园　艺　学　报　2011，38（9）：1685 – 1692　　http: // www. ahs. ac. cn
Acta Horticulturae Sinica　　E-mail: yuanyixuebao@126.com

黄瓜无毛基因 *gl-2* 的遗传分析和定位

杨双娟[1]，苗　晗[1,*]，张圣平[1]，程周超[1]，周　健[1]，董邵云[1]，Todd C. Wehner[2]，顾兴芳[1,**]

（[1]中国农业科学院蔬菜花卉研究所，北京 100081；[2]美国北卡罗来纳州立大学园艺系，NC 27695，USA）

摘　要：以黄瓜（*Cucumis sativus* L.）有毛类型‘9110Gt’（P_1）和无毛突变体‘NCG-042’（P_2）为试材，对无毛基因 *gl-2* 进行遗传分析和基因定位研究。结果表明，黄瓜的有毛、无毛性状由一对核基因控制，有毛对无毛为显性。结合分离群体分组混合分析法（bulked segregant analysis，BSA），以 F_2 为作图群体，筛选得到 18 对与黄瓜无毛基因 *gl-2* 相关的 SSR 引物，构建了 *gl-2* 基因的 SSR 连锁群，并将该基因定位在黄瓜第 2 染色体上，两侧最近的连锁标记为 SSR10522 和 SSR13275，遗传距离分别为 0.6 cM 和 3.8 cM。经过回交群体验证，SSR10522 和 SSR13275 的正确率分别为 94.4%和 91.6%。

关键词：黄瓜；无毛基因 *gl-2*；遗传分析；基因定位；SSR

中图分类号：S 642.2　　**文献标识码**：A　　**文章编号**：0513-353X（2011）09-1685-08

Genetic Analysis and Mapping of *gl-2* Gene in Cucumber（*Cucumis sativus* L.）

YANG Shuang-juan[1]，MIAO Han[1,*]，ZHANG Sheng-ping[1]，CHENG Zhou-chao[1]，ZHOU Jian[1]，DONG Shao-yun[1]，Todd C. Wehner[2]，and GU Xing-fang[1,**]

（[1]*Institute of Vegetables and Flowers*，*Chinese Academy of Agricultural Sciences*，*Beijing* 100081，*China*；[2]*Department of Horticultural Science*，*North Carolina State University*，*Raleigh*，*NC* 27695-7609，*USA*）

Abstract：Genetic analysis and gene mapping were carried out on *gl-2* gene in cucumber（*Cucumis sativus* L.）using 9110Gt（with trichomes）and NCG-042（glabrous mutant）as experimental materials. The genetic analysis showed having trichomes or not is determined by a single nuclear gene，and the trait of having trichomes（*Gl-2*）is dominant to the glabrous（*gl-2*）in cucumber. Bulked segregant analysis（BSA）and simple sequence repeat（SSR）techonology were employed to mapping *gl-2* gene of cucmber in F_2 population. *gl-2* gene was mapped to a linkage group with 11 SSR makers，corresponding to chromosome 2 of cucumber. The flanking markers SSR10522 and SSR132751 were linked to the *gl-2* gene with genetic distances of 0.6 and 3.8 cM，respectively. The veracity of SSR10522 and SSR132751 was tested using BC_1P_2 population，and the accuracy rate for the two markers was 94.4% and 91.6%.

Key words：cucumber；*gl-2* gene；genetic analysis；gene mapping；SSR marker

收稿日期：2011 – 06 – 16；**修回日期**：2011 – 08 – 23

基金项目：国家现代农业产业技术体系专项资金资助项目（CARS-25）；农业部园艺作物生物学与种质创制重点实验室资助项目

* 共同第一作者

** 通信作者 Author for correspondence（E-mail：guxf@mail.caas.net.cn）

一般栽培黄瓜（*Cucumis sativus* L.）植株茎叶、卷须均覆短刚毛，手摸表面有扎手感觉，多数品种子房表面有瘤状突起，瘤上有刺。Robinson 和 Mishanec（1964）最早报道了通过辐射诱变产生的黄瓜无毛突变体，表现为茎、叶、卷须、花萼、子房均没有表皮毛，果实表面也没有果刺和果瘤，将该隐性突变基因命名为 glabrous（*gl*），其后 Whelan（1973）、曹辰兴和郭红芸（1999）也先后发现黄瓜无毛突变体。无毛黄瓜可以减少农药残留（王桂玲 等，2007），又可以增强对部分害虫的抗性（Day et al，1978；Ponti，1979；韩强和曹辰兴，2010），同时无毛性状非常适合作为形态标记（庞金安 等，2003）。因此加深对黄瓜无毛性状的研究，对黄瓜生产和育种都有重要的理论和实践意义。

