

艾子凌,高 鹏,杜黎黎,等. 利用 CAPS 初步定位甜瓜 MR-1 白粉病抗性基因[J]. 江苏农业科学,2016,44(6):66-70.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2016.06.016

# 利用 CAPS 初步定位甜瓜 MR-1 白粉病抗性基因

艾子凌,高 鹏,杜黎黎,栾非时

(东北农业大学园艺学院/农业部东北地区园艺作物生物学与种质创制重点实验室,黑龙江哈尔滨 150030)

**摘要:**从国际生理小种鉴别寄主中选取甜瓜抗病自交系 MR-1 为母本,感病自交系 Topmark 为父本,构建 F<sub>2</sub> 代群体。对 354 株 F<sub>2</sub> 代群体进行田间甜瓜白粉病抗病性调查并分析其遗传规律,发现甜瓜白粉病的抗性基因为单显性基因;根据两亲本基因组重测序数据,自行开发设计 CAPS 分子标记,将具有多态性的标记应用于 F<sub>2</sub> 代基因分型以构建遗传连锁图谱。图谱内含 142 个 CAPS 标记,分布于 12 个连锁群上。图谱总长度 2 065.47 cM,平均距离 14.55 cM;标记最多的为第四连锁群,分布 22 个标记,标记间平均距离为 11.61 cM;最长的为第五连锁群,总长 277.98 cM;最短的为第三连锁群,总长 65.6 cM。得到 1 个甜瓜白粉病抗性相关基因位点,该位点在第七连锁群上,位于 CAPS 标记 7-4E 和 7-1H 之间。

**关键词:**甜瓜;白粉病;生理小种;CAPS;遗传图谱

**中图分类号:** S436.5 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2016)06-0066-05

甜瓜白粉病别称白毛病、粉霉病,常在坐果期发生,是一种世界性病害,严重威胁葫芦科作物生长<sup>[1]</sup>。病菌侵染到叶片表面,起初叶片上只是有水滴大小的白色圆形粉状霉点,在高温潮湿的环境里迅速布满叶片,蔓延至叶柄、茎蔓,浓厚的白粉菌不仅降低感病植株的光合效能,还能增加植株的蒸腾效能,长时间呼吸作用强于光合作用导致植株萎黄干枯,提早衰亡,严重影响甜瓜产量和品质<sup>[2]</sup>。甜瓜白粉病致病菌有 3 个属,6 个种,瓜单囊壳白粉菌分化出生理小种 0、1、2(U. S、

2France)、3、4、5<sup>[3]</sup>、6、7、N3 和 N4<sup>[4]</sup>;二孢白粉菌衍生出生理小种 0 和生理小种 1<sup>[5]</sup>。诸多病原菌仅仅依靠化学制剂已不能根除白粉病,且随着时间增长病原菌已产生耐药性,即使加大用药剂量也难以获得好的效果,这对甜瓜白粉病防治工作造成了极大的困难<sup>[6]</sup>。面对白粉病对甜瓜造成的重大危害,外界施药又困难重重,培育抗病新品种成为杜绝白粉病的不二方法。然而传统的育种方法极易受环境因素、基因表达、基因显隐性、目标基因与不利基因的连锁等影响,使得育种周期长,选择目标性状困难,很难培育出优良品种<sup>[7-8]</sup>。分子标记辅助育种可以有针对性的培育出所含目标性状的新品种,首先要明确致病菌类型研究抗病规律进而获得抗病基因<sup>[9]</sup>。本试验以甜瓜高抗白粉病品系 MR-1(P<sub>1</sub>)和甜瓜高感白粉病品系 Topmark(P<sub>2</sub>)为亲本配制杂交组合,探索抗源 MR-1 对瓜单囊壳白粉菌生理小种 1 的抗性遗传规律。以 F<sub>2</sub> 群体为作图群体,利用 CAPS 技术,定位抗性基因,为甜瓜抗白粉

