

# 醋栗番茄抗灰霉病的基因定位和抗性生理研究

蒋嘉宁, 薛东齐, 娄雪源, 蒋丽微, 郭鑫

(河南农业大学园艺学院 郑州 450046)

**摘要:**由灰葡萄孢菌引起的灰霉病严重威胁番茄生产和采后保鲜。以醋栗番茄(LA2076)和栽培番茄(LA1246)及其 F<sub>2</sub> 群体为试验材料, 分析醋栗番茄和栽培番茄品种间的抗、感病表型及生理指标差异, 结合分离群体分组分析法获得的初定位区间, 开发 22 个 InDel 分子标记, 对番茄抗灰霉病基因进行精细定位。结果表明, 在离体叶片接种灰霉菌后同一时间点, LA2076 番茄病斑面积要大于 LA1246; MDA 含量呈现先增加后持平的趋势, LA2076 的 MDA 含量增加速度比 LA1246 快; POD、CAT、SOD 活性呈现先升高后降低的趋势, LA2076 抗氧化酶活性峰值更高且出现的时间更早; 定位结果显示, 抗灰霉病基因定位在 9 号染色体上 InDel-1.2 和 InDel-4.1 之间、长度为 4.29 Mb 的区间内, 该区间包含 38 个基因。研究结果为指导番茄抗灰霉病遗传育种及番茄抗灰霉病的基因定位和抗性分子机制研究奠定了一定的理论基础。

**关键词:**番茄; 灰霉病; 基因定位; 抗性生理

中图分类号: S641.2

文献标志码: A

文章编号: 1673-2871(2025)06-026-09

## Gene mapping and physiological study of resistance to *Botrytis cinerea* in gooseberry tomato

JIANG Jianing, XUE Dongqi, LOU Xueyuan, JIANG Liwei, GUO Xin

(College of Horticulture, Henan Agricultural University, Zhengzhou 450046, Henan, China)

**Abstract:** Gray mold, caused by *Botrytis cinerea*, poses serious threats to both tomato production and post-harvest preservation. This study utilized gooseberry tomato (LA2076), cultivated tomato (LA1246), and their F<sub>2</sub> populations as experimental materials to analyze the phenotypic and physiological differences between these two types of tomato varieties. By integrating the initial localization interval obtained through segregation population grouping analysis, 22 InDel markers were developed for fine mapping of tomato resistance genes against gray mold. The results indicated that at the same time point after *in vitro* leaf inoculation with *B. cinerea*, the lesion area in LA2076 was larger than that observed in LA1246. The MDA content exhibited an initial increase followed by stabilization, with LA2076 displaying a faster rate of increase than LA1246. The activities of POD (peroxidase), CAT (catalase), and SOD (superoxide dismutase) all exhibited initial increase followed by decrease, with LA2076 reaching higher peak antioxidant enzyme activities at earlier time points than LA1246. Genetic mapping revealed that the gene conferring resistance to gray mold was localized to a 4.29 Mb interval flanked by InDel-1.2 and InDel-4.1 on chromosome 9, which contained 38 genes. This research provides a theoretical foundation for guiding genetic breeding efforts aimed at enhancing tomato resistance to gray mold as well as for further investigations into the genetic mapping and molecular mechanisms underlying this resistance.

**Key words:** Tomato; Gray mold; Gene mapping; Resistance physiology

番茄是全球范围内大面积栽培的重要经济作物, 果实具有较高的营养价值。但病害导致的番茄腐烂变质是造成严重经济损失的主要原因。灰霉病作为一种危害极大的真菌病害, 是番茄生产和采后的主要病害。番茄灰霉病是由灰葡萄孢菌

(*Botrytis cinerea*)引起的病害, 属半知菌亚门葡萄孢属真菌, 危害蔬菜、果树及花卉等多种植物, 对保护地番茄危害尤为突出<sup>[1]</sup>, 作物从生长到开花、结果, 均能感染, 一般导致番茄减产 20%~30%, 严重的高达 50%, 甚至绝产<sup>[2]</sup>。目前主要防治方法是化学防

收稿日期: 2025-03-04; 修回日期: 2025-04-03

基金项目: 河南省科技攻关项目 (242102110322)

作者简介: 蒋嘉宁, 男, 在读硕士研究生, 研究方向为番茄遗传育种与生物技术。E-mail: 450034791@qq.com

通信作者: 郭鑫, 男, 讲师, 主要从事园林植物与观赏园艺研究。E-mail: guoxin@henau.edu.cn

治,常用杀菌剂主要包括苯并咪唑类、二甲酰亚胺类、*N*-苯基氨基甲酸酯类、苯胺基嘧啶类和保护性杀菌剂等<sup>[3-4]</sup>。但化学防治不仅污染环境,而且易使病菌产生抗药性,导致防效降低<sup>[5-6]</sup>。目前,灰霉病在我国范围内广泛发生,并有逐年增加的趋势,是制约我国番茄生产的重要因素<sup>[7]</sup>。

对番茄灰霉病的抗病资源研究表明,对番茄灰霉病的抗病性属于多基因控制的数量性状,然而,番茄抗灰霉病资源匮乏,制约着抗性品种的选育<sup>[8]</sup>。利用茎部接种法进行 QTL 定位后发现 Rbcql、Rbcq2、Rbcq4a 等 3 个 QTL 位点与灰霉病抗病性相关<sup>[9]</sup>。Guimaraes 等<sup>[10]</sup>研究表明,番茄品种 LA2951 对番茄灰霉病有较高的抗性。徐明等<sup>[11]</sup>从 26 份番茄材料中筛选出对灰霉病抗性较高的多毛番茄 T2-07-316,其茎部离体接种 6 d 后相对茎侵染率和相对茎腐扩展速率均为 0;除此之外,还有 7 份转基因番茄对灰霉病也表现出较高的抗性,相对茎侵染率 15.00%~38.33%,相对茎腐扩展速率 10.22%~23.57%,其中,T2-07-337 材料的抗性最高。结合分子育种方法可以有效聚合抗病基因,创新育种材料,但进展缓慢。且由于单个基因对抗病性的贡献并不突出,而且番茄灰霉病的抗病基因主要存在于野生番茄中,野生番茄存在经济性状较差、与普通番茄杂交亲和性低等问题,采用常规育种方法很难将多个抗性基因有效聚合到一个材料中,因此选育经济性状优良、抗灰霉病的优秀自交系需要相当长的育种周期。