目前国内外对黄瓜无毛突变体的研究大多局限在遗传分析、生理特性方面，对黄瓜表皮毛和果刺形成的基因定位研究报道相对较少。

研究证明，黄瓜的无毛性状由单隐性基因控制（曹辰兴 等，2001；马德华 等，2002），无毛基因对果瘤基因存在隐性上位作用，参与黄瓜果瘤的形成，即无毛黄瓜一定无果瘤（曹辰兴 等，2001）。

张弛等（2009）以曹辰兴和郭红芸（1999）发现的无毛突变体和普通有毛黄瓜为亲本，找到了两个与 *gl* 基因连锁的 SRAP 标记 ME6EM5 和 ME23OD15，均位于 *gl* 位点的同一侧，遗传距离分别为 3.6 cM 和 12.9 cM。关媛（2008）利用棉花和拟南芥 *TTG1* 基因对黄瓜进行同源克隆，得到一个黄瓜 *TTG1-like* 基因——*CsTTG1*，功能验证表明 *CsTTG1* 可以互补拟南芥 *ttg1* 突变体的表型，但是表达分析证明引起 *gl* 突变的基因不是黄瓜 *TTG1-like* 基因。至今未见与黄瓜无毛基因连锁的 SSR 锚定标记及将无毛基因定位于染色体的报道。

本试验中以黄瓜有毛野生类型‘9110Gt’（P_1）和无毛突变体‘NCG-042’（P_2）（含有叶片无毛基因 *gl-2*）为试材，通过对其后代 F_1、F_2、BC_1P_1 和 BC_1P_2 表型的鉴定，明确了无毛基因 *gl-2* 的遗传规律。以 F_2 群体为作图群体，寻找与 *gl-2* 基因紧密连锁的 SSR 标记并进行定位，在表型和分子水平比较了‘NCG-042’和曹辰兴和郭红芸（1999）发现的无毛突变体的异同，以期为黄瓜分子标记辅助育种，*gl-2* 基因的精细定位和克隆，表皮毛形成分子机理研究等提供理论支持。

1 材料与方法

1.1 材料

试验材料为‘9110Gt’（P_1）、‘NCG-042’（P_2）和曹辰兴和郭红芸（1999）发现的无毛黄瓜（代号为‘1945’）（图 1）。

‘9110Gt’植株表现为有毛的野生性状，果实表面有果刺。

‘NCG-042’属于美国加工类型，由美国北卡罗来纳州立大学园艺系 Todd C. Wehner 教授馈赠，含叶片无毛基因 *gl-2*（Inggamer & Ponti，1980），表现为果柄、花柄、花萼上有稀疏的绒毛，果实上有稀少的果瘤，但是茎、叶及叶柄光滑无毛。

‘1945’由山东农业大学曹辰兴老师馈赠，为无毛突变体，其茎表面、叶正反面、叶柄、卷须、花柄、花萼均无毛，有光泽，表面光滑。

1.2 试验设计及性状调查

试验于 2008 年在中国农业科学院蔬菜花卉研究所实验农场进行，以 9110Gt（P_1）和 NCG-042（P_2）为父母本进行杂交、自交、回交，获得 F_1、F_2 及 BC_1P_1、BC_1P_2 群体。2010 年秋季在中国农业科学院蔬菜花卉研究所实验大棚中种植 P_1、P_2 和 F_1 各 16 株，F_2 群体 173 株，BC_1P_1 和 BC_1P_2

