

与黄瓜矮生基因连锁的 ISSR 标记及其 SCAR 转换

嵇 怡¹, 徐 强¹, 缪 珉¹, 梁国华², 陈学好^{1*}

(¹扬州大学园艺与植物保护学院, 江苏扬州 225009; ²扬州大学教育部植物功能基因组重点实验室, 江苏扬州 225009)

摘 要: 以黄瓜矮生品系 D8 与蔓生品系 JN5 杂交并自交得到的 124 株 F₂ 代为试材, 应用 ISSR 分子标记技术和 BSA (混合群体分组分析) 法寻找与黄瓜矮生基因连锁的分子标记。从 80 条 ISSR 引物中筛选到一个黄瓜矮生性状特异的多态性引物 UBC818。经 F₂ 代单株验证, UBC818 的扩增片段在蔓生黄瓜 JN5 植株中稳定出现, 而在矮生黄瓜 D8 植株中没有。连锁关系分析表明, 标记与黄瓜矮生基因间的遗传距离为 11.1 cM。根据对该片段的序列分析结果重新设计了 1 对引物, 将 ISSR 标记成功转化成了 SCAR 标记, 并命名为 UBC818-S。

关键词: 黄瓜; 矮生基因; ISSR; SCAR

中图分类号: S 642.2 **文献标识码:** A **文章编号:** 0513-353X (2008) 11-1627-08

Molecular Tagging of ISSR and Conversion of SCAR Marker Linked to a Mutant Dwarf Gene in Cucumber

J I Yi¹, XU Q iang¹, M IAO M in-m in¹, L IANG Guo-hua², and CHEN Xue-hao^{1*}

(¹School of Horticulture and Plant Protection, Yangzhou University, Yangzhou, Jiangsu 225009, China; ²Key Laboratory of Education Ministry for the Plant Function Genomics, Yangzhou University, Yangzhou, Jiangsu 225009, China)

Abstract: In this study, 124 of F₂ plants from the cross combination of the dwarf cucumber D8 and the vine plant JN5 were used to screen the molecular marker linked to the dwarf mutant gene in cucumber with ISSR molecular tagging and BSA (bulked segregation analysis) method. UBC818, a specific primer of polymorphism, was obtained from eighty ISSR primers screening for a cucumber dwarf traits specific in the dwarf line. The marker from the results of PCR with UBC818 was tested in individual DNA s reaction for the F₂ population and the UBC818 amplified fragment could only be detected in the vine plants. Linkage analysis showed that the genetic distance between the specific marker and the cucumber dwarf mutant gene was 11.1 cM. According to the sequence of the fragment analysis, one pair of primers had been designed. The ISSR marker was successfully converted into a SCAR marker which was named UBC818-S.

Key words: cucumber, dwarf mutant gene; ISSR; SCAR

黄瓜 (*Cucumis sativus* L.) 矮生品种类型具有早熟、雌花节率高、结果集中、生长期短等特性 (孙小镭 等, 1990)。因此, 矮生黄瓜适于进行简易覆盖设施栽培, 可通过成倍提高种植密度而提高产量 (马国斌 等, 2004)。研究黄瓜矮生性状的分子标记对黄瓜株型辅助选择及品种矮化的遗传改良具有重要意义。

对矮生黄瓜与蔓生黄瓜杂交后代的研究表明, 黄瓜植株高度是由单基因体系和多基因体系共同作用决定的 (Knaevel, 1980)。Kauffman 和 Lower (1979) 根据极矮生品系 PB08916、有限生长品系

收稿日期: 2008 - 05 - 05; 修回日期: 2008 - 10 - 10

基金项目: 江苏省农业高技术项目 (BG2004313)

* 通讯作者 Author for correspondence (E-mail: xhchen@yzu.edu.cn)

PG57和正常蔓生品种之间杂交的后代表现,认为极矮生株型由一隐性基因控制,它对另一矮生基因为上位,有限生长为隐性。据报道,黄瓜蔓生 \times 矮生的 F_1 为蔓生, F_2 呈3:1分离。Fazio等(2003)选用有限生长、全雌性和普通大小叶片的黄瓜品种G421和蔓生、雌雄同株、小叶的黄瓜品种H-19构建遗传连锁图,*de*(有限生长)与一个SSR标记位点CSWCT28的遗传距离为5.0 cM。Nam等(2005)在构建基于黄瓜近交系两个BAC文库的基础上运用4个SCAR标记,4个SSR标记,一个RAPD标记,获得了*de*的基因位点。

