

甜瓜抗白粉病分子育种研究进展

宁雪飞, 高兴旺, 李冠

(新疆大学 生命科学与技术学院, 新疆 乌鲁木齐 830046)

摘要:简要概述了甜瓜白粉病菌的种类及特征;阐述了甜瓜抗白粉病品种的选育进程;总结了甜瓜抗白粉病基因研究现状及几种常用分子标记在甜瓜白粉病研究中的应用。

关键词:甜瓜;白粉病;抗病基因;分子标记辅助育种

中图分类号:S 652 **文献标识码:**A **文章编号:**1001-0009(2013)02-0180-05

甜瓜种植范围广,按生态学特性被分为厚皮甜瓜和薄皮甜瓜。新疆作为厚皮甜瓜的次生起源中心,具有许多优良的甜瓜种质资源,享誉海内外。但新疆甜瓜品种几乎都易感白粉病,喀什和北疆产区每年受害面积约占新疆甜瓜年种植面积的1/4~1/3^[1]。

瓜类白粉病是一种在黄瓜、甜瓜、西瓜、西葫芦等瓜类作物上广泛发生的重要病害。在发病期,白粉病菌呈指数增长且迅速传播趋势,植株叶片大面积枯死,导致甜瓜产量和品质急剧下降,造成很大的经济损失。甜瓜白粉病分布范围广,在世界各地甜瓜主要栽种区都有报道^[2-3]。

现阶段,生产上主要采用喷施化学药剂的方法控制甜瓜白粉病^[4]的发生。虽然化学药剂法能取得一定的防治效果,但长期施用化学药剂不仅增加种植成本,污染环境,而且还会导致病原菌产生抗药性^[5]。因此,培育抗白粉病的优良甜瓜品种是解决甜瓜白粉病病害的根本途径。

甜瓜品种的培育目前还基本依靠传统的杂交育种方法。但传统的杂交育种耗时费力,在表型选择上存在局限性,导致育种工作进展缓慢^[6-7]。随着分子生物学及相关分子标记技术的发展,利用抗病基因及分子标记对甜瓜品种进行改良,已逐渐成为甜瓜抗病育种的新思路,分子标记辅助育种(MAS, Marker-Assisted-Selection)也逐渐显现出它的优势,逐渐应用到优质品种的选育工作中^[8]。在分子标记辅助育种过程中,选择与抗病基因连锁的分子标记,用于筛选含有目的基因的植株,可提

高选择效率,从而缩短育种时间。尤其是利用分子标记技术选择在目标基因附近发生重组的个体,可以快速有效地打破目标性状与不利基因的连锁,这样就可以高效利用野生抗病种质中的抗病基因。目前,将分子标记辅助育种技术应用于甜瓜抗白粉病育种的研究已逐渐受到相关育种工作者的重视。

1 甜瓜白粉病原菌的种类及保存

甜瓜白粉病主要由瓜单囊壳白粉菌 *Sphaerotheca fuliginea* (syn. *Podosphaera xanthii*) 和二孢白粉菌 *Erysiphe cichoracearum* (syn. *Golovinomyces cichoracearum*) 2种病原菌引起^[9]。甜瓜白粉病病原菌存在多个生理小种。鉴定甜瓜白粉病病原菌生理小种的常用方法是生物学鉴定法^[10-11],目前也开发出一些分子水平的鉴定方法^[12]。以 *P. xanthii* 为例,已被命名的生理小种就有11个,分别是小种 0、1、2U、S、2France、3、4、5、N1、N2、N3和N4^[13-14],这些不同的生理小种对宿主表现出不同的侵染力,抗性品种对于不同的生理小种也表现出不同的抗性^[15]。Kuzuya等^[16]用3个甜瓜白粉病生理小种侵染8种抗病材料,抗病材料表现出2种不同的抗病类型。进一步观察分析抗病过程,初步推断这是由于材料中含有的抗病基因类型与其作用机制不同而造成的,而出现2种抗病类型的根本原因还有待进一步研究。

Podosphaera xanthii 是我国甜瓜白粉病主要病害菌^[13,17-18]。在新疆分布范围较广的是 *P. xanthii* 生理小种1^[19],也存在其它病原菌。根据新疆昌吉田间甜瓜白粉病发病情况显示,2011年田间存在结实后期出现的白粉病菌,对某些抗 *P. xanthii* 生理小种1的品种有侵染力。这种表现出不同侵染力的白粉病病原菌和甜瓜抗感特性由何原因引起的有待进一步研究。