群体各 143 株。株距 25 cm，行距 55 cm，按常规田间管理。

在四叶一心期和植株长至约 50 cm 高度时调查两亲本、F_1、F_2、BC_1P_1 和 BC_1P_2 群体各单株的茎、叶有无表皮毛，各调查 1 次；在开花结果期，两次调查各植株上商品瓜（开花后 7 ~ 10 d）的果刺有无。

图 1　3 份材料的果实

Fig. 1　Fruits of three materials

1.3　遗传分析

在种植的 F_1、F_2、BC_1 群体中，调查有毛、无毛的分离比，使用 Microsoft Excel 2003 软件进行数据统计分析，使用 SAS V8 对结果进行卡方测验。

1.4　基因定位

SSR 分析：采用改良的 CTAB 法提取两亲本、F_1、F_2 和 BC_1P_2 各单株基因组 DNA，引物使用黄瓜全基因测序开发的 2 112 对 SSR 引物（Ren et al.，2009）。SSR 反应体系 10 μL：3 μL DNA（2.5 $ng \cdot \mu L^{-1}$），正向、反向引物（50 $ng \cdot \mu L^{-1}$）各 1 μL，5 μL Promega 公司 Go Taq® Green Master mix。PCR 反应程序：94 ℃预变性 4 min；94 ℃变性 15 s，55 ℃退火 15 s，72 ℃延伸 30 s，34 个循环；72 ℃保温 5 min。扩增产物用 8.0%非变性聚丙烯酰胺凝胶，160 V 恒功率电泳分离 2 h，银染显色后在胶片观察灯下进行带型统计分析。

共显性标记的统计方法：与母本（9110Gt）一致的带型记为 a，与父本（NCG-042）一致的带型记为 b，杂合的带型记为 h，未扩增出的或模糊不清的记为 u。显性标记的统计方法：若母本为显性标记，则分离群体中和母本带型一致的单株记为 d，和父本带型一致的记为 b；若父本为显性标记，则分离群体中和母本带型一致的单株记为 a，和父本带型一致的记为 c。

连锁图构建及图谱比较：连锁图构建过程包括 3 步：（1）亲本间（9110Gt、NCG-042）多态性引物筛选；（2）根据 BSA 法，在 F_2 群体中选取有毛、无毛单株的 DNA 各 7 个构建有毛、无毛近等基因池，进一步筛选多态性引物；（3）利用获得的多态性引物对 F_2 群体各单株进行 SSR 分析。最后利用 JoinMap 4.0 软件（van Ooijen，2006）进行连锁分析。

使用的 SSR 标记与 Gy14 × PI183967 图谱（Ren et al.，2009）所用 SSR 标记全都来源于黄瓜全基因组序列（Huang et al.，2009；Ren et al.，2009）。因此，将这张图谱与本研究中获得的连锁群进

行比较，据此实现 *gl-2* 基因所在连锁群与染色体的对应。图谱比较使用 MapInspect 软件。

1.5 *gl-2* 基因双侧翼 SSR 标记的验证

为了进一步验证获得标记的可靠性，用与 *gl-2* 基因紧密连锁的两侧翼标记对 BC_1P_2 群体材料进行分析验证，以确定两个标记用于分子标记辅助选择的准确性。

1.6 黄瓜两种无毛突变体的比较

2011 年 1 月同期播种两无毛突变体 NCG-042 和 1945，田间管理、调查、DNA 提取等同上。通过对两种突变体苗期表型观察及利用与无毛基因 *gl-2* 连锁的 SSR 标记验证两种无毛突变体的异同，判断两无毛突变体是否由同一等位基因控制。

2 结果与分析

2.1 无毛基因 *gl-2* 的遗传规律

如表 1 所示，16 株 F_1 代植株的茎、叶片、叶柄、花萼、果实均被覆刚毛，叶片手摸有扎手感觉；F_2 群体中有毛植株 173 株，无毛植株 48 株，经卡平方测验符合 3 : 1 的分离比例；BC_1P_1 群体所有单株均被覆刚毛；BC_1P_2 群体中有毛植株 76 株，无毛植株 67 株，经卡平方测验符合 1 : 1 的分离比例。这表明黄瓜有毛、无毛性状由 1 对核基因控制，有毛（*GL-2*）对无毛（*gl-2*）为显性。

