

作物的遗传学、基因组学和育种系列丛书

丛书编辑

美国南卡罗来纳州克莱姆森市克莱姆森大学 Chittaranjan Kole

Genetics, Genomics and Breeding of Tomato

番茄的遗传学、 基因组学和育种

[美] Barbara E. Liedl Joanne A. Labate

John R. Stommel Ann Slade Chittaranjan Kole 编

阮朝奇 毛自朝 林 春 刘正杰 译

 **CRC Press**
Taylor & Francis Group

 云南出版集团

 云南人民出版社

作物基因组学、基因组学、系列丛书

丛书编辑

美国南卡罗来纳州克莱姆森市克莱姆森大学 Chittaranjan Kole

Genetics, Genomics and Breeding of Tomato

番茄的遗传学、 基因组学和育种

[美] Barbara E. Liedl Joanne A. Labate

John R. Stommel Ann Slade Chittaranjan Kole◎编

阮朝奇 毛自朝 林 春 刘正杰◎译



CRC Press
Taylor & Francis Group



云南出版集团



云南人民出版社

Complex IT Project Management 1st Edition / by Peter Schulte / ISBN: 0 - 8493 - 1932 - 3

Copyright© 2004 by CRC Press.

Authorized translation from English language edition published by CRC Press, part of Taylor & Francis Group LLC; All rights reserved. 本书原版由 Taylor & Francis 出版集团旗下 CRC 出版公司出版, 并经其授权翻译出版, 版权所有, 侵权必究。

International Standard Book Number: 978 - 1 - 57808 - 804 - 1 (Hardback)

Yunnan People's Publishing House is authorized to publish and distribute exclusively the Chinese (Simplified Characters) language edition. This edition is authorized for sale throughout Mainland of China. No part of the publication may be reproduced or distributed by any means, or stored in a database or retrieval system, without the prior written permission of the publisher. 本书中文简体翻译版授权由云南人民出版社有限责任公司独家出版并限在中国大陆地区销售。未经出版者书面许可, 不得以任何方式复制或发行本书的任何部分。

Copies of this book sold without a Taylor & Francis sticker on the cover are unauthorized and illegal. 本书封面贴有 Taylor & Francis 公司防伪标签, 无标签者不得销售。

图字: 23 - 2016 - 038 号

图书在版编目 (CIP) 数据

番茄的遗传学、基因组学和育种 / (美) 芭芭拉·列德尔 (Barbara E. Liedl) 等编; 阮朝奇等译. -- 昆明: 云南人民出版社, 2018. 3

书名原文: Genetics, Genomics and Breeding of Tomato
ISBN 978 - 7 - 222 - 16425 - 3

I. ①番… II. ①芭… ②阮… III. ①番茄 - 遗传育种 - 研究 IV. ①S641. 203. 2

中国版本图书馆 CIP 数据核字 (2017) 第 206951 号

出品人: 赵石定

责任编辑: 赵红 任娜

装帧设计: 余仲勋

责任校对: 王逍

责任印制: 代隆参

番茄的遗传学、基因组学和育种

Genetics, Genomics and Breeding of Tomato

[美] Barbara E. Liedl Joanne A. Labate John R. Stommel Ann Slade Chittaranjan Kole 编
阮朝奇 毛自朝 林春 刘正杰 译

出版 云南出版集团 云南人民出版社

发行 云南人民出版社

社址 昆明市环城西路 609 号

邮编 650034

网址 www. ynpph. com. cn

E-mail ynrms@ sina. com

开本 787mm × 1092mm 1/16

印张 26. 75

字数 650 千

版次 2018 年 3 月第 1 版第 1 次印刷

印刷 云南灵彩印务包装有限公司

书号 ISBN 978 - 7 - 222 - 16425 - 3

定价 150. 00 元



云南人民出版社微信公众号

翻译前言

番茄起源于南美洲，为目前全球蔬菜生产中产量高、分布广，单位面积产值好的重要蔬菜之一。番茄作为蔬菜在世界范围内是仅次于甘蓝型蔬菜的第二大蔬菜，作为一种模式作物对植物遗传学、基因组学、植物发育、育种学等研发方面有重要价值。

