

新疆甜瓜品种‘PHHL’白粉病抗病基因初步定位

毛 云, 陈 刚 刚, 王 贤 磊, 宁 雪 飞, 李 冠

(新疆大学 生命科学与技术学院, 新疆 乌鲁木齐 830046)

摘 要:以新疆甜瓜白粉病抗病品种‘PHHL’与感病品种‘XM2’为亲本,构建 F_2 代遗传分离群体,研究了抗病品种‘PHHL’中白粉病抗性基因的遗传规律。采用BSA(Bulked Segregation Analysis)法和SSR(Simple Sequence Repeat)分子标记技术,对白粉病抗性基因进行遗传定位,为抗白粉病育种提供种质资源。结果表明:甜瓜‘PHHL’品系对白粉病 *Podosphaera xanthii* 的抗性受一个显性基因控制;筛选11个SSR多态性标记,通过连锁分析,将该基因定位于LGVII标记SSR12510与ECM123之间;327、328号标记发生了偏分离现象且差异显著,这2个标记存在偏分离位点。

关键词:甜瓜;抗白粉病基因;SSR标记;遗传定位

中图分类号:S 652.436.5 **文献标识码:**A **文章编号:**1001-0009(2017)11-0135-05

甜瓜(*Cucumis melo* L.)是新疆的重要经济作物,原产热带,在我国各地普遍栽培,品种较多,为夏季的优良果品之一,因其口感味香而甜,为大家所喜爱。但是,随着甜瓜栽培面积的扩大,商品化程度和生产规模化的不断提高,甜瓜相关的病害也随之增多。其中甜瓜白粉病在国内外普遍发生,与甜瓜果斑病、霜霉病并称为危害世界甜瓜生产的三大病害,严重影响甜瓜的产量和品质。甜瓜白粉病菌主要为瓜单囊壳白粉菌(*Podosphaera xanthii*)和二孢白粉菌(*Golovinom yescichoracearum*)^[1],我国甜瓜白粉病的主要病原菌是瓜单囊壳白粉菌^[2]。

目前防治甜瓜白粉病的主要途径仍然是化学防治,然而,甜瓜白粉病菌生理小种多、分化迅速^[3],化学方法很难达到理想的防治效果;而且随着时间推移病原菌对化学试剂已产生耐药性,这对甜瓜白粉病防治工作造成了极大的困难^[4];再以化学试剂带来的二次污染问题,也不符合人们对绿色食品的要求。因此,发掘、利用抗病资源,培育抗病新品种是

最经济、最有效的途径。然而传统的育种方法极易受环境因素、基因表达、基因显隐性、目标基因与不利基因的连锁等影响,使得育种周期长、选择目标性状困难,很难培育出优良品种^[5]。SSR因其高度的多态性,共显性较高^[6-7],操作方便、分布广、重复率高等优点,广泛应用在构建遗传连锁图、基因定位和分子标记辅助育种等方面^[8-9]。

在国外很早就开始了对甜瓜白粉病抗性的研究,早在20世纪20—30年代美国加利福尼亚州引进印度的抗白粉病种质,并于1936年首次育成抗白粉病的甜瓜品种‘PMR45’^[10]。迄今为止,已经发现的甜瓜白粉病抗性基因有 *Pm-1* (1937, 美国)、*Pm-2* (1964, 美国)、*Pm-3*、*Pm-4*、*Pm-5* (1968, 美国)、*Pm-6* (1989, 以色列)^[11]、*Pm-7* (2000, 美国)^[12]、*Pm-E*、*Pm-F*、*Pm-G*、*Pm-H* (1993, 法国)^[13]、*Pm-X*、*Pm-Y*、*Pm-W* (1991, 法国)^[14]、*Pm-Z* (2003, 美国)^[15] 和 *PmV.1*、*PmXII* (2005, 法国)^[16]。在国内,王建设等^[17]研究甜瓜品种‘PI414723’和“宁甜1号”对北京的1个白粉病病原菌系的抗性情况,结果表明这2个品种对白粉病的抗性均由1对不完全显性基因控制。臧全宇等^[18]对网纹甜瓜进行了白粉病抗性遗传研究,结果表明网纹甜瓜白粉病抗性是由单显性基因控制。咸丰等^[19]对野生甜瓜‘云甜-930’(P1)与栽培甜瓜‘华莱士’(P2)杂交分析发现,‘云甜-930’的抗白粉病

第一作者简介:毛云(1989-),男,硕士研究生,研究方向为植物学。E-mail:413842015@qq.com.