表 1 黄瓜亲本及其后代群体有毛、无毛植株分离情况

Table 1 *gl-2* segregation of parents and their progenys

群体 Population	总数 Total plant	有毛 Trichomes	无毛 Glabrous	期望比 Theoretical ratio	X^2 Chi-square	显著性 Significance	$X^2_{0.05}$
P_1（9110Gt）	16	16	-	-	-	-	-
P_2（NCG-042）	16	-	16	-	-	-	-
F_1	16	16	-	-	-	-	-
F_2	221	173	48	3 : 1	1.27	不显著 No significance	3.84
BC_1P_1（F_1 × 9110Gt）	143	143	-	-	-	-	-
BC_1P_2（F_1 × NCG-042）	143	76	67	1:1	0.57	不显著 No significance	3.84

2.2 亲本的 SSR 多态性分析

选用 2 112 对 SSR 引物对母本（9110Gt）和父本（NCG-042）进行筛选，其中 549 对引物在双亲间表现多态性，多态性频率为 26.0%。BSA 法建池进一步筛选，得到 18 个 SSR 多态性标记（表 2），其中 SSR20045、SSR13974、SSR19914、SSR18323、SSR22227 为显性标记，其余的为共显性标记。

2.3 无毛基因 *gl-2* 的定位

将获得的 18 个标记对 F_2 群体进行 SSR 分析，获得标记基因型，结合有毛、无毛表型结果，利用 Joinmap 4.0 绘制连锁图。结果表明，18 个多态性标记中有 11 个标记和 *gl-2* 被定位在同一连锁群上（*LOD* = 10）（图 2，A）。*gl-2* 基因位于标记 SSR10522 和 SSR13275 之间，遗传距离分别为 0.6 cM 和 3.8 cM（图 2，A）。将获得的连锁图（图 2，A）与黄瓜高密度遗传图谱（Ren et al.，2009）（图 2，B）比较，发现本连锁群与第 2 染色体上有 8 个共有标记，据此将 *gl-2* 基因定位在第 2 染色体上。

表 2 基因池筛选得到的引物

Table 2 Primers screened from gene pools

引物名称 Oligo name	上游引物 Forward primer	下游引物 Reverse primer
SSR02539	AAAAATGATCAGCTCGATGAAA	GCAAGCGCTTTCCAATCTAT
SSR20110	CAT CCC TAT TTC CCT GCG TA	GGT CTT GAC CGC TCT CTC CT
SSR12166	TGCCCTCATTTTTGGAACTC	CAAAAACTACAACTCATATTTGTGTCC
SSR19420	GCTAAACAGCAGTGTAACTTCTCAA	GGGTGCCGCTAATTTTCTTT
SSR20927	GGGCCCTCTCTTCATTTAATTT	TGATGTTAATAAAGCAAAGGGAAT
SSR13974	ATGGAGTGTCAAGCAAGCAA	ATTGGGATTAGCAGCTTCCC
SSR19855	TCTTGGCCTGCCATGAGTAT	ACAGTTGGTGTGGAAGAGGC
SSR19914	ATGGTCCACCAAACAAATGG	GCTGTACTTGGAATCACTTCCC
SSR18323	TTTTGCTATTTTTACAAGTACCCC	TTATATTCCTCACCCGTGCC
SSR22294	GATCCGTCGACGTTTACCAT	TGAATAGAAACTACAGTGGAAACAAAA
SSR17732	TTCTCAATTGGACTACGCCC	CCAAATCCGTTCCATTTTCA
SSR22227	ACGTGAGAGACACCCCTCC	TATCCCATGGGTATGGTGTG
SSR13275	CACCTTGTTTCGCACGAGTA	GGAAAGGGACCACAAATTCA
SSR10522	TTCCTTTTGTTTTTGGTATGGG	ATGTCTGCTTTGCTGGCTTT
SSR04870	TACATGCCCCCTTGAAGAAG	TTCTTGGAGGATTTGCAGAAA
SSR21734	TCCCTCAACGATTCGAGTTT	AAAAGCAAGAAGCAACCCAA
SSR21276	TCGATGATAAATCCATCACATTTT	CGCTCTTGCCTATCTTGCTT
SSR20045	TGCACATGTGTAAGGCTTTG	AGGGTGGAGGAATACATTGAA

