Plant*, 2015, 8(6): 961-963.
- [8] KANG H X, WENG Y Q, YANG Y H, ZHANG Z H, ZHANG S P, MAO Z C, CHENG G H, GU X F, HUANG S W, XIE B Y. Fine genetic mapping localizes cucumber scab resistance gene *Ccu* into an *R* gene cluster. *Theoretical and Applied Genetics*, 2010, 122: 795-803.
- [9] AMANO M, MOCHIZUKI A, KAWAGOE Y, IWAHORI K, NIWA K, SVOBODA T, MAEDA T, IMURA Y. High-resolution mapping of *zym*, a recessive gene for zucchini yellow mosaic virus resistance in cucumber. *Theoretical and Applied Genetics*, 2013, 126(12): 2983-2993.
- [10] ZHANG S P, MIAO H, YANG Y H, XIE B Y, WANG Y, GU X F. A major quantitative trait locus conferring resistance to fusarium wilt was detected in cucumber by using recombinant inbred lines. *Molecular Breeding*, 2014, 34(4): 1805-1815.
- [11] WANG Y H, VANDENLANGENBERG K, WEN C L, WEHNER T C, WENG Y Q. QTL mapping of downy and powdery mildew resistances in PI 197088 cucumber with genotyping-by-sequencing in RIL population. *Theoretical and Applied Genetics*, 2018, 131(3): 597-611.
- [12] WIN K T, VEGAS J, ZHANG C Y, SONG K, LEE S. QTL mapping for downy mildew resistance in cucumber via bulked segregant analysis using next-generation sequencing and conventional methods. *Theoretical and Applied Genetics*, 2017, 130: 199-211.
- [13] ZHANG S P, LIU S L, MIAO H, SHI Y X, WANG M, WANG Y, LI B J, GU X F. Inheritance and QTL mapping of resistance to gummy stem blight in cucumber stem. *Molecular Breeding*, 2017, 37(4): 49.
- [14] SŁOMNICKA R, OLCZAK-WOLTMAN H, KORZENIEWSKA A, GOZDOWSKI D, NIEMIROWICZ-SZCZYTT K, BARTOSZEWSKI G. Genetic mapping of *psl* locus and quantitative trait loci for angular leaf spot resistance in cucumber. *Molecular Breeding*, 2018, 38: 111.
- [15] PAN J S, TAN J Y, WANG Y H, ZHENG X Y, OWENS K, LI D W, LI Y H, WENG Y Q. *STAYGREEN* (*CsSGR*) is a candidate for the anthracnose (*Colletotrichum orbiculare*) resistance locus *cla* in Gy14 cucumber. *Theoretical and Applied Genetics*, 2018, 131(7): 1577-1587.
- [16] WANG Y H, TAN J Y, WU Z M, VANDENLANGENBERG K, WEHNER T C, WEN C L, ZHENG X Y, OWENS K, THORNTON A, BANG H H, HOEFT E, KRAAN P A G, SUELMANN J, PAN J S, WENG Y Q. *STAYGREEN*, *STAY HEALTHY*: A loss-of-susceptibility mutation in the *STAYGREEN* gene provides durable, broad-spectrum disease resistances for over 50 years of US cucumber production. *New Phytologist*, 2019, 221(1): 415-430.
- [17] XIN T X, ZHANG Z, LI S, ZHANG S, LI Q, ZHANG Z H, HUANG S W, YANG X Y. Genetic regulation of ethylene dosage for cucumber fruit elongation. *The Plant Cell*, 2019, 31: 1063-1076.
- [18] YANG L M, LIU H Q, ZHAO J Y, PAN Y P, CHENG S Y, LIETZOW C D, WEN C L, ZHANG X L, WENG Y Q. *LITTLELEAF* (LL) encodes a WD40 repeat domain-containing protein associated with organ size variation in cucumber. *The Plant Journal*, 2018, 95: 834-847.
- [19] ZHANG C W, CHEN F F, ZHAO Z Y, HU L L, LIU H Q, CHENG Z H, WENG Y Q, CHEN P, LI Y H. Mutations in *CsPID* encoding a Ser/Thr protein kinase are responsible for round leaf shape in cucumber (*Cucumis sativus* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 2018, 131(6): 1379-1389.
- [20] GUO C L, YANG X Q, WANG Y L, NIE J T, YANG Y, SUN J X, DU H, ZHU W Y, PAN J, CHEN Y, LV D, HE H L, LIAN H L, PAN J S, CAI R. Identification and mapping of *ts* (*tender spines*), a gene involved in soft spine development in *Cucumis sativus*. *Theoretical and Applied Genetics*, 2018, 131: 1-12.