Barbara E. Liedl 等出版发行的《Genetics, Genomics and Breeding of Tomato》主要介绍了番茄的起源，驯化、种质资源收集与评价，番茄遗传学、结构与功能，基因组学和生物信息学研究与数据产生、储藏、获取，并利用上述研究成果进行品种培育与利用的百科全书式著作。该书对从事番茄及其他植物基础研究、育种与遗传变异利用的科技工作者、研究生和农技推广人员有重要的参考价值与启迪作用，极大地方便我国上述研究人员特别是研究生及基层农技人员对该书所涵盖的知识与技能的获取与应用。我们在云南省外国专家局、云南人民出版社的帮助下对该书进行中文翻译与出版。本书共十四章，其中徐璐完成第一、三、九、十四章的翻译，张园完成第二章的翻译，王乐完成第四、五章的翻译，林春和刘正杰完成第六章的翻译，孙惠芳和何晓健完成第七章的翻译，扶艳艳完成第八章的翻译，张柳完成第十、十一章的翻译，李和洲和张鹏完成第十三章的翻译。感谢杜加欢、吴慧琳和段继霞对本书图、表的翻译及文稿的校对工作。

本书的出版与云南人民出版社段兴明副社长、赵红和任娜编辑的帮助与支持密不可分，同时本书的翻译与出版得到了云南省外国专家局外专项目的支持，在此一并致谢。因译者的番茄知识与英文水平有限，翻译中错误在所难免，欢迎读者批评指正。我相信，本书翻译的出版对今后遗传学、基因组学和育种学的发展起到有益的推动作用。

毛自朝

2017 年 4 月于云南农业大学东校区

云南·昆明

献 词

本书献给 Steven D. Tanksley 教授。Tanksley 教授因在番茄和其他作物中进行变异检测并鉴定其相应的遗传基因等领域的创新性研究等，当选康奈尔大学植物育种 Liberty Hyde Bailey 讲习教授、自然资源遗传学首席执行官/首席科学家。他在番茄领域的研究工作始于加州大学戴维斯分校，师从著名植物学和植物遗传学家 Charles M. Rick 博士的研究生工作。在他早期的职业生涯中开发的番茄分子标记和饱和连锁图谱方法成为他本人和其他实验室研究番茄和其他植物物种的重大生命课题的有效手段。1993 年，Tanksley 教授实验室的研究者利用图位克隆技术成功克隆了番茄中的第一个基因。他的实验室还分析并证明了分散在植物基因组中的数量遗传性状位点（QTL）可以被解剖成孟德尔因子，称为数量性状基因座，进行研究。该项成果不仅为理解复杂性状的遗传机制奠定了理论基础，也为生命科学各个领域的研究人员开展相关研究准备了工作方法。Tanksley 教授参与番茄基因组测序的国际小组，进行番茄基因组研究。因其多次获得了超凡成果，他当选为美国科学院院士，并获得亚历山大·冯·洪堡（Alexander von Humboldt）基金会奖、美国植物生理学会（ASPP）马丁·吉布斯（Martin Gibbs）奖、狼基金（Wolf Foundation）农业奖和植物分子生物学与技术领域的昆湖（Kumho）奖等荣誉。他持续的人生传奇不仅在于他发表和指导发表的研究成果，还包括来自世界各地的本科生、研究生和博士后以及来自所有领域与他进行合作研究的人员，都从 Tanksley 教授的教学、专业素养、哲学思维及对植物，特别是番茄的研究热情中受益匪浅。

丛书序言

遗传学、基因组学和育种是以三重交叠学科身份出现对植物基因组进行全面而精密的遗传分析和快速实现物种改良的学科。遗传学和植物育种已经为植物基因和基因组的阐释提供了新的概念和策略，并且为大量带有良性性状作物品种的研发与培育做出了巨大贡献。基因组学已经描述了基因、基因产生和基因组的化学性质与功能，此外还为作物改良提供了附加的种质资源。