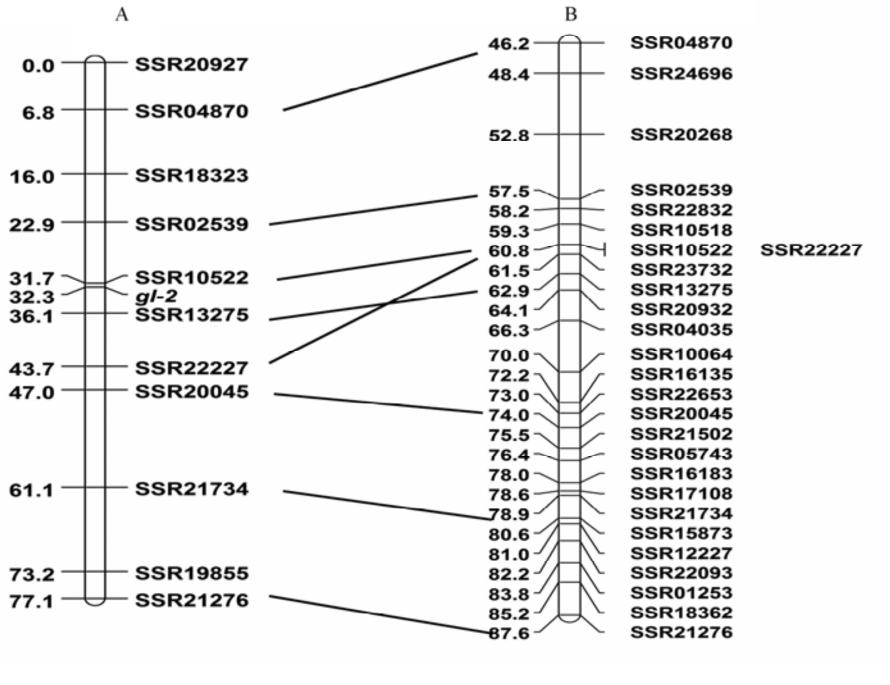

图 2 *gl-2* 基因在黄瓜第 2 染色体上的遗传定位

A：黄瓜 *gl-2* 基因连锁图；B：黄瓜第 2 染色体部分遗传图谱。

Fig. 2 Genetic mapping of *gl-2* gene in cucumber

A：Linkage of SSR markers to *gl-2* gene in cucumber；

B：Part genetic map of chromosome 2 in cucumber.

2.4　*gl-2* 基因双侧翼 SSR 标记的验证

用与 *gl-2* 基因紧密连锁的双侧翼标记 SSR10522 和 SSR13275 在 BC_1P_2 群体上进行验证：对于 SSR10522，有 71 个单株的带型与无毛亲本‘NCG-042’一致，其余 72 个单株的带型为杂合带型，经和所选材料的田间表现型相比，共有 8 个单株的带型反应的表型数据与田间调查结果不一致，经计算正确率为 94.4%；对于 SSR13275，有 71 个单株的带型与无毛亲本‘NCG-042’一致，其余 72 个单株的带型为杂合带型，共有 12 个单株的带型反应的表型数据与田间调查结果不一致，经计算正确率为 91.6%。

2.5　黄瓜两种无毛突变体的 SSR 分析

通过两种突变体苗期表型观察发现‘NCG-042’与‘1945’外观形态有所不同，‘NCG-042’在雄花花柄、花萼上有稀疏绒毛，茎、叶及叶柄光滑无毛，而‘1945’无论那个部位都完全光滑无毛。

用与 *gl-2* 基因紧密连锁的两侧翼标记 SSR10522 和 SSR13275 对‘9110Gt’、‘NCG-042’和‘1945’进行 SSR 分析，结果发现这两个标记在‘9110Gt’和‘NCG-042’扩增出的目的条带都具有多态性，SSR10522 在‘NCG-042’和‘1945’之间没有多态性，而 SSR13275 在‘NCG-042’和‘1945’之间具有多态性。