本研究中以黄瓜‘D8’(矮生)和‘JN5’(蔓生)为亲本,通过杂交获得 F_2 代,通过ISSR(Hemmat et al, 1994; 王佳等, 2006)和BSA法(Michelmore et al, 1991)相结合,筛选与矮生性状连锁的分子标记,并将其转化为SCAR标记,以期矮生黄瓜育种的分子标记辅助选择提供科学依据。

1 材料与方 法

1.1 材 料

亲本1:矮生黄瓜品种‘D8’,2002年从美国引进,植株矮小,茎秆粗壮,节间短,植株长到12节时顶端开花封顶而停止生长。亲本2:蔓生黄瓜品种‘JN5’,从‘津春5号’经5代选育而得,蔓生,节间长。

ISSR-PCR反应所用的*Taq*酶、dNTPs购自上海生工生物工程技术服务有限公司,ISSR标记的引物序列参照哥伦比亚大学(UBC)的序列并略有改动,由上海生工生物工程技术服务有限公司合成,胶回收试剂盒由Takara提供。

1.2 分离群体的构建

2006年8月30日,将D8、JN5和 F_2 的种子播于穴盘中,各播36粒、36粒和250粒,12 d后将苗移至大棚中,移苗30 d后测量植株的高度、总节数,计算平均节间距离(株高/总节数)。从 F_2 中剔除死苗、病苗后随机取124株作为分离群体,分单株取叶片,用改良CTAB法(Clark et al, 1998)提取DNA。2007年3月14日,D8、JN5和 F_2 各播150粒、150粒和400粒,随机取 F_2 的378株作为分离群体,分单株提取DNA。

1.3 ISSR分析

ISSR的PCR总反应体系共25 μ L,其中25 mmol \cdot L⁻¹ MgCl₂ 1.5 μ L, 20 mmol \cdot L⁻¹ dNTPs 1.8 μ L, DNA (20 ng \cdot μ L⁻¹) 2.0 μ L, Primer Pair (2 μ mol \cdot L⁻¹) 2.0 μ L, *Taq* (5 U) 0.2 μ L, 10 \times PCR Buffer 2.5 μ L, ddH₂O 15 μ L。

ISSR的PCR反应条件为:95 $^{\circ}$ C 预变性5 min; 95 $^{\circ}$ C 变性30 s, 52~58 $^{\circ}$ C 退火30 s, 72 $^{\circ}$ C 延伸75 s,共35个循环; 72 $^{\circ}$ C 延伸10 min。PCR产物在含有0.5 μ g \cdot mL⁻¹ EB的2.5%琼脂糖凝胶中电泳1 h, UVP凝胶成像进行拍照分析。

1.4 引物筛选与标记验证

用D8和JN5两个亲本对80条ISSR引物进行筛选。随机选取 F_2 群体中的5株蔓生单株和5株极端矮生单株,分别等量混合DNA,构成蔓生和矮生DNA池,用亲本间有差异的多态性引物对DNA池进行筛选。用在两个亲本和相应DNA池间表现相同差异的引物在对10株矮生植株和5株蔓生植株进行鉴定的基础上再对124株 F_2 单株进行验证并确定标记。

1.5 连锁关系分析

分别以1和0记录植株的蔓生、矮生及电泳谱带的有无,由筛选出的具有多态性的引物扩增结果,建立ISSR数据库,将 F_2 单株的矮生、蔓生田间调查结果与分子标记相结合,使用JoinmapV3.0

计算遗传距离。

1.6 特异片段的回收、克隆和测序以及 SCAR 标记分析

用凝胶回收试剂盒 (Takara) 回收目的片段, 经过与 T 载体的连接、转化及质粒的 PCR 鉴定后, 送上海生工进行测序。

利用 Primer premier 5.0 软件设计 SCAR 引物, 由上海生工合成引物, 以扩大群体以后的 F_2 代单株验证 SCAR 引物的特异性。SCAR-PCR 扩增体系为 25 μ L, 除引物分上下游各加 2 μ L 外, 其余用量同 ISSR, 不足部分由 ddH₂O 补齐。扩增程序为: 95 预变性 5 min; 95 变性 30 s; 53 退火 30 s; 72 延伸 75 s; 共 35 个循环; 72 延伸 10 min。

