

调 查 研 究

Investigations

春小麦品系‘MY002894’和‘YJ006793’成株期 抗条锈病基因遗传分析

方世玉, 李秋荣, 侯璐*, 冯继伟, 时一,
谭若冰, 崇钰, 魏有海

(青海大学农林科学院, 青海省农林科学院, 青海省农业有害生物综合治理重点实验室, 西宁 810016)

摘要 春小麦品系‘MY002894’和‘YJ006793’对小麦条锈病具有成株期抗性。本研究分析了这2个品系成株期抗条锈病基因遗传规律, 促进其有效利用。通过‘MY002894’与‘Taichung 29’(T29)抗-感杂交和‘MY002894’与‘YJ006793’抗-抗杂交构建 $F_{2:3}$ 代分离群体, 在青海省农林科学院植物保护研究所小麦条锈病自然病圃进行了两年的抗病表型鉴定。遗传分析结果显示, ‘MY002894’与‘T29’ $F_{2:3}$ 杂交群体卡方测验符合7R:9S的抗感分离比, 表明‘MY002894’中含有2对独立作用的隐性成株期抗条锈病基因; ‘MY002894’与‘YJ006793’ $F_{2:3}$ 群体卡方测验符合55R:9S的抗感分离比, 表明‘MY002894’与‘YJ006793’杂交 $F_{2:3}$ 杂交群体对条锈病的抗性由1对显性基因2对隐性基因独立控制。由于‘MY002894’中有2对独立作用的隐性成株期抗条锈病基因, 推测‘YJ006793’中可能含有1对显性成株期抗条锈病基因。

关键词 春小麦; 条锈病; 成株期; 抗性遗传分析

中图分类号: S 435.121.42 **文献标识码:** A **DOI:** 10.16688/j.zwbh.2020169

Genetic analysis of adult-plant resistance genes to stripe rust in two spring wheat lines ‘MY002894’ and ‘YJ006793’

FANG Shiyu, LI Qiurong, HOU Lu*, FENG Jiwei, SHI Yi, TAN Ruobing, CHONG Yu, WEI Youhai

(Qinghai Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Qinghai University, Key Laboratory of
Agricultural Integrated Pest Management, Qinghai Province, Xining 810016, China)

Abstract Spring wheat lines ‘MY002894’ and ‘YJ006793’ possess adult-plant resistance to stripe rust. In order to promote their effective utilization, genetic analysis of adult-plant resistance genes to stripe rust in these two spring wheat lines were carried out in this study. Disease resistance phenotype of the two $F_{2:3}$ generation segregated population, which were constructed by crossing ‘MY002894’ with susceptible cultivars ‘Taichung 29’(T29) and ‘YJ006793’, separately, were identified in two years at the natural disease nursery of Plant Protection Institute, Qinghai Academy of Agricultural and Forestry Sciences. Genetic analysis showed that chi-square test result of ‘MY002894’ and ‘T29’ $F_{2:3}$ hybrid population met the separation ratio of 7R:9S, indicating that ‘MY002894’ contained two pairs of recessive resistance genes acting independently to stripe rust. The chi-square test of ‘MY002894’ and ‘YJ006793’ $F_{2:3}$ population conformed to separation ratio by 55R:9S, indicating that resistance of ‘MY002894’ and ‘YJ006793’ $F_{2:3}$ hybrid populations to stripe rust were controlled by one pair of dominant genes and two pairs of recessive genes, independently. Since ‘MY002894’ has two pairs of recessive adult-plant resistance genes to stripe rust, we can speculate that ‘YJ006793’ may contain one pair of dominant adult-plant

收稿日期: 2020-04-04

修订日期: 2020-05-31

基金项目: 国家重点研发计划(2018YFD0200405); 国家自然科学基金(31660513); 农业农村部农业资源环境保护项目(125A0605); 青海大学农牧学院大学生科研训练项目(NKX201904); 青海省农业有害生物综合治理重点实验室(2021-ZJ-Y08)

* 通信作者 E-mail: mantou428@163.com

resistance genes to stripe rust.