当今世界植物遗传学、基因组学和育种的教学、科研、基金资助监管与利用需要深入了解其组成成分，包括经典的生化、细胞和分子遗传学以及经典分子生物学转基因和辅助的育种。多本专著及发表的综述文章对上述单一或组合的学科组分进行阐述，但这些研究与阐述主要基于主要的植物或植物群，且所提出的新的概念与策略也是基于这些植物或植物群的研究。为此，我们出版本套丛书系列用单行本专著的形式来填补主要作物及模式植物关于上述学科组份的空白，并注意综合的论述内容，包括经典、高级和现代有关基因组学描述和物种改良方面的成果。在本丛书中不同物种、作物和模式作物的成功案例和局限性必然不同，然而，我们已经试图在本丛书各个章节的目录中或多或少的涵盖总体大纲，以尽可能保持书稿内容的统一性。

通常遗传学、基因学和植物育种学，特别是它们的补充和辅助相关学科是通过从事特定植物育种而又对该植物生物学特性缺乏基本理解的人进行研究和实践来推动发展的。植物的总体描述和其植物学特征理解都会确保他们对研究的植物物种保持更多的兴趣，因此我们会在植物经济和学术重要性的指标上展开更清晰的细节描述：包括植物地理起源和分布的历史信息，植物的起源和进化，可用遗传学、基因组学和育种资源的种质、基因库、遗传和细胞遗传储存种质库，以及基本的植物分类信息、习性、栖息地、形态、核型、倍性水平和基因组大小等基本信息。

经典遗传学和传统育种甚至已经通过使用从表型到基因型筛选的方法做出巨大贡献。我们概括的对这些传统成就进行细节上的描述，例如：用形态学、细胞学和同工酶标记绘制的遗传图谱，传统育种成就可利用理想性状或者对抗不理想性状来实现，体外组织培养技术的使用，如：小孢子和大孢子以及体细胞突变和杂交的广泛应用。另外，还展现了对基础遗传学和传统育种学所取得的成就和限制的讨论。

事实上，在许多实例中我们过分依赖太先进的科技，我们习惯于创造并利用新颖的或者外源的基因，但却忘了除了国内和国际上研究机构、中心的可用种质资源以外，本土栽培和野生近缘物种中还有无尽优良的可用基因资源。最大范围的探索自然遗传群体

的多样性不仅给目标供体基因的有效性提供信息,而且还对不同基因的歧化机制理解以及应用植物品种、亚种、种甚至是属水平的潜在杂交亲本供体以实现最适宜遗传多态性需求,进行图谱绘制和育种。遗传分化已经成为某一特定时间点上评估利用的有效工具。我们将在本丛中概括讨论基于表型策略的形态学标记,基于基因型策略的分子标记;统计用于基因型、当地品种、物种和属中的遗传分化的评估的程序和工具以及分析谱系和地理位置对遗传多样性程度的影响。

利用分子标记构建相关图谱,利用自然遗传变异以探测相关标记与性状连续并用基因组学的方法进行基因定位,特别是控制数量性状位点的定位思路是一种较新颖的方法。相关策略已经有效地用于人类和其他模式动物的遗传学研究,这同时激发了植物科学家们利用这一工具的兴趣。在本书一些章节中我们会概括出一些它的使用和应用的例子——致力于成功利用这一技术进行某一相关特殊基因或者基因组的连锁不平衡程度的评估,并改良种质。

在很多书,综述书刊和丛书系列中已经对利用分子标记绘制遗传连锁图谱进行了讨论。然而在本丛中,会对遗传学图谱绘制进行更广泛更详尽的讨论,并列举多样标记的应用,包括:匿名类2型标记,如RFLPs、RAPDs、AFLPs等;特殊基因1型标记,如EST-SSRs, SNPS等。许多作图群体包括子 F_2 代回交系、重组近交系、双单倍体、近等基因系和假测交系等;计算机软件包括用于作图的MapMaker、JoinMap等的使用;遗传图谱的多种类型,包括初级的、高分辨率、高密度、高饱和度、参照、一致性以及一体化等图谱。