收稿日期:2015-03-11

基金项目:国家自然科学基金(编号:31301791);农业部“948”项目(编号:2014-S15)。

作者简介:艾子凌(1988—),女,黑龙江齐齐哈尔人,硕士研究生,主要从事甜瓜分子育种。E-mail:linglingfighting@126.com。

通信作者:栾非时,教授,博士生导师,主要从事西甜瓜分子遗传育种。E-mail:luanfeishi@sina.com。

HA 基因和 NA 基因的保守区序列各设计 1 对引物,初步建立了针对 H9N2 亚型禽流感病毒的 RT-PCR 快速诊断方法,建立的 RT-PCR 检测方法对 H3、H4、H5、H9 等亚型流感病毒、新城疫病毒和鸡传染性支气管炎病毒等进行检测,只有 H9N2 亚型 AIV 出现特异性目的条带,其他亚型 AIV 与 NDV 等无任何条带,说明该方法对其他亚型 AIV 及 NDV 等无交叉反应,具有特异性;通过对 H9N2 亚型 AIV 不同稀释度进行检测,证实病毒尿囊液的最低检出量为  $1 \times 10^{4.25}$  EID<sub>50</sub>/100 μL,说明该检测方法特异性强,敏感性较高;对 10 株 H9N2 亚型 AIV 及 8 个病鸡组织的鸡胚尿囊液样品进行检测,其结果与经典的 HI 试验鉴定符合率为 100%。该方法可对 H9 亚型 AIV 进行快速鉴定,为试剂盒的研制打下了良好基础,在兽医临床诊断和流行病学调查方面具有较好的应用前景。

**参考文献:**

[1] Webster R G, Bean W J, German O T, et al. Evolution and ecology of

influenza A viruses [J]. Clinical Microbiology Reviews, 1992, 56 (1):152-157.

[2] Guan Y, Shortridge K F, Krauss S, et al. H9N2 influenza viruses possessing H5N1-like internal genomes continue to circulate in poultry in southeastern China [J]. Journal of Virology, 2000, 74 (20): 9372-9380.

[3] 郭元吉,谢健屏,吴昆昱,等. 流感病毒 A/广州/333/99 (H9N2) 毒株基因组特性的研究[J]. 中华实验和临床病毒学杂志, 2002, 16(2):142-145.

[4] Shi J Z, Deng G H, Liu P H, et al. Isolation and characterization of H7N9 viruses from live poultry markets - Implication of the source of current H7N9 infection in humans [J]. Chinese Science Bulletin, 2013, 58(16):1857-1863.

[5] Gao R, Cao B, Hu Y, et al. Human infection with a novel avian-origin influenza A (H7N9) virus [J]. The New England Journal of Medicine, 2013, 368(20):1888-1897.

病基因的精确定位和分子克隆奠定基础。

1 材料与方 法

1.1 试验材料

1.1.1 供试甜瓜品种 试验所用母本为抗性材料 MR-1, 对白粉病菌不同的生理小种普遍具有抗性, 父本 Topmark 为感病材料, 不含抗病基因。采用国际通用 13 个生理小种的鉴别寄主, 分别是 PMR45、Topmark、PI124111、IranH、PI24112、MR-1、Nantais Oblong、Edisto47、PI414723、WMR29、PMR5、PMR6、Vedrantais。

1.1.2 供试菌株 2013 年 7 月采集于东北农业大学实验基地感白粉病严重的葫芦科病叶, 隔离保存菌株并对病原菌进行显微镜镜检, 确定病原菌类型。将菌株接种到感病植株上进行纯化后接种到 13 个鉴别寄主上鉴定生理小种。

1.2 田间试验

1.2.1 田间试验设计 2013 年 3 月将 6 世代群体浸种, 催芽, 单粒播种于钵中。5 月将 20 株长势良好的 MR-1 (P<sub>1</sub>)、Topmark (P<sub>2</sub>)、F<sub>1</sub>, 100 株 BC<sub>1</sub>P<sub>1</sub> (F<sub>1</sub> 与 P<sub>1</sub> 回交), 100 株 BC<sub>1</sub>P<sub>2</sub> (F<sub>1</sub> 与 P<sub>2</sub> 回交) 及 354 株 F<sub>2</sub> 代定植于东北农业大学香坊农场 5 号温室中, 株行距 50 cm×80 cm, 待植株长到 3 叶 1 心时去掉生长点, 采取双蔓绑枝法将植株吊起, 施肥、杀虫、灌溉等进行日常田间管理。2013 年夏季将鉴别寄主播种在 8 cm×8 cm 的营养钵中, 采用对角线种植。收集充分发病的葫芦科蔬菜病叶, 轻轻抖下白粉病菌进行纯化配制菌液, 喷雾接种到 13 个鉴别寄主上, 设 3 次重复, 1 次重复 10 株。

