黄瓜性别分化研究进展

金晓霞　秦智伟　董延龙

摘　要　概述了黄瓜性别分化的遗传、生理生化基础以及分子生物学研究现状,并提出了有待解决的问题及今后研究的重点。

关键词　黄瓜　性别分化　研究进展

黄瓜(*Cucumis sativus* L.)属于葫芦科甜瓜属,结果能力强,可连续采收,供应期长。由于黄瓜的性别分化与性别表现直接与产量和质量有关,而且全雌性黄瓜品种在简化杂交制种、保证杂种纯度方面具有显著的优势,因此,黄瓜性别分化的研究在发育生物学领域占有十分突出的地位。本文对黄瓜性别分化的遗传、生理生化基础以及分子生物学研究现状进行了概述。

1　黄瓜性别分化的遗传基础

黄瓜植株的性别表现主要分为雌雄异花同株(Monoecious),全雌株(Gynoecious),两性株(Hermaphroditic),雄花、两性花同株(Andromonoecius),雄花、雌花及两性花同株(Trimonoecious)(又称三性株)等。

1997年瓜类遗传合作组织(CGC)根据历年来瓜类遗传规律研究有关报道,修订了黄瓜基因命名,认为黄瓜的性别表现由几个单基因突变体控制。遗传学研究表明,*F*基因控制雌性表达,但其表达强度受到环境及一些背景基因(如 *In-F*)的修饰;*a*基因控制雄性表达;*M*基因则控制着花原基向雌花或雄花转变的过程[1]。

陈惠明等[2]研究结果基本支持以往的说法,同时还发现在黄瓜强雌性株中可能存在一个未知的隐性基因控制植株的强雌性表现,该隐性基因可能与 *F*基因存在一定的连锁关系。另外,有研究表明黄瓜的性别表现由多个位点控制,目前已确定影响黄瓜性别表达的 7个不连锁位点:*a*(雄性,Androdioecious)、*F*(雌性,Female)、*gy*(全雌,Gynodioecious)、*In-F*(雌性表达增强子,Intensifier)、*m*(雄花、两性花同株,Andromonoecious)、*m-2*(雄花、两性花同株基因-2,Andromonoecious-2)、*Tr*(三性花同株,Trimonoecious)。其中 *m*、*m-2*和 *Tr*调节雄花和雌花着生的位置和时间,而显性 *F*基因是控制雌花产生的主要基因位点,*F*位点还受到 *gy*、*In-F*的修饰,*a*位点则在 *F*为纯合隐性时控制雄花的产生[3-4]。

陈惠明等[5]新发现两个黄瓜性别表达基因,暂命名为 *Mod-F1*(不完全显性)、*mod-F2*(隐性基因),二者均与 *F*和 *M*基因独立遗传,能够增强黄瓜植株的雌性表达。

Yamasaki等[6]研究表明乙烯能够增强 *CS-ETR2*、*CS-ERS*、*CS-ACS2*基因的表达,首次提出乙烯信号传导影响雌雄同株和纯雌株黄瓜中 *M*位点基因的表达,并抑制雄蕊发育。

为研究黄瓜性别决定基因,Cho等[7]应用 cDNA文库筛选及 DDRT-PCR技术从韩国黄瓜品种(雌雄同株)中克隆了 5个有利于黄瓜雄花发育(短日照)表达的基因:*CsM1*、*CsM2*、*CsCYR*、*CsCYP*、*CsM10*。定位于第 6条染色体端粒区的 *CsM10*基因优先表达,且在不同组织、不同发育时期和不同光周期,其表达有所不同,对其序列结构、表达模式及同源性的分析表明,*CsM10*基因在 RNA水平上对黄瓜性别起作用。

2　黄瓜性别分化的生理生化基础及环境的影响

2.1　营养因素、光温环境对黄瓜性别分化的影响

黄瓜是雌雄同株异花植物,雌花发生的多少除受遗传基因控制外,还与外界环境条件有关。一般认为较低的温度、较短的日照、合理的肥水及充足的光照等有利于花原基向雌性分化[8]。寿森炎等[9]采用基质培养研究氮素形态不同配比对黄瓜生长及性别分化的影响,结果表明,当 NH_4^+-N占 25%和 50%时,能明显促进黄瓜的生殖生长,第 1雌花节位比纯 NO_3^--N处理低 0.4、0.6节,雌花率增加 23.9%、31.0%,单株产量增加 35.3%、28.7%。短日照、夜间低温能促进黄瓜雌花增加。据 Yamasaki等[10]报道,除个别黄瓜