由寡基因和多基因控制的简单遗传性状图谱和数量性状,已经分别在早期的作物和作物组中解释过了。然而,通过连锁图谱分离分别获得更多的图谱细节信息和寡基因标记,通过数量性状位点分析绘制多基因图谱,不同计算机软件的使用,如MapMaker、JoinMap、QTL制图、Map Manager等都在丛书前面的几章进行了深刻的讨论。

辅助标记或分子育种的策略和成就在早期的一些书和综述性书刊中已经进行了讨论。然而,对大多数一般性质的研讨的例子都来源于主要植物。在本系列丛中,全面描述了分子标记对种质特征的利用、探测、差别性保持、基因型的统一性和稳定性、基因的渗入性和聚合等。我们还概括说明转基因育种开发特定表型特别是抗除草剂,提高生物逆境和非生物逆境的抗性策略和成就,以及对生物燃料的生产、生物制药、植物修复以及功能性基因组学提供资源和工具。

自从1992年和2000年起,植物中一系列有益基因和数量性状位点已经分别采用不同的策略——主要是图位克隆和转座子标签法获得克隆。我们为基因分离和数量性状位点的克隆列举这些及其他策略,在相关书目中测试他们表现和它们的有效性。

由于主要的BAC、YAC、EST和cDNA库的存在,物理图谱和整合的物理遗传图谱在大部分的主要作物和模式植物中都是可利用的。相似数据库和其他所需基因资源同样可用于开发其他作物。丛中我们专有一章是关于测序文库的构建及相应的测序以及基于基因的分子标记的利用,新一代测序技术对结构基因组学的影响。

正如之前所提到的,整个基因组测序已经在一种模式作物(如拟南芥菜)和7种经济植物(水稻、杨树、桃树、番木瓜、葡萄、大豆和高粱)中完成,并且在一系列

模式和经济作物中正在进行测序。大量平行 DNA 测序的出现, 如 454 - 焦磷酸微测序、Solexa 基因分析测序、SOLiD 系统、Heliscope 和 SMRT 已经促使其他植物中整个基因组测序更快速、更廉价和更准确。我们从植物全基因组测序合作水平 (国内或国际) 的策略和地位中对已经完成的或者正在进行的测序成就进行概括。我们还将各个章节中对于这些基因组的起始测序计划的影响进行了客观评估。

20 世纪后 20 年, 基于分子标记和基因位点以及数量性状位点实践的比较基因组学为许多关于进化、物种起源和相近物种分类群的系统发育关系的一些基本问题提供了答案。基因组资源的丰富不仅加强了同一种群中基因组同源性和不同分类地位植物中基因同线性的研究, 而且也加强了分类中较远的群体的研究。比较基因组不仅给学术问题提供有益答案, 而且为植物遗传改良提供了许多候选基因。

1958 年“中心法则”的宣布, 提供了一个简单的基因功能模式图——基因到 mRNA 到蛋白质 (酶) 再到代谢物的过程。基于转录本、蛋白质和代谢物的特性, 产生了大量的信息, 并导致了现在个别学科包括功能性基因组学、转录组学、蛋白质组学和代谢学的出现。尽管它们最终都丰富了某一基因组的分析和改良, 每个植物物种都值得进行相应的研究与论述。例如, 微阵列、SAGE、MPSS 对转录组的分析, 二维凝胶电泳、基质辅助激光解析电离、核磁共振、MS 对蛋白质学和代谢学的研究必要要求在丛书中有描述。此外, 转录组、蛋白质组或代谢组进行数量性状位点作图、转录组学、蛋白质组学和代谢组学在分子标记辅助育种中的应用, 都是走在前沿领域的。我们会在丛书相关的章节中进行概括讨论。

基因组、基因和基因产物的储藏、研究和利用的数据库以及它们的序列, 在每一秒钟都在快速增长, 它们需要加速开发更适合植物并更具有目的性的生物信息工具。我们将基因、基因组、基因表达、比较基因、分子标记和基因图谱、蛋白质和代谢组以及它们的集成整合数据库等概括在丛书系列的一个章节。