1.2.2 田间接种 试验采用风媒接种法, 即模仿田间自然发病条件, 在高温高湿下白粉病病原菌最易侵染甜瓜, 将其他温室成株期充分发病的甜瓜品种移植到试验温室中, 白粉病菌的分生孢子随着空气从发病植株落到需要进行抗病调查 6 世代群体上, 达到接种目的。为确保高温高湿条件, 白天在温室地面上多次浇水, 适时封闭温室<sup>[10]</sup>。

1.2.3 田间调查 试验白粉病调查方法依照《中国蔬菜病虫害预测预报》, 根据感染程度即叶面菌落多少进行分级, 共分 6 级。6 世代群体每株由下而上调查 10 张叶片记录病级。按病情指数 (DI) =  $\sum [(病级的代表值该病发病叶片数) / (调查单株总叶片数 \times 最高病级的代表值)] \times 100$  计算病情指数。根据病指 (DI) 确定父本、母本、F<sub>1</sub>、F<sub>2</sub>、BC<sub>1</sub>P<sub>1</sub>、BC<sub>1</sub>P<sub>2</sub> 的抗感表现型。将病情指数小于等于 11.11 定义为抗病, 病情指数大于 11.11 定义为感病 (表 1)。

表 1 甜瓜白粉病抗性评价

分级	病斑占叶面积	病情指数	抗性分类	抗性评价
0	无病斑	0	免疫 (IM)	R
1	5% 以下	> 0.01 ~ 11.11	高抗 (HR)	R
3	6% ~ 25%	> 11.11 ~ 22.22	中抗 (MR)	S
5	26% ~ 50%	> 22.22 ~ 33.33	抗病 (R)	S
7	51% ~ 75%	> 33.33 ~ 55.55	感病 (S)	S
9	76% ~ 100%	> 55.55 ~ 77.77	中感 (MS)	S
		> 77.77 ~ 100.00	高感 (HS)	S

参照上述方法记录鉴别寄主 5 张叶片的病级, 计算病情指数, 对照表 2 的抗感反应, 确定试验地的优势生理小种。

表 2 鉴别寄主对葫芦科白粉病菌的抗感反应

寄主	<i>Podosphaera xanthii</i>											<i>Golovinomyces cichoracearum</i>	
	Race 0	Race 1	Race 2		Race 3	Race 4	Race 5	N1	N2	N3	N4	Race 0	Race 1
			2Fr	2US									
Iran H	S	S	S	S	–	–	–	–	–	–	–	S	S
Topmark	S	S	S	S	S	S	S	–	–	–	–	S	S
Vedrantais	R	S	S	S	S	S	S	–	–	–	–	S	S
PMR45	R	R	S	S	S	S	S	R	S	R	R	R	S
PMR5	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R
WMR29	R	R	R	H	–	S	S	R	R	R	R	R	S
Edisto47	R	R	R	S	R	R	S	R	R	S	S	R	S
PI414723	–	R	R	S	–	R	R	S	S	S	R	–	–
MR – 1	–	R	R	R	S	–	–	–	–	–	–	R	R
PI124111	–	R	R	R	R	–	–	–	–	–	–	–	–
PI124112	R	R	R	R	R	R	R	–	–	–	–	R	R
PMR6	R	R	R	R	S	–	–	–	–	–	–	–	–
Nantais Oblong	R	S	R	R	–	S	S	–	–	–	–	R	R

注: S=感病; R=抗病; H=杂合; “-”=无数据。

1.3 CAPS 分子标记

1.3.1 CAPS 引物开发 CAPS 标记的开发以 2 个亲本材料的基因组重测序数据为依据, 以已经发布的甜瓜基因组数据为参考, 自编 perl 语言脚本提取位于 SNP 位点前后约 500 bp 的片段序列作为候选 SNP 位点序列。通过 SNP2CAPS 软件分析酶切位点信息, 在候选 SNP 序列中筛选存在 CAPS 突变的位点, 用 4 种不同的限制性内切酶 (EcoR I、Hind III、Pst I 和 BamH I) 设计引物进行酶切验证。在甜瓜基因组的每条