责任作者:李冠(1949-),男,硕士,教授,博士生导师,研究方向为植物生理生化与分子生物学。E-mail:guanli@xju.edu.cn.

基金项目:国家自然科学基金资助项目(31260258)。

收稿日期:2017-02-14

遗传规律受 2 对加性-显性-上位性主基因+加性-显性-上位性多基因控制,同时还受到环境变异的影响。陈静等^[20]在‘WMR-29’抗病材料上发现白粉病基因是由 2 个基因控制的,分别位于在 LGII 和 LGXII 连锁群体上。卢浩等^[21]将甜瓜品种‘PMR 6’中 1 个抗白粉病菌 *P. xanthii* 生理小种 1 的基因定位 LGXII, 与 CMBR111 紧密连锁。艾子凌等^[22]以抗病自交系‘MR-1’为母本,感病自交系‘Topmark’为父本,分析其遗传规律,发现白粉病的抗性基因为单显性基因,并将其定位在 7 号连锁群,位于 CAPS 标记 7-4E 和 7-1H 之间。

目前科研工作者在研究中所选择的抗白粉病材料的抗病基因遗传位点以及抗病基因个数还有待研究,抗白粉病基因的遗传机制更没有定论,研究不同抗性材料中抗病基因的等位关系,抗病基因与生理小种的关系对揭示白粉病抗性基因的遗传机制有重要意义。加之新疆地区存在的不是单一白粉病生理小种,因此研究多种抗病基因遗传规律及对抗性基因定位,利用聚合育种,可以实现解决白粉病病害问题。

该研究开展白粉病抗性材料抗性遗传规律的研究,对抗性品种‘PHHL’中抗性基因进行遗传定位,选择紧密连锁共显性的分子标记,拟发掘出与抗性基因连锁的分子标记,将其应用于今后甜瓜抗白粉病基因聚合育种工作,以期培育甜瓜创新性种质资源及抗病育种提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

甜瓜抗白粉病亲本材料‘PHHL’和感病甜瓜亲本材料‘XM2’均由新疆昌吉国家瓜类工程技术研究中心提供,2 个材料都是纯度很高的自交系。以甜瓜抗病品种‘PHHL’与感病品种‘XM2’为亲本,构建 F_2 代遗传分离群体。白粉病病原菌 *Podosphaera xanthii* race 1 采自国家瓜类工程技术研究中心实验田,参照张学军等^[23]的方法对其生理小种进行鉴定并保存。SSR 引物序列参考 DIAZ 等^[24-25]的研究,序列合成由华大基因公司合成。

1.2 试验方法

1.2.1 分离群体 F_2 对白粉病抗性的检测 在新疆昌吉国家瓜类工程技术研究中心试验田种植 110 株遗传分离群体 F_2 ,以浓度为 1×10^6 个 $\cdot \text{mL}^{-1}$ 的白粉病病原菌孢子悬浮液对 30 d 苗龄的瓜苗进行苗期

抗病接种鉴定^[26]。叶片有白粉病病斑记为感病(S),无白粉病病斑记为抗病(H),用 χ^2 检验分析其抗白粉病基因的遗传规律。

1.2.2 利用 BSA 法进行抗感池的构建 对 F_2 代遗传分离群体进行采样,采用 CTAB 改良法提取叶片基因组 DNA^[27]。通过 BSA 法构建抗病池、感病池^[28]。抗病植株中选取 20 株等量 DNA 混合,构建抗病池;感病植株选取 20 株采集叶片,提取等量 DNA 混合,构建感病池,以此消除个体差异,使得 2 个基因池中,主要区别位点为抗性基因。