瓜类白粉病病原菌属于专性寄生菌, *Golovinomyces cichoracearum* (GC) 的最适生长温度为15~25℃, *Podosphaera xanthii* (PX) 为25~30℃^[20]。白粉病病原菌无法在培养基上生长,通常采用侵染宿主并定期转接

第一作者简介:宁雪飞(1987-),女,在读硕士,研究方向为植物生理与分子生物学。

责任作者:李冠(1949-),男,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;31060148);新疆自治区高新技术研究发展计划资助项目(201111120)。

收稿日期:2012-07-23

的活体保存法保存菌种^[21]。不同的白粉病病原菌对于不同的宿主具有不同的侵染力,保存时要选择合适的宿主。此外,由于活体保存对宿主材料需求量大,且菌种保存过程中易受环境影响,研究者一直在寻找能长期保存白粉病病原菌的方法。Stummel 等^[22]采用-70℃冻存和干燥法分别保存白粉病菌 6 个月和 12 个月,经 DNA 成分分析,发现菌种成分没有发生变化,但其致病力是否有变化鲜见报道。但在该实验室保存菌种中发现,冻存法保存 *P. xanthii* 生理小种 1,2 个月后白粉病原菌生理活性会降低乃至失活丧失。王强^[23]用几种方法对 *P. xanthii* 生理小种 1 保存试验中发现,阴干后在低温下(4℃)保存病菌有活力时间最长,约为 3 周左右。Bardin 等^[24]研究发现,液氮冻存对 PX 活性影响不大,但会使 GC 活性丧失。

明确甜瓜白粉病病原菌的生理小种,了解甜瓜种质资源对白粉病的抗性特征,对揭示甜瓜白粉病抗性基因类型及其机制有所帮助。同时,寻找出长期便捷的保存白粉病病原菌的方法,对于甜瓜白粉病抗病育种工作意义重大。

2 甜瓜抗白粉病品种的培育

1925 年,美国加利福尼亚首次报道了甜瓜白粉病的爆发,这场白粉病导致该区甜瓜连续几年减产^[2,9]。1929 年,美国育种工作者从印度引进对甜瓜白粉病具有抗性的材料 California525,与 Hales Best 杂交后回交,经过多代选育,培育出首个抗病品种“PMR45”^[13]。随后,研究者逐步发现了多种抗不同甜瓜白粉病生理小种的抗病材料,并通过传统育种手段将其抗性转育到具有优良性状的感病品种中,从而培育不同的抗甜瓜白粉病品种。

在甜瓜白粉病抗病品种的培育过程中,收集并分析抗病材料是甜瓜抗白粉病品种培育的重要基础。研究者也在长期持续地对世界各地的甜瓜种质资源进行抗性鉴定^[21,25-26],以期找到优质的抗性材料用于育种工作。其中,研究者们发现了一些抗多种甜瓜白粉病生理小种的抗性材料^[27-28]以及一些野生抗病品种^[29]。目前,通过杂交选育已培育出一些抗性品种,‘Hannah’s Choice F₁’是 Henning 等^[30]选育出的具有多种抗性的品种,对白粉病、镰孢菌小种 2 以及 Potyviruses 都有抗性;‘Chujuc’是 Crosby 等^[31]选育出的具有高糖、高 β-胡萝卜素含量的抗白粉病品种。近年来,国内育种工作者也结合当地特有种,进行抗白粉病品种的选育工作。翟文强等^[1]以美国抗病材料 Mainstream 与新疆喀什当地感病品种‘色也克红肉’杂交,选育出 3 个抗甜瓜白粉病纯系材料。

3 甜瓜白粉病抗性基因

1937 年,美国农业部加州实验站 Jagger 等^[32]发现

第 1 个甜瓜白粉病抗性基因 *Pm-1*,来自甜瓜品种 PMR 45。之后,科研工作者们又从不同的抗病种质资源中陆续发现不同的抗性基因。根据国际葫芦科遗传协会年报(CGC Report)2002 年发表的甜瓜基因目录^[33],目前已经发现了 14 个甜瓜白粉病抗性基因,且均为显性基因。近年来,在不同的甜瓜白粉病抗性品种中还相继发现了一些白粉病抗性基因的 QTL 位点(表 1)。