尽管这一进程发展到这里, 每一个作物或者模式植物物种都需进行要更多的实质性的回顾。与其他野生物种和驯化栽培物种相比, 关于模式作物, 我们需要用他们来回答遗传学和基因组学的基本问题。对于经济性植物, 我们需要知道从遗传学角度来看它们是否适合扩张地理生长区域, 以满足绿色燃料的需求以及基于植物的产品对生态和环境的改善是否有益。这些对未来可行性的解释在本丛书中都有所陈述。

我们有意识地排除了那些在遗传学、基因学和育种有很好的研究并在纸质式电子版上有较好论述的植物, 同时也对一些有很好研究的植物在不远的将来会写成独立的书的植物。然而我们很荣幸, 我们能全面地展示 30 多种模式和经济作物的遗传学、基因组学和育种方面的知识。我个人很高兴自己可以和这么多国际上知名的科学家一起编写这套关于主要植物和植物群的丛书, 并由许多全球著名科学家在其相关的植物或植物组做出贡献, 一起完成丛书。

我们极其关注读者编者对本书所有章节原稿的评论、修订和更新。但毫无疑问仍然会存在一些技术上和格式上的错误。作为本书编辑, 我会对错误负全责, 并且期待读者的批评指正以及他们对本书进一步改进的建议, 只有这样, 今后的编写才能更好地服务学生、科学家、相关产业、社会和未来的每一代人。

科学印刷股份有限公司已经为科学和社会服务了很久，他们出版的书主要涉及先进的概念、策略、工具、方法和不同的科学学科。作为本丛书编辑，我也代表本丛书其他编辑、章节作者和本书的最终受益者，借此机会向出版商表示诚挚的谢意，感谢出版商呈现的这套丛书，使其可以用于教育事业、研究以及遗传学、基因组学和育种的发展。

Chittaranjan Kole

本书前言

是什么原因导致最初毫不起眼的番茄被越来越多的人从菜园中采摘鲜食并赋予诗意？它又是如何使作曲家、影视制片人、艺术家产生灵感？并使它在 2009 年全球总产量高达 1.52 亿吨，成为世界第二大蔬菜作物并在之后保持其产量持续上升。番茄起源于美洲大陆，但是直到西班牙殖民美洲后，番茄才被殖民者传出美洲并在世界各地栽培。从那时起，作为食物中良好的维生素和抗氧化剂的来源，开始被研究加工制作成各种美味的菜肴或者直接鲜食。番茄作为被看好的成功的蔬菜作物，得益于早期遗传学家和育种学家在栽培品种及其近源物种的收集与研究，研究涉及表型和基因型的相关性以及它的连锁图谱的建立等。在此坚实的基础上，近 20 年间从事番茄工作的植物学家，在遗传学和基因组学领域的研究进展和取得的丰硕成果将促使番茄提升为一种模式物种作物，同时在番茄育种的革新方面取得了巨大突破。

本书中我们会结合现代番茄的研究进行描述，内容主要涉及番茄及其野生近源物种的经典及分子遗传学的研究和育种。第一章介绍了番茄和它的近源物种的经济价值、植物学特征描述以及它们的分类、多样性和驯化，本章内容也是本书其余章节的基础。第二章中经典遗传学和育种是主题，同时包括不断更新的番茄经典遗传连锁图谱、系列整合到品种中的质量与数量性状位点、育种进程中记录的标志性关键成果。第三章重点描述了栽培番茄品种的多样性，总结了涉及番茄果实形状调控基因的演化。第四章评论了多样的分子标记系统以及它们在连锁不平衡分析、相关研究和候选基因定位鉴定中的利用。第五章描述了更广范围的简单遗传性状的图谱和标记（着重于果实味道和颜色的质量）。第六章关注了多样性群体图谱复杂性状标记、统计方法和软件使用。第七章以分子育种为主题介绍了前六章的应用，也讨论了这一领域新“组学”的应用。第八章讨论了图位克隆作为突变表型基因功能分析的一种方法。第九章从结构基因组学阐释基因型如何作用于表型。第十章介绍了番茄基因测序工作。并为第十一章描述的番茄与马铃薯基因测序比较奠定了基础。第十二章介绍了具有番茄转录特征的工具和方法。第十三章讨论了番茄果实质量的蛋白组学和代谢组学的研究方法和应用。第十四章介绍了生物信息学的作用和作为研究工具的可用资源指南。这本书不仅适合从事番茄和其他茄科作物研究的人员，而且适用于进行其他作物研究的科研人员。