1.2.3 筛选与抗白粉病基因紧密连锁的分子标记 参考 DIAZ 等^[24-25] SSR 引物序列,挑选合成均匀分布在 12 条连锁群上 400 个 SSR 标记,对抗感池进行检测,筛选在 2 个池间表现多态性的 SSR 分子标记。SSR 扩增体系为 20 μL ,其中 DNA 模板 0.4 μL ,10 \times PCR 缓冲液 ($15 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1} \text{ Mg}^{2+}$) 2 μL ,上、下游引物 ($50 \mu\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$) 各 0.2 μL ,dNTPs ($10 \text{ mmol} \cdot \text{L}^{-1}$) 0.4 μL ,Taq DNA 酶 (Biomed,China,5 U $\cdot \mu\text{L}^{-1}$) 0.4 μL 。SSR 扩增程序:94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 3 min;94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s,55 $^{\circ}\text{C}$ 退火 30 s,72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 30 s,35 个循环;72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 5 min;4 $^{\circ}\text{C}$ 保存。SSR 扩增产物用 8% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳检测,银染显色。

1.2.4 分子标记对分离群体的个体检测 利用筛选出的连锁标记对 64 株 F_2 分离群体单株进行 PCR 扩增,8% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳检测 PCR 产物。在电泳检测中,出现单带且与母本带型一致记为 A,出现单带且与父本带型一致记为 B,出现双带记为 H,统计电泳检测结果。

1.3 数据分析

利用 JoinMap 3.0 软件处理分析数据,绘制抗性基因的连锁图谱。

2 结果与分析

2.1 甜瓜抗病品种‘PHHL’对白粉病抗性的检测

以甜瓜抗病品种‘PHHL’与感病品种‘XM2’为亲本,构建 F_2 代遗传分离群体,进行苗期抗病接种鉴定。共种植 110 株苗,抗病植株 77 株,感病植株 33 株,抗病植株与感病植株比为 77 : 33。统计分离群体抗病植株、感病植株的分离比进行 χ^2 检验。由表 1 可知, F_2 分离群体中抗性基因符合 3 : 1 遗传规律($\chi^2 = 1.47, P = 0.23$),且该基因由显性基因控制。

表 1 F_2 分离群体中对白粉病菌
Podosphaera xanthii race 1 抗感反应分离

Table 1 Reaction to *Podosphaera xanthii*
race 1 in the segregation population F_2

分离群体 Regregation population	观察值 Observations (R : S)	理论值 The theoretical value (R : S=3 : 1)	χ^2 值 Value	概率 Probability
'PHHL'×'XM2' F_2	77 : 33	82.5 : 27.5	1.47	0.23

注: $\chi^2_{0.05} = 3.841$, 若 $\chi^2 < \chi^2_{0.05}$, $P > 0.05$, 没有显著性差异。

Note: $\chi^2_{0.05} = 3.841$, if $\chi^2 < \chi^2_{0.05}$, $P > 0.05$, there is no significant differences.

2.2 抗白粉病连锁分子标记的筛选

用 400 个 SSR 标记检测抗病与感病基因池, 部分扩增结果如图 1 所示。总共有 11 个标记在抗病与感病基因池表现多态性, 遗传上与抗白粉病基因座位相连锁, 分别为 305、310、312、327、328、329、12-7、12-13、12-16、12-18、12-d(表 2), 均集中在 LGXII, 由此推测, 'PHHL' 中的抗性基因位于 LGXII 连锁群上。