Key words spring wheat; stripe rust; adult stage; genetic analysis

小麦条锈病是由条形柄锈菌小麦专化型 *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* 引起的气传病害,小麦整个生育期内都会发生。该病害具有分布范围广,影响面积大,危害严重等特点^[1],对小麦的产量有着巨大影响。由于条锈菌新生理小种不断产生和发展,现有的条锈抗源利用不够合理,生产品种基因单一,使我国一些小麦品种‘丧失’了对条锈菌的抗性^[2]。因此,从小麦材料中挖掘新的抗病基因,研究其遗传特点,合理利用抗条锈病基因,是一项重要的基础研究工作。

青海省是我国小麦条锈病的越夏流行地区之一^[3]。该省春小麦和冬小麦交错种植,区域内种植‘阿勃’‘京农 411’‘高原 448’等感病小麦品种,抗病春小麦品种种植较少。由于晚熟的春小麦上的菌源可以传播到早播的冬麦苗上,导致省内条锈病流行十分频繁,并且条锈菌可以通过大气循环进行远距离传播,给我国东部冬小麦区发病提供较多的有效菌源^[4],对我国的条锈越夏菌源区治理产生不利影响^[5]。因此,寻找新的春小麦抗条锈病基因,研究其遗传特点,进而培育出抗病新品种,对控制小麦条锈病流行十分重要。

为增加抗条锈病基因的多样性,需要不断寻找新的抗条锈病基因。但目前在春小麦抗条锈病遗传分析方面,国内研究较少。姚强等^[6]对春小麦品种‘青春 39’的抗条锈病能力研究结果表明,‘青春 39’对 CYR17 的抗病性由 1 对显性基因控制,而对 CYR33 的抗病性由 1 显 1 隐两对基因独立控制。张调喜等^[7]对‘墨波’/‘T29’F₂ 群体的抗性遗传效应及青海春小麦品种‘青春 38’成株期抗条锈性进行了遗传解析^[8]。侯璐等先后对 8 个春小麦种质资源进行了苗期抗条锈病基因遗传分析^[9-10],明确了 8 份春小麦抗条锈病基因的遗传特点,并且对青海春小麦品种‘高原 363’成株期抗条锈病基因进行了遗传模型分析^[11]。

本研究组苗期分小种测试时发现,2 个春麦品系‘MY002894’和‘YJ006793’表现为小种专化抗病性,对大田流行的最新小种 CYR34 表现感病,而 2015 年到 2019 年 4 年期间成株期大田测试均对条

锈菌表现良好的抗病性。本研究拟分析这 2 个品系的成株期抗条锈病基因及遗传特点,为后续合理有效的利用提供理论基础。

1 材料与方法

1.1 试验材料

‘MY002894’和‘YJ006793’为抗条锈春小麦资源,综合农艺性状好,抗性强,由青海国家复份种质库提供。感病对照春小麦品系‘Taichung 29’(T29)由中国农业科学院植物保护研究所徐世昌研究员提供。以‘MY002894’为父本与‘Taichung 29’(T29)杂交获得 F_{2:3} 群体,‘MY002894’为父本与‘YJ006793’杂交获得的 F_{2:3} 群体,由本研究室保存。

供试条锈菌小种 Sun11-4、Sun11-6、CYR32、CYR33、CYR34 由西北农林科技大学植物保护学院植物抗病遗传研究室提供,青海省农林科学院植物保护研究所保存。