扩增产物在含有 0.5 μ g \cdot mL⁻¹ EB 的 2.5% 琼脂糖凝胶中电泳 40 ~ 60 min, UVP 凝胶成像进行拍照分析。

2 结果与分析

2.1 D8 和 JN5 之间的株高遗传

D8 的平均节距为 (6.24 \pm 1.25) cm, 'JN5' 为 (11.87 \pm 1.44) cm, F_1 为 (9.73 \pm 0.85) cm, 偏向于蔓生亲本 JN5。由图 1 可知, F_2 世代平均节间距离的分布呈偏态分布, 结合亲本、 F_1 及 F_2 的调查结果, 平均节间距小于 7.5 cm 归为矮生植株, 大于 7.5 cm 归为蔓生植株, 其矮生植株和蔓生植株的分离比例符合 1:3 ($X^2 = 0.041$, $P > 0.05$), 可以推断, 植株节间距离与 1 对基因的分离有关。

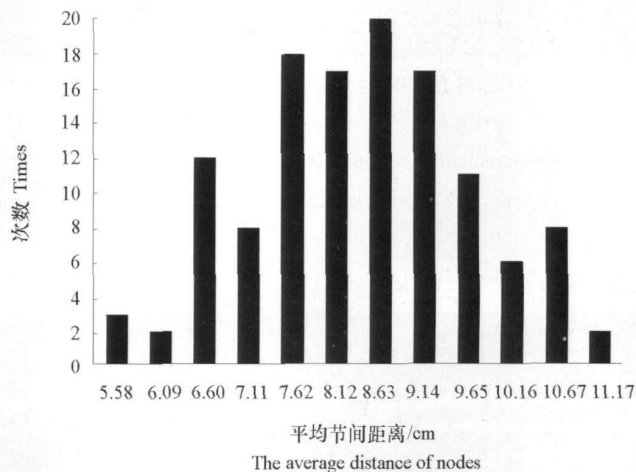


图 1 D8 与 JN5 杂交的 F_2 平均节间距离

Fig. 1 The average distance of nodes in F_2 population

2.2 ISSR 引物的筛选

用 80 条 ISSR 随机引物对两亲本进行 PCR 扩增, 有 26 条可以在两亲本间扩出多态性条带, 占总引物数的 32.5%。用在两亲本间有多态性的引物对 DNA 池进一步筛选, 只剩下 2 条引物 (UBC818 和 UBC814) 在亲本和 DNA 池之间有相同的可重复的多态性片段, 初步认为这两个特异性条带有可能与 'D8' 的矮生基因连锁。将这两个多态性引物在 10 个随机挑选的 F_2 代矮生植株和 5 个蔓生植株中重复验证, 结果仅有引物 UBC818 在蔓生植株中稳定出现, 在 10 株矮生植株中有 8 株不出现, 因此初步确定这个片段可能与黄瓜矮生基因连锁。

进一步用引物 UBC818 在 124 株 F_2 分离群体中进行重复验证 (表 1), 在 32 株矮生植株中, 有 27 株扩增出的电泳条带带型与矮生性状鉴定一致, 标记与表型之间的吻合度达 84%。

表 1 UBC818在 F₂群体带型统计表
Table 1 The electrophoresis cingulum of F₂ population with UBC818

株型 Phenotype	株数 Number of plants	UBC818扩增片段 The segment of UBC818	
		有带 Banded	无带 No band
矮生 Dwarf	32	5	27
蔓生 Long vine	92	86	6

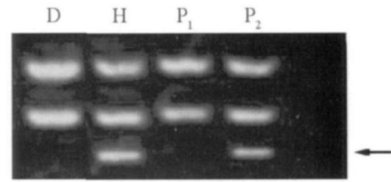


图 2 UBC818在亲本和 DNA 池间 PCR电泳图谱
D. 表示矮生 DNA 池; H. 表示蔓生 DNA 池; P₁. 矮生亲本; P₂. 蔓生亲本; 箭头表示蔓生中出现的特异条带。

Fig. 2 The electrophoresis cingulum with UBC818 between parents and DNA pools
D. Dwarf pool; H. Long vine pool; P₁. Dwarf parent; P₂. Long vine parent; The arrow shows the specific band from long vine plant