表 1 抗白粉病基因

编号	抗生理小种	甜瓜品种	连锁群	文献
<i>Pm-1</i>	<i>Sphaerotheca fuliginea</i> 小种 1	PMR 45	—	[32]
<i>Pm-2</i>	<i>Sphaerotheca fuliginea</i> 小种 2 与 <i>Pm-1</i> 互作	PMR 45	—	[34]
<i>Pm-3</i>	<i>Sphaerotheca fuliginea</i> 小种 1	PI 124111	—	[35]
<i>Pm-4</i>	<i>Sphaerotheca fuliginea</i>	PI 124112	—	[35]
<i>Pm-5</i>	<i>Sphaerotheca fuliginea</i>	PI 124112	—	[35]
<i>Pm-6</i>	<i>Sphaerotheca fuliginea</i> 小种 2	PI 124111	—	[36]
<i>Pm-7</i>	<i>Sphaerotheca fuliginea</i> 小种 1	PI 414723	—	[37]
<i>Pm-E</i>	<i>Erysiphe cichoracearum</i> 与 <i>Pm-2</i> 相互作用	PMR 45	—	[38]
<i>Pm-F</i>	<i>Erysiphe cichoracearum</i> 与 <i>Pm-G</i> 相互作用	PI 124112	—	[38]
<i>Pm-G</i>	<i>Erysiphe cichoracearum</i> 与 <i>Pm-F</i> 相互作用	PI 124112	—	[38]
<i>Pm-H</i>	抗 <i>Erysiphe cichoracearum</i> , 感 <i>Sphaerotheca fuliginea</i>	Nantais oblong	—	[38]
<i>Pm-w</i>	<i>Sphaerotheca fuliginea</i> 小种 2	WMR 29	LG V	[39]
<i>Pm-x</i>	<i>Sphaerotheca fuliginea</i>	PI 414723	LG II	[40]
<i>Pm-AN</i>	<i>Sphaerotheca fuliginea</i> 小种 1	Ano 2	LG V	[41]
<i>PmV.1</i>	<i>Podosphaera xanthii</i> , <i>G. cichoracearum</i>	PI 124112	LG V	[42]
<i>PmXII.1</i>	<i>Podosphaera xanthii</i> , <i>G. cichoracearum</i>	PI 124112	LG XII	[42]
QTL	PxA(syn. <i>Sphaerotheca fuliginea</i>)	AR 5	LG IIA	[43]
QTL	PxB(syn. <i>Sphaerotheca fuliginea</i>)	AR 5	LG XII	[43]
<i>Pm-R</i>	<i>Sphaerotheca fuliginea</i> 小种 1,2,5	TGR-1551	LG V	[44]

目前已被定位的甜瓜白粉病抗性基因主要在 II、V 和 XII 连锁群,如位于 II 连锁群上的 *Pm-x*(PI 414723)、位于 V 连锁群上的 *Pm-w*(WMR29)、*Pm-R*(TGR-1551)、*Pm-AN*(Ano2)以及位于 XII 连锁群上的 *Pm-y*(VA435)。已被定位的甜瓜白粉病抗性基因 QTL 位点有位于 LGV 的 *PmV.1*(PI124112)和位于 LGXII 的 *PmXII.1*(PI 124112)。在 AR 5 中对 PxA 有抗性的 QTL 位点位于 LG IIA,对 PxB 有抗性 QTL 位点位于 LGXII。其它的甜瓜白粉病抗性基因的定位目前还鲜见报道。

甜瓜不同抗性材料中含有的白粉病抗性基因在遗传位点、生理小种的抗性、遗传机制和抗病机理等方面都有所差异。甜瓜抗白粉病的遗传模式也存在不同的观点,包括单显性基因、不完全显性基因^[45-46]、双基因^[47]、多基因^[48]和修饰基因^[3,49]。近年来的报道大部分支持单显性基因控制这一理论,部分不符合单基因孟德尔遗传的抗病分离群体,是由于存在偏分离现象或受到环境等因素的影响^[41]。