表 2 11 对多态性标记序列

Table 2 Sequence of 11 polymorphic markers

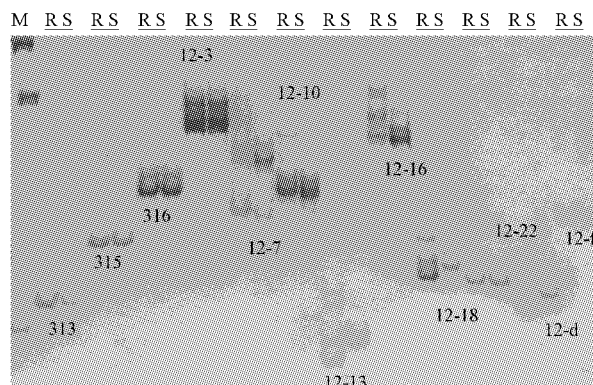
编号 Number	标记 Marker	上游引物 Forward primer(5'-3')	下游引物 Reverse primer(5'-3')
305	CMTCN34	TCCTCTCTTTTCTTTTCATCC	GTTGCTGATTTTTCATTC
310	CMAGN33	CTGTCTGTCTATTCTCCACTTGG	TGTATGCCAGTAGCGAAAC
312	DE1851	CACCOCTTCATTATCCCAAC	CCAGAGACGAAAAGAAATTG
327	CMBR14	CCATTCCTTTACTCTCTCTGAAACCA	TCACAATCTCTCCCTACCAAGAA
328	CMAGN80	ATATTGATTGCTGGGAAAGG	CTTTTTTGGCTTTTATGGGTC
329	ECM123	TCTAATGGCGGCTTCAACTTA	CTCCTTAGTGCATGGCTTCAC
12-7	SSR12212	CAGGTGGATTGAGTGATA	CCACTTTTGGCATCTACTTA
12-13	SSR12416	TACCAITTTCTGCAATTACTC	GTCGGCTTGTTCTTTATCTC
12-16	SSR12505	GGATAAGATTTCGAGACA	GCACTACATCCAAAAGACAA
12-18	SSR12510	CATAACGTCAITCCATAAAT	AGATTGAAGGTTGATTGGAC
12-d	SSR12213	ATTGAGAATGGATCAAAGAC	CAGCGATTGAAAGTAACAG

2.3 连锁的分子标记对分离群体的个体检测

用筛选出与抗性基因连锁的 11 个 SSR 标记对 F_2 分离群体中的个体进行扩增, 电泳检测。在电泳检测中, 出现单带且与抗性亲本带型一致记为 A, 出现单带且与感性亲本带型一致记为 B, 出现双带记为 H, 统计 11 个标记的电泳检测结果(表 3)。与抗性基因连锁的标记在分离群体中, 分离比大部分符合单基因分离比。其中, 327、328 号标记发生了偏分离现象, 且差异显著, 推测这 2 个标记附近存在偏分离位点。

2.4 白粉病抗性基因的定位

利用 JoinMap 3.0 软件处理分析数据, 绘制抗性基因的连锁图谱。由图 2 可知, 初步将 'PHHL' 抗白粉病基因定位于 SSR12510 与 ECM123 之间, 与 SSR12510 之间存在 22.9 cM 的距离, 然而 12 号连锁群被分成了 2 部分。推测染色体出现断裂, 出现的原因主要还是该区段标记密度较低。



注: M, DL 2 000 Marker; R, 抗病池; S, 感病池。

Note: M, DL 2 000 Marker; R, Resistant gene pool; S, Susceptible gene pool.

图 1 多态性标记对抗感池的扩增

Fig. 1 Resistant gene pool and susceptible gene pool detected by polymorphism markers