本试验于 2024 年 1—10 月在河南农业大学园艺学院茄科课题组完成,利用分离群体分组分析法探究与番茄抗灰霉病这一性状紧密连锁的 InDel 分子标记,利用筛选出的 InDel 分子标记实现对番茄抗灰霉病基因的精细定位,为进一步研究番茄抗灰霉病的分子机制和抗病育种提供理论依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

醋栗番茄(*Solanum pimpinelifolium*) LA1246、栽培番茄(*Solanum lycopersicum*) LA2076 和灰霉菌标准菌株 B05.10 由河南农业大学园艺学院茄科课题组保存,其中 LA1246 材料为较耐灰霉病材料,LA2076 材料为感灰霉病材料,LA1246 和 LA2076 反交产生 F<sub>1</sub>,F<sub>1</sub> 自交产生 F<sub>2</sub> 群体。在 28 °C/18 °C (昼/夜)、75%相对湿度、16 h 光照/8 h 黑夜光周期的温室中培养。

### 1.2 灰霉菌的离体叶片接种

在托盘里铺平 2 层滤纸、浸湿,选取定植后 5~6 叶龄植株中部叶片,摆放时正面朝上,背面朝下。接种孢子时,将孢子悬浮液摇匀,使用血球计数板统计孢子浓度,使用 PDB 液体培养基进行稀释以制备浓度为 1×10<sup>6</sup> 个·mL<sup>-1</sup> 的灰霉菌孢子悬浮液,用于植株的接种试验,每片叶子接种 4 个病斑,各点 3 μL 悬浮液,接种后放置在 16 h 光照/8 h 黑夜光周期、恒温 23 °C、100%湿度的培养箱中培养。

### 1.3 灰霉病发病程度的分级

在定植后 5 周,选择第 5~第 6 片叶完全展开、生长状态良好、大小均匀一致且无明显病虫害的叶片进行接种。使用游标卡尺测量病斑直径并计算病斑面积,每个数据的测量设置 3 次重复。以病斑面积占叶面积的百分比作为分级的主要依据,对番茄叶片离体接种灰霉菌后的发病情况进行了分级,该分级标准参考了杨改娣<sup>[12]</sup>的方法并结合本试验进行了适量修改,番茄叶片离体接种灰霉菌的发病分级标准见表 1。

表 1 番茄叶片离体接灰霉菌的分级标准

Table 1 Grading criteria for tomato leaf *in vitro* infection

| 病情指数<br>Disease index | 分级依据<br>Grading criteria              |
|-----------------------|---------------------------------------|
| 0                     | 病斑面积=0<br>Lesion area=0               |
| 1                     | 0<病斑面积≤10%<br>0<Lesion area≤10%       |
| 2                     | 10%<病斑面积≤25%<br>10%<Lesion area≤25%   |
| 3                     | 25%<病斑面积≤50%<br>25%<Lesion area≤50%   |
| 4                     | 50%<病斑面积≤75%<br>50%<Lesion area≤75%   |
| 5                     | 75%<病斑面积≤100%<br>75%<Lesion area≤100% |

### 1.4 酶活性及叶绿素荧光等生理指标的测定

采用光合仪(Li6400)对接种灰霉菌不同时间后的番茄叶片叶绿素荧光成像情况进行观察。采用刘晗<sup>[13]</sup>的方法测定丙二醛(MDA)含量;采用 NBT 光化还原法测定超氧化物歧化酶(SOD)活性<sup>[14]</sup>;采用愈伤木酚氧化法测定过氧化物酶(POD)活性<sup>[15]</sup>;采用陈建勋等<sup>[16]</sup>的方法测定过氧化氢酶(CAT)活性,以上 4 项生理指标的测定各设置四种不同的处理:LA1246 和 LA2076 分别接种于灰霉菌孢子悬浮液和 PDB 液体培养基中,各个生理指标的测定均设置 3 次重复。

1.5 番茄抗灰霉病基因的精细定位及遗传连锁图谱的构建

基于本课题组前期研究,并且结合群体分离分析法获得了初定位区间,该区间位于 9 号染色体上。在初定位区间内继续设计 22 对 InDel 分子标

记(表 2)进行精细定位。将每 1 对标记与 F<sub>2</sub>群体所有的单株,通过聚丙烯凝胶电泳试验判读条带,与亲本 LA2076 条带相同的判读为“a”,与亲本 LA1246 条带相同的判读为“b”,LA2076 和 LA1246 条带兼有的杂带判读为“h”,缺失条带判读为“-”。

