

# 辣椒疫病抗病性状的 SRAP 标记

曾 莉<sup>1,2</sup>, 徐小万<sup>1,\*</sup>, 李 颖<sup>1</sup>, 罗少波<sup>1</sup>, 王恒明<sup>1</sup>, 田永红<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>广东省农业科学院蔬菜研究所, 广州 510640; <sup>2</sup>华南农业大学园艺学院, 广州 510642)

辣椒疫病是由辣椒疫霉菌 (*Phytophthora capsici* Leon.) 侵染而引起的一种毁灭性土传病害, 世界各地的辣椒主要栽培地区普遍发生。在适宜的温度和湿度条件下一旦发病, 蔓延极为迅速, 常常对辣椒的生产造成严重破坏。

本研究旨在利用收集的辣椒抗疫病材料, 筛选与抗性基因相连锁的分子标记, 建立辣椒抗疫病分子标记辅助育种体系, 为以后开展辣椒抗疫病育种提供参考。

以辣椒抗病自交系 ‘CM334’ 为母本 ( $P_1$ ), 感病自交系 ‘949’ 为父本 ( $P_2$ ), 通过杂交获得  $F_1$  代及其自交获得  $F_2$  代群体。以 ‘CM334’、‘949’ 及其  $F_2$  世代的辣椒为试材, 当幼苗长至 6 ~ 8 片叶时, 在进行苗期人工接种前 1 ~ 2 d, 取植株上部 1 ~ 2 片嫩叶分别编号, 单株保存, 采用改良 CTAB 法提取 DNA。

以辣椒杂交组合 ‘CM334’ × ‘949’ 的  $F_2$  代群体为材料, 在幼苗 6 ~ 8 片真叶展平时, 先分别提取每个植株的总 DNA, 再经苗期人工接种辣椒疫霉菌鉴定其抗性, 根据抗性鉴定结果, 随机取 10 株病情指数为 0 级的抗病单株, 将其单株总 DNA 等量混合构成抗病 DNA 池; 随机取 10 株病情指数为 5 级的感病单株, 将其单株总 DNA 等量混合构成感病 DNA 池, 用于 SRAP 扩增。

64 对 SRAP 引物组合中有 21 对能在亲本中扩增出多态性条带, 用 21 对多态性引物组合对  $P_1$ 、 $P_2$ 、 $F_1$  以及  $F_2$  分离群体中由抗病单株组成的抗病池和由感病单株组成的感病池进行 PCR 扩增, 其中 Me<sub>6</sub>/Em<sub>15</sub> 引物组合在抗病亲本 ‘CM334’、 $F_1$  (抗) 及  $F_2$  抗病池中扩增出一条特异性条带。

用引物组合 Me<sub>6</sub>/Em<sub>15</sub> 对  $F_2$  代分离群体的 120 个单株的 DNA 进行检测, 在 92 株抗病植株中, 87 株出现这条特征带, 5 株没有这条特征带; 在 28 株感病植株中, 20 株没有这条特征带, 8 株出现这条特征带。该标记命名为 SRAP<sub>Me6/Em15-303</sub>。

对该特异片段进行回收、克隆和测序, 测序结果显示, 该片段序列长度为 303 bp。在 EBI 数据库进行 BLAST 分析, 发现与辣椒的 clone BAC CaCM403E16 有 98% 的同源性。

**关键词:** 辣椒; 疫病; SRAP 分子标记

**中图分类号:** S 641.3

**文献标识码:** A

**文章编号:** 0513-353X (2011) S-2575-01

**收稿日期:** 2011-07-08

**基金项目:** 广东省科技计划项目 (2009B060600004, 2010B020304001); 现代农业产业技术体系建设专项

\* 通信作者 (E-mail: xxw7505@163.com; Tel: 020-38469605)