染色体上平均选取 30~40 个存在 CAPS 位点的序列, 用 Primer 5 软件设计引物<sup>[11]</sup>, 控制退火温度 55~58℃, G+C 比例在 40%~60%, 得到长度为 19~25 bp 的引物。(M/A) 酶切位点所在连锁群号+引物编号+酶简写进行引物命名。

1.3.2 CAPS 引物筛选 CAPS 标记 PCR 反应体系 (20 μL): 2.0 μL 模版 DNA, 2.0 μL 引物, 0.3 μL dNTPs, 0.2 μL Taq 酶, 13.5 μL ddH<sub>2</sub>O, 2.0 μL 10×Buffer。

采用梯度 PCR 反应程序, 即 94℃ 预变性 7 min; 94℃ 变

性 20 s, 60 ℃ 退火 20 s, 72 ℃ 延伸 30 s; 30 个循环, 每个循环降 0.5 ℃; 94 ℃ 变性 20 s, 45 ℃ 退火 20 s, 72 ℃ 延伸 30 s, 10 个循环; 72 ℃ 延伸 7 min, 4 ℃ 保存<sup>[12]</sup>。酶切体系是 1 μL 限制性内切酶缓冲液, 0.5 μL 限制性内切酶 (10 U/μL, THERMO), 9 μL 超纯水, PCR 扩增产物 5 μL, 37 ℃ 水浴 2 h。酶切产物用 1% 琼脂糖凝胶在 250 V 高压下电泳, 25 ~ 35 min 后紫外照射凝胶拍照。

**1.3.3 F<sub>2</sub> 群体分子数据记录** 分析 F<sub>2</sub> 群体扩增的 CAPS 条带和白粉病抗性基因之间的遗传关系, 同 P<sub>1</sub> 带型一致的标记记为 2, 同 P<sub>2</sub> 的带型一致的标记记为 0, 同 F<sub>1</sub> 带型一致的则记为 1, 缺失或者模糊不清楚的带型记作 -1, 将所有条带类型记录在 Microsoft Excel 2003。

**1.3.4 遗传图谱构建** 利用 QTL IciMapping 4.0 对具有多态性且应用到 F<sub>2</sub> 代基因分型的分子标记进行遗传图谱构建并分析, 用“map”命令打开记录 F<sub>2</sub> 代条带类型的表格, 设定 LOD 值为 3.0, 使用完备区间作图 (ICIM) 构建遗传连锁图谱。利用 MapChart 2.2 绘制遗传连锁图谱, 根据 CAPS 标记在染色体上的位置, 依次将连锁群命名为 LG1 ~ LG12。

## 2 结果与分析

### 2.1 白粉病抗性调查

显微镜观察白粉病病原菌无性世代, 均观察到有纤维状体, 证实致病白粉病菌是 *P. xanthii*。对 13 个鉴别寄主的抗病调查发现, 8 种鉴别寄主在不同程度上表现为抗病, 分别是 PMR45、PMR5、WMR29、Edisto47、PII24111、PII24112、PMR6 和 MR-1。其余 5 个鉴别寄主均表现为感病, 说明试验地的优势小种是生理小种 1。

F<sub>1</sub> 代植株表现出与母本性状相似的抗性性状, 对 354 株 F<sub>2</sub> 代进行田间抗病性调查, 发现其中 30 株 F<sub>2</sub> 免疫、212 株高抗、62 株中抗、14 株抗病、13 株感病、5 株中感和 2 株高感。计算统计得到抗病植株为 268 株, 感病 86 株, 抗病: 感病 = 3.12, 符合 3:1 的分离比例, F<sub>1</sub> 全部抗病, BC<sub>1</sub>P<sub>1</sub> 抗病, BC<sub>1</sub>P<sub>2</sub> 感病: 抗病 = 1:1。通过 F<sub>2</sub> 代群体中白粉病病情指数在群体中的频次分布图可以发现, F<sub>2</sub> 代群体的 354 个单株中, 表现出明显的偏分离, 大部分单株偏向于低值病情指数, 病情指数 11.11 时可以将 F<sub>2</sub> 代群体明显地分为抗病和感病 2 类。病情指数为 31.057 ~ 40.613 时, 存在小峰分布, 证明还存在一些微效基因与抗白粉病基因连锁。证明甜瓜抗白粉病基因由显性单基因控制并同时受到微效基因调控。调查分级结果作为质量性状 (图 1)。用 Excel 绘制的病情指数频次分布图见图 2。