金晓霞,东北农业大学园艺学院,哈尔滨 150030, E-mail: xiaoxia6195@126.com
秦智伟(通讯作者),东北农业大学园艺学院,哈尔滨 150030
董延龙,黑龙江省农业科学院园艺分院

收稿日期:2006-11-07;修回日期:2006-12-13

© 1994-2010 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved.　http://www.cnki.net

品种外,低温都会有利于黄瓜雌花的形成。一般认为,子叶展开后 10～30 d内进行低温处理,并保持大的温差 (夜温 14～15 ℃,昼温 25～28 ℃),光照时间控制在 8 h·d^{-1} (覆盖草苫),是黄瓜雌花分化的最佳条件。

2.2 植物生长物质对黄瓜性别分化的影响

植物激素与黄瓜性别表现的关系一直受到重视,研究表明,高水平的内源生长素 (IAA)、细胞分裂素 (ZT)、GA_3与雌花的发育紧密相关。在含有 IAA的培养基上进行无菌培养,雄蕊在初期就停止发育,而子房逐渐发育起来,浓度以 0.1 mg·L^{-1}为最佳。雌花的 ZT含量仅在四分体时期低于雄花,其它各时期均高于雄花,因此,ZT可能有利于雌花发育,并与大、小孢子母细胞形成和大孢子核的连续分裂有关。雌花的内源 GA_3含量高于雄花,向雄性分化的花中 GA_3含量升高,而向雌性分化的花则相反。推测 GA_3可能在转变原有的性别优势中起抑制雌性器官发育的作用[11]。

植物生长调节剂萘乙酸 (NAA)、乙烯利 (CEPA)能促进瓜类植物的雌化,在某种意义上与 IAA的效应相同 (Robinson等,1998)。有研究表明,CEPA在导致雌化的同时,还能促进提早开花[12]。

多胺在植物基因表达和蛋白质合成中起着重要作用,调节着从细胞生长和分化到胁迫响应等一系列生理过程。低水平的内源亚精胺含量和高水平的内源腐胺含量有利于雌性向雄性逆转,高水平的内源亚精胺含量和低水平的内源腐胺含量有利于雄性向雌性逆转;而内源精胺和尸胺可能对黄瓜雌雄性别逆转不起主要的作用[13]。

3 黄瓜性别多样性的形态、生化及分子标记研究

随着分子生物学技术的发展,同工酶、蛋白质等生物大分子分析技术的完善,以及分子标记技术的日趋成熟,遗传标记的研究在揭示植物性别分化机理中起着越来越重要的作用。

3.1 形态及解剖标记

黄瓜一般在子叶展平后,花原基即已经形成,随后在花原基侧顶端首先发生 5个萼片原基,接着在其内侧相应位置分化出花瓣原基,随后进一步在内侧形成 5个雄蕊原基,继而发生雌蕊原基,并很快进行性别决定,进入单性期。而决定性别的部位在花芽分化节位下数 8节左右,也即生长点下数第 11节左右[14]。所以,生产上用硝酸银诱导全雌性植株产生雄花必须在幼苗期时进行处理。

李兴国等[15]将黄瓜雌、雄花发育的全过程划分为 10个时期,对其细胞学特征进行了研究。结果表明,黄瓜单性花的形成是雄花的雌蕊原基和雌花的花药原基正常的发育受阻所致,同时支持黄瓜雄、雌花在发育早期存在两性期的观点,黄瓜花性别分化的启动似应不早于两性期。

袁高峰等[16]研究表明,黄瓜单性花的形成首先经历两性期,之后再分别向雌或雄的方向发育,在两性期之前,雌、雄花之间不存在明显的形态学差异。进一步考察雌、雄花中相反性别的性器官 (雌花中的雄蕊和雄花中的心皮)的发育历程,发现在雌花的形成过程中,雄蕊生长停滞,但不退化,在雄花的形成过程中,心皮不断生长。雄花心皮的 SDS-PGAG分析表明,发育后期雄花的心皮仍能合成新的蛋白质,具有代谢活性。