本书中每一章节都是在各自领域进行一线研究的专家不辞辛劳编译出来的。在此我们向他们的辛勤付出表示崇高的谢意，并且相信：时间会证明本书的价值所在！

Barbara E. Liedl

Joanne A. Labate

John R. Stommel

Ann Slade

Chittaranjan Kole

本书作者及联系方式

Nazareno Acciarri

C. R. A. Agricultural Research Council, Research Unit #13 for Vegetable Crops, via Salaria 1, 63077 Monsampolo del Tronto (AP), Italy.

Email: nazareno. acciarri@ entecra. it

Claire Anderson

Department of Horticulture and Crop Science, The Ohio State University/Ohio Agricultural Research and Development Center, Wooster, OH 44691, USA.

Email: andersonclaire3@ gmail. com

Frederic F. Angell

7281 Miller Ave, Gilroy CA 95020, USA.

Email: ffangell@ verizon. net

Koh Aoki

Graduate School of Life and Environmental Sciences, Osaka Prefecture University, B4 - 215, 1 - 1 Gakuen - cho, Naka - ku, Sakai, 599 - 8531 Japan.

Email: kaoki@ plant. osakafu - u. ac. jp

Hamid Ashrafi

Seed Biotechnology Center, University of California, 1 Shields Ave, Davis, CA, 95616, USA.

Email: ashrafi @ ucdavis. edu

Cornelius S. Barry

Department of Horticulture, Michigan State University, East Lansing, Michigan 48824, USA.

Email: barrycs@ msu. edu

Massimiliano Beretta

C. R. A. Agricultural Research Council, Research Unit #12 for Vegetable Crops, via Paullese 28, 26836 Montanaso Lombardo (LO), Italy.

Email: beretta. massimiliano@ gmail. com

Peter S. Boches

Fall Creek Farm and Nursery, 39318 Jasper - Lowell Rd, Lowell, OR 97452, USA.

Email: peterb@fallcreeknursery.com

Ana Caicedo

Biology Department, University of Massachusetts, 221 Morrill Science Center, Amherst, MA 01003, USA.

Email: caicedo@bio.umass.edu

Mireille Faurobert

INRA, Unité Génétique et Amélioration des Fruits et Légumes, UR1052, 84000 Avignon, France.

Email: Mireille.Faurobert@avignon.inra.fr

Zhangjun Fei

Boyce Thompson Institute for Plant Research, Tower Rd., Cornell University campus, Ithaca, NY 14853 USA and USDA – ARS Robert W. Holley Center for Agriculture and Health, Tower Rd., Cornell University campus, Ithaca, NY 14853 USA.

Email: zf25@cornell.edu

Martin W. Ganal

Trait Genetics GmbH, Am Schwabepfad 1b, 06466 Gatersleben, Germany.

Email: ganal@traitgenetics.de

James J. Giovannoni

Boyce Thompson Institute for Plant Research, Tower Rd., Cornell University campus, Ithaca, NY 14853 USA and USDA – ARS Robert W. Holley Center for Agriculture and Health, Tower Rd., Cornell University campus, Ithaca, NY 14853 USA.

Email: jjg33@cornell.edu

Silvana Grandillo

CNR – IGV, Inst. of Plant Genetics, Research Division Portici, Via Università 133, 80055 Portici (Naples), Italy.

Email: grandill@unina.it

Theresa Hill

Seed Biotechnology Center, University of California, 1 Shields Ave, Davis, CA, 95616, USA.

Email: tahill@ucdavis.edu

Sanwen Huang

Institute of Vegetables and Flowers, Chinese Academy of Agricultural Sciences, No. 12, Zhong Guan Cun Nan Da Jie, Beijing, 100081, China.