1.2 试验方法

春小麦品系‘MY002894’和‘YJ006793’的苗期抗性鉴定于 2015 年在青海省西宁市青海省农林科学院植物保护研究所温室进行,供试小麦材料分别播种在装有泥炭土:蛭石:珍珠岩=2:1:1 培养基质的 7 cm×7 cm×7 cm 塑料花盆内,每盆种 10~15 粒,置于温室按常规方法培养。待小麦幼苗第 1 片叶充分展开、第 2 片叶露尖时,采用涂抹法接种,将少许锈菌夏孢子放在洁净的毛玻璃上,用滴管加入少量水,用接种针混匀涂抹到叶片上。幼苗放置于温度为 (10±1)℃ 的保湿箱内 24 h 后,移至温室培养,温度 (16±1)℃,相对湿度 80%,L//D=16 h//8 h,光照强度 9 000 lx。待感病品系‘T29’充分发病时(15~20 d)调查反应型。

成株期抗性测试分别于 2015 年、2016 年、2017 年和 2019 年在青海省农林科学院植物保护研究所小麦条锈病自然发病圃进行。亲本以撒播的方式种植 1 行,行长 1 m,行距 0.3 m,每行播 10 粒,2017 年以单粒点播的方式种植 F₂ 群体单株,每行播 10 粒,2017 年收获的 F₃ 家系群体的种子于 2019 年继续种植测试,每个 F₃ 家系撒播种植 1 行,每块试验地

中每播种 20 行就插种 1 行‘Taichung 29’(T29)作为感病诱发对照组,鉴定圃的四周各种 3 行‘Taichung 29’(T29)作诱发行。播种时间为每年 4 月上旬,在每年 7 月上旬小麦抽穗期开始,待‘Taichung 29’(T29)充分发病时,对亲本及 F₂ 群体(2017 年)每个单株进行调查,对 F₃ 家系(2019 年)每一行进行调查,记录反应型和严重度,反应型和严重度调查重复 2 次,间隔 7 d,取 2 次调查数据的平均值进行最终统计。‘MY002894 和‘Taichung 29’(T29)进行杂交后,于 2017 年收获 152 个 F₂ 群体单株,2019 年收获 149 个 F₃ 家系。‘MY002894’和‘YJ006793’进行杂交后,于 2017 年收获 176 个 F₂ 群体单株,2019 年收获 171 个 F₃ 家系。

‘MY002894’和‘YJ006793’苗期和成株期反应型按 Line 等^[12]的 0~9 级方法记录,0~5 级为抗病;6~9 级为感病,病害严重度(DS,%)按 0~100%分级记录^[13]。采用 Excel 2016 软件统计数据并绘制‘MY002894’/‘Taichung 29’(T29)和‘MY002894’/‘YJ006793’群体的病害严重度和成株期反应型的频率分布条形图;统计各株系的抗感分离比,实际比值与期望比值的符合程度用 $\chi^2(\leq \chi^2_{0.05})$ 进行适合性检验,确定最适合的分离比率。

表 1 ‘MY002894’‘YJ006793’‘Taichung 29’(T29)的抗条锈性¹⁾

Table 1 Stripe rust resistance of ‘MY002894’‘YJ006793’‘Taichung 29’(T29)

品种(系) Variety (Line)	2015 年苗期反应型 Infection type at seedling in 2015					成株期 Adult stage							
	Sun11-4	Sun11-6	CYR32	CYR33	CYR34	2015		2016		2017		2019	
						反应型 IT	严重度/% DS	反应型 IT	严重度/% DS	反应型 IT	严重度/% DS	反应型 IT	严重度/% DS
MY002894	2	2	2	3	8	2	5	2	10	2	10	3	15
YJ006793	2	2	2	2	7	2	5	2	10	2	15	2	10
T29	9	9	9	9	9	8	85	9	85	8	85	9	80

1) IT:反应型;DS:严重度。
IT: Infection type; DS: Disease severity.

