

黄瓜 *ARF* 家族序列特征及部分成员在果实发育早期的表达分析

王 垒, 陈劲枫*, 娄丽娜, 娄群峰

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

摘 要: 采用生物信息学方法获取黄瓜 *ARF* 家族信息, 并对其进行染色体、序列相似性以及系统进化树分析, 同时选取与单性结实基因亲缘关系较近为主的 9 个 *ARF* 基因, 以单性结实自交系 ‘6401’ 和非单性结实自交系 ‘6429’ 为试材, 在花后 0、2 和 4 d 取 ‘6401’ 和 ‘6429’ 授粉和未授粉两种处理的果实, 利用半定量 RT-PCR 进行表达分析。结果显示: 18 个 *ARF* 基因遍布于黄瓜的 7 条染色体上, 氨基酸长度在 172 ~ 1 102 残基之间, 相似性在 4.41% ~ 62.12% 的范围内, 基因重复、序列差异和基因缺失是黄瓜 *ARF* 家族的主要进化模式; 基因 *Csa021954* 和 *Csa012805* 在果实中受授粉诱导而表达; *Csa019265*、*Csa009209* 和 *Csa009210* 在所有样品中都有较高的转录本; 基因 *Csa012237* 和 *Csa015176* 在果实早期发育中表现出衰减趋势; *Csa019264* 和 *Csa010564* 只在发育的果实中表达且表达水平较高, 推测这两个基因的高水平表达可能对果实膨大起促进作用。

关键词: 黄瓜; 单性结实; *ARF*; 基因表达; 果实; 发育

中图分类号: S 641.2

文献标识码: A

文章编号: 0513-353X (2011) 04-0717-08

Sequence Characteristics of *ARF* Gene Family of Cucumber and an Expression Analysis of Some Members During Early Development of Fruits

WANG Lei, CHEN Jin-feng*, LOU Li-na, and LOU Qun-feng

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

Abstract: Eighteen *ARF* family members were identified from Cucumber Genome Database using bioinformatics methods. They are distributed on 7 chromosomes, and their evolutionary patterns are the gene duplication, sequence differences and gene deletion. With RT-PCR technique, parthenocarpic line ‘6401’ and non-parthenocarpic line ‘6429’ were used to test the expression patterns of 9 *ARF* genes that were selected by their homology with genes related parthenocarpy. The results of *Csa021954* and *Csa012805* indicated that they were only induced in the fruits from pollination. However, *Csa019265*, *Csa009209* and *Csa009210* have more transcripts in all samples. At the same time *Csa012237* and *Csa015176* showed significant reduction in the early development fruits of cucumber. Furthermore, the

收稿日期: 2011-01-17; 修回日期: 2011-04-11

基金项目: 国家重点基础研究发展计划 ‘973’ 项目 (2009CB119001-01); 国家自然科学基金重点项目 (30830079)

* 通信作者 Author for correspondence (E-mail: jfchen@njau.edu.cn)

expression of *Csa019264* and *Csa010564* only are in the development fruits and higher levels. Therefore, it was speculated that these genes may play an important role in promoting fruit development of cucumber.

Key words: cucumber; parthenocarpy; *ARF*; gene expression; fruit; development

单性结实性是保护地黄瓜专用品种选育的主要目标性状之一 (Gustafson, 1942; 闫立英等, 2009)。在低温、弱光和无虫媒的设施栽培条件下, 单性结实品种对克服黄瓜“化瓜”, 减低生产成本, 实现高产稳产具有重要意义。

Kim等(1992)发现, 天然单性结实黄瓜开花当天子房的生长素含量是非单性结实的两倍, 说明黄瓜天然单性结实与子房中的高含量 IAA 有关。生长素也被认为是调控子房发育形成果实的最主要激素 (Pandolfini et al., 2007)。

