

# 黄瓜线粒体 DNA 指纹图谱的构建及其在杂交品种纯度鉴定中的应用

赵 宇, 沈 佳, 李 季, 张 璐, 娄群峰, 陈劲枫

(作物遗传与种质创新国家重点实验室·南京农业大学园艺学院 南京 210095)

**摘 要:** 为实现黄瓜杂交种子纯度的快速鉴定, 利用分子标记技术构建‘长春密刺’等 21 份黄瓜品种的线粒体 DNA 指纹图谱。结果表明: 从 69 对线粒体引物中, 共筛选出 13 对在 21 份黄瓜品种中呈现出多态性的引物。同时, 基于亲本材料的指纹图谱, 利用引物 mtSSR 4 对‘南水 3 号’商品种子进行检测, 分子标记鉴定纯度为 95.7%, 且真、假杂种编号与田间形态鉴定结果一致。黄瓜线粒体 DNA 指纹图谱的构建, 不仅能为‘南水 3 号’等杂交种的纯度检测工作提供新的技术指导, 还可为黄瓜品种的鉴定、遗传亲缘关系分析等提供一种新的方法。

**关键词:** 黄瓜; 纯度鉴定; 分子标记; 线粒体; 指纹图谱

## Construction of mitochondrial DNA fingerprinting on cucumber and its application in purity identification of hybrid varieties

ZHAO Yu, SHEN Jia, LI Ji, ZHANG Lu, LOU Qunfeng, CHEN Jinfeng

(State Key Laboratory of Crop Genetics and Germplasm Enhancement, College of Horticulture, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, Jiangsu, China)

**Abstract:** For the purpose of cucumber hybrid seed identification rapidly, molecular markers technology was used to establish mitochondrion DNA fingerprinting for 21 cucumber accessions included ‘Changchun Mici’. The results showed that out of the 69 pairs of primers, 13 pairs exhibited polymorphism among the 21 cucumber accessions were screened. Additional, using primer mtSSR 4 for purity identification of ‘Nanshui 3’, the result indicated that the purity was 95.7%, which were consistent with testing results in the field. The constructed mitochondrion DNA fingerprinting of the cucumber variety would not only provide a new technical guidance for the purity identification of the hybrid such as ‘Nanshui 3’, but also provide a new method for the identification and genetic relationship analysis of cucumber varieties.

**Key words:** Cucumber; Purity identification; Molecular markers; Mitochondrial; DNA fingerprinting

DOI:10.16861/j.cnki.zggc.2017.0044

DNA 指纹图谱是指某一品种具有的不同于其他品种的特异 DNA 片段, 其表现方式为一列电泳图谱的差异, 是鉴别不同品种和品系以及子代与亲本遗传相关方面的有力工具<sup>[1]</sup>。随着各种 DNA 分子标记的出现, 已经构建了部分作物的 RFLP 指纹图谱<sup>[2]</sup>、RAPD 指纹图谱<sup>[3]</sup>、AFLP 指纹图谱<sup>[4]</sup>、SSR 指纹图谱<sup>[5-6]</sup>、ISSR 指纹图谱<sup>[7-8]</sup>、SRAP 指纹图谱<sup>[9-10]</sup>和 SNP 指纹图谱<sup>[11]</sup>等。RFLP 技术具有共显性, 但是检测时间长; RAPD 技术成本低, 但是不能鉴定杂合子; AFLP 技术多态性丰富、结果稳定可重复, 但是该技术已经申请专利, 在应用中具有局限性; SSR

技术与 AFLP 技术相比, 多态性更强, 但是微卫星标记的开发具有一定困难; ISSR 技术稳定性和多态性都很好, 但一般为显性标记, 不能鉴定杂合子; SRAP 技术可显示大量的共显性标记; SNP 技术可以快速地基因型分型。

根据已有报道, 黄瓜线粒体 DNA 表现为严格的父系遗传<sup>[12-13]</sup>, 并且黄瓜线粒体基因组巨大, 达到了 1 685 kb, 且短的分散重复序列占黄瓜线粒体基因组的 13%<sup>[14]</sup>, 这都为线粒体标记的开发和应用奠定了基础。线粒体 DNA 指纹图谱是根据不同品种间线粒体 DNA 多态性构建的, 对于品种鉴定、遗传