2.2 ‘MY002894’抗条锈病基因遗传分析

‘MY002894’/‘T29’F_{2:3} 群体单株(家系)的反应型和病害严重度数值分布图如图 1, F_{2:3} 群体在 2 个环境下反应型和病害严重度中间型较多,反应型和病害严重度整体上均未呈现连续性分布,但是不同的区段内却又出现了连续性分布的现象。对‘MY002894’的抗条锈遗传分析结果见表 2, ‘MY002894’/‘Taichung

2 结果与分析

2.1 供试亲本 ‘MY002894’ ‘YJ006793’ 和 ‘Taichung 29’(T29)抗条锈性分析

由表 1 可知, ‘MY002894’ 苗期对 Sun11-4、Sun11-6、CYR32 的反应型为 2, 对 CYR33 的反应型为 3, 表现为高抗; 对 CYR34 的反应型为 8, 表现为高感。 ‘YJ006793’ 苗期对 Sun11-4、Sun11-6、CYR32、CYR33 反应型为 2, 表现为近免疫; 对 CYR34 的反应型为 7, 表现为感病。即 ‘MY002894’ 和 ‘YJ006793’ 苗期具有小种专化抗病性, 但对近年流行的小种 CYR34 表现感病。通过对 ‘MY002894’ 和 ‘YJ006793’ 成株期病害的反应型和严重度的调查可以知道, 2015 年, 2016 年, 2017 年两个品系的反应型都为 2, ‘MY002894’ 的病害严重度为 5%、10%、10%, ‘YJ006793’ 的病害严重度为 5%、10%、15%; 2019 年 ‘MY002894’ 的反应型为 3, 病害严重度为 15%; ‘YJ006793’ 的反应型为 2, 病害严重度为 10%。 ‘MY002894’ 和 ‘YJ006793’ 苗期对近年流行的小种 CYR34 表现感病, 但在大田成株期多年一直表现出很高的抗病性, 这两个抗性品系具有稳定的成株期抗病性。 ‘Taichung 29’(T29)苗期对上述 5 个小种均表现为高感; 在田间的成株期调查中也表现为高感, 说明 ‘Taichung 29’(T29)是一个感病品系。

29’F₂ 群体单株调查结果中, 抗病植株为 57 株, 感病植株为 95 株, 即 ‘MY002894’ 与 ‘Taichung 29’ 杂交后代 F₂ 群体卡方测验符合 7R:9S 的抗感分离比($\chi^2 = 2.17, P = 0.12$)。对 F₃ 群体家系调查中, 抗病家系有 55 个, 感病家系有 94 个, 也符合 7R:9S 的抗感分离比($\chi^2 = 2.56, P = 0.09$), 由卡方分析结果得出 ‘MY002894’ 有 2 对独立作用的隐性成株期抗条锈病基因。