生长素响应因子 *ARF* (auxin response factor) 调控生长素响应基因的表达, 是生长素调控植物生长发育的关键基因。*ARF* 家族和 Aux/IAA (Auxin/indole-3-acetic acid) 蛋白调控生长素的转录, 能形成杂合二聚体; 在生长素的作用下, Aux/IAA 被降解, 从而调动生长素信号途径, 启动果实发育 (Dharmosiri & Estelle, 2004; Leyser, 2006)。Goetz等(2006, 2007)证实在拟南芥和番茄中 *ARF* 基因家族中的 *ARF8* 的突变导致在没有授粉受精的情况下果实开始发育, 从而产生单性结实果实。de Jong等(2009)通过转基因证明番茄 *ARF* 家族成员中 *ARF7* 的负调控导致了番茄的单性结实。这也为生长素调控植物的单性结实提供了直接证据。

作者根据 *ARF* 基因的同源性, 对该家族基因的氨基酸序列、进化方式及表达特征进行分析, 以期明确黄瓜单性结实形成的分子机理, 从而为黄瓜单性结实品种的选育及黄瓜果实品质的改良提供理论基础, 同时为其他瓜类和茄果类蔬菜的单性结实研究提供参考。

1 材料与方法

1.1 植物材料

以本课题组选育的单性结实自交系‘6401’和非单性结实的自交系‘6429’为材料, 2009年秋季定植在南京农业大学江浦园艺农场, 对次日将开的花做夹花处理, 其中对‘6429’做授粉与不授粉处理。

参照叶青静(2003)和傅丰庆(2008)的方法, 确定取样时间点为花后 0、2 和 4 d, 其中单性结实的‘6401’和授粉的‘6429’取花后 2 和 4 d 子房膨大的果实。样品经液氮处理后置于 -70 °C 保存备用。

1.2 总 RNA 的提取及反转录

按改良 CTAB 法提取 RNA, 并参照 TAKARA 公司的 DNaseI 试剂盒说明消除微量 DNA 污染。参照全式金公司反转录试剂盒说明进行反转录反应。

1.3 黄瓜 *ARF* 基因家族的确认和 PCR 引物设计

从网站 (<http://datf.cbi.pku.edu.cn/browsefamily.php?familyname=ARF>) 和 (http://drtf.cbi.pku.edu.cn/family_view.php?fn=ARF) 分别下载拟南芥和水稻 *ARF* 家族蛋白的序列, 用其分别检索黄瓜基因组数据库 (<http://cucumber.genomics.org.cn/page/cucumber/index.jsp>) 共得到 18 个 *ARF* 家族成员。

选取 9 个基因用软件 Primer Premier 5.0 设计特异引物, 委托上海英杰生命技术有限公司 (Invitrogen Biotechnology Co., Ltd) 合成。首先对每个基因设计一对特异引物, 用琼脂糖检测该引物扩增带是否特异并测序, 分析结果是否与要求相符, 如不符, 再重设计引物。本研究中所用最终引物及其序列见表 1。

表 1 9 个 *ARF* 基因半定量 RT-PCR 分析的引物序列、退火温度和扩增产物
Table 1 Primers sequences, annealing temperature and product by RT-PCR analysis of nine *ARF* genes

基因 Gene	引物 Primer (5'→3')	退火温度 /°C Annealing temperature	产物大小/ bp Product size
<i>Csa019264</i>	5'-CATCAGGGTTGGTCAGC-3' 5'-GGAGGTAGGTTCCGGTAA-3'	53.2	208
<i>Csa019265</i>	5'-TACTTTCTCCCGAGGACTTT-3' 5'-GACGTAATCCCGAAACAT-3'	50.8	121
<i>Csa009209</i>	5'-TTGTTTCGTTACCTCCAGT-3' 5'-TGGTTGAAGGGTCATTTGT-3'	52.0	206
<i>Csa009210</i>	5'-AGCCCATTATTACCGCTCA-3' 5'-TGCCCAACAATCCACTACTCAAAG-3'	54.2	852
<i>Csa021954</i>	5'-TTTTAGTCCTCAGGCTCCG-3' 5'-ATGCAAGTCCCTCGCAAT-3'	53.8	499
<i>Csa012237</i>	5'-GGTAGATGCGTCCCAAAG-3' 5'-AGAAAGGCAAGCCGAGGT-3'	52.3	661
<i>Csa012805</i>	5'-TCACTAAGAGTACAATGGGATG-3' 5'-CTGAGCCACGGATAAGGT-3'	51.4	636
<i>Csa015176</i>	5'-CAGAATGTGAAGCGTGT-3' 5'-GACCGAAAGGTTGAGTGT-3'	50.9	753
<i>Csa010564</i>	5'-GGTGGAGTGTCTTTGTAGT-3' 5'-AGAATTTGAAGCAGCAGTA-3'	54.0	695

