

## 甜瓜果实糖含量相关性状 QTL 分析

张 宁<sup>1</sup>, 张 显<sup>1\*</sup>, 张 勇<sup>1</sup>, 马建祥<sup>1</sup>, 杨小振<sup>1</sup>, 王永琦<sup>1,2</sup>

(1 西北农林科技大学 园艺学院/农业部西北地区园艺作物生物学与种质创制重点实验室, 陕西杨陵 712100; 2 汉中农业技术推广中心, 陕西汉中 723000)

**摘 要:** 以高糖栽培亲本自交系‘0246’为母本, 低糖野生亲本自交系‘Y101’为父本, 通过杂交得到了含 135 个单株的甜瓜远缘 F<sub>2</sub> 群体, 分别测定甜瓜果实果糖、葡萄糖和蔗糖含量, 将三者之和作为总糖含量, 进行遗传连锁图谱构建及 QTL 分析。结果表明: (1) 构建的甜瓜果实遗传图谱包含 14 个连锁群, 覆盖基因组长度 726.30 cM, 标记间平均距离为 12.74 cM。 (2) 检测到与总糖含量和果糖含量相关的 QTL 位点各 1 个, 分别命名为 *Ts3.1* 和 *Fru4.1*, 贡献率分别为 14.89% 和 13.02%, 分布于第 3、4 连锁群, LOD 值分别为 3.60 和 3.10。2 个 QTL 位点均为正向加性遗传, 分别对增加总糖和果糖含量表现为增效累加效应。研究结果为开展甜瓜糖含量相关基因精细定位和克隆研究奠定了基础。

**关键词:** 甜瓜; 糖含量相关性状; SSR 标记; QTL 分析

**中图分类号:** Q343.1<sup>+</sup>7

**文献标志码:** A

## QTL Analysis of Fruit Sugar Content Correlated Traits in Melon

ZHANG Ning<sup>1</sup>, ZHANG Xian<sup>1\*</sup>, ZHANG Yong<sup>1</sup>, MA Jianxiang<sup>1</sup>,  
YANG Xiaozhen<sup>1</sup>, WANG Yongqi<sup>1,2</sup>

(1 Key Laboratory of Biology and Genetic Improvement of Horticultural Crops (Northwest China), Ministry of Agriculture, College of Horticulture, Northwest A&F University, Yangling, Shaanxi 712100, China; 2 Hanzhong Agricultural Technology Extension Center, Hanzhong, Shaanxi 723000, China)

**Abstract:** The 135 melon interspecific population was derived from crossing the high sugar cultivated inbred lines ‘0246’ as female parent and low sugar wild inbred lines ‘Y101’ as male parent, which was used to construct a linkage map and analyze quantitative trait locus (QTLs) associated with sugar content correlated traits in melon. The content of fructose, sucrose and glucose was measured, respectively. Accumulative quantity of the three kinds of sugars was used as the total sugar content. These data were used to analyze the QTLs associated with sugar content correlated traits in melon. The results showed that: (1) The map contained 14 linkage groups spanning 726.30 cM with the average markers interval of 12.74 cM. (2) Two QTLs associated with total sugar and fructose content were detected, named as *Ts3.1* and *Fru4.1*. The 2 QTLs distributed in 3 and 4 linkage groups, respectively, and they were all positive additive effects, which could have addition effects on the accumulation of total sugar and fructose content, respectively. Their LOD values were 3.60 and 3.10 respectively. The 2 QTLs were able to explain 14.89% and 13.02% of total phenotypic variation. The results of this study have laid an important foundation for gene accurate location and sugar content gene cloning in melon.

收稿日期: 2014-06-24; 修改稿收到日期: 2014-10-26

基金项目: 国家自然科学基金 (31372086); 国家西甜瓜产业技术体系 (CARS-26-NO. 18); 陕西省科学技术研究发展计划 (2013K01-08); 美国唐仲英基金会

作者简介: 张 宁 (1988—), 男, 硕士, 主要从事甜瓜遗传育种与生物技术研究。E-mail: zning817@126.com

\* 通信作者: 张 显, 博士, 教授, 主要从事西瓜甜瓜遗传育种及高效栽培技术研究。E-mail: zhangxian098@126.com

**Key words:** melon; sugar content correlated traits; SSR marker; QTL analysis

甜瓜(*Cucumis melo* L.)是黄瓜属(*Cucumis*)作物,是广泛种植的水果型蔬菜。随着生活水平的不断提高,消费者对甜瓜果实品质的要求也日益提高,因此改善甜瓜营养品质是当前甜瓜品质育种的重要内容。甜瓜果实中含糖量是影响其品质成分的重要因子。甜瓜果实中可溶性糖主要包括葡萄糖、果糖和蔗糖<sup>[1]</sup>,已有研究表明糖类的甜度由高到低依次为果糖、蔗糖和葡萄糖<sup>[2]</sup>。因此开展甜瓜果实糖含量相关性状的遗传改良对改善果实营养品质具有重要意义。