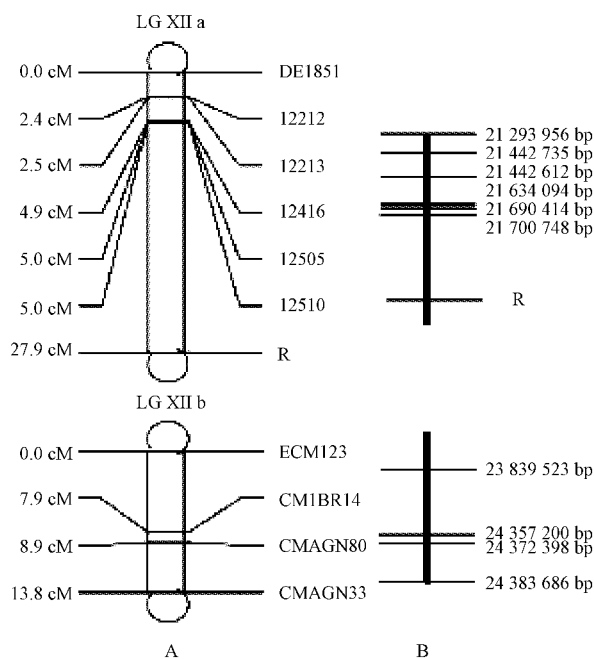
表 3 11 个标记在 F_2 代分离群体中的分离比

Table 3 Separation ratio of 11 markers in F_2

标记 Marker	观察值 (B : A) Observation	理论值 (B : A) Theoretical value	χ^2 值 Value	概率 Probability
305	13 : 18	15.5 : 15.5	0.81	0.37
310	19 : 15	17.0 : 17.0	0.47	0.49
312	17 : 17	17.0 : 17.0	0.00	1.00
327	24 : 11	17.5 : 17.5	4.83	0.03
328	25 : 12	18.5 : 18.5	4.57	0.03
329	19 : 10	14.5 : 14.5	2.79	0.09
12-7	17 : 12	14.5 : 14.5	0.86	0.35
12-13	17 : 17	17.0 : 17.0	0.00	1.00
12-16	17 : 16	16.5 : 16.5	0.03	0.86
12-18	17 : 17	17.0 : 17.0	0.00	1.00
12-d	17 : 16	16.5 : 16.5	0.03	0.86

注: A 表示的是出现单带且与父本带型一致个体数量, B 表示的是出现单带且与母本带型一致个体数量。

Note: A, The number of individuals single and consistent with the male parent band type; B, The number of individuals single and consistent with the female parent.



注: A. F₂ 分离群体的连锁图, 遗传距离在左方, 标记在右方; R 表示抗性基因; B. F₂ 分离群体的物理图谱, 数字代表物理距离。

Note: A. F₂ linkage map, genetic distance on the left, marking on the right; R. Resistance genes; B. F₂ physical map, numbers represent physical distance.

图2 'PHHL'和'XM2'F₂ 分离群体的连锁图和物理图谱

Fig. 2 Linkage map and physical map of 'PHHL'×'XM2' F₂ segregation population

3 讨论与结论

该研究中,以抗性亲本'PHHL'与感性亲本'XM2'杂交的 F₂ 群体,构建 F₂ 代遗传分离群体,进行苗期抗病接种鉴定。统计分离群体抗病植株、感病植株的分离比,进行 χ^2 检验。符合单显性基因的遗传规律 3:1 ($\chi^2=1.47, P=0.23$)。目前,对于抗白粉病基因的遗传机制还存在其它观点:一是双基因控制,如陈静等^[20]在'WMR-29'抗病材料上发现白粉病基因是由 2 个基因控制的;二是多基因及修饰基因控制,咸丰等^[19]认为野生白粉病抗病品种'云甜-930'含有 2 对加性-显性-上位性主基因+加性-显性-上位性多基因混合遗传模型;臧全宇等^[18]认为甜瓜白粉病抗性规律除了主效基因外,还有微效基因的作用;根据此研究推断,出现不同的抗性规律可能是存在同种甜瓜抗原对于不同的病原类型抗性遗传规律不同以及不同的甜瓜抗原对同种病原类型的抗性遗传规律不同的情况。

2015 年卢浩等^[21]将甜瓜品种'PMR 6'中 1 个抗白粉病菌 *P. xanthii* 生理小种 1 的基因定位在

LGXII,与 CMBR111 紧密连锁。该试验中找到了与白粉病抗病基因连锁的 11 个标记,均位于 LGXII 连锁群上,初步将 PHHL 抗白粉病基因定位与 SSR12510 与 ECM123 之间,与 SSR12510 之间存在 22.9 cM 的距离。并且 CMBR111 在 F₂ 分离群体中不表现多态性,表明'PHHL'中的抗性基因和卢浩等^[21]定位的抗性基因不同。

该研究中抗性基因锚定在 LGXII 染色体上,位于间距 22.9 cM 的 2 个标记之间。由于 2 个亲本之间亲缘关系近和 LGXII 染色体 SSR 分子标记覆盖还不够等原因,筛选出可用于构建连锁图谱的 SSR 标记较少,且单一分子标记等原因,造成的遗传图谱密度不均一,出现染色体断裂现象^[29]。对于试验中的不足之处,后续试验可以扩大体检测个体的数量,将个体数增加到几百个,然后根据甜瓜全基因组测序的结果,增加设计 SSR12510 与 ECM123 区域内 SSR 分子标记的数量,至少使该区域中的标记密度达到精细定位的要求。同时对于标记单一性,可以在该区域中增加标记的种类 AFLP、SNP 等多态性高的标记,对该抗白粉病基因进行精细定位。