1.4 PCR 反应体系和扩增程序

优化的 PCR 反应体系总体积为 20 μL , 各成分如下: 10 \times PCR Buffer 2.0 μL , dNTP 1.5 μL , 10 $\text{mmol} \cdot \text{L}^{-1}$ Forward Primer 1 μL , 10 $\text{mmol} \cdot \text{L}^{-1}$ Reverse Primer 1 μL , *Taq* 酶 0.2 μL , 2.5 $\text{mmol} \cdot \text{L}^{-1}$ MgCl_2 2 μL , cDNA 模板 1 μL , 无菌去离子水补足到 20 μL 。

PCR 反应程序如下: 94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 5 min; 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s, 退火温度见表 1 退火 30 s, 最后 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 7 min。

为防止扩增达到平台期, 分别进行了 28、30、32、34 和 36 个循环的扩增, 最后采用了 32 个循环的检测结果。为了保证 RT-PCR 扩增中 cDNA 模板量的一致性及确定目标基因的相对表达量, PCR 扩增平台期的确定是半定量 PCR 成功的关键, 对于内参 *Actin* 进行了 22、25、28、31、34 个循环的扩增, 最后选择 28 个循环。*Actin* 序列为 5'-TGACGCAGATAATGTTTGAGA-3'和 5'-AGAGATGGCTGGAATAGAACT-3'。

1.5 PCR 产物回收、阳性克隆筛选及测序

分别对 6401 和 6429 的 cDNA 的 PCR 产物进行琼脂糖凝胶电泳, 回收目的片段, 再将其与 pMD19-T 载体在 16 $^{\circ}\text{C}$ 下连接过夜。

连接产物转化到大肠杆菌 JM109 感受态细胞中, 经 Amp 抗性筛选和菌落 PCR 筛选, 取阳性克

隆送上海 Invitrogen 生物技术公司进行测序。

2 结果与分析

2.1 ARF 家族序列分析

以 23 个拟南芥和 24 个籼稻 *ARF* 的氨基酸序列分别检索黄瓜基因组数据库, 经过反复检索, 共得到 18 个基因, 分布在 7 条染色体及尚未定位的 3 个染色体片段上面, 所编码的氨基酸长度在 172 ~ 1 102 残基之间 (表 2); 基因 *Csa009209* 最短有 172 个残基, *Csa012237* 最长有 1 102 个残基。用 DNAMAN6.0 软件分析黄瓜 *ARF* 成员之间的相似性在 4.41% ~ 62.12% 范围内 (结果未列出)。

经过在 NCBI 上比对发现基因 *Csa019264* 的核苷酸与拟南芥、番茄及茄子 *ARF8* 的同源性分别是 86%、86% 和 79%; 与 *Csa019264* 位于同一染色体且位置邻近的 *Csa019265* 与拟南芥 *ARF8* 的同源性是 61%; *Csa021954* 与拟南芥 *ARF6* 同源性是 76%, 在拟南芥中 *ARF6* 和 *ARF8* 位于同一染色体且序列同源性较高; *Csa009209* 和 *Csa009210* 及 *Csa012237* 与拟南芥 *ARF7* 氨基酸的同源性是分别是 90%、75% 和 61%; *Csa010564* 与拟南芥和番茄 *ARF9* 同源性是 92% 和 91%。