**收稿日期:** 2016-11-17; **修回日期:** 2017-02-03

**基金项目:** 国家自然科学基金面上项目“CsWHY2 基因调控黄瓜线粒体父系遗传的作用和机制研究”(31572134); 公益性行业(农业)科研专项“长三角地区设施蔬菜高产高效关键技术与示范”(201403032); 江苏省农业科技自主创新资金[CX(15)1019]; 国家重点研发计划(2016YFD0100204-25); “十二五”国家科技支撑计划(2013BAD01B04-10)

**作者简介:** 赵 宇, 女, 在读硕士研究生, 研究方向为蔬菜遗传育种与生物技术。Tel: 025-84396279; E-mail: 981225346@qq.com

**通信作者:** 陈劲枫, 男, 教授, 博导, 研究方向为蔬菜遗传育种与生物技术。Tel: 025-84396279; E-mail: jfchen@njau.edu.cn

多样性研究、种子纯度分析、遗传亲缘关系分析等具有同样重要的意义。尤其对于线粒体父系遗传物种而言,它能快速检测杂交种子纯度,追踪花粉污染源。

随着黄瓜良种培育工作的迅速开展,市场上出现了许多同名异物和同物异名现象,品种混乱问题给黄瓜生产造成了很大损失。分子标记技术的迅猛发展为品种鉴定开辟了一种新的途径<sup>[15]</sup>。DNA指纹鉴定技术,以分子标记为基础,在实际操作过程中具有快速准确、易于自动化的优点,通过构建品种DNA指纹图谱实现品种快速鉴定,已成为未来的发展趋势。基于黄瓜核基因组的双亲遗传特性,RAPD<sup>[16-17]</sup>、SSR<sup>[18-19]</sup>、SRAP<sup>[20]</sup>等分子标记构建的部分黄瓜品种的指纹图谱已有报道。但是由于黄瓜育种材料遗传基础较为狭窄,新育成的品种间遗传差异越来越小,这就需要更多方法来有效鉴定一些性状差异小的品种。

笔者首次报道了基于黄瓜线粒体基因组父系遗传特性构建的黄瓜线粒体DNA指纹图谱,并以‘长春密刺’等21份黄瓜品种为材料,利用黄瓜线粒体基因组开发的标记构建了21份黄瓜品种的线粒体DNA指纹图谱,为黄瓜品种特异性、真实性、纯度鉴定、遗传亲缘关系分析等提供了重要的参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

以南京农业大学园艺学院黄瓜课题组保存的21份黄瓜种质为试验材料(表1),2015年春季定植

表1 21份黄瓜种质材料

| 编号 | 材料名称              | 生态类型  |
|----|-------------------|-------|
| 1  | 长春密刺              | 华北型   |
| 2  | P01               | 华北型   |
| 3  | 朝优3号              | 华北型   |
| 4  | 平望(G)             | 华南型   |
| 5  | L8                | 华南型   |
| 6  | 二早子               | 华南型   |
| 7  | Amir              | 欧洲温室型 |
| 8  | 8419s             | 欧洲温室型 |
| 9  | 欧美佳               | 欧洲温室型 |
| 10 | 树春美雅              | 欧洲温室型 |
| 11 | EC5               | 欧洲温室型 |
| 12 | 407 Beit Alpha    | 加工型   |
| 13 | JC1               | 加工型   |
| 14 | JC3               | 加工型   |
| 15 | Boothbys Blonde   | 加工型   |
| 16 | Homenmade Pickles | 加工型   |
| 17 | 宁佳7号              | 加工型   |
| 18 | 翠玉八号              | 华北型   |
| 19 | Hardwickii        | 野生型   |
| 20 | 13560F            | 欧洲温室型 |
| 21 | 13479F            | 欧洲温室型 |

于南京农业大学江浦实验基地。

### 1.2 黄瓜基因组DNA提取及检测

取苗期新鲜幼嫩叶片,采用改良CTAB法提取DNA,用1%( $\omega$ )的琼脂糖凝胶电泳检测DNA质量,-20℃冰箱保存备用。

### 1.3 黄瓜线粒体引物多态性筛选

试验所用引物为南京农业大学园艺学院黄瓜课题组开发的69对线粒体引物,对21份黄瓜品种进行扩增分析,从中选取稳定扩增且具有多态性的用于构建线粒体DNA指纹图谱。

以‘长春密刺’等21份黄瓜品种的基因组DNA为模板,PCR反应体系为:2×Mix 12  $\mu$ L,灭菌ddH<sub>2</sub>O 9  $\mu$ L,正反向10  $\mu$ mol·L<sup>-1</sup>引物各1  $\mu$ L,模板50 ng· $\mu$ L<sup>-1</sup> DNA 1  $\mu$ L,总体积24  $\mu$ L,扩增程序优化后确定为:94℃预变性2 min,94℃变性20 s,68℃退火1 min,72℃延伸30 s,共6个循环,94℃变性20 s,58℃退火1 min,72℃延伸30 s,共9个循环,94℃变性20 s,50℃退火30 s,72℃延伸30 s,共13个循环,72℃延伸5 min,4℃保存;PCR扩增结束后采用8%( $\omega$ )聚丙烯酰胺凝胶,180 V电泳3 h后检测PCR扩增产物,银染显色后记录数据,拍照采集电泳图像。