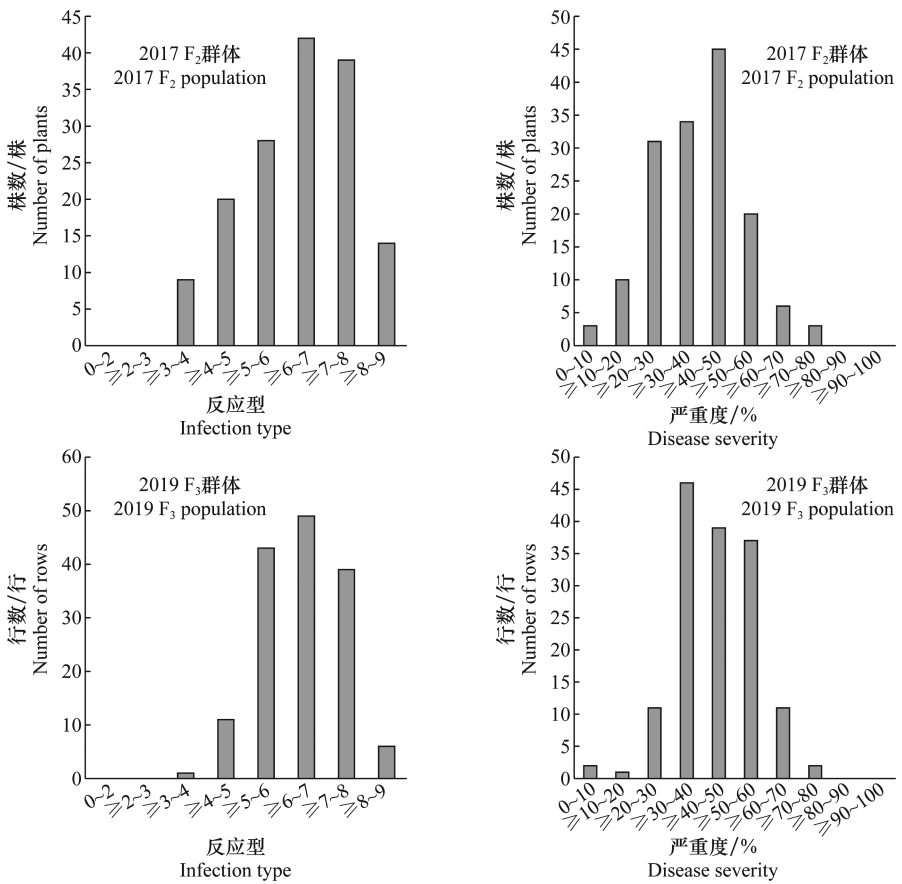


图 1 ‘MY002894’/‘Taichung 29’ (T29) F_{2,3} 群体单株 (家系) 反应型和病害严重度分布图

Fig. 1 ‘MY002894’/‘Taichung 29’ (T29) F_{2,3} frequency distribution of population response and disease severity

表 2 ‘MY002894’/‘Taichung 29’ (T29) F_{2,3} 群体抗条锈性遗传分析结果¹⁾

Table 2 Results of genetic analysis of stripe rust resistance in ‘MY002894’/‘Taichung 29’ (T29) F_{2,3} population

亲本和杂交组合 Parental and cross combination	世代 Generation	株数/株 Number of plants		抗感分离比 Ratio (R:S)	卡方值 χ^2 value	P 值 P value
		R	S			
MY002894	P ₁	8	0			
T29	P ₂	0	7			
MY002894/T29	F ₂	57	95	7:9	2.17	0.12
MY002894/T29	F ₃	55	94	7:9	2.56	0.09

1) R: 抗病; S: 感病。下同。
R: Resistant; S: Susceptible. The same applies below.

2.3 ‘YJ006793’/‘MY002894’ F_{2,3} 群体抗条锈病基因遗传分析

‘MY002894’/‘YJ006793’ F_{2,3} 群体的反应型和病害严重度频率分布见图 2, 2017 年 F₂ 群体和 2019 年的 F₃ 群体的反应型抗性较多, 反应型和病害严重度整体均未呈连续分布, 但是不同的区段内却又出现了连续性分布的现象, 两年的测试结果呈现相同的变化趋势。对‘MY002894’/‘YJ006793’ F_{2,3} 群体的抗条锈遗传分析结果见表 3, 在 F₂ 群体中, 抗病植株为 148 株, 感病植株为 28 株, ‘MY002894’和‘YJ006793’杂交后代 F₂

群体卡方测验符合 55R:9S 的抗感分离比($\chi^2=0.36$, $P=0.48$)。对 F₃ 家系群体中, 抗病家系有 151 株, 感病家系有 20 株, ‘MY002894’与‘YJ006793’ F₃ 群体感染条锈菌后卡方测验也符合 55R:9S 的抗感分离比($\chi^2=0.61$, $P=0.37$)。即‘MY002894’与‘YJ006793’杂交 F_{2,3} 群体对条锈菌的抗病性由 1 对显性基因 2 对隐性基因独立控制。由‘MY002894’抗条锈病基因遗传分析结果, ‘MY002894’中有 2 对独立作用的隐性成株期抗条锈病基因, 可推出‘YJ006793’中有 1 对显性成株期抗条锈病基因。