表 2 黄瓜 *ARF* 基因家族
Table 2 Analysis of *ARF* gene family of cucumber

基因 Gene	染色体 Chromosome	基因组位置 Genome location	氨基酸长度 Amino acids
<i>Csa019264</i>	5	17872678 ~ 17874998	213
<i>Csa019265</i>	5	17885461 ~ 17895443	647
<i>Csa009209</i>	2	5977902 ~ 5980983	172
<i>Csa009210</i>	2	5986480 ~ 5991712	862
<i>Csa021954</i>	1	16164257 ~ 16169437	831
<i>Csa012237</i>	6	11587055 ~ 11594085	1 102
<i>Csa012805</i>	5	16166488 ~ 16172179	680
<i>Csa015176</i>	6	8831082 ~ 8833936	716
<i>Csa010564</i>	5	11524295 ~ 11533110	677
<i>Csa007296</i>	7	10385254 ~ 10388655	693
<i>Csa011935</i>	6	18622785 ~ 18625222	694
<i>Csa020560</i>	Scaffold000166	132914 ~ 135409	703
<i>Csa022361</i>	Scaffold000319	1498 ~ 3796	549
<i>Csa021916</i>	Scaffold000259	36515 ~ 39076	326
<i>Csa019361</i>	4	2403842 ~ 2406805	616
<i>Csa017897</i>	3	30405301 ~ 30410408	1 017
<i>Csa020090</i>	6	12456262 ~ 12462708	822
<i>Csa005276</i>	1	52358 ~ 56691	841

用 DNAMAN 6.0 软件进行 18 个 *ARF* 基因和拟南芥 *ARF7*、*ARF8* 及番茄 *ARF8* 的氨基酸多序列联配结构域分析 (结果未列出), 结果显示恰恰分别与 *ARF7* 和 *ARF8* 同源性较高的 *Csa009209* 与 *Csa009210* 和 *Csa019264* 与 *Csa019265* 这 4 个基因的氨基酸序列, 与 *ARF7* 和 *ARF8* 相比都不具有完整的保守结构域, 基因 *Csa019264* 和 *Csa009209* 的氨基酸序列不具有保守域 III 和 IV (这两个结构域具有蛋白互作功能), *Csa009210* 和 *Csa019265* 所编码的氨基酸缺少部分 DNA 结合域 (*ARF* 基因存在着具有与 DNA 结合的功能的保守域即 DBD); 这 4 个基因可能只具有 *ARF* 家族的部分功能。

Csa009209 和 *Csa009210* 这两个基因缺失的部分恰好吻合, 基因 *Csa019264* 与 *Csa019265* 所编码的氨基酸组合起来也具备 *ARF* 基因的完整保守结构域。推测 *Csa009209* 与 *Csa009210* 和 *Csa019264* 与 *Csa019265* 这 4 个基因可能在远古分别由两个基因经断裂进化而成。

2.2 *ARF* 家族进化树分析

用 DNAMAN6.0 软件将黄瓜 18 个 *ARF* 蛋白序列与水稻 *OsARF8*、拟南芥 *AtARF6*、*AtARF7*、*AtARF8*、番茄 *SlARF6*、*SlARF7*、*SlARF8*、茄子 *SmARF8* 构建系统进化树做聚类分析, 发现这些 *ARF* 蛋白主要分为 3 类 (图 1), 一类是 *Csa019264*、*Csa019265* 和 *Csa021954* 与 *AtARF8*、*SlARF8*、*OsARF8*、*AtARF6*、*AtARF7*、*SmARF8*、*SlARF6* 和 *AtARF6* 聚在一起; 另一类是 *Csa009209*、*Csa009210*、*Csa012237*、*SlARF7* 和 *AtARF7* 这 5 个蛋白聚在一起; 其余的黄瓜 *ARF* 家族成员聚为第 3 类。