### 1.4 数据分析

根据PCR扩增产物的电泳结果,在凝胶的某个相同迁移率位置上,有清晰条带记为1,无条带记为0,模糊不清的条带不予统计,依据分子质量从小到大的顺序进行统计。应用NTSYS-pc软件生成聚类图。

### 1.5 杂种1代群体验证

‘南水3号’是以‘13479 F’为母本和‘13560 F’为父本杂交获得的杂种1代。从2014年秋季南京农业大学黄瓜课题组生产的‘南水3号’商品种子中随机取70粒,父母本各取1粒,于2015年春季定植于南京农业大学江浦实验基地。分别提取黄瓜基因组DNA,利用在亲本中具有多态性的1对线粒体引物进行种子纯度鉴定,3次重复。将分子鉴定结果与田间形态鉴定结果进行比较,验证2种方法的一致性。

## 2 结果与分析

### 2.1 线粒体引物扩增分析

从69对线粒体引物中筛选出13对带型清晰、多态性较好的引物用于分析21份黄瓜品种的多态性。13对引物都位于黄瓜线粒体第1条环上,每对

引物可以检测到 1~3 个数目不同的多态性片段,共 26 个多态性片段,扩增产物片段在 100~400 bp 之间,引物数据见表 2。mtSSR5、mtSSR10、mtSSR52、mtindels87 可以扩增出 3 种多态性片段,mtSSR4、mtSSR46、mtSSR63、mtindels73、mtindels79 可以扩增

出 2 种多态性片段,mtSSR40、mtindels81、mtindels82、mtindels83 可以扩增出 1 种多态性片段。通过上述结果可以看出,黄瓜线粒体基因组具有较高的多态性。