- [21] YANG X Q, ZHANG W W, HE H L, NIE J T, BIE B B, ZHAO J L, REN G L, LI Y, ZHANG D B, PAN J S, CAI R. Tuberculate fruit gene *Tu* encodes a C2H2 zinc finger protein that is required for the warty fruit phenotype in cucumber (*Cucumis sativus* L.). *The Plant Journal*, 2014, 78: 1034-1046.
- [22] BO K L, MIAO H, WANG M, XIE X X, SONG Z C, XIE Q, SHI L X, WANG W P, WEI S, ZHANG S P, GU X F. Novel loci *fsd6.1* and *Csgl3* regulate ultra-high fruit spine density in cucumber. *Theoretical and Applied Genetics*, 2019, 132(1): 27-40.
- [23] PAN Y P, QU S P, BO K L, GAO M L, HAIDER K R, WENG Y Q. QTL mapping of domestication and diversifying selection related traits in round-fruited semi-wild Xishuangbanna cucumber (*Cucumis sativus* L. var. *xishuangbannanesis*). *Theoretical and Applied Genetics*, 2017, 130: 1531-1548.

- [24] WANG C H, XIN M, ZHOU X Y, LIU C H, LI S G, LIU D, XU Y, QIN Z W. The novel ethylene-responsive factor *CsERF025* affects the development of fruit bending in cucumber. *Plant Molecular Biology*, 2017, 95: 519-531.
- [25] JIAO J Q, LIU H Q, LIU J, CUI M M, XU J, MENG H W, LI Y H, CHEN S X, CHENG Z H. Identification and functional characterization of *APRR2* controlling green immature fruit color in cucumber (*Cucumis sativus* L.). *Plant Growth Regulation*, 2017, 83: 233-243.
- [26] LI Y H, WEN C L, WENG Y Q. Fine mapping of the pleiotropic locus *B* for black spine and orange mature fruit color in cucumber identifies a 50 kb region containing a R2R3-MYB transcription factor. *Theoretical and Applied Genetics*, 2013, 126(8): 2187-2196.
- [27] LI S, PAN Y P, WEN C L, LI Y H, LIU X F, ZHANG X L, BEHERA T K, XING G M, WENG Y Q. Integrated analysis in bi-parental and natural populations reveals *CsCLAVATA3* (*CsCLV3*) underlying carpel number variations in cucumber. *Theoretical and Applied Genetics*, 2016, 129(5): 1007-1022.
- [28] XIE Q, LIU P N, SHI L X, MIAO H, BO K L, WANG Y, GU X F, ZHANG S P. Combined fine mapping, genetic diversity and transcriptome profiling reveals that the auxin transporter gene *ns* plays an important role in cucumber fruit spine development. *Theoretical and Applied Genetics*, 2018, 131(6): 1-14.
- [29] MIAO H, ZHANG S P, WANG M, WANG Y, WENG Y Q, GU X F. Fine mapping of virescent leaf gene *v-1* in cucumber (*Cucumis sativus* L.). *International Journal of Molecular Sciences*, 2016(17): 1602.
- [30] SHEN J J, ZHANG Y Q, GE D F, WANG Z Y, SONG W Y, GUA R, CHE G, CHENG Z H, LIU R Y, ZHANG X L. *CsBRC1* inhibits axillary bud outgrowth by directly repressing the auxin efflux carrier *CsPIN3* in cucumber. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA*, 2019, 116(34): 17105-17114.
- [31] WEN C L, ZHAO W S, LIU W L, YANG L M, WANG Y H, LIU X W, XU Y, REN H Z, GUO Y D, LI C, LI J G, WENG Y Q, ZHANG X L. *CsTFL1* inhibits determinate growth and terminal flower formation through interaction with *CsNOT2a* in cucumber. *Development*, 2019, 146(14): dev180166.
- [32] HAN Y K, ZHAO F Y, GAO S, WANG X Y, WEI A M, CHEN Z G, LIU N, TONG X Q, FU X M, WEN C L, ZHANG Z X, WANG N G, DU S L. Fine mapping of a male sterility gene *ms-3* in a novel cucumber (*Cucumis sativus* L.) mutant. *Theoretical and Applied Genetics*, 2018, 131(2): 449-460.
- [33] PAN Y P, QU S P, BO K L, GAO M L, HAIDER K R, WENG Y Q. QTL mapping of domestication and diversifying selection related traits in round-fruited semi-wild Xishuangbanna cucumber (*Cucumis sativus* L. var. *xishuangbannensis*). *Theoretical and Applied Genetics*, 2017, 130: 1531-1548.