图 2、图 3、图 4是引物 UBC818分别对亲本和 DNA 池、部分矮生和蔓生单株及部分 F₂群体 PCR 扩增后的电泳图谱。

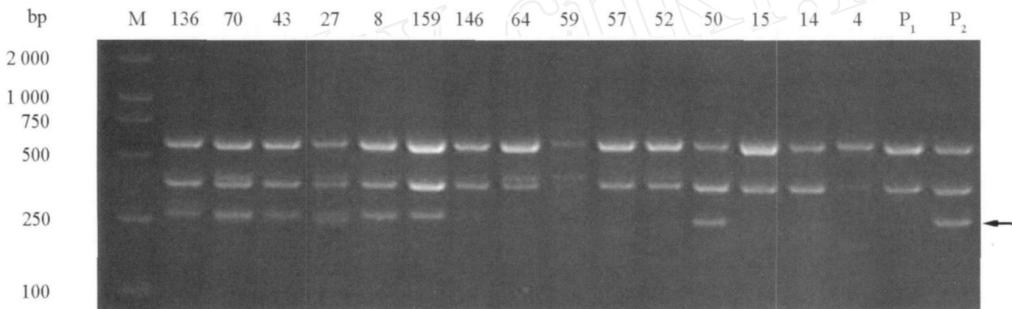


图 3 UBC818 在部分矮生、蔓生植株间的电泳图谱

M. Marker DL 2000; 136~8. 蔓生植株; 159~4. 矮生植株; 箭头表示蔓生中出现的特异条带。

Fig. 3 The electrophoresis cingulum in some plants of F₂ population

M. Marker DL 2000; 136-8. Long vine plant; 159-4. Dwarf plant; The arrow shows the specific band from long vine plant.

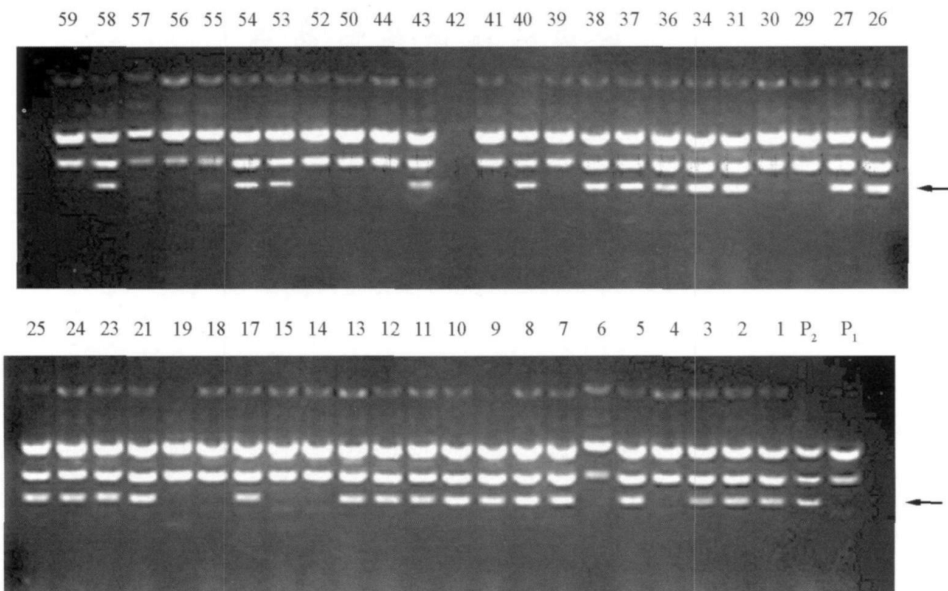


图 4 UBC818 在部分 F₂群体中的验证

箭头表示蔓生中出现的特异条带。

Fig. 4 The UBC818 tested by electrophoresis cingulums in partial plants of F₂ population

The arrow shows the specific band from long vine plant.

2.3 ISSR 标记与矮生基因的连锁分析

用 Joinmap V3.0 分析软件进行分子标记连锁分析, 计算 UBC818 与黄瓜矮生基因之间的遗传距离, 结果表明二者之间存在连锁关系, 连锁距离为 11.1 cM。

2.4 特异片段的序列测定及 SCAR 引物的设计

对引物 UBC818 扩增得到的特异性片段进行回收、克隆、测序, 其结果如图 5 所示。从上下游找到了引物 UBC818 自身及其互补碱基序列的位置, 除去接头部分序列后, 所得特异片段长度为 273 bp, 与引物 UBC818 扩增产生的回收片段的大小一致 (引物 UBC818 的序列为: CACACACACACACACAG)。将该序列输入 NCB 核酸数据库中用 BlastN 和 FASTA 检索未见同源序列。根据测序结果运用软件 Primer premier 5.0 设计了 SCAR 引物。正链引物: 5'-TICTTTTCGTATTCCCTTTA-3; 负链引物: 5'-AGAAAAGGGGAGGTCAA-3。初步命名为 UBC818-S。

```

CACACACACACACACAGAGAAAGACCAGACCCCTTCTCTCTTTCTCTCTCACACACAC
ATAGTAACACAAAACACCTCTGTTACTCTCGACCCCTTCTTTTCGTATTCCCTTTA GATA
GAGAGAAATGGGGTTTTGTGGGAAATCAATATCAAATCAAGATTTGATGGGTAAATTA
AAGAAAAGTAAAGAAAGGAAATGAAAAGAGAAAATAGGGGAATTGATATAATTTTG
ACCTCCCCTTTTCTTTGTTGTTTCTGTGTGTGTGTGTGTG
  