4 与甜瓜白粉抗性基因连锁的分子标记及分子标记辅助选择

1991 年,Michel Pitrat 在 WMR 29 中发现白粉病抗性基因与其它抗病基因存在连锁关系,这一发现使得通

过定位白粉病抗性基因,研究白粉病抗性基因间的关系以实现优良抗白粉病品种的选育成为可能。筛选与甜瓜白粉病抗性基因紧密连锁的分子标记,进而用于甜瓜白粉病分子标记辅助育种,可以提高抗病转育后代的选择效率,从而缩短育种时间^[8]。目前研究者已初步建立了甜瓜西瓜抗枯萎病分子标记转化系统,大大缩短了育种时间^[50]。

对于目前已知的白粉病抗性基因及 QTL 位点,也未全部找到用于辅助选择的分子标记^[40,42],因此寻找紧密连锁的遗传标记对开展育种工作显得尤为重要。此

表 2 与甜瓜白粉病抗性基因连锁的分子标记

标记	种类	连锁的抗性基因	遗传距离/cM	定位位点	试验材料	文献
pUBC411	RAPD	QTL 位点	—	5 号连锁群	抗病 PMAR No. 5 和感病 Harukei 3 为亲本	[4]
RAPD-S329	RAPD	—	6. 81	—	杂交组合 1A151/恒进红瓢酥的 6 个世代群体 P ₁ 、P ₂ 、F ₁ 、F ₂ 、BC ₁ 和 BC ₂	[51]
M75/H35_155	AFLP	<i>Pm-1</i>	4. 9	可能在 IX	[AF426-R×AF426-S]×AF426-S	[52]
E42M50	AFLP	对 PX 生理小种 1、2、5 有抗性的基因	8. 4	—	抗病‘TGR-1551’和感病‘Bola de oro’的 F ₂ 、F ₃	[53]
E38M82	AFLP	对 PX 生理小种 1、2、5 有抗性的基因	9. 0	—	抗病‘TGR-1551’和感病‘Bola de oro’的 F ₂ 、F ₃	[53]
M60/E25-520	AFLP	—	—	—	抗病 7-2 和感病 7-1、7-3 配置杂交组合及其分离群体-	[54][47]
CMBR120	SSR	对 Px A 有抗性 QTL 位点	3	LG IIA	抗病 AR 5 和感病 Earl’s Favourite(Harukei 3)构建的 RILs(重组自交系)	[43]
CMBR8	SSR	对 Px A 有抗性 QTL 位点	3	LG IIA	抗病 AR 5 和感病 Earl’s Favourite(Harukei 3)构建的 RILs(重组自交系)	[43]
CMBR111	SSR	对 Px B 有抗性 QTL 位点	—	LG XII	抗病 AR 5 和感病 Earl’s Favourite(Harukei 3)构建的 RILs(重组自交系)	[43]
CMBR120-172	SSR	<i>Pm-2F</i>	1	—	感病自交系 K7-2 和抗病自交系 K7-1 为亲本及其 F ₂ S ₆ 群体	[55]
CMBR8-98	SSR	<i>Pm-2F</i>	3	—	感病自交系 K7-2 和抗病自交系 K7-1 为亲本及其 F ₂ S ₆ 群体	[55]
CSAT 425 ₉₈	SSR	PMR5 抗性基因	—	—	PRM5×黄河蜜的 F ₂ 群体	[23]
SSR04816	SSR	对 PX 生理小种 1 有抗性的基因	4. 1	—	抗病 MR-1 和感病 Topmark 构建 F ₂ 、F ₃ 群体	[56]
SSR01498	SSR	对 PX 生理小种 1 有抗性的基因	19. 4	—	抗病 MR-1 和感病 Topmark 构建 F ₂ 、F ₃ 群体	[56]
RPW	RGA	<i>Pm-AN</i>	1. 4~1. 8	LG V	Ano2×Hami413 和 Ano2×Queen 分别构建的两 F ₂ 分离群体	[41]
MRGH63B	RGA	<i>Pm-AN</i>	1. 6~2	LG V	Ano2×Hami413 和 Ano2×Queen 分别构建的两 F ₂ 分离群体	[41]
me46em51	SRAP	—	18. 2	—	感病 A120 和抗病 A119 构建 F ₂ 分离群体	[57]
me3em6	SRAP	—	23. 4	—	感病 A120 和抗病 A119 构建 F ₂ 分离群体	[57]