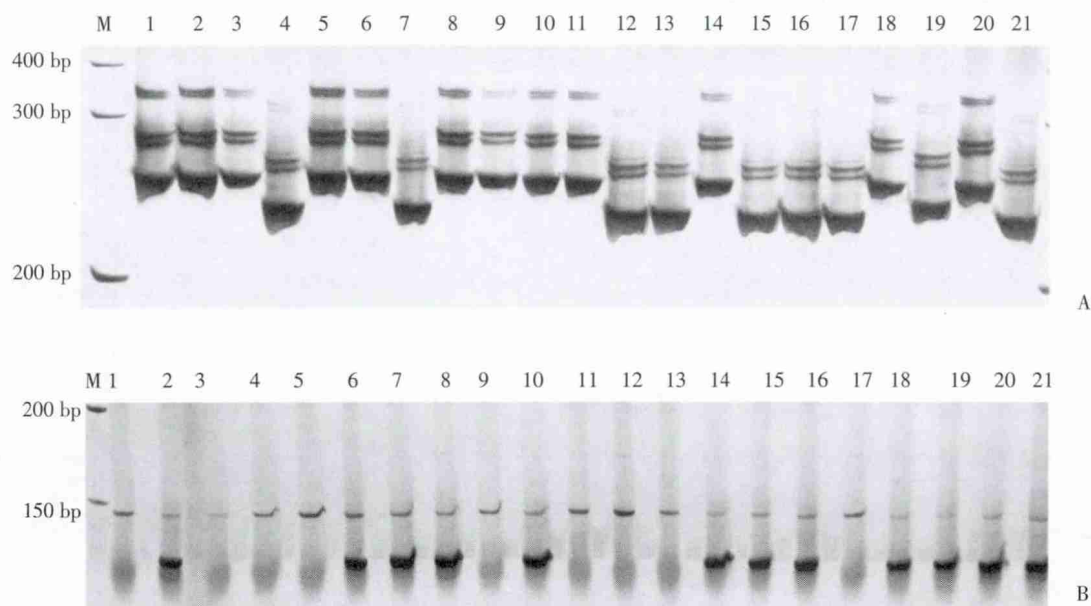
表 2 线粒体基因组多态性引物及其序列

| 引物名称       | 上游引物序列(5'-3')           | 下游引物序列(5'-3')            | 片段大小/bp | 多态性片段数目 |
|------------|-------------------------|--------------------------|---------|---------|
| mtSSR4     | GTCTCAGTGCCTGGTCTGT     | ACCCTTACAAGGCGGAGAC      | 100~150 | 2       |
| mtSSR5     | GGACATGTAGCGCGAAGA      | ACGGGAGGACGGGAAGAA       | 150~200 | 3       |
| mtSSR10    | GCGTCTTGCCCAATTC        | ATGGACAGGTGACGGGA        | 200~300 | 3       |
| mtSSR40    | CCCTCCGTCTGAAATCTAGCA   | ATCCCCAGTAGTCCGGC        | 200~300 | 1       |
| mtSSR46    | AGGCCCAAAACCTAGCAAAA    | ACCCCTCCCGCTCTTCAT       | 200~300 | 2       |
| mtSSR52    | AACGGAGGAGCGGAAACC      | AGGCCCAAAACCTAGCATTTT    | 200~300 | 3       |
| mtSSR63    | TCTTTGCGCCTTCGGACC      | CCCTATGGGCAAAACCTAGCA    | 150~300 | 2       |
| mtindels73 | GAGTGCTCCGTCTCTCTAA     | TGATTTCTTGCTACTTCCCTATGG | 200~300 | 2       |
| mtindels79 | GGGAGCAAGGAAAGAAAGGAAA  | AGGACCTCCAATTATCCGAAGA   | 100~200 | 2       |
| mtindels81 | CGAGCAGAAAGAAGAAAGAAGAG | CGGACTATCCATATTAACCTGTC  | 100~150 | 1       |
| mtindels82 | TCCGAAGGACAGACAGGTTAA   | CGCACCATCCACTCATCAAG     | 150~200 | 1       |
| mtindels83 | AAGAGGACAAGACAAGACACAGA | CGCCTGCCACTTTCAATATACC   | 200~300 | 1       |
| mtindels87 | GGGTGGGTTATTTTCGGGTTTA  | GGTTAATTACGGATGGTCCTACG  | 300~500 | 3       |

## 2.2 指纹图谱构建

采用以上 13 对引物对 21 份黄瓜材料进行指纹图谱分析,发现每对引物都只能将 21 份黄瓜材料分为若干个组,没有任何一对引物能将 21 份黄

瓜材料完全区分。例如,21 份黄瓜材料,可被引物 mtSSR10 分成 3 组(图 1-A),可被引物 mtindels81 分成 2 组(图 1-B)。因此,需要对引物进行组合才能完全鉴定 21 份黄瓜材料。



[注] M:Marker;1:‘长春密刺’;2:‘P01’;3:‘朝优3号’;4:‘平望(G)’;5:‘L8’;6:‘二早子’;7:‘Amir’;8:‘8419s’;9:‘欧美佳’;10:‘树春美雅’;11:‘EC5’;12:‘407 Beit Alpha’;13:‘JC1’;14:‘JC3’;15:‘Boothbyls Blonde’;16:‘Homenmade Pickles’;17:‘宁佳7号’;18:‘翠玉八号’;19:‘Hardwickii’;20:‘13560F’;21:‘13479F’

图 1 mtSSR10(A)和 mtindels81(B)对 21 份黄瓜品种资源的扩增结果

以1代表扩增出某个多态性DNA带,0代表未扩增出某个多态性DNA带,对扩增片段从小到大进行转换,将这些图谱转换为由1和0组成的字串。根据上述13对线粒体多态性引物的0、1统计结果,构建了21份黄瓜品种线粒体DNA数字化指纹图谱(表3),通过不同的字串排列顺序,鉴定出不同黄瓜品种。