3　讨论

表皮毛（trichome）是大多数植物地上部分表皮组织所特有的一种结构，由表皮细胞发育而来，其形态多种多样，可以由单细胞构成，也可以由多个细胞构成；有的具有分支；有的则不具有分支；有的有腺体，有的则无腺体（Payne et al.，1999，2000；普莉　等，2003）。关媛（2008）在解剖镜下观察，发现普通黄瓜叶片的刚毛和果实表面的果刺形态一致，是多细胞无腺体表皮毛，由 4 ~ 9 个长形细胞组成，纵状排列成针状，基部细胞大，顶端细胞呈针状，细胞壁角质化，刚毛硬而脆。

表皮毛是研究植物细胞分化调控的一种非常有用的模式，其分子遗传控制机制在模式植物拟南芥和棉花中研究较多（普莉　等，2003；Wang et al.，2004；Humphries et al.，2005）。目前已经分离到拟南芥表皮毛突变体 70 多个，可归为无表皮毛、表皮毛簇生、表皮毛减少、表皮毛扭曲、分支不正常和玻璃状表皮毛等 6 种表型，涉及 21 个基因的参与（Hulskamp et al.，1994；Larkin et al.，1994）。在拟南芥中表皮细胞发育成表皮毛细胞的进程涉及由 3 个转录因子组成的复合物（*GL1-TTG1-GL3*）的正调控和 1 个抑制因子的负调控（Larkin et al.，2003）。

本研究中通过遗传分析得知，黄瓜无毛基因 *gl-2* 是由细胞核单基因控制的性状，无毛对有毛为隐性，所用的无毛突变体‘NCG-042’与‘1945’在表型上存在差异，‘NCG-042’在部分器官有稀疏绒毛，但是茎、叶及叶柄光滑无毛，而后者无论那个部位都完全光滑无毛；从表型上看，‘NCG042’与 Whelan（1973）发现的近似无毛（*glb*）的突变体（茎和叶柄光滑无毛，而叶身稍有茸毛）更为相近。用与黄瓜无毛基因 *gl-2* 紧密连锁的两侧翼标记 SSR10522 和 SSR13275 对‘NCG-042’无毛突变体和‘1945’进行 SSR 分析，SSR13275 在两个突变体之间产生差异性片段。故初步推断‘NCG-042’与曹辰兴和郭红芸（1999）发现的无毛突变体所含无毛基因由不同的等位基因控制。关于 *gl* 和 *gl-2* 是否为同一位点，仍需进一步做两个无毛突变体的杂交分离试验来加以证明。

本试验中筛选到了与 *gl-2* 基因紧密连锁的两个 SSR 标记，SSR10522 和 SSR13275，与 *gl-2* 的遗传距离分别为 0.6 cM 和 3.8 cM。经过在回交群体上的验证，SSR10522 和 SSR13275 两个标记的正确率分别为 94.4%和 91.6%。本研究有助于 *gl-2* 基因的精细定位和进一步的克隆，将加速无毛黄

瓜培育进程，为表皮毛形成机理研究提供理论支持。

References

Cao Chen-xing，Guo Hong-yun. 1999. Cucumber mutant-glabrous cucumber. China Vegetables，（4）：29. (in Chinese)

曹辰兴，郭红芸. 1999. 黄瓜突变新类型——无毛黄瓜. 中国蔬菜，（4）：29.

Cao Chen-xing，Zhang Song，Guo Hong-yun. 2001. The genetic relationship between glabrous foliage character and warty fruit of cucumber. Acta Horticulturae Sinica，28 (6)：565－566. (in Chinese)

曹辰兴，张　松，郭红芸. 2001. 黄瓜茎叶无毛性状与果实瘤刺性状的遗传关系. 园艺学报，28 (6)：565－566.

Cao Chen-xing，Zhang Song，Guo Hong-yun，Guo Yan-kui. 2002. Ultrustructure and photosynthetic characters of leaf chloroplast in glabrous cucumber. Acta Horticulturae Sinica，29 (2)：145－148. (in Chinese)

曹辰兴，张　松，郭红芸，郭延奎. 2002. 黄瓜无毛突变体叶片叶绿体超微结构与光合特性. 园艺学报，29 (2)：145－148.