Anat等 (1999)通过试验得出,两个乙烯合成限速酶基因在黄瓜雌、雄花中的表达方式明显不同,*cs-aco*3基因在黄瓜雌花中期表达,在雄蕊中表达较少,*cs-aco*2基因在黄瓜雌花中后期表达,在雄花花粉粒中高度表达。因此推测这两个基因在表达时间、表达强度上的差异是雌、雄花选择败育的主要原因。

Kater等 (2001)发现性别决定是由 MADS框中氨基酸残基缺乏所致。雄性器官或者雌性器官是否发生滞育是由它们在花中的位置所决定的,与其它性别因素无关。

Chen等[17]研究表明,黄瓜雄花中的雌蕊原基滞育于小孢子母细胞阶段,而雌花中的雄蕊原基则滞育于大孢子时期,造成这种雌、雄花发育过程差异的原因还有待研究。

通过抑制扣除杂交法,Terefe等[18]从纯雌性系和雌雄同株黄瓜品种中分离了一段核苷酸表异构酶 cDNA序列,此基因在雌花花芽中表达较弱,但在两性花及雄花中表达较强,因此推测此序列与黄瓜雄蕊发育有一定的相关性。

Bai等[19]结合 *CUM*1基因在花器官中表达的动态变化对雌、雄花发育进行了系统的形态发生分析,并把花发育历程 (从分生组织到开花)分成 12个阶段。研究发现,雌花中雄蕊的滞育发生在花药与花丝分化之后,并伴随 *CUM*1基因表达量的下调。相反,雄花中心皮的滞育先于柱头和子房的分化。虽然雌、雄生殖器官在分化上有明显的差异,但在器官滞育方面却有两点相似的特征,一是器官滞育只发生在花器的一部分,而不影响全部的器官分化,另一点是生殖器官的滞育部分都是孢子形态。

3.2 蛋白质标记

性别分化过程中大分子标记物主要为蛋白质,如同工酶、特异和可转录酶等。林鸣等[20]对黄瓜花器官的可溶性蛋白进行了比较分析,发现雄蕊的 18.8、28.5、31.0、37.0和 39.0 kD蛋白,以及花柱的 45.0 kD蛋白和子房的 32.5 kD蛋白,分别为各自器官中的器官特异蛋白质。

黄瓜二叶期时子叶和真叶中的过氧化物酶、多酚氧化酶和超氧化物歧化酶同工酶与黄瓜性别表现存在一定的相关性,纯雌株比雌雄株酶活性强、酶带数量多,可作为黄瓜纯雌株早期鉴定的标记,尤其是真叶中多酚氧化酶同工酶 Rf值为 0.287,表现稳定,鉴定成功率高[21]。

3.3 DNA分子标记

分子标记在植物性别的苗期辅助选择及进行性别相关基因的克隆、推动植物发育生物学研究方面起到了很大的作用。Trebitsh等[22]采用简并引物扩增出了黄瓜中编码氨基环丙烷羧酸合成酶 (1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid synthase,简称 ACC合酶)基因序列 (*CS-ACS*1),通过

© 1994-2010 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net

Southern杂交发现在重组近交全雌性系(MMFF)中存在一个额外的编码ACC合酶基因序列(*CS-ACS1G*),并且与F_2分离群体性表型(即全雌*F*位点)分离结果的相关性达到100%。Serquen等[23]利用重组近交系构建了由77个RAPD标记和3个基因(*F*、*de*、*LL*)组成的80个位点的连锁图谱,分为9个连锁群,覆盖基因组的总长度约600 cM,连锁分析表明,*F*位点可定位于连锁群B上31和44 cM的两个标记之间。Danin等[24]报道微卫星标记CSTA050与控制黄瓜全雌性别的*F*位点连锁距离为7.4 cM。

娄群峰等[25]以全雌品种戴多星和弱雌品种北京截头杂交,获得F_2性型分离群体,利用BSA法构建全雌和弱雌两个基因池,筛选出能在全雌单株中稳定出现的AFLP特异带。该标记与全雌性位点的连锁距离为6.7 cM,命名为TG/CAC234。并将该特异条带成功地转化为操作简便、表现稳定的SCAR标记,命名为SA166。