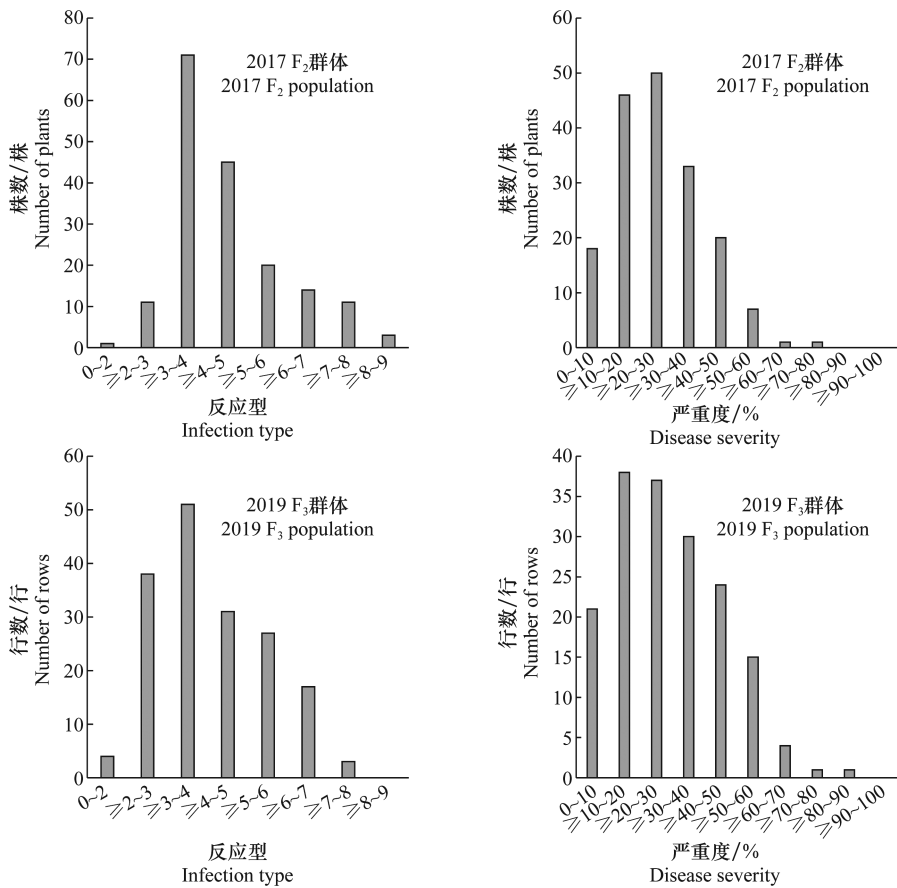


图 2 ‘MY002894’/‘YJ006793’F_{2:3} 群体单株 (家系) 反应型和病害严重度分布图

Fig. 2 ‘MY002894’/‘YJ006793’F_{2:3} frequency distribution of population response and disease severity

表 3 ‘MY002894’/‘YJ006793’F_{2:3} 群体抗条锈性遗传分析结果

Table 3 Results of genetic analysis of stripe rust resistance in ‘MY002894’/‘YJ006793’F_{2:3} population

亲本和杂交组合 Parental and cross combination	世代 Generation	株数/株 Number of plants		抗感分离比 Ratio (R:S)	卡方值 χ ² value	P 值 P value
		R	S			
MY002894	P ₁	9	0			
YJ006793	P ₂	8	0			
MY002894/YJ006793	F ₂	148	28	55:9	0.36	0.48
MY002894/YJ006793	F ₃	151	20	55:9	0.61	0.37