表3 21份黄瓜品种线粒体DNA数字化指纹图谱

| 编号 | 材料名称              | mtSSR4-mtSSR5-mtSSR10-mtSSR40-mtSSR46-mtSSR52-mtSSR63-mtindels73-mtindels79-mtindels81-mtindels82-mtindels83-mtindels87 |
|----|-------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| 1  | 长春密刺              | 01010001110010100010000101                                                                                              |
| 2  | P01               | 01010001110010100010110101                                                                                              |
| 3  | 朝优3号              | 01110001010010100010000101                                                                                              |
| 4  | 平望(G)             | 01010100100001100010000101                                                                                              |
| 5  | L8                | 01010001010010100010000001                                                                                              |
| 6  | 二早子               | 01010001110010100010111101                                                                                              |
| 7  | Amir              | 10110100100100000010111010                                                                                              |
| 8  | 8419s             | 01010001110010100010111001                                                                                              |
| 9  | 欧美佳               | 01110001110010100010000001                                                                                              |
| 10 | 树春美雅              | 01110001110011100010111101                                                                                              |
| 11 | EC5               | 01010001110010100010001101                                                                                              |
| 12 | 407 Beit Alpha    | 01010100110100110001000001                                                                                              |
| 13 | JC1               | 01010100110100100001010101                                                                                              |
| 14 | JC3               | 01110001110010100010111001                                                                                              |
| 15 | Boothbys Blonde   | 1011010000000101010111010                                                                                               |
| 16 | Homenmade Pickles | 01010100110100110001101001                                                                                              |
| 17 | 宁佳7号              | 01010100110100110001010101                                                                                              |
| 18 | 翠玉八号              | 01110001110010100110110101                                                                                              |
| 19 | Hardwickii        | 10011010001010000001101000                                                                                              |
| 20 | 13560F            | 01110001110010100010111101                                                                                              |
| 21 | 13479F            | 10110100000001000010101010                                                                                              |

## 2.3 聚类分析

通过UPGMA聚类分析,得到21份黄瓜品种的遗传关系树状图(图2)。以遗传相似系数0.71为标准,可将21份黄瓜品种分为4个类群:A、B、C、D类。A类包括‘长春密刺’‘EC5’‘朝优3号’‘L8’‘欧美佳’‘P01’‘二早子’‘8419s’‘JC3’‘树春美雅’‘13560F’‘翠玉八号’;B类包括‘平望(G)’‘JC1’‘宁佳7号’‘407 Beit Alpha’‘Homenmade Pickles’;C类包括‘Amir’‘Boothbys Blonde’‘13479F’;D类只有‘Hardwickii’。通过上述结果可以看出,华北型黄瓜集中在A类,华南型和欧洲温室型黄瓜也主要集中在A类,加工型黄瓜主要集中在B类,野生型‘Hardwickii’亲缘关系远,单独聚为D类。聚类结果说明黄瓜品种的亲缘关系与地域分布有较为明显的关系,同一栽培区域育成的品种在不同程度上聚在一起。

## 2.4 杂交种纯度鉴定

2.4.1 分子标记鉴定结果 ‘南水3号’种子中的假种子主要是母本自交种。很明显,引物mtSSR4对黄瓜杂交种F<sub>1</sub>及其亲本能利用黄瓜线粒体父系遗传特性(F<sub>1</sub>的条带与父本的是一致的)进行有效区分(图3)。扩增电泳结果显示:67粒种子条带与父本一致为真杂种,3粒种子条带与母本一致(泳道17、32、52)即母本自交种,为假杂交种,种子纯度为95.7%。

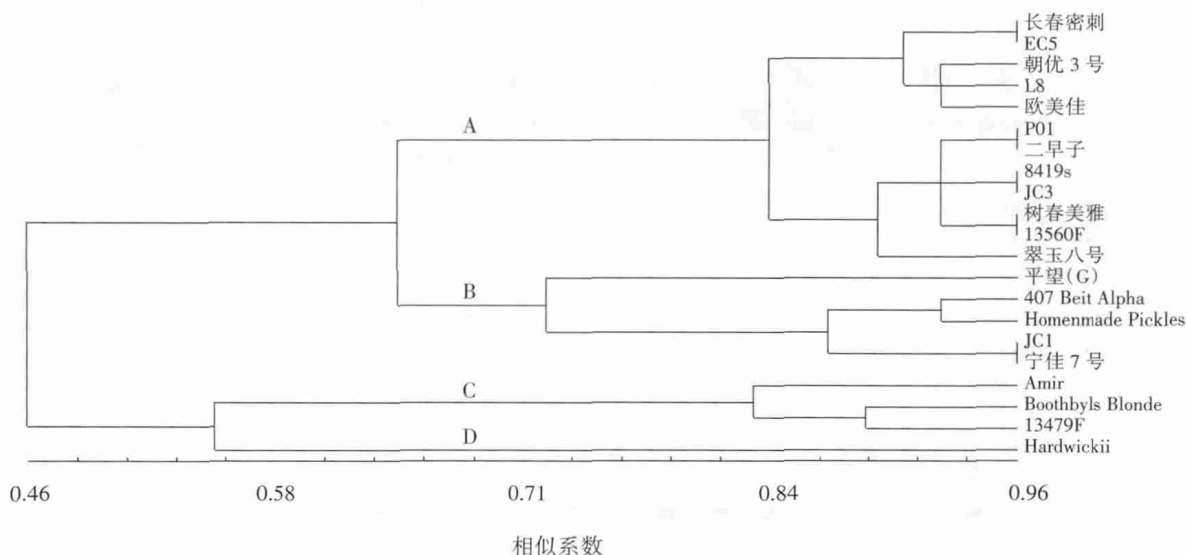
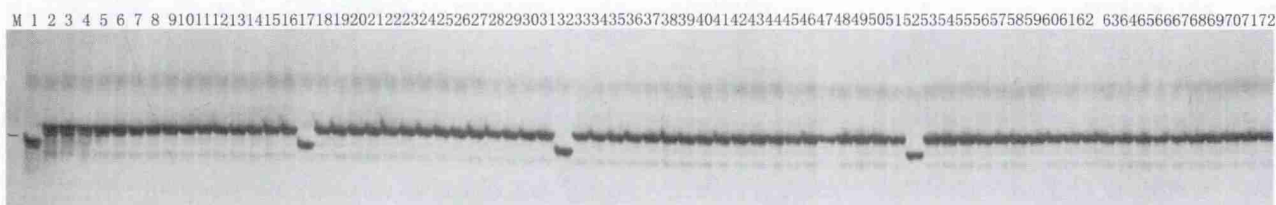