表 2 InDel 分子标记信息  
Table 2 InDel molecular marker information

| 名称<br>Name | 标记的物理位置<br>Physical location of the marker | 引物序列<br>Primer sequence(5'-3')                           | 大小<br>Size/bp |
|------------|--------------------------------------------|----------------------------------------------------------|---------------|
| InDel-1.1  | 7 849 637                                  | F:GGTAAGAGATAAGTATTGACAGAC<br>R:TGTAATGAAGTAACGTCTATGTCC | 272           |
| InDel-1.2  | 8 174 910                                  | F:GTTTAGATGGTATTAGACGAGACAA<br>R:TTTTCTCTACTTGGAGGTTTACA | 228           |
| InDel-2.1  | 9 486 506                                  | F:TGTCTAACTCGGTGGATCTT<br>R:GTGGAGCACATTTAGAAGTAG        | 257           |
| InDel-2.2  | 9 769 215                                  | F:CCAGGGAAAGCGTAA<br>R:CCAAACAGAGTTATAGACCC              | 200           |
| InDel-3.1  | 10 109 089                                 | F:GCATTGCCTTCTTTATTATTAG<br>R:CGAACCTCCAAACTACAAC        | 228           |
| InDel-3.2  | 10 806 008                                 | F:CCTAAATGTCGTATTGTAAGGCAGA<br>R:ACGGCTGTTCCCTTGCT       | 254           |
| InDel-4.1  | 12 473 579                                 | F:TTTATGATGTTACTTGGTTATC<br>R:TTGCCTATTTATAGTTGAGAA      | 224           |
| InDel-4.2  | 12 913 225                                 | F:GGGAGGAGGAGATGGA<br>R:CAAACCCTAACAACAAGAAA             | 239           |
| InDel-5.1  | 19 442 952                                 | F:TGTCCAAAAGTAAAAGCG<br>R:TCTTCACGACGAACCTG              | 253           |
| InDel-5.2  | 23 417 999                                 | F:TTTAGGGGTTGGGGTTA<br>R:AAGGCCCAAAGTACCAA               | 264           |
| InDel-6.1  | 32 825 626                                 | F:GTCGGTACGTGACACTCC<br>R:TAATGATGATGCCTTGGT             | 268           |
| InDel-6.2  | 33 700 293                                 | F:TTTCTACATTGAGGTTTGCAT<br>R:GTGGCTTCTTAGTAATAATGTAGGT   | 261           |
| InDel-7.1  | 35 826 218                                 | F:TTCTCAAATTGTTCCACG<br>R:GTATGCTCCGTGACCTAA             | 289           |
| InDel-7.2  | 45 837 639                                 | F:GAAGAACTTTACTCTTCCTCAATC<br>R:TAAGAAAACTATGGAAGGAGGT   | 256           |
| InDel-8.1  | 47 397 209                                 | F:CTGGTGTGCGAATGTGA<br>R:ACGAAAGTAGTGAGATTAGGG           | 238           |
| InDel-8.2  | 48 259 299                                 | F:TTTTGGGAAATGAGGTCTAA<br>R:AAGGACCTTGGACATTATT          | 132           |
| InDel-9.1  | 48 922 877                                 | F:AGCCTAGTTACGAACAAAAT<br>R:ATTACTCTCTATGAGGTCTTTTA      | 284           |
| InDel-9.2  | 49 434 952                                 | F:TTGACAAATGTTAATGACCC<br>R:TAGGATGAGATTTATGGACTTGTA     | 216           |
| InDel-10.1 | 49 844 472                                 | F:CGGCTGTGCTACTACCC<br>R:GTATGATCTTTGCCCTTTGT            | 251           |
| InDel-10.2 | 51 198 455                                 | F:AGAGGTTGTATGGACGGT<br>R:AATATGCATCTTTTCCTTTTA          | 264           |
| InDel-11.1 | 56 337 036                                 | F:TCTTTGCCGAATACATGAGT<br>R:TGGAGTAAGATAATTGGTGGTA       | 265           |
| InDel-11.2 | 62 897 293                                 | F:GCCCCGATGAGCAACA<br>R:TAGAACGAGTGAGCCTACAT             | 276           |

同时结合病情分级结果与亲本表型结果,将 $F_2$ 群体内病情等级为“0”和“1”的单株统计为与亲本 LA1246 相同的“b”,将 $F_2$ 群体内病情等级为“4”和“5”的单株统计为与亲本 LA2076 相同的“a”,将 $F_2$ 群体内病情等级为“2”和“3”的单株统计为与杂带相同的“h”,以此来对 $F_2$ 群体内不同病级的单株与抗病性有差异的亲本间形成对应。

使用 Joinmap 4.0 和 IciMapping 4.2 软件对所有表现出稳定多态性的 InDel 分子标记进行遗传连锁分析并绘制遗传连锁图谱,将遗传连锁分析结果结合表型数据,计算各个标记以及两标记间的加性

效应值并绘制加性效应变化图。

## 2 结果与分析

### 2.1 LA1246和LA2076离体叶片的发病情况

LA1246 和 LA2076 叶片离体接种灰霉菌后统计发病面积如图 1 所示,接灰霉菌后相同时间内 LA2076 病斑面积要明显大于 LA1246,LA2076 病程相较于 LA1246 快 12~24 hpi (hours post infection),这表明 LA1246 相较于 LA2076 对灰霉病耐受性更强,发病病程减缓;而在接灰霉菌 120 hpi 后,LA1246 和 LA2076 的发病面积都不再增加。

