

与南瓜短蔓基因连锁的分子标记

王 瑞¹, 黄河勋^{1,*}, 林毓娥¹, 梁肇均¹, 陈清华²

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

矮生材料一直是作物育种中重要的种质资源。研究者在南瓜育种过程中发现了一个新的短蔓印度南瓜 (*Cucurbita maxima* D.) 材料, 为一对隐性核基因控制其矮生性状。

本试验中用 AFLP 技术拟寻找与该短蔓基因连锁的分子标记, 希望为该矮生资源的分子辅助育种提供理论依据。

供试材料为短蔓南瓜近等基因系, 及母本多代自交系, F₂ 代分离群体。在三叶期调查植株的长蔓、短蔓性状, 取长蔓植株和短蔓植株各 10 株叶片, 分别提取 DNA 等量混合酶切连接, 另外, F₂ 代分离群体全部植株分别采样, 做好标记, 提取 DNA。

采用 JoinMap V3.0 软件分析所得 AFLP 标记和短蔓基因之间的连锁关系。根据 F₂ 代单株的长蔓、短蔓田间调查记录, 并按照 JoinMap V3.0 软件的规定进行命名: 所得标记在 F₂ 各单株电泳谱带上的有无分别记作 d 和 b。最终计算所得的 AFLP 标记与矮生基因的遗传距离。

试验结果显示, 用 64 对 AFLP 引物对两个相对基因池进行 PCR 扩增, 其中 MCAG/ETT 引物组合在长蔓、短蔓池可以扩增出一条特异性条带。在杂合长蔓和纯合长蔓之间验证发现该条带在杂合植株中稳定出现。进一步用 MCAG/ETT 在 F₂ 代 (69 株) 分离群体验证, 其中有 4 株短蔓植株没有出现该特异条带。用 JoinMap V3.0 分析软件进行分子标记连锁分析, 计算 MCAG/ETT 与南瓜短蔓基因之间的遗传距离, 结果表明二者之间存在连锁关系, 连锁距离为 11.3 cM。对引物 MCAG/ETT 组合扩增得到的特异性片段进行回收、克隆、测序。测序结果显示, 该片段去掉接头引物长 149 bp。在 EBI 数据库进行 BLAST 分析, 发现其与杨树的 CBL-interacting proteion kinase 有 96% 的同源性。

关键词: 南瓜; 短蔓; 分子标记

中图分类号: S 642.1

文献标识码: A

文章编号: 0513-353X (2011) S-2593-01

收稿日期: 2011-07-25

基金项目: 广东省蔬菜新技术研究重点实验室项目

* 通信作者 (E-mail: huhexu@21cn.com; Tel: 13602797313)