

# 黄瓜矮生基因 (*cp*) 的遗传分析和精细定位

李玉红<sup>1,\*</sup>, Yiqun Weng<sup>2,\*</sup>

(<sup>1</sup> 西北农林科技大学园艺学院, 陕西杨凌 712100; <sup>2</sup> Horticulture Department, University of Wisconsin-Madison, WI 53706, USA)

目前生产上主栽的黄瓜品种大多节间长, 植株高, 使栽培群体的通风透光受到影响。因此, 缩短黄瓜的节间长度, 使其植株矮化, 对于栽培生产具有重要的理论和实际意义。

以黄瓜矮生材料 PI308915 (短节间) 及蔓生品系 PI249561 (长节间) 为父、母本杂交得 F<sub>1</sub>, F<sub>1</sub> 连续自交分别得 F<sub>2</sub> 和 F<sub>3</sub>。在幼苗期和成株期调查矮生植株与蔓生植株的分离情况, 计算 F<sub>2</sub> 群体矮生植株与蔓生植株的分离比例并进行卡平方测验。以 150 株的 F<sub>2:3</sub> 群体为 *cp* 基因初步定位的构图群体, 采用 SSR、CAPS、dCAPS 或 Indel 标记对基因进行定位。用 JoinMap 3.0 软件对基因型数据进行分析, 确定目标基因和分子标记之间的连锁关系。在初步定位的基础上, 利用目的基因两侧翼标记筛选与初步定位相同亲本构建的 1 119 株的 F<sub>2</sub> 代群体中的重组单株。然后在目的基因两侧翼标记内通过对 STS 片段测序等手段开发 CAPS、dCAPS 或 Indel 等新的标记, 再用新开发的标记检测筛选出的重组单株, 对重组单株进行自交得到 F<sub>3</sub> 代。对于 F<sub>2</sub> 代是蔓生的重组单株, 则其 F<sub>3</sub> 株系种植 20 ~ 60 株进行 *CpCp* 或 *Cpcp* 基因型鉴定。通过对重组单株 F<sub>3</sub> 代的表型寻找与短节间性状 (矮生) 紧密连锁乃至共分离的分子标记。在矮生基因精细定位的染色体区段进行基因功能预测和分析。

*cp* 基因的遗传分析表明, PI308915 与 PI249561 的 F<sub>1</sub> 代均表现为正常的蔓生植株, F<sub>2</sub> 代群体中蔓生植株与矮生植株的分离比例均符合 3:1, 表明矮生性状是由单隐性基因控制, 是质量性状。在 2 355 对 SSR 引物中, 共筛选出 273 对多态性引物, 其中 195 对 SSR 引物被用来进行连锁分析, 其中 185 对 SSR 引物被整合到黄瓜的 7 条染色体上。其中 *cp* 基因定位于黄瓜的第 4 染色体上, 距离两端的分子标记 UW084196 和 UW084212 分别为 2.5 和 0.6 cM。通过开发新的 Indel、Caps 标记及增大 F<sub>2</sub> 群体至 1 269 株时, 最终筛选出 2 个与 *cp* 基因共分离的标记 *ckx-indel* 和 UW084979, *cp* 基因及共分离的标记距离侧翼标记 UW084680 和 UW084686 的距离分别为 0.1 和 0.5 cM。在 9930 的 Scaffold 000032 片段上, 物理距离为 220 kb。利用 FGENESH 程序对此区段的基因进行结构预测, 发现共有 28 个基因。通过基因同源序列比对, 发现在 28 个基因中细胞分裂素氧化酶基因 (CKX) 有可能是目标基因。随即对双亲的 CKX 进行全长测序, 结果表明, CKX 在 PI308915 和 PI249561 上的 DNA 全长分别为 4 127 和 4 229 bp, 与 PI249561 相比, PI308915 在外显子部位有 3 个碱基的缺失, 在内含子区域有 11 个 SNP 位点及 6 个 Indel。而 CKX 基因是否是导致黄瓜矮生的基因还需要试验进一步证实。

**关键词:** 黄瓜; 矮生基因; 遗传分析; 精细定位

**中图分类号:** S 642.2

**文献标识码:** A

**文章编号:** 0513-353X (2011) S-2589-01

**收稿日期:** 2011 - 07 - 26

**基金项目:** 国家自然科学基金项目 (31071791)

\* E-mail: liyuhong73@126.com; weng4@wisc.edu; Tel: 13299058821 (李玉红)