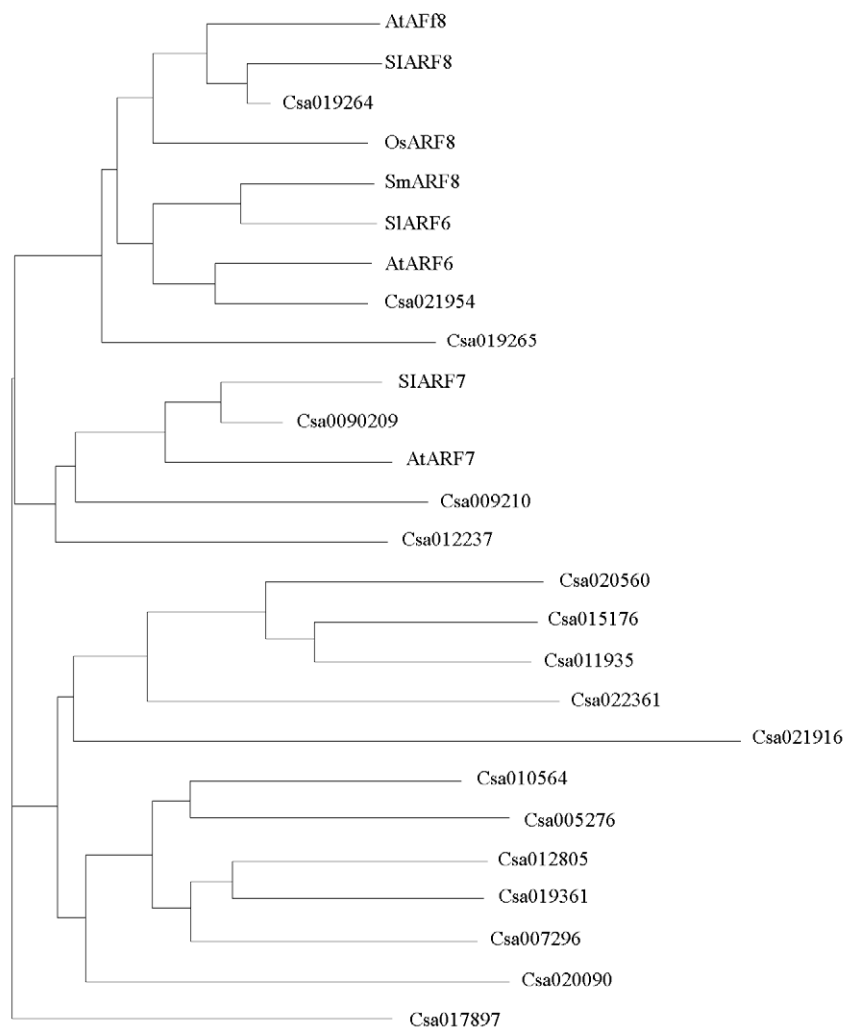


图 1 黄瓜 *ARF* 家族成员与其他物种 *ARF* 蛋白的进化树分析

Fig. 1 The phylogenetic tree of *ARF* proteins of cucumber and other species

2.3 cDNA 克隆

对单性结实 ‘6401’ 果实的 cDNA 和非单性结实 ‘6429’ 果实的 cDNA 用同一引物扩增, 回收

目的片段进行测序验证,结果显示 9 个基因的扩增产物中来自单性结实‘6401’和非单性结实‘6429’的样品在 cDNA 序列上没有差异。

2.4 RT-PCR 验证

结果(图 2)显示:*Csa019264* 在单性结实‘6401’开花当天表达很微弱,在花后 2 和 4 d 的果实中表达水平较高,同时非单性结实‘6429’开花当天与经授粉处理的 2 和 4 d 果实中表达水平也较高,在未授粉‘6429’的果实中可能因为表达量很少而未检测到表达。

Csa019265 和 *Csa009209* 以及 *Csa009210* 在‘6401’和‘6429’的所有果实样品中都有表达且表达水平较高,检测不出明显差异。

Csa021954 和 *Csa012805* 在两个材料开花的当天可以检测到表达,以后只有在授粉处理的‘6429’中可检测到且表达水平较高,这两个基因在果实中受授粉诱导而表达。

Csa012237 在花后 2 和 4 d 的‘6401’和‘6429’中未检测到表达,授粉对其没有起到诱导的作用。

Csa015176 在花后 0、2 和 4 d 的‘6401’果实样品中可以检测到微弱表达,在‘6429’开花的当天可以检测到转录本但在 2 和 4 d 中未检测到。

Csa010564 在‘6401’开花当天和花后 2 和 4 d 中有较高水平的表达,在‘6429’开花当天及授粉后 2 和 4 d 果实中的表达水平也较高,而在‘6429’非单性结实的果实样品中未检测到表达,推测这个基因的表达可能对幼果的膨大起促进作用。