与抗性基因连锁的标记在分离群体中,分离比大部分符合单基因分离比。其中 327、328 号标记发生了偏分离现象且差异显著性,这 2 个标记存在偏分离位点。偏分离是遗传作图研究中一种常见的普遍现象,偏分离产生的原因因物种、群体类型、杂交组合、标记类型的不同而有很大的变化^[30-31]。根据'PHHL'和'XM2'F₂ 分离群体的连锁图和物理图谱,分析发现染色体断裂,出现的原因主要还是该区域标记密度较低。也可能是染色体发生变异。随着作图群体双亲亲缘关系的变远,会引起非同源重组、染色体重排等基因组结构变异^[32]。

该试验研究了抗性品种'PHHL'所含抗性基因的遗传规律及其所属连锁群,为今后'PHHL'中白粉病抗性基因精细定位奠定了基础,对于将这些抗性种质资源应用于甜瓜品种改良有一定的指导意义。

参考文献

- [1] KUZUYA M, YASHIRO K, TOMITA K, et al. Powdery mildew (*Podosphaera xanthii*) resistance in melon is categorized into two types based on inhibition of the infection processes[J]. Journal of experimental botany, 2006, 57(9): 2093-2100.
- [2] 王建设, 陈杭. 甜瓜抗白粉病鉴定[J]. 华北农学报, 2000, 15(1): 125-128.
- [3] KUZUYA M, HOSOYA K, YASHIRO K, et al. Powdery mildew (*Sphaerotheca fuliginea*) resistance in melon is selectable at the haploid level[J]. Journal of Experimental Botany, 2003, 54(384): 1069-1074.
- [4] 高慧敏, 张颖君, 宋炳彦, 等. 分子标记在蔬菜种质资源和育种上的应用[J]. 河北农业科学, 2005(2): 78-81.