注:“—”表示该部分文献中未提及。

从现阶段的研究结果来看,某些白粉病抗性材料中的抗性基因并不明确,未确定其是已公布的 14 个抗病基因还是新的抗病基因。通过了解与这些抗性基因连锁的标记以及定位连锁群,能够对其特性进行推断。例如抗病材料 AR5^[43]以及抗病自交系 K7-1^[55]中所含的甜瓜白粉病抗性都定位于第 II 连锁群且与 SSR 标记 CMBR120 和 CMBR8 连锁。这些定位于第 II 连锁群的白粉病抗性基因,可能与抗性材料 PI414723 中甜瓜白粉病抗性基因 *Pm-x*^[40]具有相同位点或与之连锁。抗性材料 Ano 2 中甜瓜白粉病抗性基因 *Pm-AN*^[41]与 TGR-1551 中白粉抗性基因 QTL 位点定位于第 V 连锁群,可能与抗性材料 WMR29 中甜瓜白粉病抗性基因 *Pm-w*^[39]具有相同位点。

实际研究中发现,仅凭 RAPD、AFLP、SSR 等标记难以找到与目的基因紧密连锁的标记,因此研究者们也对已有的标记进行选择改造,使其更适用于研究工作。王玲平等^[58]将 AFLP 分子标记 E-ATG/M-CTC 转化成 SCAR (Sequence-characterized Amplified Region) 标记 GPDS_{ATG/CTC75} 其与白粉病抗性基因紧密连锁,可用于抗

外,白粉病抗性基因定位以及高密度遗传图谱的构建,对于了解多种抗病基因间关系以及抗病基因与重要农艺性状关系,从而进行聚合育种有重要指导意义。科研工作者们已将 RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA)、AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism)、SSR (Simple Sequence Repeat)、RGA (Resistance Gene Analogues)、SRAP (Sequence-related Amplified Polymorphism) 等分子标记技术应用到甜瓜白粉病研究中,并取得了一定进展(表 2)。

白粉病品种的辅助选育。Liu 等^[59]将与 *Pm-8* 遗传距离为 3.9 cM 的 SRAP 标记转化为 SACR (Sequence-amplified Characterized Region) 标记,用于甜瓜抗 *P. xanthii* race pxCh1 的分子标记辅助育种。Yuste-Lisbona 等^[53]将 AFLP marker E38M82 (9.0 cM) 转化成 dCAPS (derived Cleaved Amplified Polymorphic Sequences) 标记,该标记的遗传距离为 5.7 cM。Yuste-Lisbona 等^[60]将 2 个 AFLP 分子标记 E38M43-B1、E38M43-B2 转化为 2 个共显性标记 PM2-CAPS 和 PM3-CAPS,使其更易于区别亲本与杂合体,进而用于甜瓜白粉病分子标记辅助育种的研究。

构建甜瓜高密度遗传图谱,对于白粉病抗性基因的理论研究和实际应用都很重要。Baudracco-Arnas 等^[61]用 RFLP 标记构建了第 1 个分子标记遗传图谱,但该图谱并未覆盖到甜瓜全部的 12 条染色体。直到 Oliver 等^[62]采用 PI161375 和 ‘Pinyonet Piel de Sapo’ 构建的 F₂ 群体,Perin 等^[40]采用 ‘Védrantais’ × PI161375 和 ‘Védrantais’ × PI414723 重组自交系为试验材料,构建分子标记遗传图谱,才使得标记覆盖全部 12 条染色体。

随后,科研工作者使用不同分离群体进行图谱构建工作。2011年,Diaz等^[63]整合分析后得到1个约为1150 cM的甜瓜分子标记遗传图谱,该图谱共由640SSRs,330SNPs,252AFLPs,239RFLPs,89RAPDs,15IMAs,16indels和11个形态特征的分子标记构成,标记的平均距离为0.72 cM。该遗传图谱对于理论研究白粉病抗性基因以及实际应用于标记辅助选育抗性品种有着很大的帮助。

5 结论

分子标记技术在甜瓜白粉病抗性基因的研究中已取得了一定成果。现阶段已获得一些与甜瓜白粉病抗性基因紧密连锁的标记,为今后进一步开展甜瓜白粉病分子标记辅助育种工作奠定了基础。从目前的研究结果来看,甜瓜白粉病抗性基因的抗病机制复杂,模式多样,有待进一步研究。各种分子标记技术是定位甜瓜白粉病抗性基因,更是开展分子标记辅助育种,以及开展多抗性基因聚合育种的基础。在今后的甜瓜白粉病抗性育种研究中,分子标记辅助技术将有更大的发展空间,甜瓜抗病育种也有着更广阔的前景。