随着分子生物学技术的不断发展,遗传连锁图谱的出现为瓜类作物果实糖含量相关性状的遗传改良研究提供了有力的工具。目前国内外研究者已开展了瓜类作物果实糖含量 QTL 定位研究。Burger 等<sup>[3]</sup>对西瓜含糖量性状的遗传效应研究结果表明高糖含量由单隐性基因控制。Paris 等<sup>[4]</sup>对不同环境条件下甜瓜果实可溶性固形物含量进行了 QTL 定位,在 2 种环境中均检测到与可溶性固形物含量相关的 2 个 QTL 位点,分别为 *Ssc7.4* 和 *Ssc10.8*; Monforte 等<sup>[5]</sup>利用  $F_2$  群体和 DH 系群体对甜瓜果实糖分进行了 QTL 定位,检测到与果实糖分相关的 5 个 QTL 位点。郭少贵等<sup>[6]</sup>对不同环境条件下西瓜果实可溶性固形物含量进行 QTL 定位,分析认为位于第 1 连锁群上的 2 个位点可能是控制西瓜可溶性固形物含量的主效基因位点。刘识等<sup>[7]</sup>通过构建西瓜  $F_2$  群体对果实中心糖和边糖含量进行 QTL 定位,检测到与中心糖含量相关的 QTL 为 *Tmsc3.1*,贡献率为 6.56%;边糖含量相关的 QTL 为 *Tesc12.1*,贡献率为 7.90。然而有关利用甜瓜远缘群体构建的遗传图谱对果实糖含量相关性状进行 QTL 定位方面的研究尚未见报道。本研究以糖含量差异较大的甜瓜品系 0246 与野生种质 Y101 杂交获得的  $F_2$  代群体为试验材料,基于 SSR 标记技术构建甜瓜遗传连锁图谱,分析与果实糖含量相关性状紧密连锁的 QTL 位点,以期对甜瓜果实糖含量相关基因的精细定位及克隆奠定基础。

## 1 材料和方法

### 1.1 试验材料

亲本材料为栽培厚皮甜瓜 0246( $P_1$ )和野生薄皮甜瓜 Y101( $P_2$ ),双亲糖含量相关性状差异显著,其中  $P_1$  和  $P_2$  都是经过多代自交选育的自交系。以

双亲配制的包含 135 个单株的  $F_2$  代群体为试验材料。试验材料由西北农林科技大学园艺学院西瓜甜瓜课题组提供。

### 1.2 试验方法

**1.2.1 群体构建及田间试验设计** 2011 年春季双亲杂交获得  $F_1$  代种子。2012 年春季将  $F_1$  代自交,获得  $F_2$  代种子。2013 年春季将试验材料种植于大棚内,其中  $P_1$ 、 $P_2$ 、 $F_1$  代各种植 30 株,每个小区种植 10 株,3 次重复;随机种植  $F_2$  代 135 株。株距 35 cm,行距 75 cm,吊蔓栽培,单蔓整枝,第 13~15 节子蔓留单果,按常规栽培管理进行。

**1.2.2 糖含量的测定** 果实收获后,取每个果实的边部直到中心的果肉混合,称取每份 5 g,重复 3 次,放于-80℃冰箱中保存。果实糖含量待测液提取参照万学闪等<sup>[8]</sup>的方法,略有改动:取 5 g 冻样加入 6 mL 80%乙醇溶液,混匀后放于 80℃水浴锅中浸提 40 min,10 000 r/min 离心 20 min,吸取上清液,并将残渣重复上述操作合并上清液,定容至 25 mL 待用。果糖和蔗糖含量采用蒽酮比色法测定<sup>[9]</sup>,还原糖含量采用 3,5-二硝基水杨酸比色法测定<sup>[10]</sup>,测定的还原糖含量数值减去果糖含量数值即为葡萄糖含量数值,果糖、葡萄糖和蔗糖含量数据的和即为总糖含量<sup>[11]</sup>,重复 3 次,取平均值。