```

图 5 矮生性状特异片段的全序列

下划线部分为 ISSR 引物 UBC818 的序列; 加框部分为 SCAR 标记引物序列。

Fig 5 The whole sequence of the specific DNA fragment in dwarf line

The underlined show the sequence of the primer UBC818; The letters bolded show the primer of SCAR marker

2.5 SCAR 引物在亲本、DNA 池及 F₂ 群体中的验证

利用 UBC818 和 UBC818-S 标记分别对亲本、DNA 池进行 PCR 扩增, 琼脂糖凝胶电泳检测结果见图 6。UBC818、UBC818-S 在蔓生亲本和蔓生 DNA 池间扩增出一条特异性条带, 矮生亲本和矮生 DNA 池间则无此条带。

对扩大的群体共 378 株 F₂ 单株进行了 PCR 扩增, 琼脂糖凝胶电泳检测结果见图 7。引物 UBC818 在 378 株 F₂ 分离群体中检测得到 80 株与矮生植株表型鉴定一致的电泳谱带带型。运用 Joinmap V 3.0 软件进行分子标记分析, 进一步计算 UBC818 标记与黄瓜矮生基因的遗传距离, 得到 UBC818 与黄瓜矮生基因之间的距离为 10.9 cM, 遗传距离有所缩短。

用 UBC818 转化的 SCAR 标记对上述 F₂ 单株进行了扩增, 扩增结果与 ISSR 引物 UBC818 扩增的结果基本一致 (图 8), 表明已成功地将与黄瓜矮生基因连锁的 ISSR 标记转化为 SCAR 标记, 将其正式命名为 UBC818-S。

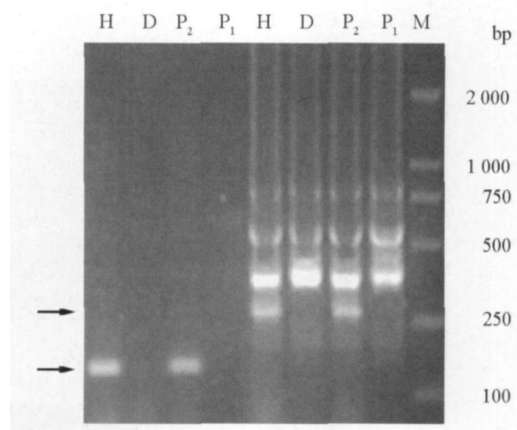


图 6 UBC818、SCAR 标记 UBC818-S 在亲本、DNA 池间扩增的电泳图谱

D. 矮生 DNA 池; H. 蔓生 DNA 池; 上箭头表示 UBC818 扩增的特异条带; 下箭头表示 UBC818-S 扩增的特异条带。

Fig 6 The electrophoresis cingulum of UBC818 and UBC818-S between the parents and DNA pools

D. Dwarf pool; H. Long vine pool; The upper arrow shows the specific band of UBC818; The below arrow shows the specific band of UBC818-S