Email: huangsanwen@caas.net.cn

Yoko Iijima

Department of Nutrition and Life Science, Faculty of Applied Bioscience, 1030 Simo-ogino, Atsugi, Kanagawa, 243-0292 Japan.

Email: iijima@bio.kanagawa-it.ac.jp

Ilan Levin

Department of Vegetable Research, Institute of Plant Sciences, Agricultural Research Organization, the Volcani Center, P. O. Box 6, Bet Dagan 50250, Israel.

Email: vclevini@volcani.agri.gov.il

Antonio J. Matas

Department of Plant Biology, Cornell University, Ithaca, NY 14853, USA.

Email: ajm75@cornell.edu

Justyna Milc

University of Modena and Reggio Emilia, Department of Agricultural and Food Sciences, via Amendola 2, 42122 Reggio Emilia, Italy.

Email: justynaanna.milc@unimore.it

Lukas A. Mueller

Boyce Thompson Institute for Plant Research, Tower Road, Ithaca, NY 14853 USA.

Email: LAM87@cornell.edu

James R. Myers

Oregon State University, Dept. of Horticulture, ALS 4017, Corvallis, OR 97331 – 7304 USA.

Email: myersja@hort.oregonstate.edu

Courtland G. Nichols

1241 Sunset Dr, Hollister, CA 95023, USA.

Email: cgnichols@hotmail.com

Nicola Pecchioni

University of Modena and Reggio Emilia, Department of Agricultural and Food Sciences, via Amendola 2, 42122 Reggio Emilia, Italy.

Email: nicola.pecchioni@unimore.it

Iris Peralta

Department of Agronomy, National University of Cuyo, Almirante Brown 500, 5505, Chacras de Coria, Luján, Mendoza, Argentina. And IADIZA – CONICET, C. C. 507, 5500, Mendoza, Argentina.

Email: iperalta@fca.uncu.edu.ar

Gustavo Rodriguez

Department of Horticulture and Crop Science, The Ohio State University/ Ohio Agricultural Research and Development Center, Wooster, OH 44691, USA.

Email: grodrig@unr.edu.ar

Catherine M. Ronning

Office of Biological and Environmental Research, SC – 23. 2/Germantown Building, U. S. Department of Energy, 1000 Independence Ave., SW, Washington, DC 20585 USA.

Email: catherine.ronning@science.doe.gov

Jocelyn K. C. Rose

Department of Plant Biology, Cornell University, Ithaca, NY 14853, USA.

Email: jr286@cornell.edu

Emidio Sabatini

C. R. A. Agricultural Research Council, Research Unit #13 for Vegetable Crops, via Salaria 1, 63077 Monsampolo del Tronto (AP), Italy.

Email: emidio.sabatini@entecra.it

Tea Sala

C. R. A. Agricultural Research Council, Research Unit #12 for Vegetable Crops, via Paullese 28, 26836 Montanaso Lombardo (LO), Italy.

Email: tea.sala@entecra.it

Arthur A. Schaffer

Department of Vegetable Research, Institute of Plant Sciences, Agricultural Research Organization, the Volcani Center, P. O. Box 6, Bet Dagan 50250, Israel.

Email: vcaris@volcani.agri.gov.il

John W. Scott

University of Florida, Gulf Coast Research & Education Center, 14625 CR 672, Wimauma, FL 33598, USA.

Email: jwsc@ufl.edu

Pasquale Termolino

CNR – IGV, Inst. of Plant Genetics, Research Division Portici, Via Università 133, 80055 Portici (Naples), Italy.

Email: termolin@unina.it

Esther van der Knaap

Department of Horticulture and Crop Science, The Ohio State University/Ohio Agricultural Research and Development Center, Wooster, OH 44691, USA.

Email: vanderknaap.1@osu.edu

Allen E. Van Deynze

Seed Biotechnology Center, University of California, 1 Shields Ave, Davis, CA, 95616, USA.

Email: avandeynze@ucdavis.edu

Zhong – hua Zhang

Institute of Vegetables and Flowers, Chinese Academy of Agricultural Sciences, No. 12, Zhong Guan Cun Nan Da Jie, Beijing, 100081, China.