### 2.2 CAPS 标记多态性

用 Primer5 设计并选用 316 对 CAPS 引物, 对两亲本进行扩增筛选, 共筛选出在亲本间有多态性的 CAPS 引物 157 对, 多态率为 49.80%。其中带型清晰用于构建图谱的标记有 142 个, 分布在 1 号连锁群上的标记 14 个, 2 号连锁群 13 个, 3 号连锁群 8 个, 4 号连锁群 22 个, 5 号连锁群 15 个, 6 号连锁群 14 个, 7 号连锁群 10 个, 8 号连锁群 9 个, 9 号连锁群 8 个, 10 号连锁群 9 个, 11 号连锁群 10 个, 12 号连锁群 10 个。部分筛选引物见图 3。具有多态性引物对 F<sub>2</sub> 群体基因型检测见图 4。

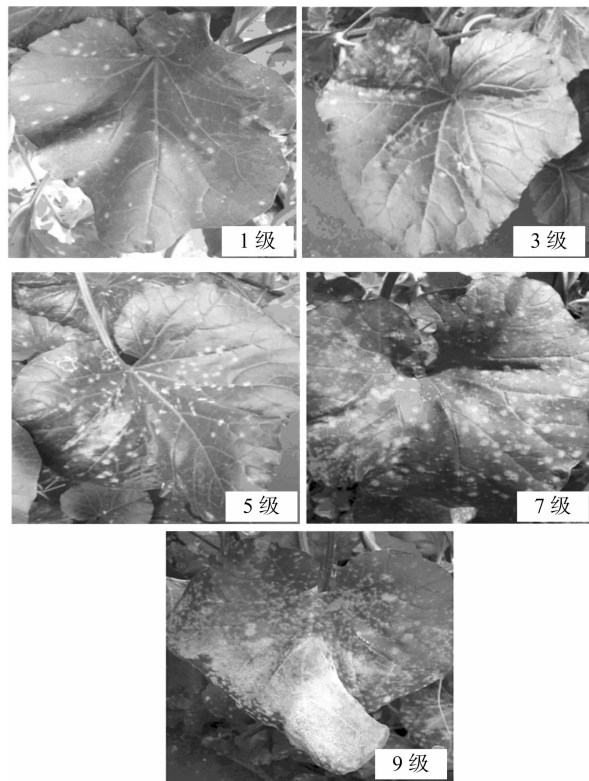


图1 F<sub>2</sub> 群体田间白粉病病级

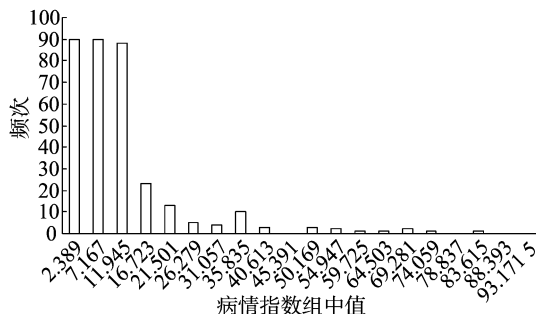


图2 F<sub>2</sub> 群体白粉病病情指数频次分布

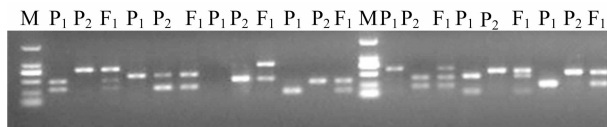


图3 CAPS 引物筛选