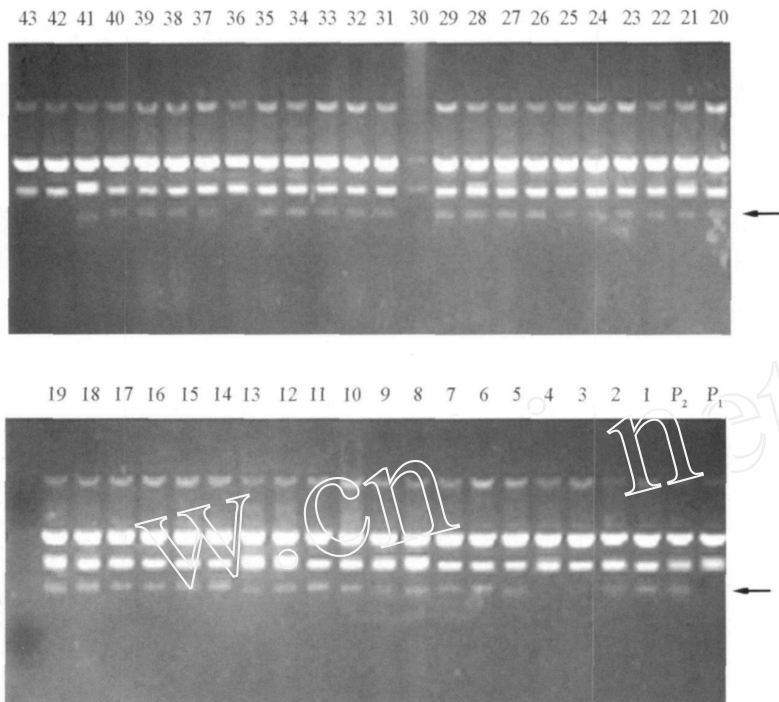


图7 UBC818 在扩大群体以后的部分 F₂ 群体中的电泳图谱

P₁. 矮生黄瓜; P₂. 蔓生黄瓜; 箭头示特异带位置。

Fig. 7 The electrophoresis cingulum of a new larger population F₂

P₁. Dwarf plant; P₂. Long vine plant; The arrow shows the specific band.

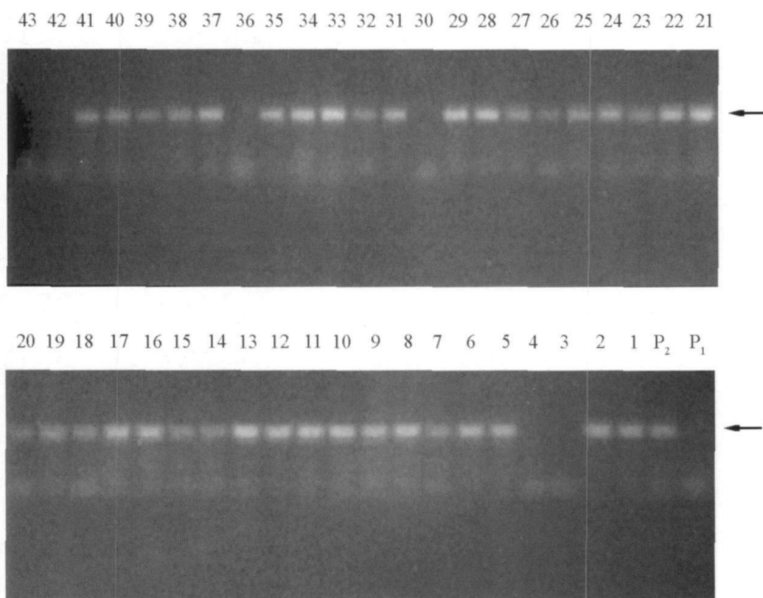


图8 SCAR 标记在 378 株 F₂ 群体中扩增的部分电泳图谱

P₁. 矮生黄瓜; P₂. 蔓生黄瓜; 箭头示特异带位置。

Fig. 8 The electrophoresis cingulum of new larger population F₂

P₁. Dwarf plant; P₂. Long vine plant; The arrow shows the specific band.

3 讨论

ISSR 标记具有很好的稳定性和多态性, 多用于品种指纹图谱分析、遗传多样性分析、遗传图谱绘制等方面的研究, 在小麦 (张立荣 等, 2004)、水稻 (景润春 等, 2003) 中已有相关方面的报道, 在黄瓜上的报道较少。

虽然对于黄瓜株高性状的鉴别在进入花期后可从表型上进行判断, 但这一过程需要大约 30 d 的时间。如果能在幼苗期利用简单、可靠的手段和方法鉴别株型, 将可避免人力和物力的严重浪费。本研究中利用 ISSR 技术成功获得了与黄瓜矮生基因连锁 (相距 11.1 cM) 的标记 UBC818, 其与黄瓜矮生性状的田间鉴定吻合度较高, 达到了 84%。因此, 利用这一标记进行辅助选择黄瓜矮生性状是可行的。