Day A，Nugent P E，Robinson J F. 1978. Variation of pickleworm feeding and oviposition on muskmelon and cucumbers. HortScience，13 (3)：286－287.

Guan Yuan. 2008. Mapping and cloning of related gene for fruit spines formation in cucumber[Ph. D. Dissertation]. Shanghai：Shanghai Jiao Tong University. (in Chinese)

关　媛. 2008. 黄瓜果刺形成相关基因的定位与克隆［博士论文］. 上海：上海交通大学.

Han Qiang，Cao Chen-xing. 2010. Identification of aphid resistance of glabrous and normal cucumber seedlings. Shandong Agricultural Sciences，7：74－76. (in Chinese)

韩　强，曹辰兴. 2010. 无毛和有毛黄瓜幼苗抗蚜性鉴定. 山东农业科学，7：74－76.

Huang S W，Li R Q，Zhang Z H，Li L，Gu X F，Fan W，William J L，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，van der Vossen E 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，Katarzyna H U，Miao H，Cheng Z C，Zhang S P，Wu J，Yang Y H，Kang H X，Man L，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，Li Y G，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 Genetic，doi：10.1038/ng. 475：1－7.

Hulskamp M，Misera S，Jurgens G. 1994. Genetic dissection of trichome cell development in *Arabidopsis*. Cell，76：555－566.

Humphries J A，Walker A R，Timmis J N，Orford S J. 2005. Two WD-repeat genes from cotton are functional homologues of the *Arabidopsis thaliana TRANSPARENT TESTA GLABRA1*（*TTG1*）gene. Plant Molecular Biology，57：67－81.

Inggamer H，Ponti O M B de. 1980. The identity of genes for glabrousness in *Cucumis sativus* L. Cucurbit Genetics Cooperative Report，3：14.

Larkin J C，Brown M L，Schiefelbein J. 2003. How do cells know what they want to be when they grow up? Lessons from epidermal patterning in *Arabidopsis*. Annual Review of Plant Biology Annual Review of Plant Biology，54：403－430.

Larkin J C，Oppenheimer D G，Lloyd A M，Paparozzi E T，Marks M D. 1994. Roles of the *GLABROUS1* and *TRANSPARENT TESTA GLABRA* genes in *Arabidopsis* trichome development. Plant Cell，6：1065－1076.

Ma De-hua，Pang Jin-an，Wen Xiao-gang，Li Shu-ju，Huo Zhen-rong，Lin Shi-qing. 2002. Study on characteristic of glabrous cucmnber（*Cucumis sativus* L.）. Acta Horticulturae Sinica，29 (3)：282－284. (in Chinese)

马德华，庞金安，温晓刚，李淑菊，霍振荣，林世青. 2002. 黄瓜无毛突变体的生理特性研究. 园艺学报，29 (3)：282－284.

Pang Jin-an，Li Shu-ju，Huo Zhen-rong. 2003. Progress on study of morphology mark of cucumber. Tianjin Agricultural Sciences，9 (4)：28－31. (in Chinese)

庞金安，李淑菊，霍振荣. 2003. 黄瓜形态标记研究进展. 天津农业科学，9 (4)：28－31.

Payne C T，Zhang F，Lloyd A M. 2000. *GL3* encodes a bHLH protein that regulates trichome development in *Arabidopsis* through interaction with *GL1* and *TTG1*. Genetics，156：1349－1362.

Payne T，Clement J，Arnold D，Lloyd A. 1999. Heterologous myb genes distinct from *GL1* enhance trichome production when overexpressed in

Nicotiana tabacum. Development，126 (4)：671－682.

Ponti O M B de. 1979. Breeding glabrous cucumber varieties to improve the biological control of the glasshouse whitefly. Cucurbit Genetic Cooperative，2：5.

Pu Li，Suo Jin-feng，Xue Yong-biao. 2003. Molecular control of plant trichome development. Acta Genetic Sinica，30 (11)：1078－1084. (in Chinese)

普　莉，索金凤，薛勇彪. 2003. 植物表皮毛发育的分子遗传控制. 遗传学报，30 (11)：1078－1084.