### 2.3 连锁图谱构建与基因定位

运用 QTL IciMapping 软件在 LOD 值 ≥ 3 的条件下对 142 个多态性标记进行连锁分析, 获得一张包含有 142 个 CAPS 标记、覆盖 12 个连锁群的遗传连锁图谱 (图 5)。图谱总长度 2 065.47 cM, 图谱标记平均距离 14.55 cM。含标记最多的为第四连锁群, 分布 22 个标记, 标记间平均距离为 11.61 cM。最长的为第五连锁群, 总长 277.98 cM, 最短的为第三连锁群, 总长 65.6 cM。甜瓜 CAPS 引物在连锁群上呈均匀分布。结合田间数据分析发现, 在第七连锁群与抗白粉病紧密相关的位点, 距离上端 7-4E 标记 17.00 cM, 距离下端 7-1H 标记 12.35 cM。

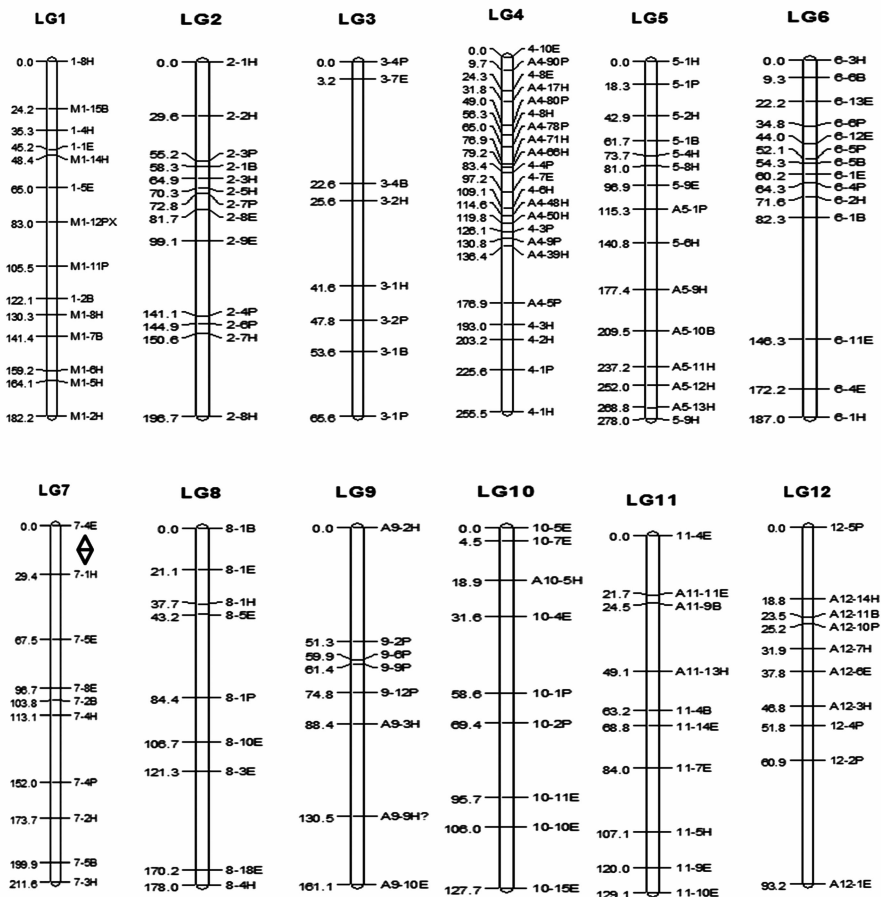
图4  $F_2$ 群体基因型检测注: “ $\diamond$ ”代表抗病位点

图5 甜瓜白粉病抗性基因位点遗传图谱

### 3 结论与讨论

#### 3.1 接种方法

试验群体采用风媒接种法模仿自然发病,不仅大大降低了工作量,而且能真实反映植株对白粉病的抗性程度,对鉴别寄主接种采用孢子悬浮液喷雾法是为了使鉴别寄主快速感染白粉病进行鉴别,避免因枯萎病等其他病菌侵染植株成为主要病菌而不感染白粉病的发生。