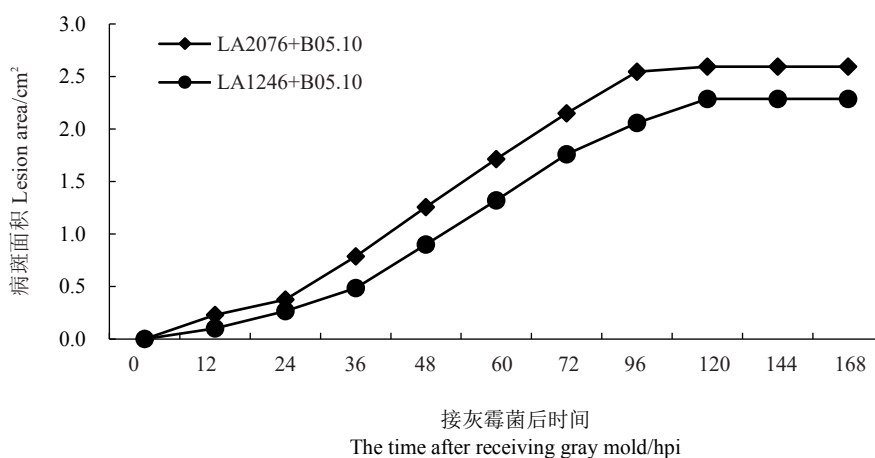


图 1 LA1246 和 LA2076 接灰霉菌后病斑面积变化情况

Fig. 1 Changes in lesion area of LA1246 and LA2076 after inoculation

### 2.2 LA1246和LA2076离体接灰霉菌后叶绿素荧光成像情况分析

由图 2 可知,离体接灰霉菌后 2 个材料上病斑面积均不断扩大,而在相同时间点上,LA2076 病斑面积要大于 LA1246;在 24 hpi 时,LA2076 已经出现病斑,而此时 LA1246 几乎没有出现病斑;在 48 hpi 时,LA2076 已经出现了较为明显的病斑,此时 LA1246 刚刚出现病斑;在 72 hpi 时,LA2076 病斑已经非常明显,几乎占叶面积一半,此时 LA1246 病斑刚刚扩大,病斑面积与 LA2076 在 24 hpi 时的病斑面积几乎持平;在 96 hpi 时,LA2076 已经几乎完全坏死,此时 LA1246 病斑面积与 LA2076 在 48 hpi 时的病斑面积几乎持平,这表明 LA1246 相较于 LA2076 对灰霉病耐受性更强,发病病程减缓。

### 2.3 LA1246和LA2076接种灰霉菌后抗氧化酶活性及MDA含量

2.3.1 LA1246和LA2076的MDA含量 LA1246 和 LA2076 接种灰霉菌处理相较于不接种灰霉菌处

理,MDA 含量都呈现先增加后持平的趋势,且 LA2076 的 MDA 含量增加速度比 LA1246 快,这表明随着灰霉菌的侵染,叶片内 MDA 含量迅速累积,叶片受胁迫程度逐渐严重,在 120 hpi 后,叶片侵染完全,MDA 含量不再增加,此时叶片受胁迫程度也不再增加,保持较高位水准,而未接种灰霉菌处理的 LA1246 和 LA2076 的 MDA 含量无明显变化(图 3)。

2.3.2 LA1246和LA2076的POD活性 LA1246 和 LA2076 接种灰霉菌处理相较于不接种灰霉菌处理,POD 活性呈现先升高后降低的趋势,其中 LA2076 的 POD 活性峰值更高且出现的时间更快,该峰值在 60 hpi 时出现;LA1246 的 POD 活性峰值较低且出现的时间较慢,该峰值在 72 hpi 时出现,最终 LA1246 和 LA2076 在接种灰霉菌 144 hpi 后 POD 活性降低到未接种灰霉菌的水平,而未接种灰霉菌处理的 LA1246 和 LA2076 的 POD 活性无明显变化(图 4)。