Ren Yi，Zhang zhong-hua，Liu Jin-hua，Staub J E，Han Yong-hua，Cheng Zhou-chao，Li Xue-feng，Lu Jing-yuan，Miao Han，Kang Hou-xiang，Xie Bing-yan，Gu Xing-fang，Wang Xiao-wu，Du Yong-chen，Jin Wei-wei，Huang San-wen. 2009. An integrated genetic and cytogenetic map of the cucumber genome. PloS One，4 (6)：e5795.

Robinson R W，Mishanec W. 1964. A radiation-induced seedling marker gene for cucumbers. Vegetable Improvement Newsletter，6：2.

van Ooijen J W. 2006. Joinmap 4.0，Software for the calculation of genetic linkage maps in experimental populations. Kyazma B V，Wageningen，Netherlands.

Wang Gui-ling，Qin Zhi-wei，Zhou Xiu-yan，Zhao Zhi-yun. 2007. Genetic analysis and SSR markers of tuberculate trait in *Cucumis sativus*. Chinses Bulletin of Botany，24 (2)：168－172. (in Chinese)

王桂玲，秦智伟，周秀艳，赵思云. 2007. 黄瓜果瘤的遗传及 SSR 标记. 植物学通报，24 (2)：168－172.

Wang S，Wang J W，Yu N，Li C H，Li Y C，Luo B，Guo J Y，Wang L J，Chen X Y. 2004. Control of plant trichome development by a cotton fiber *MYB* gene. Plant Cell，16：2323－2334.

Whelan E D P. 1973. Inheritance and linkage relationship of two radiation-induced seedling mutants of cucumber. Canadian Journal of Genetics and Cytology，15 (3)：597－603.

Zhang Chi，Guan Yuan，He Huan-le，Cao Chen-xing，Cai Run，Pan Jun-song. 2009. First-pass mapping of *Gl* gene with srap markers in cucumber. Journal of Shanghai Jiaotong University：Agricultural Science，27 (4)：380－383. (in Chinese)

张　驰，关　媛，何欢乐，曹辰兴，蔡　润，潘俊松. 2009. 利用 SRAP 分子标记对黄瓜 *Gl* 基因的初步定位分析. 上海交通大学学报：农业科学版，27 (4)：380－383.

征 订

欢迎订阅 2012 年《特种经济动植物》

《特种经济动植物》(原名《国外特种经济动植物》）是由中华人民共和国农业部主管、中国农业科学院特产研究所主办的科技类期刊，为中国农业核心期刊。主编为中国农业科学院特产研究所所长、研究员、博士生导师杨福合。1982 年创刊，月刊，大 16 开，56 页。面向生产和用户，为科技兴农、振兴农村经济、农民科技致富服务，奉行科学、适用、及时的办刊方针，介绍特产农业、特色农业新技术、新成果、新品种、新经验、新信息，努力办成广大读者买得起、读得懂、用得上的好刊物，是您致富的好帮手。主要栏目：①特种经济动物　毛皮动物、野生动物、珍（野）禽、畜禽优良品种、特有水（海）产动物。②特种经济植物　经济植物、野生（名特）果树，药源、观赏、油料、饲料、蜜源、园林草坪、海（水）生、防风固沙（氮）等植物，高产作物、野生名特蔬菜、各地名产、牧草、食用菌等的栽培、加工、植物保护等。③信息荟萃　国内毛皮市场及世界毛皮拍卖会行情，全国十大中药材市场特种经济动、植物类中药材市场行情、发展前景及其权威预测等。刊号：CN 22-1155/S，邮发代号 12-183，每期定价 4.00 元，全年 48.00 元（含邮费）。全国各地邮局（所）均可订阅，也可随时从邮局汇款至编辑部订阅。

地址：吉林省吉林市左家镇鹿鸣大街 15 号　　邮编：132109

单位：中国农业科学院特产研究所《特种经济动植物》编辑部

联系人：包秀芳　　电话：（0432）66512069

E-mail: tzjjdzw@126.com