#### 3.2 生理小种的鉴定

甜瓜是否感染白粉病很大程度上受环境影响,地点不同、种植季节不同都会影响植株是否感病及感病程度,盛夏及秋季种植的甜瓜感病概率及程度远远高于春季栽培的甜瓜;覆盖物过厚潜在地加大甜瓜周围环境湿度,使甜瓜更易感病;菌液不纯含有其他病菌使供试植株不感白粉病而感染其他病。试验严格执行采集、纯化及接种步骤,依照病级分类标准对试

验中侵染的生理小种进行鉴别,结果准确可靠。在鉴定生理小种时,为防止空间差异影响植株感病试验采用对角线位置种植,设置重复使调查结果准确。

#### 3.3 CAPS 标记

目前,SRAP、AFLP、SSR 作为甜瓜抗病育种常用的标记方法。CAPS 为酶切扩增多态性序列技术,即在已知 DNA 序列两端设计引物进行 PCR 扩增,用限制性内切酶切割特异序列,得到大小不一的 DNA 片段,用琼脂糖电泳分析产物片段,即可区分基因型。CAPS 相对 RFLP 操作简便、酶切多态性高;相对 RAPD 稳定性、可靠性、重复性强;相对 AFLP 工作量小,统计条带容易;相对 SSRs 引物设计容易。CAPS 对 DNA 浓度及纯度要求不高,大大减少了对  $F_2$  代 DNA 的提取。试验对重测序的两亲本开发 CAPS 标记使得引物更有针对性,设计的 CAPS 引物具有在基因组上的座位号,便于在基因组层面上对各个标记进行定位,遗传图谱中的连锁群代号就是

染色体顺序。

### 3.4 连锁图谱与基因定位

本试验用 CAPS 分子标记构建甜瓜抗白粉病基因遗传连锁图谱在世界范围内都很罕见。在全基因组测序的基础上,有针对性地自行开发设计引物,结合田间调查结果发现 MR-1 对瓜单囊壳白粉菌生理小种 1 的抗性基因是单显性基因,与 Jagger 等的研究结论<sup>[13-15]</sup>一致。试验群体数量足够大,但标记数量还有待增多。Wang 等对 Ano2 × Hami413 和 Ano2 × Queen 2 组杂交组合得到的 F<sub>2</sub> 代,构建出 2 张遗传连锁图谱,包括 SSR 标记、GRA 标记和 AFLP 标记,结合分离群体分组分析法(BSA)和比较基因组学(RGA),在抗病材料 Ano2 中定位出抗病基因 *Pm-AN*,该基因在 RPW 和 MRGH63B 2 个标记中间<sup>[16]</sup>。王建设以 1A151(抗) × 恒进红瓢酥(感)构建 6 世代群体,运用 RAPD 分子标记结合抗性遗传分析找到 1 个由 1 对不完全显性抗病基因控制的抗病位点 RAPD-S329,其遗传距离为  $(6.81 \pm 1.67)$  cM<sup>[17]</sup>。Yuste-Lisbona 等利用 AFLP 对抗病材料 TGR-1551 和感病材料 Bola de Oro 配制杂交组合构建分子标记体系,构建出 1 张包含 14 个连锁群的遗传图谱,发现主效 QTL 位点 *Pm-R* 在第五连锁群上<sup>[18]</sup>。Teixeira 等使用 AFLP 法找到与抗病基因 *Pm-1* 距离为 4.9 cM 的分子标记 M75/H35\_155,所用抗病材料为 AF426-R<sup>[19]</sup>。Fukino 等为比较甜瓜生长在子叶和第一片真叶期,pxA、pxB 2 种白粉病菌株对其是否发病产生不同影响,利用高抗 AR5 和高感 Harukei 配制重组自交系,用 157 个 SSR 标记和 7 个 SCARs/CAPSs 标记构建遗传图谱,检测 QTL 位点<sup>[20]</sup>。Liu 等在抗性材料 PI 134198 中发现了 1 个单显性抗性基因,并且在距离该基因 3.9 cM 处获得了 1 个 SRAP 标记<sup>[21]</sup>。Ning 等用抗病材料 Edisto47 和感病材料 Queen 构建 BC<sub>1</sub> 群体,发现抗病基因 *Pm-Edisto47-1* 在 SSR 标记 CM-GA36 和 SSR252089 之间,与两标记距离均为 2.1 cM<sup>[22]</sup>。由此可见使用抗病材料不同也会导致抗病位点不同。