2.3.3 LA1246和LA2076的CAT活性 LA1246 和

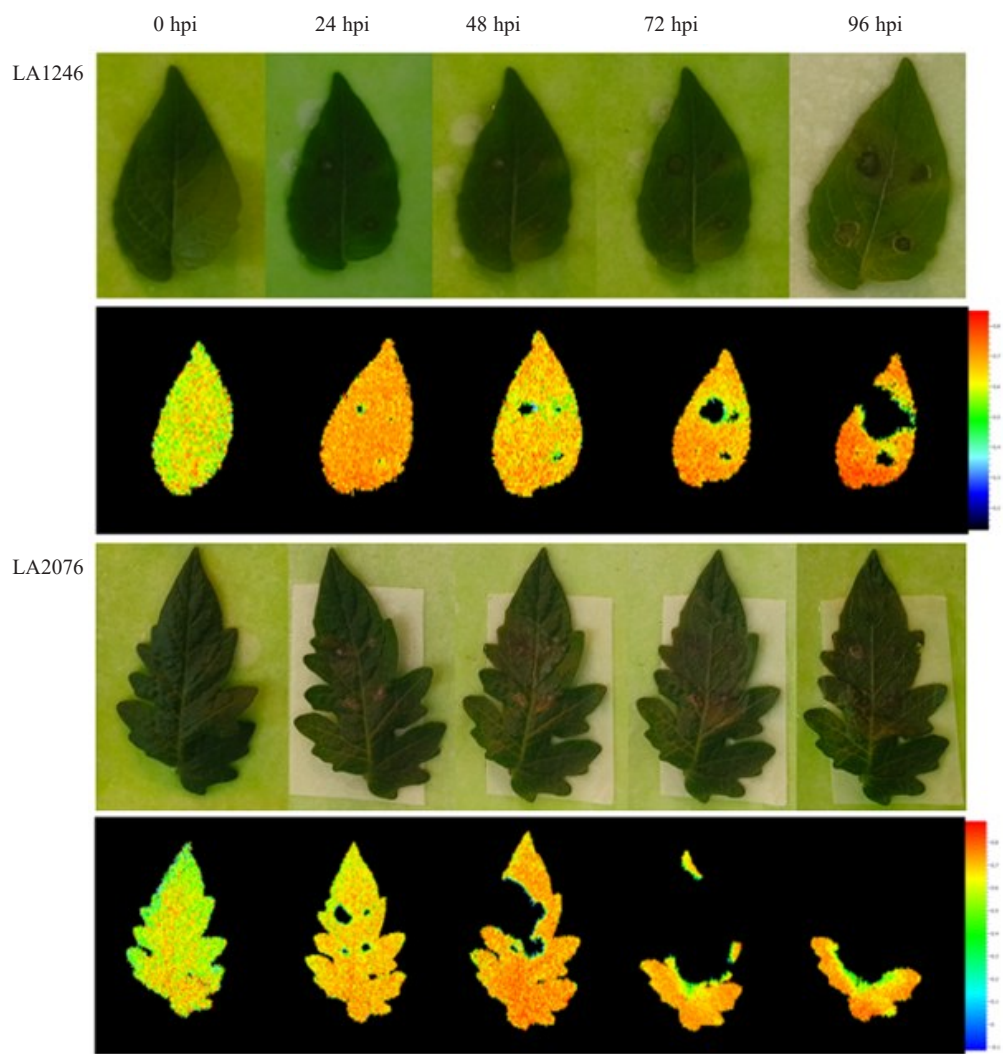


图2 LA1246 和 LA2076 离体接灰霉菌后不同时间点的自然光和叶绿素荧光成像情况  
Fig. 2 Natural light and chlorophyll fluorescence imaging of LA1246 and LA2076 *in vitro* after inoculation with gray mold at different time points

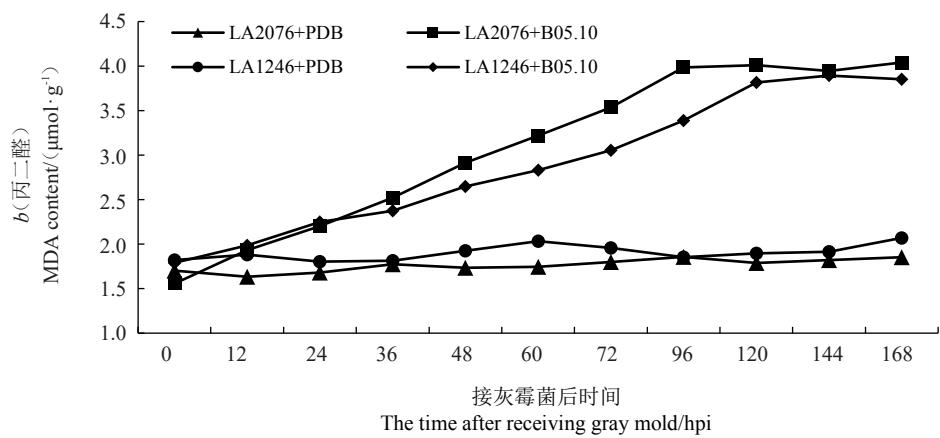


图3 各处理不同时间点后 MDA 含量  
Fig. 3 MDA content after different processing time points of each treatment

LA2076 接种灰霉菌处理相较于不接种灰霉菌处理, CAT 活性呈现先升高后降低的趋势, 其中 LA2076 的 CAT 活性峰值更高且出现的时间更快, 该峰值在 60 hpi 时出现; LA1246 的 CAT 活性峰值

• 30 •

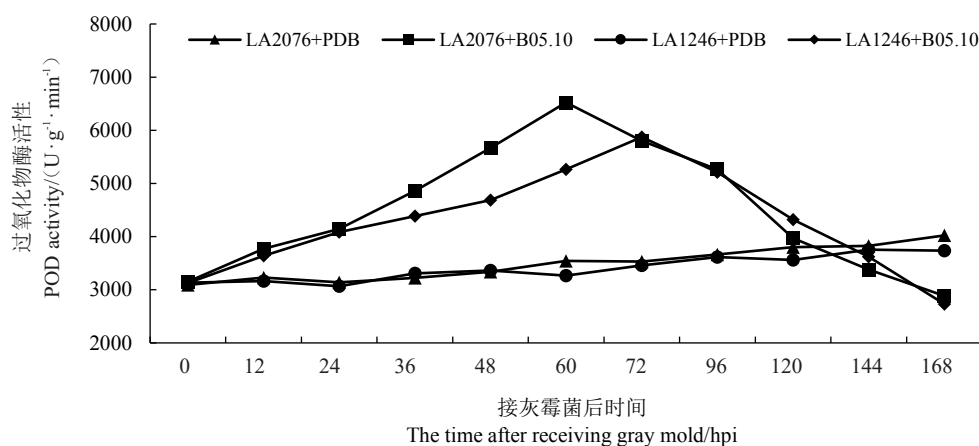


图4 各处理不同时间点后 POD 活性

Fig. 4 POD activity after different processing time points of each treatment

较低且出现的时间较慢,该峰值在 72 hpi 时出现,最终 LA1246 和 LA2076 在接种灰霉菌 144 hpi 后 CAT 活性降低到未接种灰霉菌的水平,而未接种灰霉菌