Email: zhangzh.ivf@caas.net.cn

缩略语

2TD	2-Tridecanone	2-十三酮
AB	Advanced backcross	高代回交
ABG	<i>Aubergine</i> gene	茄子基因
AB-QTL	Advanced backcross-QTL	高代回交 - 数量性状位点
AC	Ailsa Craig	一种番茄品种
AGP	Accessioned Golden Path	进入黄金途径
AGPase	ADP-glucose pyrophosphorylase	腺苷二磷酸葡萄糖焦磷酸化酶
AFLP	Amplified fragment length polymorphism	扩增片段长度多态性
AFT	<i>Anthocyanin fruit</i> gene	果实花青素基因
AGP	Accessioned golden path	获取的黄金路线
AMV	Alfalfa mosaic virus	苜蓿花叶病毒
ANOVA	Analysis of variance	方差分析
AOX	Antioxidant activity	抗氧化活性
APX	Ascorbate peroxidase activity	抗坏血酸氧化酶活性
ARS	Agricultural Research Service	农业研究局
AS-PCR	Allele-specific polymerase chain reaction	等位基因特异性聚合酶链反应
AsA	Ascorbic acid content	坏血酸含量
ASC	<i>Alternaria</i> stem canker resistance	链格孢茎溃疡抗性
ATI	Anther tube index (ATL/ATW)	花药管指数
ATL	Anther tube length	花药管长度
atv	<i>Atroviolacium</i> gene	基因
ATW	Anther tube width	花药管宽度
AV	Aroma volatiles	香气挥发物
AVRDC	Asian Vegetable Research and Development Center (Taiwan)	亚洲蔬菜研究和开发中心(中国台湾)
β L β CY	β -lycopene cyclase gene	番茄红素环化酶基因
B	<i>Beta-carotene</i> gene	B类胡萝卜素基因
B	Soluble solids content (°Brix)	可溶性固型含量(白利度)
BAC	Bacterial artificial chromosome	细菌人工染色体

BC	Backcross	回交
BER	Blossom-end rot	脐腐病
BIL	Backcross inbred line	回交近交系
BIM	Bayesian interval mapping	贝叶斯区间作图
BLAST	Basic Local Alignment Search Tool	基础局部线性比对搜寻工具
BM	Biomass	生物量
BN	Total number of flower buds	花芽总数
bp	Base pair	碱基对
BRN	Number of well developed branches	良好发育枝数量
BSA	Bulked segregant analysis	聚群分离分法
BT	Flower bud type	花芽类型
BTI	Boyce Thompson Institute	BTI 研究所
BY	Brix x Total Yield	白利度 × 总产量
BYR	Brix x Red Yield	白利度 × 红果产量
C	Cycle of recurrent selection	轮回筛选周期
CA	Citric acid content	柠檬酸含量
<i>CaMV35S</i>	Cauliflower mosaic virus 35S	花椰菜花叶病毒 35S 基因
CAPS	Cleaved amplified polymorphic sequence	切割的扩增产物多态性序列
CAR	β - carotene content	β - 类胡萝卜素含量
CAT	Catalase activity	过氧化氢酶活性
CDA	Canadian Department of Agriculture	加拿大农业部
cDNA	Complementary DNA	互补 DNA
<i>Cf</i>	<i>Cladosporium fulvum</i> gene	番茄叶霉菌基因
CF	Constriction of the fruit	果实收缩
CG	Candidate genes	候选基因
CGEP	Center for Gene Expression Profiling	基因表达谱中心
CI	Confidence interval	置信区间
CI	Corolla indentation	花冠压痕
CIM	Composite interval mapping	复合区间作图
cM	centiMorgan	厘摩
<i>Cmm</i>	<i>Clavibacter michiganensis ssp. michiganensis</i> gene	密歇根棒形杆菌亚种基因
CMV	Cucumber mosaic virus	黄瓜花叶病毒
CNP	Cell number of the pericarp	果皮细胞数量
COS	Conserved ortholog set	保守直系同源集
COS	Conserved orthologous sequences	保守直系同源基因序列
COS II	Conserved ortholog set II	保守直系同源集 II
COV	Cover	覆盖