图2 21份黄瓜品种的聚类结果

2.4.2 田间鉴定结果 ‘南水3号’植株高,瓜条形状为长棒状;‘13479 F’植株高度中等,瓜条形状为圆筒形,在田间易于区分(图4)。经过田间统计发

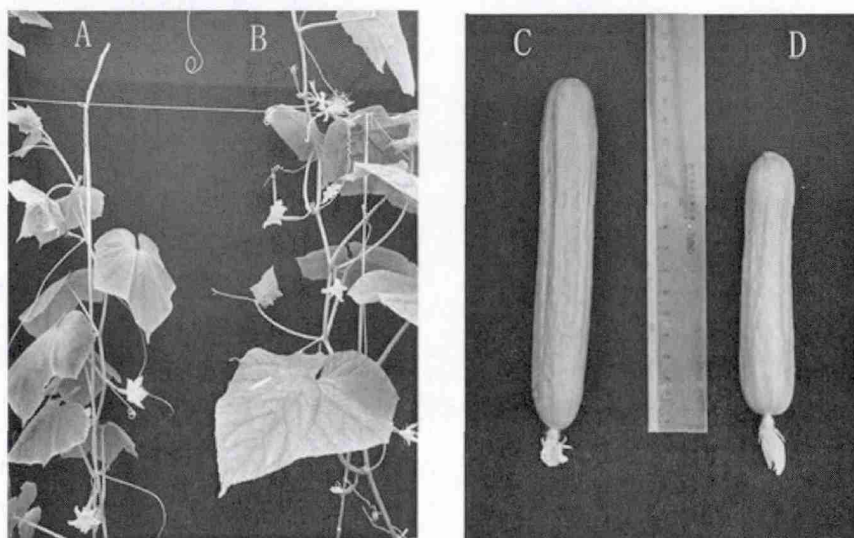
现,F<sub>1</sub>代植株性状多数表现一致。70株黄瓜,67株为‘南水3号’,3株为‘13479 F’(编号为17、32、52),纯度为95.7%,与分子标记鉴定结果一致,说明





[注] M:100 bp Marker;1:‘13479F’;2:‘13560F’;3~72:‘南水3号’。

图3 mtSSR4对‘南水3号’的纯度检测



[注] A:‘13479F’植株高度;B:‘南水3号’植株高度;C:‘南水3号’果实性状;D:‘13479F’果实性状。

图4 ‘13479F’和‘南水3号’性状比较

可以利用线粒体基因组开发出来的分子标记检测黄瓜杂交种子纯度。

### 3 讨论与结论

目前,利用线粒体基因组开发的标记已经构建了部分水稻<sup>[21]</sup>、高粱<sup>[22]</sup>、大豆<sup>[23]</sup>等作物的指纹图谱。高等植物线粒体DNA存在多种遗传方式,有双亲、母系和父系遗传<sup>[24]</sup>,其中大多数为母系遗传。黄瓜线粒体DNA为父系遗传,基因组序列大小为1 685 kb,并且基因组中含有约605 kb的重复DNA序列<sup>[25-26]</sup>。本研究利用黄瓜线粒体基因组标记探索了黄瓜线粒体DNA的多态性,利用黄瓜线粒体DNA父系遗传特性,首次构建了‘长春密刺’等21份黄瓜品种的线粒体DNA指纹图谱,为黄瓜品种鉴别、品种资源评价与保存、种子纯度鉴定、遗传亲缘关系分析等研究提供了一种新的方法。