处理的 LA1246 和 LA2076 的 CAT 活性无明显变化(图 5)。

2.3.4 LA1246 和 LA2076 的 SOD 活性 LA1246 和

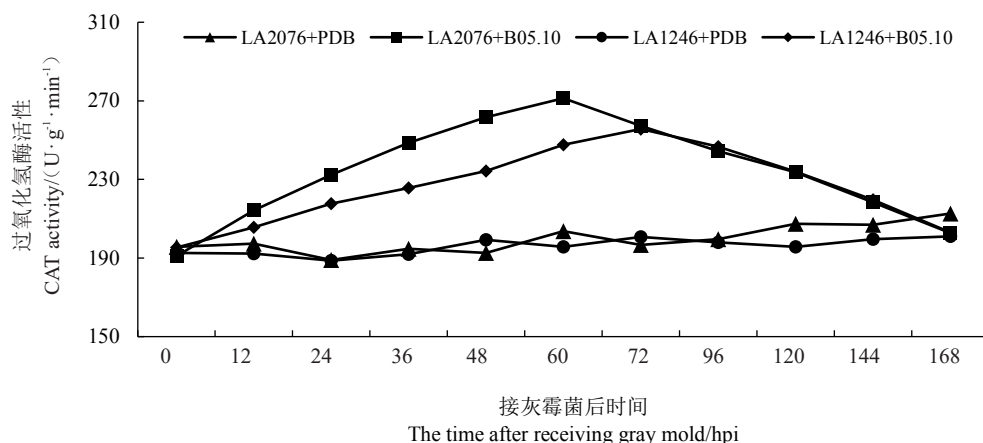


图5 各处理不同时间点后 CAT 活性

Fig. 5 CAT activity after different processing time points of each treatment

LA2076 接种灰霉菌处理相较于不接种灰霉菌处理, SOD 活性呈现先升高后降低的趋势,其中 LA2076 的 SOD 活性峰值更高且出现的时间更快,该峰值在 48 hpi 时出现;LA1246 的 SOD 活性峰值较低且出现的时间较慢,该峰值在 60 hpi 时出现,最终 LA1246 和 LA2076 在接种灰霉菌 144 hpi 后 SOD 活性降低到未接种灰霉菌的水平,而未接种灰霉菌处理的 LA1246 和 LA2076 的 SOD 活性无明显变化(图 6)。

## 2.4 番茄抗灰霉病基因的精细定位

对 F<sub>2</sub> 临时分离群体采用与亲本相同的栽培管理技术与接病方法,依照前文拟定好的番茄叶片离

体接种灰霉菌的发病分级标准对 F<sub>2</sub> 临时分离群体进行病情分级,共得到 432 个 F<sub>2</sub> 单株,其病情等级汇总情况见表 3,各个病情等级示例见图 7。

使用 InDel 分子标记检测双亲本材料以及每一个 F<sub>2</sub> 单株,统计 F<sub>2</sub> 群体单株 PCR 扩增和电泳检测结果,按照前文所列方法进行分析,共发现了 5 对 InDel 分子标记与表型紧密连锁,其中 InDel-1.2 和 InDel-4.1 之间的加性效应值最高,且明显高于其他标记之间,说明这 2 个标记与表型关联程度最高,因此将目的基因定位在 InDel-1.2 和 InDel-4.1 之间的区间,通过比对番茄参考基因组可知,该区间长度为 4.29 Mb,内有 38 个基因(图 8)。

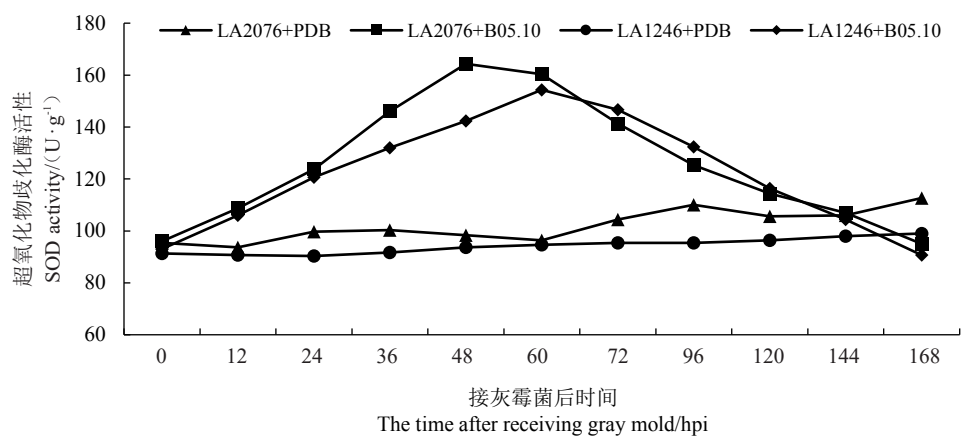


图 6 各处理不同时间点后 SOD 活性  
Fig. 6 SOD activity after different processing time points of each treatment

表 3 各个病情等级的 F<sub>2</sub> 单株数汇总  
Table 3 Summary of F<sub>2</sub> single plant numbers for each disease level

| 病情等级<br>Disease level | F <sub>2</sub> 单株数<br>Number of F <sub>2</sub> plant |
|-----------------------|------------------------------------------------------|
| 0                     | 124                                                  |
| 1                     | 98                                                   |
| 2                     | 62                                                   |
| 3                     | 64                                                   |
| 4                     | 44                                                   |
| 5                     | 40                                                   |
| 总计 Summary            | 432                                                  |