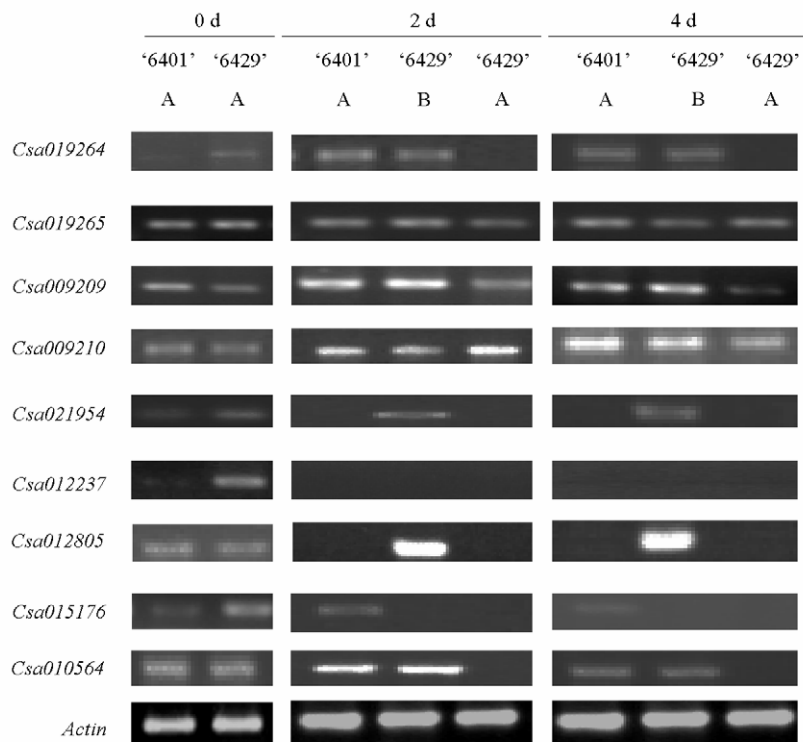


图 2 单性结实‘6401’和非单性结实‘6429’黄瓜花后 0、2 和 4 d 果实 9 个 *ARF* 基因的 RT-PCR 扩增图

A: 授粉处理; B: 未授粉处理。

Fig. 2 RT-PCR amplified products for the detection of nine *ARF* genes in fruits of parthenocarpic line ‘6401’ and non-parthenocarpic line ‘6429’ in the zero, second and fourth days after flowering

A: With pollination; B: Without pollination.

3 讨论

生长素响应因子 *ARF* 家族中的成员已被证实可导致拟南芥和番茄单性结实 (Goetz et al., 2006, 2007; de Jong et al., 2009), 在黄瓜中已有 5 个 *ARF* 基因被分离, 用于研究其对幼苗发育的影响 (Saito et al., 2004), 但 *ARF* 基因在果实发育中所起作用的研究未见报道。2009 年底黄瓜基因组测序的公布及其基因组数据库的建立 (Huang et al., 2009), 为从 *ARF* 基因家族角度全面深入研究黄瓜单性结实的分子机理提供了便利。本研究中利用生物信息学手段在黄瓜基因组数据库中共检索到 18 个 *ARF* 基因, 对其进行生物信息学和系统发育学分析, 在选取了 6 个与单性结实基因 *ARF7* 和 *ARF8* 亲缘关系较近的基因后, 又选择了另外 12 个 *ARF* 家族成员中有代表性的 3 个进行表达分析。

ARF 家族是一个多基因家族, 在拟南芥中有 23 个成员。本研究发现黄瓜中至少存在 18 个 *ARF* 家族成员, 在氨基酸序列上与拟南芥、水稻、番茄和茄子比较保守。但是这些成员并不都具备完整的保守结构域, 存在序列大片段丢失现象, 并且序列多样性较大。推测基因重复、序列差异和基因缺失可能是黄瓜 *ARF* 家族的主要进化模式。本研究证实 *ARF* 家族成员间的表达模式存在很大差异, 预示着这些基因的功能已经发生了分化。

Csa009209 和 Csa009210 的氨基酸序列都与负调控导致单性结实的基因 *ARF7* 的序列相似性很大, 这两个基因在单性结实 ‘6401’ 和授粉与未授粉的非单性结实 ‘6429’ 的早期果实中表现出了稳定表达的特性, 推测这两个基因的功能与果实的发育无关。而与 *ARF7* 氨基酸序列相似性是 60%, 同其一样具备完整结构域的 Csa012237, 在发育的果实及未发育的果实的表达特点类似, 推测其在果实发育中也不起作用。

