

野生潘那利番茄单片段渐渗系群体的构建及相关性状的定位

邱树亮, 王孝宣, 杜永臣*, 高建昌, 国艳梅, 朱德蔚

(中国农业科学院蔬菜花卉研究所, 北京 100081)

系统构建野生番茄的单片段渐渗系群体不仅有利于发掘和利用野生番茄中的有益基因, 对于番茄育种、分子标记、遗传图谱构建、基因定位等均有极其重要的意义。国外已经利用野生番茄中的有益基因构建了野生潘那利番茄 *Solanum pennellii*、多毛番茄 *S. habrochaites*、类番茄茄 *S. lycopersicoides* 等渐渗系群体。但是这些群体均以加工番茄或者小果型番茄为遗传背景。为了更加有利于鲜食番茄的遗传改良, 本研究中以野生潘那利番茄和鲜食栽培番茄骨干系为材料, 构建了以鲜食番茄为遗传背景的野生潘那利番茄单片段渐渗系群体, 同时对群体的叶、花和与果实相关的性状进行了初步调查和定位。

以栽培番茄骨干系 1052 为母本, 野生潘那利番茄 LA716 为父本进行杂交, 之后以 1052 为母本, 以其 F_1 为父本进行回交, 得到 BC_1 种子, 然后于温室种植 12 株 BC_1 , 收获 12 个单株的 BC_2 种子。

筛选 SGN 网站上已公布的 Tomato-EXPEN2000 图谱上覆盖 12 条染色体的 447 个 CAPS 标记和 147 个 SSR 标记, 得到在父、母本和 F_1 之间具有多态性 CAPS 标记 192 个, SSR 标记 84 个, 父母本间多态性 46.5%。利用上述 192 个 CAPS 和 84 个 SSR 标记对 12 株 BC_1 单株进行全基因组检测, 得到多态性好, 均匀分布于 12 条染色体的 180 个标记。

将 BC_2 群体播种于营养钵, 在 4 片真叶期利用筛选出的 180 个标记对其进行选择, 筛选出含目的标记的单株 4 株, 每个标记定植 3 株, 共 540 株 BC_2 单株群体, 然后以 1052 为父本进行回交, 分别采收回交和自交种子。连续进行 3 次回交和分子标记选择后进行自交, 用分子标记进行检测获得含有纯合基因型的目的单株, 从而构建由 180 个株系构成的野生潘那利番茄单片段渐渗系群体。该群体以 1052 为遗传背景每个株系均含野生潘那利番茄的 1 个小的染色体片段, 所有野生潘那利番茄渐渗系含有的野生番茄片段的总长度覆盖整个番茄的基因组, 目前已得到相应的 BC_4 群体。

初步对 BC_4 群体的农艺性状进行了调查和定位研究, 表明该群体在植株长势、生物量、叶片大小、颜色、光泽、花的育性、柱头长度、花萼大小、果实颜色、果肉颜色、果实大小、数量、果皮的开裂程度(网纹)等性状方面表现出较大的差异, 借助于该群体已对下列性状进行了初步定位: 网纹果皮定位于 4 号染色体 (95.0 ~ 129.5 cM); 暗脉定位于 3 号染色体 (0 ~ 33.0 cM)、黄叶定位于 9 号染色体 (45.0 ~ 77.0 cM); 绿茎定位于 9 号染色体 (50.4 ~ 61.0 cM); 薯叶定位于 6 号染色体 (27.0 ~ 101.0 cM)。

关键词: 番茄; 潘那利番茄; 单片段渐渗系; 基因定位

中图分类号: S 641.2

文献标识码: A

文章编号: 0513-353X (2011) S-2572-01

收稿日期: 2011-09-14

基金项目: 国家自然科学基金项目 (31171963, 30771474, 30900988); 国家“863”计划项目 (2007AA10Z178); 北京市自然科学基金项目 (6102020)

* 通信作者 (E-mail: yongchen.du@mail.caas.net.cn)