3 讨论

目前国内对小麦抗条锈病基因的遗传分析主要是根据孟德尔经典遗传定律进行分析,通过 χ^2 ($\leq \chi^2_{0.05}$) 进行适合性检验,确定其最适合的分离比率,进而确定抗病基因的显隐性、数目以及基因间作用方式,得出抗条锈病基因作用规律^[11]。张莹等^[14]对小麦品系‘P9897’成株期抗条锈性进行分析,发现其抗条锈性是由一显一隐 2 对基因独立控制或起重叠作用控制的。苏萍萍等^[15]对小麦种质资源‘P10078’成株期抗性进行研究,得出其由 1 对显性主效基因控制。周春宏等^[16]通过研究西藏地方小麦品种‘曲

白春’后,发现其成株期对条锈菌的抗性由 2 对独立显性基因控制。马东方等^[17]研究了‘小偃 6 号’成株期对 CYR30、CYR32 的抗病性,得出‘小偃 6 号’的抗病性均由 2 对隐性基因累加作用控制,对 Su11-4 的抗病性由 1 对显性基因控制。邱亨池等^[18]发现‘秦农 142’成株期对条锈病的抗性由 1 对显性基因和 1 对隐性基因共同决定。

本研究中,2 个杂交群体成株期对条锈病的抗性由 2 对基因或 3 对基因控制。通过采用经典遗传学的方法结合基因推导的方法分析‘MY002894’和‘YJ006793’的抗病遗传规律,结果表明,‘MY002894’成株期抗条锈性由 2 对隐性基因独立控制,‘YJ006793’

中有 1 对显性成株期抗条锈病基因。在 4 年的成株期抗性调查中发现‘MY002894’和‘YJ006793’的抗病性比较稳定,对小麦条锈病有很高的抗性,对其抗性基因的研究有重要的意义。本研究通过抗-感杂交确定‘MY002894’中抗性基因的数目,依据抗-感杂交的结果,再根据抗-抗杂交的结果,可以推测‘YJ006793’中的抗条锈病基因类型。使用这样的方法可以快速确定其抗条锈遗传特点,直接筛选出比 2 个抗病亲本表现更高抗病性和抗性持久性的家系,以期在这 2 个春小麦种质资源在抗病育种中的利用提供理论指导。‘MY002894’和‘YJ006793’都为抗性材料,抗-抗杂交可以实现抗病基因的累加,在后代中,有可能筛选出比 2 个抗病亲本更加优良的抗条锈性和抗性持久性的家系,直接为育种家提供优良的抗性基因聚合材料和理论参考;也可以通过分子标记技术进行下一步研究,为春小麦抗病育种提供服务,从而获得更有应用价值的抗病新种质或生产品种。

参考文献

- [1] CHEN Xianming. Epidemiology and control of stripe rust [*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*] on wheat [J]. Canadian Journal of Plant Pathology, 2005, 3(3): 314–337.
- [2] 陈万权, 康振生, 马占鸿, 等. 中国小麦条锈病综合治理理论与实践[J]. 中国农业科学, 2013, 46(20): 4254–4262.
- [3] 姚强, 郭青云, 闫佳会, 等. 青海东部麦区小麦条锈菌越冬调查初报[J]. 植物保护学报, 2014, 41(5): 578–583.
- [4] 陆宁海. 中国西北越夏区小麦条锈菌分子流行病学研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2009.