参考文献

- [1] 翟文强,王豪杰,李俊华,等. 新疆甜瓜(*Cucumis melo* L.)白粉病抗性育种研究[J]. 新疆农业科学,2011,48(9):1602-1605.
- [2] Aguiar B M, Vida J B, Tessmann D J, et al. Fungal species that cause powdery mildew in greenhouse-grown cucumber and melon in Paraná State, Brazil[J]. Acta Scientiarum Agronomy, 2012, 34(3):247-252.
- [3] 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.
- [4] McGrath M T. Fungicide resistance in cucurbit powdery mildew: experiences and challenges[J]. Plant Disease, 2001, 85(3):236-245.
- [5] Hollomon D W, Wheeler I E. Controlling powdery mildews with chemistry[M]. The Powdery Mildews, a Comprehensive Treatise, 2002:249-255.
- [6] 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.
- [7] 徐小万,雷建军,罗少波,等. 作物基因聚合分子育种[J]. 植物遗传资源学报,2010,11(3):364-368.
- [8] Collard B C Y, Mackill D J. Marker-assisted selection: an approach for precision plant breeding in the twenty-first century[J]. Crop Science Society of America, 2008, 363(48):557-572.
- [9] Cohen R, Burger Y, Katzir N. Monitoring physiological races of *Podosphaera xanthii* (syn. *Sphaerotheca fuliginea*), the causal agent of powdery mildew in cucurbits: factors affecting race identification and the importance for research and commerce[J]. Phytoparasitica, 2004, 32(2):174-183.
- [10] Lebeda A, Kristková E, Sedláková B, et al. Gaps and perspectives of pathotype and race determination in *Golovinomyces cichoracearum* and *Podosphaera xanthii*[J]. Mycoscience, 2011, 52(3):159-164.
- [11] 马鸿艳,祖元刚,栾非时. 甜瓜种质资源苗期抗白粉病鉴定[J]. 东北农业大学学报,2009,40(12):18-23.
- [12] 魏尊苗,王学征,高鹏,等. 黑龙江省瓜类白粉病菌 IGS-RFLP 分析[J]. 中国蔬菜,2011(20):28-33.
- [13] 王娟,邓建新,宫国义,等. 甜瓜抗白粉病育种研究进展[J]. 中国瓜菜,2006(1):33-36.
- [14] Lebeda A, Kristková E, Sedláková B, et al. New concept for determination and denomination of pathotypes and races of cucurbit powdery mildew [C]. France: Cucurbitaceae, 2008:125-134.
- [15] 王娟,宫国义,郭绍贵,等. 北京地区瓜类蔬菜白粉病菌生理小种分化的初步鉴定[J]. 中国蔬菜,2006(8):7-9.
- [16] 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.
- [17] 包海清,许勇,杜永臣,等. 海南三亚地区葫芦科作物白粉病菌生理小种分化的鉴定[J]. 长江蔬菜,2008(1):49-51.
- [18] 刘东顺,程鸿,孔维萍,等. 甘肃甜瓜主产区白粉病菌生理小种的鉴定[J]. 中国蔬菜,2010(6):28-32.
- [19] 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.
- [20] Kristkova E, Lebeda A, Sedlakova B. Species spectra, distribution and host range of cucurbit powdery mildews in the Czech Republic, and in some other European and Middle Eastern countries[J]. Phytoparasitica, 2009, 37(4):337-350.
- [21] Ridout C J. Profiles in pathogenesis and mutualism: Powdery mildews [J]. The Mycota, 2009(1):51-68.
- [22] Stummel B, Zanke T, Scott E. Cryopreservation of air-dried conidia of *Uncinula necator*[J]. Australasian Plant Pathology, 1999, 28(1):82-84.
- [23] 王强. 甜瓜抗白粉病基因的 SSR 标记及生理小种鉴定研究[D]. 兰州:甘肃农业大学,2009.
- [24] Bardin M, Suliman M E, Sage-palloix A-M, et al. Inoculum production and long-term conservation methods for cucurbits and tomato powdery mildews[J]. Mycological Research, 2007, 111(6):740-747.
- [25] Sales Júnior R, Nunes G H S, Michereff S J, et al. Reaction of families and lines of melon to powdery mildew[J]. Horticultura Brasileira, 2011, 29(3):382-386.
- [26] 张立杰,王建设,唐晓伟. 中国香瓜与菜瓜地方品种资源白粉病抗性评价[J]. 干旱地区农业研究,2003,21(2):33-36.
- [27] Yuste-Lisbona F, López-Sesé A, Gómez-Guillamón M. Inheritance of resistance to races 1, 2 and 5 of powdery mildew in the melon TGR-1551[J]. Plant Breeding, 2010, 129(1):72-75.
- [28] McCreight J D. Melon-powdery mildew interactions reveal variation in melon cultigens and *Podosphaera xanthii* races 1 and 2[J]. Journal of the American Society for Horticultural Science, 2006, 131(1):59-65.
- [29] 张楠,栾非时,高鹏. 4 份野生瓜类材料抗病性及形态特征和 SSR 亲缘关系研究[J]. 园艺学报,2012,39(5):905-914.
- [30] Henning M J, Munger H M, Jahn M M. Hannah's choice F1': a new muskmelon hybrid with resistance to powdery mildew, fusarium race 2, and potyviruses[J]. Hort Science, 2005, 40(2):492-493.
- [31] Crosby K M, Jifon J L, Leskovar D I. 'Chujuc', a new powdery mildew-resistant US Western-shipper melon with high sugar and β -Carotene content[J]. Hort Science, 2008, 43(6):1904-1906.
- [32] Jagger I, Scott G. Inheritance in *Cucumis melo* of resistance to powdery mildew (*Erysiphe cichoracearum*) [J]. Phytopathology, 1937(28):761.
- [33] Pitrat M. 2002 Gene List for Melon [C]. France: Cucurbit Genetics Cooperative Report, 2002:76-93.
- [34] Bohn G, Whitaker T W. Genetics of resistance to powdery mildew race 2 in muskmelon[J]. Phytopathology, 1964, 54(5):587-591.
- [35] Harwood R R, Markarian D. A genetic survey of resistance to powdery mildew in muskmelon[J]. Journal of Heredity, 1968, 59(3):213-217.