- [5] 马海玉,王琼,于茜,等. 3个新疆绵羊品种中 *BMP-IB* 基因的 RFLP 分析及比较[J]. 西北农业学报,2015,24(4):19-24.
- [6] 罗冉,吴委林,张旸,等. SSR 分子标记在作物遗传育种中的应用[J]. 基因组学与应用生物学,2010,29(1):137-143.
- [7] 张学军,季娟,李寐华,等. 新疆厚皮甜瓜抗白粉病基因 SSR 分子标记[J]. 新疆农业科学,2014(1):1-7.
- [8] 邹明学,许勇,张海英,等. 葫芦科瓜类作物分子标记辅助育种研究进展[J]. 生物技术通报,2007(4):72-78.
- [9] 马海财,马雄,柳剑丽,等. 利用 SSR 分子标记构建甜瓜遗传图谱[J]. 福建农林大学学报(自然科学版),2010(1):47-52.
- [10] 林德佩. 甜瓜白粉病的抗病基因、鉴定寄主及种质资源[J]. 中国瓜菜,2011,24(4):43-45.
- [11] PITRAT M. Gene list for melon[J]. Cucurbit Genet Coop Rep, 2006,28:142-163.
- [12] ANAGNOSTOU K, JAHN M, PERL-TREVES R. Inheritance and linkage analysis of resistance to zucchini yellow mosaic virus, watermelon mosaic virus, papaya ring spot virus and powdery mildew in melon[J]. Euphytica,2000,116(3):265-270.
- [13] WANG Y H, WU D H, HUANG J H, et al. Mapping quantitative trait loci for fruit traits and powdery mildew resistance in melon (*Cucumis melo*) [J]. Botanical Studies,2016,57(1):19.
- [14] NATARAJAN S, KIM H T, THAMILARASAN S K, et al. Whole genome re-sequencing and characterization of powdery mildew disease-associated allelic variation in melon[J]. PloS One,2016,11(6):e0157524.
- [15] McCREIGHT J D. Genes for resistance to powdery mildew races 1 and 2 U. S. in melon PI313970[J]. Hort Science,2003,38:591-594.
- [16] PERCHEPIED L, BARDIN M, DOGIMONTAND C M. Relationship between loci conferring downy mildew and powdery mildew resistance in melon assessed by QTL mapping[J]. Phytopath,2005,95:556-565.
- [17] 王建设,宋曙辉,唐晓伟,等. 甜瓜白粉病的抗性基因的遗传与分子标记[J]. 华北农学报,2005,20(1):89-92.
- [18] 臧全宇,汪炳良,王毓洪,等. 甜瓜白粉病抗性遗传育种研究进展[J]. 北方园艺,2007(9):58-60.
- [19] 咸丰,张勇,马建祥,等. 野生甜瓜‘云甜-930’对白粉病抗性的遗传分析[J]. 西北植物学报,2010(12):34-67.
- [20] 陈静,王贤磊,宁雪飞,等. 甜瓜‘WMR-29’品系白粉病抗性基因连锁的 SSR 分子标记[J]. 北方园艺,2014(22):89-93.
- [21] 卢浩,王贤磊,高兴旺,等. 甜瓜‘PMR6’抗白粉病基因的遗传及其定位研究[J]. 园艺学报,2015,42(6):1121-1128.
- [22] 艾子凌,高鹏,杜黎黎,等. 利用 CAPS 初步定位甜瓜 MR-1 白粉病抗性基因[J]. 江苏农业科学,2016(6):66-70.
- [23] 张学军,季娟,翟文强,等. 新疆地区厚皮甜瓜白粉病菌生理小种的鉴定[J]. 新疆农业科学,2013(8):1450-1455.
- [24] DIAZ A, ZAROURI B, FERGANY M, et al. Mapping and introgression of QTL involved in fruit shape transgressive segregation into ‘Piel de Sapo’ melon (*Cucumis melo* L.) [J]. PloS One,2014,9(8):e104188.
- [25] DIAZ A, FORMENT J, ARGYRIS J M, et al. Anchoring the consensus ICuGI genetic map to the melon (*Cucumis melo* L.) genome[J]. Molecular Breeding,2015,35(10):188.
- [26] 王迪,田丽美,李德泽,等. 甜瓜白粉病苗期接种方法和接种浓度的研究[J]. 北方园艺,2010(11):185-186.
- [27] GABR S K, BAKR R O, ELSHISHTAWY H M, et al. Botanical and genetic characters of *Erythrina* × *neillii* cultivated in Egypt[J]. Revista Brasileira de Farmacognosia,2017,356:1-9.
- [28] 方宜钧,吴为人,唐纪良. 作物 DNA 标记辅助育种[M]. 北京:科学出版社,2000.
- [29] 张雪娇,高鹏,栾非时. 甜瓜果实相关性状 QTL 分析[J]. 中国蔬菜,2013(18):35-41.
- [30] 宋宪亮,孙学振,张天真. 偏分离及对植物遗传作图的影响[J]. 农业生物技术学报,2006,14(2):286-292.
- [31] 王哲. 植物杂交后代中基因偏分离的产生原因及其进化意义[J]. 遗传,2016,38(9):801-810.
- [32] 张瑞萍,吴俊,李秀根,等. 梨 AFLP 标记遗传图谱构建及果实相关性状的[J]. 园艺学报,2011,38(10):1991-1998.

Location of Powdery Mildew Resistance Gene in Xinjiang Melon ‘PHHL’

MAO Yun, CHEN Ganggang, WANG Xianlei, NING Xuefei, LI Guan

(College of Science and Technology, Xinjiang University, Urumqi, Xinjiang 830046)

Abstract: In this experiment, the segregation of resistance was evaluated in F_2 population derived from a cross between the resistance melon ‘PHHL’ and the susceptible melon ‘XM2’. The major resistance gene was located by methods of Bulk Segregation Analysis (BSA) and Simple Sequence Repeat (SSR) markers, in order to provide the germplasm resources for resistance breeding to powdery mildew. The results showed that the resistant to powdery mildew *Podosphaera xanthii* was controlled by a dominant gene in melon ‘PHHL’ varieties; 11 polymorphic markers were identified. The resistance gene was located on LGVII between SSR12510 and ECM123; the phenomenon of partial separation was appeared in No. 327, 328 marker and the difference was significant, these two markers existed partial separation site.

Keywords: melon; powdery mildew resistant gene; SSR marker; gene mapping