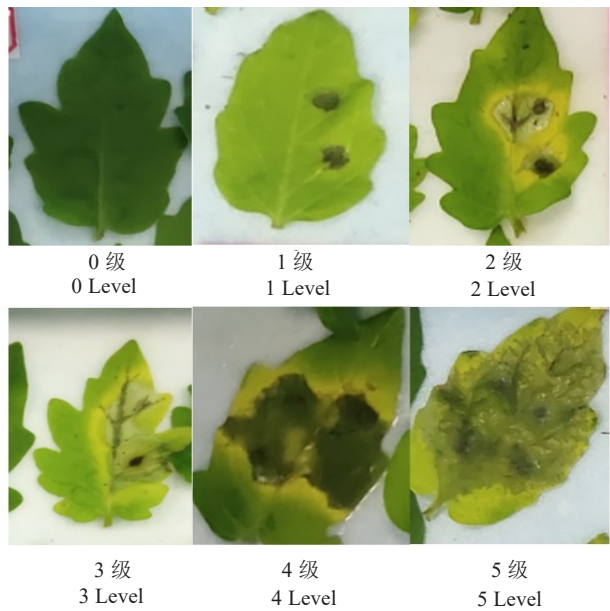


图 7 各个病情等级示例  
Fig. 7 Examples of various disease levels

3 讨论与结论

植物体在面对病原菌入侵的过程中,最早发生

的反应之一是氧化物的产生,而活性氧的积累可以作为防御反应的信号,导致抗性相关基因的上调或与其他信号分子相互作用参与植物的抗病过程。Patykoowski 等<sup>[17]</sup>发现,在灰霉病菌侵染番茄叶片后,过氧化氢的含量明显增加,且在较为感病的番茄材料中过氧化氢含量变化更早,增加速度更快,推测可能是非原生质体 NADH 过氧化氢酶和 SOD 产生的过氧化氢及超氧化氢早期刺激所导致。在植物体内天然拥有活性氧清除机制,在植物体中存在能够分解活性氧的酶以及多种生物抗氧化剂,这些酶以及抗氧化剂共同组成了一个抵御活性氧的动态防御体系<sup>[18]</sup>,植物体内能分解活性氧的酶主要有超氧化物歧化酶(SOD)、过氧化物酶(POD)、过氧化氢酶(CAT)等<sup>[19]</sup>,这些抗氧化酶在参与植物抵御活性氧侵染的生物过程中发挥着重要作用。

在番茄灰霉病的防治措施中,选用抗病品种是最经济有效的方法。但是,由于抗原缺乏,限制了抗病品种的选育。番茄灰霉病抗源材料很缺乏,主要存在于野生番茄中。国内外在筛选抗番茄灰霉病的种质资源方面已做了较多且较长时间的研究,但一直未筛选到理想的抗源材料,抗病育种进展缓慢。利用 InDel、SSR、SNP 等分子标记参与筛选抗病基因,为选育抗性材料提供了材料基础。Finkers 等<sup>[20]</sup>利用 3 个野生型材料进行了 QTL 检测,鉴定出 3 个与抗灰霉病相关的 QTL 位点。Bali 等<sup>[21]</sup>研究表明,秘鲁番茄 LA2745、多毛番茄 LA2314 及醋栗番茄 LA1246 在叶部和茎部均表现出较高的抗性。Nicot 等<sup>[22]</sup>通过叶部和茎部接种证明,一些野生资源尤其是多毛番茄对灰霉病表现部分抗性。李君明<sup>[23]</sup>对多毛番茄 LA1777 进行了 QTL 定位,鉴定出 3 个

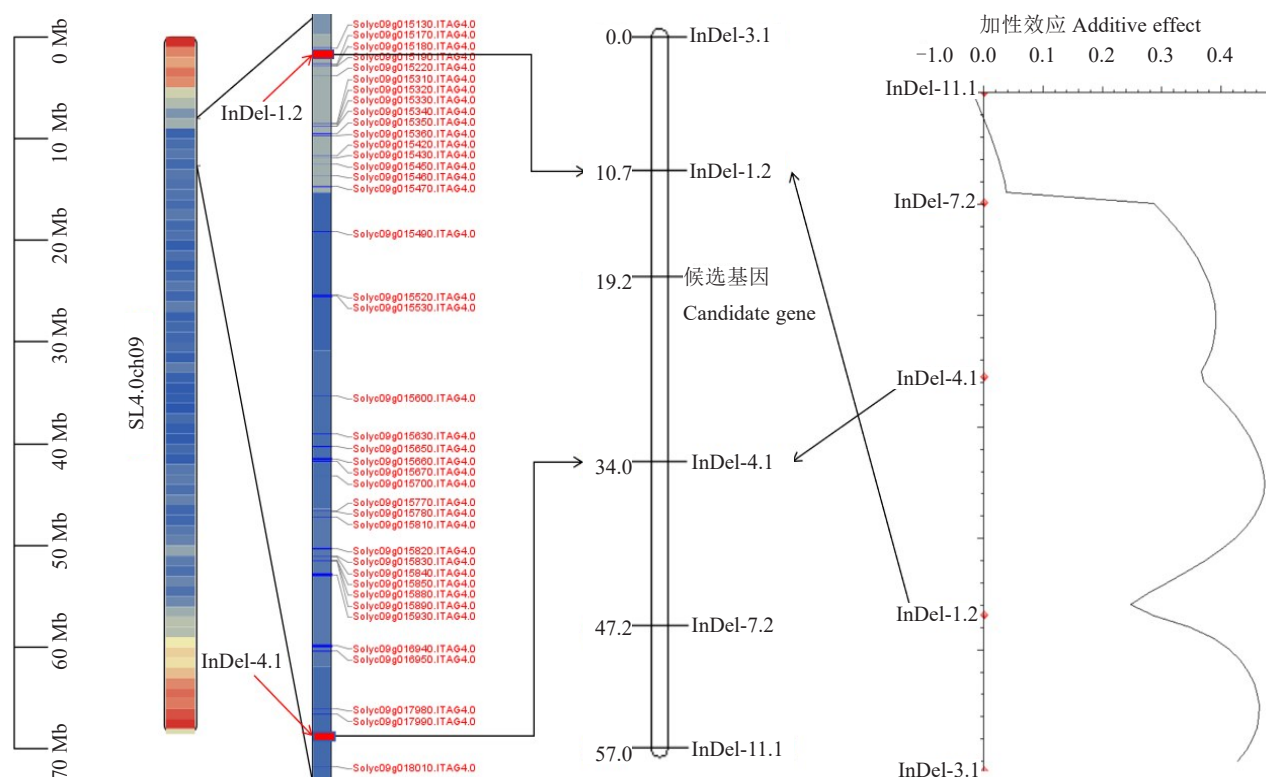


图8 遗传连锁图谱和加性效应图

Fig. 8 Genetic linkage map and additive effect map

与抗灰霉病相关的 QTL 位点,其在 9 号染色体上定位到的 QTL 位点与本试验所定位到的区间在物理位置上有部分重合之处,这部分重合的区间可以作为后续研究的关键方向。在本试验中,使用 InDel 分子标记所进行的基因定位结果已经比较完善,下一步可以结合 SSR、dCAPS 等其他标记进行定位,以使结果更加细化,以希望获得更加精细的定位区间。本试验结果实现了对番茄抗灰霉病基因更精细化的基因定位,为进一步研究番茄抗灰霉病的分子机制并应用于番茄抗病育种提供了科学依据。