2005年,陈惠明等[26]以不同性别类型的黄瓜为材料,通过针对*CS-ACS1G*基因设计的特异SCAR引物分析*CS-ACS1G*基因与*F*基因以及雌性性状之间的关系,并对*CS-ACS1G*进行定位。结果表明,*CS-ACS1G*基因对具有*F*基因的不同性型植株的特异性的确存在,*CS-ACS1G*与*CS-ACS1*基因的差异主要在启动子区。利用北京市农林科学院蔬菜研究中心构建的黄瓜连锁图谱,成功将*CS-ACS1G*基因特异的SCAR标记定位在第10连锁群上。

4　黄瓜性别决定的分子生物学基础研究

黄瓜的性别分化研究中,不少研究表明其植株茎端乙烯的形成与雌花的分化存在很大的相关性。影响植株体内乙烯合成的关键酶是ACC合酶,是由多基因家族编码的,不同时期、不同因素会影响其不同基因的表达。Trebitsh等(1997)研究认为*F*基因与*CS-ACS1*在同一位点上。

Kamachi等[27]从黄瓜中分离克隆了3个不同的编码ACC合酶基因(*CS-ACS2*、*CS-ACS3*和*CS-ACS4*),但在雌花中只检测到*CS-ACS2*。进一步检测证实,*CS-ACS2*基因不仅在全雌性黄瓜的雌花中表达,也在雌雄异花同株的雌花中表达。因此认为该基因对雌花的分化起着很重要的作用,但并不为全雌性黄瓜所特有。在此基础上,Yamasaki等[28]分离了3个乙烯受体相关基因:*CS-ETR1*、*CS-ETR2*和*CS-ERS*,取得了与Kamachi等类似的结果。另外,与乙烯生物合成密切相关的另一个关键酶ACC氧化酶基因的相关cDNA也得到了克隆,并且*CS-ACO2*被定位在距离*F*位点8.7 cM的位置,同时发现*CS-ACO2*和*CS-ACO3*的表达与黄瓜的雌性表达呈负相关[29]。

叶波平等[30]从不同性别表型的黄瓜基因组中扩增出一条雌性系所特有的ACC合酶基因,此基因的存在与黄瓜的雌性表达为"有"和"无"的关系。黄瓜基因组中此ACC合酶基因的存在导致其性别向雌性或强雌性转变,但并不能变为全雌性,暗示了在黄瓜性别表达过程中,可能尚有另一个(或多个)基因与该基因共同作用使黄瓜成为全雌性品种。

娄群峰[31]通过克隆获得了中国弱雌性黄瓜中全长为1 024 bp的ACC合酶序列。该ACC合酶基因与全长为1 025 bp的*CS-ACS1*基因同源程度在99%以上,表明不同生态型黄瓜中ACC合酶基因序列保守性很强。序列分析表明该ACC合酶基因包含6个开放阅读框。PCR检测发现,该基因不具有性型特异性,在所研究的欧洲型和中国黄瓜材料中,无论全雌或雌雄同花的黄瓜基因均能检测到该基因的存在。

黄瓜的性别发育过程还受到*MADS-box*基因家族调控。黄瓜早期发育的花芽中,*AGAMOUS*基因的表达在雄花、两性花同株系和全雌性系中都表现出阶段性(即不同发育阶段表达水平不同)及组织特异性,但不受外源GA_3和乙烯的影响[32]。而Ando等[33]利用差异显示PCR技术比较乙烯利处理与否的植株中基因表达的差异,分离得到相关cDNA片段,分析发现其中一个cDNA片段中包含了*MADS-box*和*K-box*基因序列,并找到了*ERAF17*基因,发现它在雌雄同株和全雌株中的转录时期和水平与乙烯利诱导雌花发育是一致的。

2003年,陈劲枫等[34]发现引物B11具有全雌特异性,在检测的大多数全雌性单株中均可扩增出一条约1 000 bp的特征带,并将该特异性片段命名为B11-1000。该标记的获得为黄瓜性别特异基因的分离和克隆奠定了基础。

Mibus等[35]克隆了*CS-ACS1G*基因序列,发现其与Trebish发布的ACS1序列在上游启动序列有差异,并证实了*CS-ACS1G*基因是显性的*F*等位基因。