‘翠玉八号’和‘Boothblys Blonde’在引物mtindels73中具有特征谱带;‘Hardwickii’分别在引物mtSSR5、mtSSR10、mtSSR46中具有特征谱带。在进行DNA指纹检测的过程中,仅采用1个特征引物

即可鉴别出相对应的黄瓜品种,简单方便。然而,就本研究而言,只有‘翠玉八号’‘Boothblys Blonde’和‘Hardwickii’具有特征引物,鉴别能力有限。本研究的21份黄瓜品种,需要13对线粒体引物进行组合鉴别,然而随着黄瓜品种数量的增加,这13个引物组合的鉴别效果可能会逐渐减弱,可根据具体检测情况适当增加线粒体引物。

目前市场上广泛存在黄瓜杂交1代品种,然而人工制种的种子质量难以控制,容易出现伪劣种子。杂交种纯度低不仅会使品种推广年限变短,还会导致产量降低,影响农民收益。因此,黄瓜杂交种品种纯度的鉴定是一项很重要的任务。试验结果表明可利用本研究构建的黄瓜线粒体指纹图谱进行黄瓜杂交1代种子纯度的快速鉴定,这与李海梅等<sup>[27]</sup>利用线粒体基因组开发的4对SSR标记进行种子纯度鉴定的结果一致。与核基因组指纹图谱相比,基于黄瓜线粒体基因组父系遗传特性构建的指纹图谱,F<sub>1</sub>种子纯度仅需检测父本条带即可。根据已有报道,黄瓜线粒体DNA表现为严格的父系遗传<sup>[12-13]</sup>,未出现母系渗漏现象。因此,本文利用引

物 mtSSR4 对‘南水 3 号’的 70 粒商品种子进行检测,该标记的准确率达到 100%。扩大样本容量后,理论上准确率仍能达到 100%。但在实际操作过程中,由于试验误差等原因,准确率可能会降低。笔者利用 13 对线粒体基因组开发的引物构建了 21 份黄瓜品种的线粒体 DNA 指纹图谱,利用在亲本中具有多态性的引物 mtSSR4 对杂交种‘南水 3 号’进行快速的纯度检测,检测结果与田间形态学鉴定结果一致,说明利用黄瓜线粒体指纹图谱进行黄瓜杂交 1 代种子纯度快速鉴定的可靠性强、准确率高。它不仅能为种子纯度鉴定提供技术支持,还可以为黄瓜新品种审定和保护提供重要依据。