笔者利用 LA1246 和 LA2076 及其 F<sub>2</sub> 群体,研究番茄抗灰霉病的遗传规律,并利用群体分离分析法(BSA)探索与番茄抗灰霉病性状紧密连锁的 InDel 分子标记。本试验结果表明,LA1246 相较于 LA2076 对灰霉病表现出抗病性;BSA 分析结果显示相关抗病基因初定位在 9 号染色体上;共筛选出 5 个与表型紧密连锁的 InDel 分子标记,最终在标记 InDel, 1.2 和 InDel, 4.1 之间定位到长度为 4.29 Mb 的区间,该区间内有 38 个基因。

#### 参考文献

[1] 童蕴慧,纪兆林,徐敬友,等.灰霉病生物防治研究进展[J].中国生物防治,2003(3):131-135.

[2] 张莹莹,张维娜,朱卓琳,等.番茄灰霉病生防菌的筛选及鉴定[C]/中国植物病理学会 2012 年学术年会论文集.青岛:中国植物病理学会,2012:397.

[3] MYRESIOTIS C K, KARAOGLANIDIS G S, TZAVELA-KLONARI K. Resistance of *Botrytis cinerea* isolates from vegetable crops to anilinopyrimidine, phenylpyrrole, hydroxanilide, benzimidazole, and dicarboximide fungicides[J]. Plant disease, 2007, 91(4):407-413.

[4] NAGATA T, MASUDA K, MAENO S, et al. Synthesis and structure-activity study of fungicidal anilinopyrimidines leading to mepanipyrim(KIF-3535) as an anti-*Botrytis* agent[J]. Pest Management Science, 2004, 60(4):399-407.

[5] 韩君,范怀峰,王海娜,等.防治灰霉病药剂的开发进展[J].南方农药,2011,15(3):5-10.

[6] 董金荣,王玉楼,吉同奎,等.保护地番茄主要病害综合防治技术初探[J].安徽农学通报(下半月刊),2011,17(16):104.

[7] 李宝聚,朱国仁,关天舒,等.节能日光温室中番茄灰霉病发生规律的研究[J].植物保护,2003(2):26-29.

[8] 陈双臣,刘爱荣,邹志荣.转葡聚糖酶和防御素基因的番茄植株及其番茄灰霉病的抗性[J].植物保护学报,2006,33(4):357-362.

[9] FINKERS R, VAN DEN BERG P, VAN BERLOO R, et al. Three QTLs for *Botrytis cinerea* resistance in tomato[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2007, 114(4):585-593.

[10] GUIMARAES R L, CHETELAT R T, STOTZ H U. Resistance

- to *Botrytis cinerea* in *Solanum lycopersicoides* is dominant in hybrids with tomato, and involves induced hyphal death[J]. *European Journal of Plant Pathology*, 2004, 110(1):13-23.
- [11] 徐明,李海涛,邹庆道,等.番茄灰霉病抗病资源的初步筛选[J]. *中国蔬菜*, 2009(2):38-41.
- [12] 杨改娣.基于深度学习的马铃薯晚疫病叶片病害识别与分级[D].昆明:昆明理工大学,2023.
- [13] 刘晗. *SICNGCs* 调节番茄对灰霉病易感性的初步解析[D].郑州:河南农业大学,2023.
- [14] 汪耀富,韩锦峰,林学梧.烤烟生长前期对干旱胁迫的生理生化响应研究[J]. *作物学报*, 1996, 22(1):117-121.
- [15] 张志良,瞿伟菁.植物生理学实验指导[M].北京:高等教育出版社,2003.
- [16] 陈建勋,王晓峰.植物生理学实验指导[M].2版.广州:华南理工大学出版社,2006.
- [17] PATYKOWSKI J, URBANEK H. Activity of enzymes related to  $H_2O_2$  generation and metabolism in leaf apoplastic fraction of tomato leaves infected with *Botrytis cinerea*[J]. *Journal of Phytopathology*, 2003, 151(3): 153-161.
- [18] 张怡,路铁刚.植物中的活性氧研究概述[J]. *生物技术进展*, 2011, 1(4):242-248.
- [19] 夏铁骑.自由基、活性氧、SOD及植物衰老机理研究的现状与进展[J]. *濮阳职业技术学院学报*, 2005, 18(2):23-24.
- [20] FINKERS R, BAI Y L, VAN BEN BERG P, et al. Quantitative resistance to *Botrytis cinerea* from *Solanum neorickii*[J]. *Euphytica*, 2008, 159:83-92.
- [21] BALI S, KAUR P, KOHLI S K, et al. Jasmonic acid induced changes in physio-biochemical attributes and ascorbate-glutathione pathway in *Lycopersicon esculentum* under lead stress at different growth stages[J]. *Science of the Total Environment*, 2018, 645:1344-1360.
- [22] NICOT P, MORETTI A, ROMITI C, et al. Differences in susceptibility of pruning wounds and leaves to infection by *Botrytis cinerea* among wild tomato accessions[J]. *Tomato Genetics Cooperative Report*, 2002, 52:24-26.
- [23] 李君明.番茄抗灰霉病和晚疫病基因定位及分子标记多基因辅助选育技术研究[D].北京:中国农业科学院,2005.