SCAR 标记的基本原理是根据已获得的标记片段的序列信息设计特异引物, 揭示多态性, 当标记片段在 150 ~ 300 bp 范围, 不容易设计合适的 SCAR 特异引物 (王彩虹 等, 2002)。目前在黄瓜一些性状如全雌性 (娄群峰 等, 2005)、抗白粉病 (杜胜利 等, 2005) 等的研究中, 有关于与黄瓜性状连锁的分子标记并将其成功转化为 SCAR 标记的报道, 对黄瓜植株高度的 SCAR 标记的转化尚未见报道。本研究中, ISSR 标记的片段仅为 273 bp, 为了防止多态性消失, 根据其序列的特点, 没有将 PCR 特异引物设计在片段的末端, 而是向片段内移动了一段距离, 从而保证了引物中一定的 G、C 碱基含量, 在很大程度上避免了非特异性的扩增。SCAR 引物扩增的结果与 UBC818 扩增的结果基本一致, 表明已成功将与黄瓜矮生基因连锁的 ISSR 标记转化为 SCAR 标记, 命名为 UBC818-S。运用此 SCAR 标记可以在苗期快速、准确、简便地鉴别出长矮生植株, 为黄瓜矮生性状的分子标记辅助育种提供了科学依据与技术基础。

References

- Clark M S 1998. Experimental manual of plant molecule biology. Gu Hong-ya translation. Beijing: Higher Education Press. 427. (in Chinese)
- Clark M S 1998. 植物分子生物学——实验手册. 顾红雅译. 北京: 高等教育出版社: 427.
- Du Sheng-li, Zhang Gui-hua, Li Shu-ju, Wang Ming 2005. Development of a SCAR marker linked to cucumber powdery mildew resistance gene from an AFLP marker. Acta Horticulturae Sinica, 32 (6): 1095 - 1097. (in Chinese)
- 杜胜利, 张桂华, 李淑菊, 王 鸣. 2005. 黄瓜抗白粉病基因 AFLP 标记的 SCAR 转换. 园艺学报, 32 (6): 1095 - 1097.
- Fazio G, Staub J E, Stevens M R. 2003. Genetic mapping and QTL analysis of horticultural traits in cucumber (*Cucumis sativus* L.) using recombinant inbred lines. Theor Appl Genet, 107 (5): 864 - 874.
- Hemmat M, Weeden N F, Manganaris A G 1994. Molecular marker linkage for apple. Hered, 85: 4 - 11.
- Jing Run-chun, He Yu-qing, Huang Qing-yang, Zhu Ying-guo 2003. Analysis of the fertility restorer gene in the wild abortive (WA) type cytoplasmic male sterility (CMS) system with the ISSR and SLP markers. Scientia Agricultura Sinica, 33 (2): 10 - 15. (in Chinese)
- 景润春, 何予卿, 黄青阳, 朱英国. 2003. 水稻野败型细胞质雄性不育恢复基因的 ISSR 和 SLP 标记分析. 中国农业科学, 33 (2): 10 - 15.
- Kauffman C S, Lower R L 1979. Genetic analysis on extreme dwarf type in cucumber. Amer Soc Hort Sci, 101 (2): 150 - 151.
- Knave D E 1980. Inheritance of short-intemode mutant of mainstream muskmelon. HortScience, 25 (10): 1274 - 1275.
- Lou Qun-feng, Chen Jin-feng, Molly Jahn, Chen Long-zheng, Geng Hong, Luo Xiang-dong 2005. Identification of AFLP and SCAR molecular markers linked to gynocercous loci in *Cucumis sativus* L. Acta Horticulturae Sinica, 32 (2): 256 - 261. (in Chinese)
- 娄群峰, 陈劲枫, Molly Jahn, 陈龙正, 耿 红, 罗向东. 2005. 黄瓜全雌性基因连锁的 AFLP 和 SCAR 分子标记. 园艺学报, 32 (2): 256 - 261.
- Ma Guo-bin, Chen Hai-rong, Xie Guan-xing, Zhang Hui 2004. Research and utilization of dwarf watermelon. Acta Agriculturae Shanghai, 20 (3): 58 - 61. (in Chinese)
- 马国斌, 陈海荣, 谢关兴, 张 辉. 2004. 矮生西瓜的研究与利用. 上海农业学报, 20 (3): 58 - 61.
- Michele R W, Paranand I, Kessali R V. 1991. Identification of markers linked to disease resistance gene by bulked segregant analysis; a rapid