与因结构突变而导致单性结实的 *ARF8* 同源性较高的 Csa019264 和 Csa019265 这两个基因的表达特点差异很大。Csa019265 表达特点与 Csa009209 和 Csa009210 相似; Csa019264 与 Csa010564 的表达特点相似都是在 ‘6401’ 和授粉的 ‘6429’ 果实中表达较高, 而在 ‘6429’ 未发育的果实中检测不到表达; 这两个基因可能参与了黄瓜果实的发育和形态的建成。Csa021954 和 Csa012805 在 ‘6401’ 的单性结实果实中未检测到表达, 他们只受授粉的诱导而表达。Csa015176 在 ‘6401’ 果实中微弱表达, 而在 ‘6429’ 授粉和未授粉的果实中均未检测到表达。推测其对果实的发育也不起作用。接下来的试验将对 Csa019264 与 Csa010564 进行 RNAi 转基因功能验证, 直接证明其调控果实发育的功能, 以期从分子水平上揭示黄瓜单性结实的调控机理, 从而为黄瓜单性结实的育种奠定理论基础同时为其他作物单性结实研究提供参考。

References

- Dharmosiri N, Estelle M. 2004. Auxin signaling and regulated protein degradation. *Trends Plant Sci*, 9 (6): 302 - 308.
- de Jong M, Wolters-Arts M Feron, Mariani C, Vriezen W H. 2009. The *Solanum lycopersicum* auxin response factor 7 (SlARF7) regulates auxin signaling during tomato fruit set and development. *The Plant Journal*, 57 (1): 160 - 170.
- Fu Feng-qing. 2008. Molecular mechanism for the regulation of fruit development in *Cucumis sativus* [Ph. D. Dissertation]. Hangzhou: Zhejiang University. (in Chinese)
- 傅丰庆. 2008. 黄瓜果实发育调控的分子机理研究 [博士论文]. 杭州: 浙江大学.
- Goetz M, Hooper L C, Johnson S D, Rodrigues J C M, Vivian-Smith A, Koltunow A M. 2007. Expression of aberrant forms of auxin response factor 8 stimulates parthenocarpy in *Arabidopsis* and tomato. *Plant Physiology*, 145 (2): 351 - 366.
- Goetz M, Vivian-Smith A, Johnson S D, Koltunow A M. 2006. Auxin response factor 8 is a negative regulator of fruit initiation in *Arabidopsis*. *The Plant Cell*, 18 (8): 1873 - 1886.
- Gustafson F G. 1942. Parthenocarpy: Natural and artificial. *The Botanical Review*, 8: 598 - 654.