程立宝等[36]克隆并初步研究了*cs-acs1g*基因在植株不同发育阶段的表达状况。结果表明:没有经过生长素处理,*cs-acs1g*基因在苗期1～5片叶中不表达,与利用乙烯、GA_3等激素处理的材料效果相同,用一定浓度生长素处理后,此基因在两叶期开始表达,并且随着处理次数增加而增加,黄瓜*cs-acs1g*基因还存在不同时空表达的差异。

5　存在的问题与展望

①黄瓜性别分化是一个较为复杂的过程,不仅决定于性别特异基因,而且在发育过程中还受到多种微效基因的调控。对其性别分化机理的阐述将最终依赖于性别决定基因以及各种微效基因的分离和深入研究。

②目前,部分与黄瓜性别分化相关的基因已经得到分离,但其具体的时空表达特性及作用机制还有待研究。

③当前对于黄瓜性别相关基因的分子标记研究还较少,已有的分子标记连锁图对*F*基因作了初步的定位,与*F*基因最近的标记为一个距离为5.0 cM的SSR标记,但是由于*F*基因并不能完全决定植株的全雌性状,因此能实际应用于辅助育种的分子标记仍然未见报道。

④虽然研究已证明激素与黄瓜性别分化存在明显的关系,但目前对于激素是通过何种途径、何种方式来调控其

© 1994-2010 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved.　http://www.cnki.net

性别分化的机理仍不明确,激素调控性别分化的机理将最终依赖于调控途径中各种相关基因的分离、克隆与鉴定。

参考文献

[1] Iezzoni A F, Peterson C E. Linkage of bacterial with resistance and sex expression in cucumber [J]. HortScience, 1980, 15: 257 - 258.

[2] 陈惠明,刘晓虹. 黄瓜性型遗传规律的研究 [J]. 湖南农业大学学报, 1999, 25(1): 40 - 43.

[3] Malepszy S, Niemirowicz-Szczytt K. Sex determination in cucumber(*Cucumis sativus*) as a model system for molecular biology [J]. Plant Science, 1991, 80: 39 - 47.

[4] 孟繁静. 植物花发育的分子生物学 [M]. 北京:中国农业出版社, 2000.

[5] 陈惠明,卢向阳,刘晓虹,易克,许亮,田云,许勇. 两个新发现的黄瓜性别决定基因遗传规律的研究 [J]. 园艺学报, 2005, 32(5): 895 - 898.

[6] Yamasaki S, Fujii N. The M locus and ethylene-controlled sex determination in andromonoecious cucumber plants [J]. Plant Cell Physiol, 2001, 42(6): 608 - 619.

[7] Cho Jeongki, Koo Dal-hoe, Nam Young-woo, Han Ching-tack, Lim Hak-tae, Bang Jae-wook, Hur Yoon-kang. Isolation and characterization of cDNA clones expressed under male sex expression conditions in a monoecious cucumber plant(*Cucumis sativus* L. cv. Winter Long) [J]. Euphytica, 2006, 146(3): 271 - 281.

[8] 日本农文协. キュウリ—基础生理ヒ应用技术 [M]. 东京:东山鱼村文化协会, 1976.

[9] 寿森炎,董伟敏,楼惠宁. 氮素形态不同配比对黄瓜生长和性别分化的影响(初报) [J]. 园艺学报, 1996, 23(1): 49 - 53.

[10] Yamasaki S, Matsuura S, Takahashi H. Characterization of ethylene effects on sex determination in cucumber plants [J]. Sex Plant Report, 2003, 16: 103 - 111.

[11] 陈学好,曾广文,曹碚生. 黄瓜花性别分化和内源激素的关系 [J]. 植物生理学通讯, 2002, 38(4): 317 - 320.

[12] 鲍东兵. 植物生长物质及环境因素对瓜类植物性别分化的影响 [J]. 辽宁师专学报:自然科学版, 2002, 4(2): 4 - 6.

[13] 陈学好,曾广文. 黄瓜花性别分化与内源多胺的关系 [J]. 植物生理与分子生物学学报, 2002, 28(1): 17 - 22.

[14] 任吉君,王艳. 黄瓜性别决定解剖学研究 [J]. 北方园艺, 1994, 97: 46.

[15] 李兴国,李全梓,张宪省. 黄瓜性别决定的细胞学研究 [J]. 山东农业大学学报:自然科学版, 2001, 32(4): 411 - 417.