研究发现试验材料 MR-1 所含有的甜瓜白粉病基因为单显性基因。通过对 MR-1 × Topmark 所构建的 F<sub>2</sub> 代群体进行分析,共检测到 1 个与白粉病抗性有关的位点,位于 7 号染色体上,距离上端 7-4E 标记 17.00 cM,距离下端 7-1H 标记 12.35 cM,为今后甜瓜白粉病抗性基因的精细定位及克隆奠定了基础。

### 参考文献:

- [1] Kuzuya M, Hosoya K, Yashiro K, et al. Powdery mildew (*Sphaerotheca fuliginea*) resistance in melon is selectable at the haploid level[J]. Journal of Experimental Botany, 2003, 54(384): 1069-1074.
- [2] Sitterly W R. Powdery mildew of cucurbits[M]//Spencer D M. The powdery mildews. New York: Academic Press, 1978: 359-379.
- [3] Hosoya K, Narisawa K, Pitrat M, et al. Race identification in powdery mildew (*Sphaerotheca fuliginea*) on melon (*Cucumis melo*) in Japan[J]. Plant Breeding, 1999, 118(3): 259-262.
- [4] Hosoya K, Kuzuya M, Murakami T, et al. Impact of resistant melon cultivars on *Sphaerotheca fuliginea* [J]. Plant Breeding, 2000, 119(3): 286-288.
- [5] Bardin M, Dogimont C, Nicot P, et al. Genetic analysis of resistance of melon line PI 124112 to *Sphaerotheca fuliginea* and *Erysiphe cichoracearum* studied in recombinant inbred lines[J]. Acta Hort, 1999, 492: 163-168.
- [6] Hollomon D, Wheeler I. The powdery mildew: a comprehensive treatise [M]. St Paul: The American Phytopathological Society, 2002: 249-255.
- [7] 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.
- [8] 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.
- [9] 张海英, 苏芳, 郭绍贵, 等. 甜瓜白粉病抗性基因 *Pm-2F* 的遗传特性及其与紧密连锁的特异片段[J]. 园艺学报, 2008, 35(12): 1773-1780.
- [10] 王建设, 唐晓伟, 孟淑春, 等. 甜瓜白粉病抗源鉴定与抗性遗传分析[J]. 华北农学报, 2002, 17(3): 124-128.
- [11] 刘传奇, 高鹏, 栾非时. 西瓜遗传图谱构建及果实相关性 QTL 分析[J]. 中国农业科学, 2014, 47(14): 2814-2829.
- [12] 束永俊, 李勇, 柏锡, 等. 基于基因重测序信息的大豆基因靶向 CAPS 标记开发[J]. 作物学报, 2009, 35(11): 2015-2021.
- [13] Jagger I, Whitaker T, Porter D. A new biologic form of powdery mildew on muskmelons in the Imperial Valley of California[J]. Plant Dis Rep, 1938, 22: 275-276.
- [14] Bohn G, Whitaker T. Genetics of resistance to powdery mildew race 2 in muskmelon[J]. Phytopathology, 1964, 54(5): 587-590.
- [15] Harwood R R, Markarian D. A genetic survey of resistance to powdery mildew in muskmelon[J]. Journal of Heredity, 1968, 59(3): 213-217.
- [16] 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.
- [17] 王建设, 宋曙阵, 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.
- [18] 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.
- [19] Teixeira A P M, Barreto F, Camarg L E A. An AFLP marker linked to the *Pm-1* gene that confers resistance to *Podosphaera xanthii* race 1 in *Cucumis melo* [J]. Genet and Mol Biol, 2008, 31(2): 547-550.
- [20] 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 & Applied Genetics, 2008, 118(1): 165-175.
- [21] 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]. Hortscience, 2010, 45(9): 1407-1410.
- [22] Ning X, Wang X, Gao X, et al. Inheritances and location of powdery mildew resistance gene in melon Edisto47 [J]. Euphytica, 2014, 195: 345-353.