- Kim I S, Okubo H, Fujieda K. 1992. Endogenous levels of IAA in relation to parthenocarpy in cucumber (*Cucumis sativus* L.). *Scientia Horticulturae*, 52: 1 - 8.
- Leyser O. 2006. Dynamic integration of auxin transport and signalling. *Current Biology*, 16 (11): 424 - 433.
- Pandolfini T, Molesini B, Spina A. 2007. Molecular dissection of the role of auxin in fruit initiation. *Trends in Plant Science*, 12 (8): 327 - 329.
- Saito Y, Yamasaki S, Fujii N, Hagen G, Guilfoyle T, Akahashi H. 2004. Isolation of cucumber CsARF cDNAs and expression of the corresponding mRNAs during gravity-regulated morphogenesis of cucumber seedlings. *Journal of Experimental Botany*, 55: 1315 - 1323.
- Huang Sanwen, Li Ruiqiang, Zhang Zhonghua, Li Li, Gu Xingfang, Fan Wei, Lucas William J, Wang Xiaowu, Xie Bingyan, Ni Peixiang, Ren Yuanyuan, Zhu Hongmei, Li Jun, Lin Kui, Jin Weiwei, Fei Zhangjun, Li Guangcun, Staub Jack, Kilian Andrzej, van der Vossen Edwin A G, Wu Yang, Guo Jie, He Jun, Jia Zhiqi, Ren Yi, Tian Geng, Lu Yao, Ruan Jue, Qian Wubin, Wang Mingwei, Huang Quanfei, Li Bo, Xuan Zhaoling, Cao Jianjun, Asan, Wu Zhigang, Zhang Juanbin, Cai Qingle, Bai Yinqi, Zhao Bowen, Han Yonghua, Li Ying, Li Xuefeng, Wang Shenhao, Shi Qiuxiang, Liu Shiqiang, Cho Won Kyong, Kim Jae-Yean, Xu Yong, Heller-Uszynska Katarzyna, Miao Han, Cheng Zhouchao, Zhang Shengping, Wu Jian, Yang Yuhong, Kang Houxiang, Li Man, Liang Huiqing, Ren Xiaoli, Shi Zhongbin, Wen Ming, Jian Min, Yang Hailong, Zhang Guojie, Yang Zhentao, Chen Rui, Liu Shifang, Li Jianwen, Ma Lijia, Liu Hui, Zhou Yan, Zhao Jing, Fang Xiaodong, Li Guoqing, Fang Lin, Li Yingrui, Liu Dongyuan, Zheng Hongkun, Zhang Yong, Qin Nan, Li Zhuo, Yang Guohua, Yang Shuang, Bolund Lars, Kristiansen Karsten, Zheng Hancheng, Li Shaochuan, Zhang Xiuqing, Yang Huanming, Wang Jian, Sun Rifei, Zhang Baoxi, Jiang Shuzhi, Wang Jun, Du Yongchen, Li Songgang. 2009. The genome of the cucumber, *Cucumis sativus* L. *Nature Genetics*, 41: 1275 - 1281.
- Yan Li-ying, Lou Li-na, Li Xiao-li, Feng Zhi-hong, Lou Qun-feng, Chen Jin-feng. 2009. Evaluation of parthenocarpy in cucumber germplasm. *Acta Horticulturae Sinica*, 36 (7): 975 - 982. (in Chinese)
- 闫立英, 娄丽娜, 李晓丽, 冯志红, 娄群峰, 陈劲枫. 2009. 黄瓜种质资源单性结实性评价. *园艺学报*, 36 (7): 975 - 982.
- Ye Qing-jing. 2003. Isolation of some fruit development related genes and the regulation of their expression during fruit development in *Cucumis sativus* [M. D. Dissertation]. Hangzhou: Zhejiang University. (in Chinese)
- 叶青静. 2003. 黄瓜果实发育相关基因的克隆其表达调控的研究[硕士论文]. 杭州: 浙江大学.

欢迎订阅 2011 年《园艺学报》

《园艺学报》是中国园艺学会和中国农业科学院蔬菜花卉研究所主办的学术期刊,创刊于 1962 年,刊载有关果树、蔬菜、观赏植物、茶及药用植物等方面的学术论文、研究报告、专题文献综述、问题与讨论、新技术新品种以及园艺研究动态与信息,适合园艺科研人员、大专院校师生及农业技术推广部门专业技术人员阅读参考。

《园艺学报》是全国中文核心期刊,被英国《CAB 文摘数据库》、美国 CA 化学文摘、日本 CBST 科学技术文献速报、俄罗斯 AJ 文摘杂志、CSCD 中国科学引文数据库等多家重要数据库收录。《园艺学报》2005 年荣获第三届国家期刊奖,2008 年获中国科技信息所“中国精品科技期刊”称号及武汉大学中国科学评价研究中心“中国权威学术期刊”称号,2009 年获中国期刊协会和中国出版科学研究所“新中国 60 年有影响力的期刊”称号。根据“中国学术期刊影响因子年报(2010 版)”,《园艺学报》期刊综合总被引频次 4 699,复合总被引频次 12 283,期刊综合影响因子 1.069,复合影响因子 1.910。

《园艺学报》为月刊,每月 25 日出版。2011 年每期定价 40.00 元,全年 480.00 元。国内外公开发行,全国各地邮局办理订阅,国内邮发代号 82 - 471,国外发行由中国国际图书贸易总公司承办,代号 M448。漏订者可直接寄款至本编辑部订购。

编辑部地址:北京市海淀区中关村南大街 12 号 中国农业科学院蔬菜花卉研究所《园艺学报》编辑部;

邮政编码:100081;电 话:(010) 82109523。E-mail: yuanyixuebao@126.com。网址: http://www.ahs.ac.cn。