[16] 袁高峰,赵普庆,孙海燕,汪俏梅. 黄瓜性器官发育过程中显微形态研究及雄花发育晚期 SDS - PAGE 分析 [J]. 浙江大学学报:农业与生命科学版, 2005, 31(2): 145 - 150.

[17] Chen X H. Study on abortion process of sex organs in cucumber flowers at the cellular level [J]. Journal of Yangzhou University, 2003, 24(2): 68 - 71.

[18] Terefe D, Tatlioglu T. Isolation of a partial sequence of a putative nucleotide sugar epimerase, which may involve in stamen development in cucumber(*Cucumis sativus* L.) [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2005, 111(7): 1 300 - 1 307.

[19] Bai S L, Peng Y B, Cui J X, Gu H T, Xu L Y, Li Y Q, Xu Z H, Bai S N. Developmental analyses reveal early arrest of the spore-bearing parts of reproductive organs in unisexual flowers of cucumber(*Cucumis sativus* L.) [J]. Planta, 2004, 220(2): 230 - 240.

[20] 林鸣,曹宗巽. 黄瓜器官特异蛋白的研究 [J]. 植物学报, 1996, 38(7): 525 - 529.

[21] 艾辛,祝莉莉,舒理慧,陶晓明,何光存. 黄瓜植株性别表现与三种氧化酶同工酶的关系 [J]. 武汉植物学研究, 2000, 18(3): 184 - 188.

[22] Trebitsh J, Staub J E, ONell S D. Identification of a 1-aminocyclopropane-1-carboxylic acid synthase gene linked to the female (F) locus that enhances female sex expression in cucumber [J]. Plant Physiol, 1997, 113: 987 - 995.

[23] Serquen F C, Bacher J, Staub J E. Mapping and QTL analysis of horticultural traits in a narrow cross in cucumber(*Cucumis sativus* L.) using random-amplified polymorphic DNA markers [J]. Molecular Breeding, 1997, 3(4): 257 - 268.

[24] Danin-Poleg Y, Reis N, Baudracco-amas S, Pitrat M, Staub J E, Oliver M, Arus P, de Vicente C M, Katzir N. Simple sequence repeats in *Cucumis* mapping and map mergin [J]. Genome, 2000, 43: 963 - 974.

[25] 娄群峰,陈劲枫, Jahn M,陈龙正,耿红,罗向东. 黄瓜全雌性基因连锁的 AFLP 和 SCAR 分子标记 [J]. 园艺学报, 2005, 32(2): 256 - 261.

[26] 陈惠明,许亮,卢向阳,易克,许勇,张海英,刘晓虹. 黄瓜雌性性状主控基因 *CsACS1G* 的分析及其定位 [J]. 分子植物育种, 2005, 3(4): 520 - 524.

[27] Kamachi S, Sekimoto H, Kondo N, Kondo N, Sakai S. Cloning of a cDNA for a 1-amino-cyclopropane-1-carboxylate synthase that is expressed during development of flowers at the apices of *Cucumis sativus* L. [J]. Plant Cell Physiol, 1997, 38(11): 1 197 - 1 206.

[28] Yamasaki S, Fujii N, Takahasi H. The ethylene-regulated expression of *CS - ETR2* and *CS - ERS* genes in cucumber plants and their possible involvement with sex expression in flowers [J]. Plant Cell Physiol, 2000, 41(5): 608 - 616.

[29] Kahana A, Silberstein L, Kessler N, Goldstein R S, Perl-Treves R. Expression of ACC oxidase genes differs among sex genotypes and sex phases in cucumber [J]. Plant Mol Biol, 1999, 41(4): 517 - 528.

[30] 叶波平,吉成均,杨玲玲,杨中汉,王永建,曹宗巽. 不同性别表型黄瓜基因组中雌性系特异的 ACC 合酶基因 [J]. 植物学报, 2000, 42(2): 164 - 168.

[31] 娄群峰. 黄瓜全雌性基因分子标记及 ACC 合酶基因的克隆与表达研究 [D]. 南京:南京农业大学, 2004.

[32] Perl-Treves R, Kahana A, Roseman N, Xiang Y, Silberstein L. Multiple agamous-like gene in male and female flowers of cucumber(*Cucumis sativus* L.) [J]. Plant Cell Physiol, 1998, 39(7): 701 - 710.