### 参考文献

- [1] KOPP R F, SMART L B, MAYNARD C A, et al. Predicting within-family variability in juvenile height growth of *Salix* based upon similarity among parental AFLP fingerprint[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2002, 105(1): 106-112.
- [2] APUYA N R, FRAZIER B L, KEIM P, et al. Restriction fragment length polymorphisms as genetic markers in soybean, *Glycine max* (L.) Merrill.[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 1988, 75(6): 889-901.
- [3] MULTANI D S, LYON B R. Genetic fingerprinting of Australian cotton cultivars with RAPD markers[J]. *Genome*, 1995, 38(5): 1005-1008.
- [4] 田清震, 盖钧镒, 喻德跃, 等. 我国野生大豆与栽培大豆 AFLP 指纹图谱研究[J]. *中国农业科学*, 2001, 34(5): 465-468.
- [5] GAO P, MA H, LUAN F, et al. DNA fingerprinting of Chinese melon provides evidentiary support of seed quality appraisal[J]. *Plos One*, 2012, 7(12): e52431.
- [6] YU H F, WANG J S, ZHAO Z Q, et al. DNA fingerprinting and genetic purity testing of a new broccoli hybrid using SSR markers[J]. *Seed Science & Technology*, 2013, 41(5): 464-468.
- [7] PREVOST A, WILKINSON M J. A new system of comparing PCR primers applied to ISSR fingerprinting of potato cultivars[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 1999, 98(1): 107-112.
- [8] 葛亚英, 张飞, 沈晓岚, 等. 丽穗凤梨 ISSR 遗传多样性分析与指纹图谱构建[J]. *中国农业科学*, 2012, 45(4): 726-733.
- [9] QIAO L X, LIU H Y, GUO B T, et al. Molecular identification of 16 porphyra lines using sequence-related amplified polymorphism markers[J]. *Aquatic Botany*, 2007, 87(3): 203-208.
- [10] 徐宗大, 赵兰勇, 张玲, 等. 玫瑰 SRAP 遗传多样性分析与品种指纹图谱构建[J]. *中国农业科学*, 2011, 44(8): 1662-1669.
- [11] YOON M S, SONG Q J, CHOI I Y, et al. BARCSoy SNP23: A panel of 23 selected SNPs for soybean cultivar identification[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2007, 114(5): 885-899.
- [12] HAVEY M J, MCCREIGHT J D, RHODES B, et al. Differential transmission of the *Cucumis* organellar genomes[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 1998, 97(1): 122-128.
- [13] SHEN J, KERE M G, CHEN J F. Mitochondrial genome is paternally inherited in *Cucumis* allotetraploid (*C. ×hytivus*) derived by interspecific hybridization[J]. *Scientia Horticulturae*, 2013, 155: 39-42.
- [14] ALVERSON A J, RICE D W, DICKINSON S, et al. Origins and recombination of the bacterial-sized multichromosomal mitochondrial genome of cucumber[J]. *The Plant Cell*, 2011, 23(7): 2499-2513.
- [15] NAITO Y, SUZUKI S, IWATA Y, et al. Genetic diversity and relationship analysis of peanut germplasm using SSR markers[J]. *Breeding Science*, 2008, 58(3): 293-300.
- [16] 耿红, 娄群峰, 余纪柱, 等. 黄瓜育成品种‘春玉’RAPD 指纹图谱分析[J]. *西北植物学报*, 2005, 25(5): 876-880.
- [17] 刘丽娟, 钱春桃, 陈劲枫, 等. 黄瓜品种 RAPD 指纹图谱的构建及遗传相似性分析[J]. *江苏农业学报*, 2009, 25(4): 824-828.
- [18] 苗晗, 张圣平, 顾兴芳, 等. 中国黄瓜主栽品种 SSR 遗传多样性分析及指纹图谱构建[J]. *植物遗传资源学报*, 2014, 15(2): 333-341.
- [19] 杨宏, 刘小俊, 梁根云, 等. 黄瓜品种‘川绿 2 号’SSR 指纹图谱的构建和纯度鉴定[J]. *西南农业学报*, 2016, 29(2): 374-378.
- [20] 李丽, 郑晓鹰, 柳李旺. 用 SRAP 标记分析黄瓜品种遗传多样性及鉴定品种[J]. *分子植物育种*, 2006, 4(5): 702-708.
- [21] 许仁林, 国伟, 汪训明, 等. 杂交水稻及其‘三系’线粒体 DNA 的 AP-PCR 指纹图谱[J]. *植物学报*, 1994, 36(1): 1-6, 80.
- [22] 张东旭, 李润植. 高粱 CMS 材料线粒体基因组 DNA 指纹研究[J]. *上海交通大学学报(农业科学版)*, 2002, 20(3): 173-177.
- [23] 唐月昇. 大豆不育系及保持系线粒体 DNA 指纹图谱的构建[D]. 长春: 吉林农业大学, 2006.
- [24] NAGATA N. Mechanisms for independent cytoplasmic inheritance of mitochondria and plastids in angiosperms[J]. *Journal Plant Research*, 2010, 123(2): 193-199.
- [25] LILLY J W, HAVEY M J. Small, repetitive DNAs contribute significantly to the expanded mitochondrial genome of cucumber[J]. *Genetics*, 2001, 159(1): 317-328.
- [26] 朱强龙, 朱子成, 王鹏飞, 等. 葫芦科作物线粒体和叶绿体基因组研究进展[J]. *中国瓜菜*, 2016, 29(8): 1-8.
- [27] 李海梅, 沈佳, 赵娟, 等. 黄瓜线粒体基因组 SSR 标记开发及其在种子纯度鉴定中的应用[J]. *南京农业大学学报*, 2015, 38(5): 764-771.

### 郑重声明

本刊最近接到部分作者反映,有冒充与本刊合作的网站骗取作者版面费的情况,为避免作者上当受骗,本刊郑重声明:本刊只接收网上投稿(投稿系统: <http://zgxc.cbpt.cnki.net>);编辑部电话:0371-65330927; 本刊无个人账户接收作者版面费。

《中国瓜菜》编辑部