- [36] Kenigsbuch D, Cohen Y. Independent inheritance of resistance to race 1 and race 2 of *Sphaerotheca fuliginea* in muskmelon[J]. *Plant Disease*, 1989, 73(3): 206-208.
- [37] Anagnostou K, Jahn M, Perl-Treves R. Inheritance and linkage analysis of resistance to zucchini yellow mosaic virus, watermelon mosaic virus, papaya ringspot virus and powdery mildew in melon[J]. *Euphytica*, 2000, 116(3): 265-270.
- [38] Epinat C, Pitrat M, Bertrand F. Genetic analysis of resistance of five melon lines to powdery mildews[J]. *Euphytica*, 1992, 65(2): 135-144.
- [39] Pitrat M. Linkage groups in *Cucumis melo* L[J]. *Journal of Heredity*, 1991, 82(5): 406.
- [40] Perin C, Hagen L, De Conto V, et al. A reference map of *Cucumis melo* based on two recombinant inbred line populations[J]. *TAG Theoretical and Applied Genetics*, 2002, 104(6): 1017-1034.
- [41] Wang X, Li G, Gao X, et al. Powdery mildew resistance gene (*Pm-AN*) located in a segregation distortion region of melon LGV[J]. *Euphytica*, 2011, 180(3): 421-428.
- [42] Perchepe L, Bardin M, Dogimont C, et al. Relationship between loci conferring downy mildew and powdery mildew resistance in melon assessed by quantitative trait loci mapping[J]. *Phytopathology*, 2005, 95(5): 556-565.
- [43] Fukino N, Ohara T, Monforte A J, et al. Identification of QTLs for resistance to powdery mildew and SSR markers diagnostic for powdery mildew resistance genes in melon (*Cucumis melo* L.) [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2008, 118(1): 165-175.
- [44] Yuste-Lisbona F J, Capel C, Sarria E, et al. Genetic linkage map of melon (*Cucumis melo* L.) and localization of a major QTL for powdery mildew resistance[J]. *Molecular Breeding*, 2011, 27(2): 181-192.
- [45] 王建设, 宋曙辉, 孟淑春, 等. 两个甜瓜品种对白粉病菌的抗性遗传分析[J]. *华北农学报*, 2003, 18(2): 63-65.
- [46] Pitrat M, Besombes D. Inheritance of *Podosphaera xanthii* resistance in melon line '90625'[C]. France: Cucurbitaceae, 2008: 135-142.
- [47] 程振家. 甜瓜 (*Cucumis melo* L.) 白粉病抗性遗传机制及抗病基因 AFLP 分子标记研究[D]. 南京: 南京农业大学, 2006.
- [48] 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): 2394-2399.
- [49] 咸丰, 张勇, 马建祥, 等. 野生甜瓜 '云甜-930' 抗白粉病主基因+多基因遗传分析[J]. *中国农业科学*, 2011, 44(7): 1425-1433.
- [50] 范金霞, 秦智伟. DNA 分子标记在瓜类遗传育种中的应用[J]. *东北农业大学学报*, 2006, 37(2): 249-253.
- [51] 王建设, 宋曙辉, 唐晓伟, 等. 甜瓜白粉病抗性基因的遗传与分子标记[J]. *华北农学报*, 2005, 20(1): 89-92.