- [5] 姚强. 青海省小麦条锈病流行规律研究[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2018.
- [6] 姚强, 贺苗苗, 闫佳会, 等. 春小麦品种青春 39 的抗条锈性遗传分析[J]. 麦类作物学报, 2014, 34(1): 39–42.
- [7] 张调喜, 闫佳会, 侯璐, 等. 春小麦品种墨波成株期抗条锈基因遗传解析[J]. 植物保护学报, 2018, 45(1): 60–66.
- [8] 张调喜, 闫佳会, 侯璐, 等. 青海春小麦品种‘青春 38’成株期抗条锈性遗传解析[J]. 植物保护, 2018, 44(5): 247–252.
- [9] 侯璐, 闫佳会, 姚强, 等. 4 个春小麦种质资源苗期抗条锈基因遗传分析[J]. 西北农业学报, 2018, 27(1): 24–30.
- [10] 侯璐. 4 个春小麦种质资源抗条锈性鉴定和抗性遗传分析[J]. 麦类作物学报, 2017, 37(1): 80–86.
- [11] 侯璐. 青海春小麦品种高原 363 成株期抗条锈病基因遗传模型分析[J]. 华北农学报, 2019, 34(2): 117–123.
- [12] LINE R F, CHEN Xianming. Successes in breeding for and managing durable resistance to wheat rusts [J]. Plant Disease, 1995, 79(12): 1254–1255.
- [13] 周新力, 詹刚明, 黄丽丽, 等. 80 份国外春小麦种质资源抗条锈性评价[J]. 中国农业科学, 2015, 48(8): 1518–1526.
- [14] 张莹, 周新力, 王琪琳, 等. 小麦品系 P9897 成株期抗条锈性遗传分析[J]. 麦类作物学报, 2015, 35(10): 1355–1359.
- [15] 苏萍萍, 曾庆东, 李海洋, 等. 小麦种质 P10078 的成株期条锈病抗性特征及遗传规律[J]. 麦类作物学报, 2017, 37(4): 500–503.
- [16] 周春宏, 徐智斌, 冯波, 等. 西藏地方小麦品种曲白春的抗条锈性遗传分析[J]. 麦类作物学报, 2015, 35(3): 312–316.
- [17] 马东方, 周新力, 井金学, 等. 小偃 6 号成株期高温抗条锈性遗传分析[J]. 植物保护学报, 2013, 40(1): 33–37.
- [18] 邱亨池, 王琪琳, 何雨洁, 等. 秦农 142 抗条锈病特征与成株期抗性遗传分析[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2014, 42(6): 63–68.

(责任编辑: 田 喆)

(上接 179 页)

- [25] GRINBLAT G L, UZAL L C, LARESE M G, et al. Deep learning for plant identification using vein morphological patterns [J]. Computers & Electronics in Agriculture, 2016, 127: 418–424.
- [26] FAN Jianping, ZHOU Ning, PENG Jinye, et al. Hierarchical learning of tree classifiers for large-scale plant species identification [J]. IEEE Transactions on Image Processing, 2015, 24(11): 4172–4184.
- [27] LEE S H, CHAN C S, REMAGNINO P. Multi-organ plant classification based on convolutional and recurrent neural networks [J]. IEEE Transactions on Image Processing, 2018, 27(99): 4287–4301.
- [28] PRASAD S, KUMAR P S, GHOSH D. An efficient low vision plant leaf shape identification system for smart phones [J]. Multimedia Tools & Applications, 2016, 76(5): 1–25.
- [29] NGUYEN T N, LE T L, VU H, et al. A combination of deep

learning and hand-designed feature for plant identification based on leaf and flower images [M]. KROL D, NGUYEN N T, SHIRAI K. Advanced topics in intelligent information and database systems. Springer International Publishing, 2017.

- [30] 李珉亭, 张健涛, 雷耀华, 等. 基于用户需求的国内植物类科普 App 影响力分析—以花伴侣 App 为例[J]. 科技传播, 2017, 9(22): 193–195.
- [31] ZHANG Jianming, LU Chaoquan, LI Xudong, et al. A full convolutional network based on DenseNet for remote sensing scene classification [J]. Mathematical Biosciences and Engineering, 2019, 16(5): 3345–3367.
- [32] FULTON L V, DOLEZEL D, HARROP J, et al. Classification of Alzheimer’s disease with and without imagery using gradient boosted machines and ResNet-50 [J]. Brain Sciences, 2019, 9(212): 1–15.

(责任编辑: 田 喆)