- method to detect markers in specific genomic regions using segregation populations. *Prw Nat Aca Sci*, 88: 9829 - 9832.
- Nam YW, Lee J R, Song K H. 2005. Construction of two BAC libraries from cucumber (*Cucumis sativus* L.) and identification of clones linked to yield component quantitative trait loci. *Theoretical and Applied Genetics*, 111: 150 - 161.
- Sun Xiao-lei, Wu Shu-tong, Song Xu-re. 1990. Studies on characters and genetic effects of determinate cucumber. *Acta Horticulturae Sinica*, 17 (1): 59 - 64. (in Chinese)
- 孙小镭, 邬树桐, 宋绪娥. 1990. 中国矮生刺黄瓜品系特性研究初报. *园艺学报*, 17 (1): 59 - 64.
- Wang Cai-hong, Wang Qian, Dai Hong-yi, Tian Yi-ke, Jia Jian-hang, Shu Huai-rui, Wang Bin. 2002. Development of a SCAR marker linked to *Co* gene of apple from an AFLP marker. *Acta Horticulturae Sinica*, 29 (2): 100 - 104. (in Chinese)
- 王彩虹, 王倩, 戴洪义, 田义轲, 贾建航, 束怀瑞, 王斌. 2002. 苹果柱型基因 *Co* 的一个 AFLP 标记的 SCAR 转换. *园艺学报*, 29 (2): 100 - 104.
- Wang Jia, Liang Guo-hua, Miao Min-min, Chen Xue-hao. 2006. Optimization for ISSR reaction system in *Cucumis sativus* L. using orthogonal design. *Molecular Plant Breeding*, 4 (3): 439 - 442. (in Chinese)
- 王佳, 梁国华, 缪珉, 陈学好. 2006. 正交设计优化黄瓜 ISSR 体系. *分子植物育种*, 4 (3): 439 - 442.
- Zhang Li-rong, Xu Da-qing, Yang Wen-xiang, Liu Da-qun. 2004. ISSR molecular markers for the leaf rust resistance gene *Lr37* in wheat. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 12 (1): 86 - 89. (in Chinese)
- 张立荣, 徐大庆, 杨文香, 刘大群. 2004. 小麦抗叶锈基因 *Lr37* ISSR 分子标记. *农业生物技术学报*, 12 (1): 86 - 89.

“第四届全国植物组培、脱毒快繁及工厂化种苗生产技术 学术研讨会”征文通知

为了总结和交流近年来我国在植物组织培养、脱毒快繁及工厂化生产种苗技术方面取得的成就,促进我国植物种苗产业化的进一步发展,中国农业生物技术学会植物组培快繁脱毒技术分会决定举办第四届“全国植物组培、脱毒快繁及工厂化种苗生产技术学术研讨会”。本次会议由国家经济林木种苗快繁工程技术研究中心和国家马铃薯工程技术研究中心联合承办。现将有关论文征集事项通知如下。

一、时间地点: 2009年8月中旬;宁夏回族自治区银川市。

二、征文内容: 植物细胞及组织培养;植物种质资源保存;植物脱毒、快繁;植物种苗工厂化生产;植物单倍体及无融合生殖育种;植物种苗运输、保鲜、物流;植物细胞及组织培养装备及工程;植物种苗产业化。

三、论文要求: 1. 要求未曾公开发表,经同行专家审评合格后收入论文集,由中国科学技术出版社正式出版,每篇论文收取审稿及版面费600元,请同时提交电子文稿(word格式,发送至编委会)和打印文稿(寄至组委会)各一份。论文接受截止日期2009年2月20日(以邮局邮戳为准)。2. 每篇限5000字以内,请按如下顺序撰写:题目;作者姓名;作者所在单位、城市、邮编;中文摘要(300字以内);中文关键词(3~5个);英文摘要(300字以内,如有困难编委会可以协助编写);英文关键词(必须对应中文关键词);正文(中文);参考文献;作者简介(姓名、性别、出生年、职称、职务、研究领域、联系方式);项目来源及项目编号(如果没有则不填此项)。3. 页面设置: A4纸,上下页边距3cm,左右页边距2.5cm,宋体,1.5倍行距,标题用4号字,摘要用5号字,正文用小4号字。4. 参考文献项目如下。书:作者名,书名,出版社,年,起止页码。期刊:作者名,年,文章名,刊名,卷号,期号,起止页码。5. 请注明论文联系人的E-mail地址、手机号码、电话号码。

四、联系方式:

1. 组委会地址: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;
邮政编码:100081 联系人:连勇 电话:(010)82109891;E-mail:ivflianyong@126.com
2. 编委会地址:山东省乐陵市 国家马铃薯工程技术研究中心
邮政编码:253619 联系人:徐涵 电话:(0534)6835106;E-mail:xxuhan@yahoo.cn

中国农业生物技术学会植物组培快繁脱毒技术分会 2008年9月18日