- [52] Teixeira A P M, Barreto F, Camargo L E A. An AFLP marker linked to the *Pm-1* gene that confers resistance to *Podosphaera xanthii* race 1 in *Cucumis melo*[J]. *Genetics and Molecular Biology*, 2008, 31(2): 547-550.
- [53] Yuste-Lisbona F J, Capel C, Capel J, et al. Conversion of an AFLP fragment into one dCAPS marker linked to powdery mildew resistance in melon [C]. France: Cucurbitaceae, 2008(5): 143-148.
- [54] 王怀松, 贺超兴, 张志斌, 等. 甜瓜白粉病抗性 AFLP 连锁标记的初步研究[J]. *中国瓜菜*, 2009, 22(2): 4-6.
- [55] 张海英, 苏芳, 郭绍贵, 等. 甜瓜白粉病抗性基因 *Pm-2F* 的遗传特性及与其紧密连锁的特异片段[J]. *园艺学报*, 2008, 35(12): 1773-1780.
- [56] 马鸿艳. 甜瓜白粉病抗性遗传分析及相关基因 SSR 标记[D]. 哈尔滨: 东北林业大学, 2011.
- [57] 赵光伟, 徐永阳, 徐志红, 等. 甜瓜抗白粉病基因 SRAP 分子标记筛选[J]. *西北植物学报*, 2010(6): 1105-1110.
- [58] 王玲平, 吴晓花, 汪宝根, 等. 与瓠瓜品系 J083 白粉病抗性基因连锁的 SCAR 分子标记[J]. *浙江大学学报 (农业与生命科学版)*, 2011, 37(2): 119-124.
- [59] Liu L, Chen Y, Su Z, et al. A sequence-amplified characterized region marker for a single, dominant gene in melon PI 134198 that confers resistance to a unique race of *Podosphaera xanthii* in China[J]. *Hort Science*, 2010, 45(9): 1407-1410.
- [60] Yuste-Lisbona F J, Capel C, Gomez-Guillamon M L, et al. Codominant PCR-based markers and candidate genes for powdery mildew resistance in melon (*Cucumis melo* L.) [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2011, 122(4): 747-758.
- [61] Baudracco-Arnas S, Pitrat M. A genetic map of melon (*Cucumis melo* L.) with RFLP, RAPD, isozyme, disease resistance and morphological markers[J]. *TAG Theoretical and Applied Genetics*, 1996, 93(1): 57-64.
- [62] Oliver M, Garcia-Mas J, Cardus M, et al. Construction of a reference linkage map for melon[J]. *Genome*, 2001, 44(5): 836-845.
- [63] Diaz A, Fergany M, Formisano G, et al. A consensus linkage map for molecular markers and Quantitative Trait Loci associated with economically important traits in melon (*Cucumis melo* L.) [J]. *BMC plant biology*, 2011, 11(1): 111.

Research Progress of Molecular Breeding in Melon Resistance to Powdery Mildew

NING Xue-fei, GAO Xing-wang, LI Guan

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

Abstract: The types and characteristics of powdery mildew, the breeding of melon species resistant to powdery mildew were summarized in this article. Research progress of melon powdery mildew resistance gene and the application of several commonly used molecular markers in the study of melon resistance to powdery mildew were particularly discussed.

Key words: melon; powdery mildew; disease resistance gene; marker-assisted-selection