© 1994-2010 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net

2005年全国各地西瓜、甜瓜、草莓、马铃薯播种面积和产量

地区	西瓜		甜瓜		草莓		马铃薯	
	播种面积	总产量	播种面积	总产量	播种面积	总产量	播种面积	总产量
	万 hm^2	万 t	万 hm^2	万 t	万 hm^2	万 t	万 hm^2	万 t
全国总计	170.75	5 989.34	33.91	882.57	8.43	195.71	488.09	1 417.3
北京	0.72	33.80	0.04	1.65	0.01	0.21	—	—
天津	0.72	32.60	0.11	7.85	—	—	—	—
河北	7.72	384.92	1.14	38.65	1.55	49.30	14.10	32.0
山西	2.57	57.78	0.42	6.95	0.04	0.31	31.20	46.2
内蒙古	2.28	88.65	1.29	43.41	0.14	2.09	55.34	150.4
辽宁	2.04	57.75	1.18	29.89	1.11	27.82	8.80	29.3
吉林	3.08	112.78	2.05	48.23	0.11	1.75	10.09	72.8
黑龙江	6.57	214.00	4.18	88.33	0.13	1.04	29.32	85.0
上海	1.61	50.86	0.45	13.89	0.13	2.66	—	—
江苏	9.26	325.73	1.75	42.36	0.92	20.98	—	—
浙江	8.44	255.50	0.60	13.42	0.48	10.07	—	—
安徽	15.15	492.35	1.40	35.75	0.49	9.17	0.71	3.1
福建	2.95	65.81	0.51	9.57	0.08	1.04	8.70	29.5
江西	6.81	169.44	0.49	9.15	0.06	0.96	0.43	2.1
山东	23.27	1 130.81	4.05	145.49	1.27	39.31	—	—
河南	28.83	1 158.37	4.14	120.50	0.39	7.60	—	—
湖北	6.96	261.19	1.43	38.23	0.09	2.38	21.52	68.1
湖南	9.26	243.39	1.65	30.27	0.33	2.57	11.13	39.2
广东	3.37	84.38	0.36	7.82	0.08	1.56	4.47	19.2
广西	6.98	179.41	0.87	15.33	0.04	0.53	—	—
海南	1.68	44.37	0.16	3.15	—	—	0.34	—
重庆	1.63	23.71	0.04	0.50	0.06	0.47	31.93	101.9
四川	3.58	93.01	0.12	2.18	0.41	7.14	36.75	144.9
贵州	1.71	37.66	0.26	2.46	0.14	1.67	75.21	147.5
云南	1.26	25.84	0.08	1.06	0.03	0.43	49.87	157.9
西藏	—	0.02	—	—	—	—	0.05	0.6
陕西	3.83	117.14	0.81	18.03	0.17	2.25	23.91	29.7
甘肃	2.91	89.61	0.32	8.86	0.10	1.48	53.11	189.8
青海	0.03	1.05	—	—	—	—	7.53	32.4
宁夏	2.14	33.28	0.41	4.02	—	—	11.73	27.5
新疆	3.39	124.15	3.60	95.58	0.07	0.92	1.85	8.2

注:表中数据摘自《中国农业统计资料》

〔33〕 Ando S, Sato Y, Kamachi S, Sakai S. Dation of a MAD-box gene (*ERAF17*) and correlation of its expression with the induction of formation of female flowers by ethylene in cucumber plants〔J〕. Planta, 2001, 213(6): 943 - 952.

〔34〕 陈劲枫,娄群峰,余纪柱,庄飞云. 黄瓜性别基因连锁的分子标记筛选〔J〕. 上海农业学报, 2003, 19(4): 11 - 14.

〔35〕 Mibus H, Tatlioglu T. Molecular characterization and isolation of the *F/f* gene for femaleness in cucumber (*Cucumis sativus* L.)〔J〕. Theor Appl Genet, 2004, 109: 1 669 - 1 676.

〔36〕 程立宝,秦智伟,刘宏宇,丁国华,周秀艳. 黄瓜 *cs - acs1g* 基因克隆及不同时空表达的研究〔J〕. 园艺学报, 2005, 32(5): 840 - 843.

© 1994-2010 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net