- [34] SHANG Y, MA Y S, ZHOU Y, ZHANG H M, DUAN L X, CHEN H M, ZENG J G, ZHOU Q, WANG S H, GU W H, LIU M, REN J W, GU X F, ZHANG S P, WANG Y, YASUKAWA K, BOUWMEESTER H J, QI X Q, ZHANG Z H, LUCAS W J, HUANG S W. Biosynthesis, regulation, and domestication of bitterness in cucumber. *Science*, 2014, 346: 1084-1088.
- [35] YANG S, CAI Y I, LIU X W, DONG M M, ZHANG Y Q, CHEN S Y, ZHANG W B, LI Y J, TANG M, ZHAI X L, WENG Y Q, REN H Z. A *CsMYB6-CsTRY* module regulates fruit trichome initiation in cucumber. *Journal of Experimental Botany*, 2018, 69(8): 1887-1902.
- [36] YANG S, WEN C L, LIU B, CAI Y L, XUE S D, BARTHOLOMEW E S, DONG M M, JIAN C, XU S, WANG T, QI W Z, PANG J N, MA D H, LIU X W, REN H Z. A *CsTu-TS1* regulatory module promotes fruit tubercle formation in cucumber. *Plant Biotechnology Journal*, 2019, 17(1): 289-301.
- [37] LIU X F, NING K, CHE G, YAN S S, HAN L J, GU R, LI Z, WENG Y Q, ZHANG X L. *CsSPL* functions as an adaptor between HD - ZIP III and *CsWUS* transcription factors regulating anther and ovule development in *Cucumis sativus* (cucumber). *The Plant Journal*, 2018, 94: 535-547.
- [38] ZHAO J Y, JIANG L, CHE G, PAN Y P, LI Y Q, HOU Y, ZHAO W S, ZHONG Y T, DING L, YAN S S, SUN C Z, LIU R Y, YAN L Y, WU T, LI X X, WENG Y Q, ZHANG X L. A functional allele of *CsFUL1* regulates fruit length through repressing *CsSUP* and inhibiting auxin transport in cucumber. *The Plant Cell*, 2019, 31(6): 1289-1307.
- [49] 蔡和序, 薄凯亮, 周琪, 苗晗, 董邵云, 顾兴芳, 张圣平. 黄瓜幼苗下胚轴长度 GWAS 分析及候选基因挖掘. 中国农业科学, 2020, 53(1): 122-132.
- CAI H X, BO K L, ZHOU Q, MIAO H, DONG S Y, GU X F, ZHANG S P. GWAS analysis of hypocotyl length and candidate gene mining in cucumber seedlings. *Scientia Agricultura Sinica*, 2020, 53(1): 122-132. (in Chinese)
- [40] 潘健, 温海帆, 何欢乐, 连红莉, 王刚, 潘俊松, 蔡润. 黄瓜 *ERF* 基因家族鉴定及其在雌花芽分化中的表达分析. 中国农业科学, 2020, 53(1): 122-132.

- 2020, 53(1): 133-147.
- PAN J, WEN H F, HE H L, LIAN H L, WANG G, PAN J S, CAI R. Genome-wide identification of cucumber ERF gene family and expression analysis in female bud differentiation. *Scientia Agricultura Sinica*, 2020, 53(1): 133-147. (in Chinese)
- [41] 宋维源, 侯钰, 赵剑宇, 刘小凤, 张小兰. 黄瓜 *CsRPL1/2* 的克隆及其功能分析. 中国农业科学, 2020, 53(1): 148-159.
- SONG W Y, HOU Y, ZHAO J Y, LIU X F, ZHANG X L. Cloning and functional analysis of *CsRPL1/2* in cucumber. *Scientia Agricultura Sinica*, 2020, 53(1): 148-159. (in Chinese)
- [42] 牛志红, 宋晓飞, 李晓丽, 郭晓雨, 何书强, 贺栾劲芝, 冯志红, 孙成振, 闫立英. 黄瓜单性结实性状遗传与 QTL 定位. 中国农业科学, 2020, 53(1): 160-171.
- NIU Z H, SONG X F, LI X L, GUO X Y, HE S Q, HE L J Z, FENG Z H, SUN C Z, YAN L Y. Inheritance and QTL mapping for parthenocarp in cucumber. *Scientia Agricultura Sinica*, 2020, 53(1): 160-171. (in Chinese)
- [43] 亓飞, 林姝, 宋蒙飞, 张孟茹, 陈姝延, 张乃心, 陈劲枫, 娄群峰. 黄瓜抗白粉病突变体筛选与鉴定. 中国农业科学, 2020, 53(1): 172-182.
- QI F, LIN S, SONG M F, ZHANG M R, CHEN S Y, ZHANG N X, CHEN J F, LOU Q F. Screening and identification of cucumber mutant resistant to powdery mildew. *Scientia Agricultura Sinica*, 2020, 53(1): 172-182. (in Chinese)
- (责任编辑 赵伶俐)