$$\text{果糖含量(g/kg)} = (0.178A + 0.00018) \times f$$

$$\text{还原糖含量(g/kg)} = (0.6A + 0.0078) \times f$$

$$\text{蔗糖含量(g/kg)} = (0.04A - 0.0004) \times f$$

式中, $A$  为吸光值; $f$  为稀释倍数,以鲜重计。

**1.2.3 SSR 引物来源** 2013 年春季,苗期采集母本、父本、 $F_1$ 、 $F_2$  单株茎间嫩叶 2 g,采用改良 CTAB 法提取甜瓜基因组 DNA<sup>[12]</sup>。试验用的 SSR 引物序列来自已公开发表文献<sup>[13-25]</sup> 及互联网葫芦科作物 EST 数据库(<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/dbEST>; <http://www.icugi.org/>),共计 506 对,所有引物均由生工生物工程(上海)股份有限公司合成。甜瓜 SSR-PCR 反应体系及程序参照乔军等<sup>[26]</sup> 方法,略有改动。SSR 扩增产物用 9% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳检测,对结果进行记录。

**1.2.4 QTL 分析** 利用 Microsoft Excel 2010 软件对分子试验数据进行统计。将符合分离比(1:2:1)的标记利用 Joinmap 4.0 软件构建遗传连锁图谱。选择 QTL IciMapping V3.2 软件进行 QTL 分析。采用完备区间作图(ICIM)法对果实糖含量相关性状

进行 QTL 定位, LOD 阈值设定为 3.0, 以 1 cM 为步进区间对全基因组进行 QTL 扫描, 并进行 1 000 次置换检测。

## 2 结果与分析

### 2.1 糖含量相关性状遗传分析

由表 1 可知, 母本与父本果糖含量分别为 16.326 和 3.559 g/kg, 葡萄糖含量分别为 12.462 和 2.420 g/kg, 蔗糖含量分别为 50.045 和 2.538 g/kg, 总糖含量分别为 78.770 和 8.517 g/kg。利用 DPS V7.05 软件对亲本间糖含量性状进行显著性分析, 表明双亲糖含量性状差异极显著, 数据可用于 QTL 分析。F<sub>2</sub> 代群体果糖、葡萄糖、蔗糖和总糖含量性状多数均介于双亲之间且分离明显, 表现多峰分布, 峰度及偏度均小于 1, 由此可知属于典型的数量性状遗传。

### 2.2 多态性引物的筛选

利用 1% 琼脂糖凝胶电泳和紫外分光光度计对提取的双亲、F<sub>1</sub> 及 F<sub>2</sub> 基因组 DNA 进行检测, 结果表明其浓度和质量均适用于 SSR 扩增。选择 506 对 SSR 引物对双亲进行多态性扩增, 共筛选出具有多态性且稳定遗传的 SSR 引物 67 对, 多态率为 13.24%。

### 2.3 遗传连锁图谱的构建

利用筛选出具有多态性的 SSR 引物 67 对, 并对 F<sub>2</sub> 远缘群体 135 个单株 DNA 进行多态性扩增, 然后再进行卡方检测。结果表明在 67 个标记中有 58 个标记符合理论分离比(1:2:1), 其余 9 个标记表现出不同程度的偏分离现象。SSR 标记在 F<sub>2</sub> 群体部分单株中的扩增带型如图 1。

采用 Joinmap 4.0 软件对筛选出的 58 个标记进行遗传连锁图谱的构建, 得到一张包含有 14 个连锁群的遗传连锁图谱。58 个标记分属于 14 个连锁群, 覆盖基因组长度为 726.30 cM, 相邻标记间距离为 12.74 cM, 各连锁群的标记数为 2~10, 长度为

18.1~118.0 cM。标记最多的第 8 连锁群, 分布 10 个标记, 标记间平均距离为 13.10 cM, 标记最少的分别为第 7、10、14 连锁群, 只分布了 2 个标记。平均遗传距离最大的为第 13 连锁群, 平均遗传距离为 30.70 cM, 平均遗传距离最小的连锁群为第 13 连锁群, 平均遗传距离为 9.00 cM(表 2)。

### 2.4 糖含量相关性状的 QTL 分析

依据得到的甜瓜遗传连锁图谱和果实糖含量相关性状的表型数据, 运用 QTL IciMapping V3.2 软件对果实糖含量相关性状进行 QTL 扫描分析。结果表明, 在第 3 和第 4 连锁群(LG3、LG4)上检测到 2 个分别与总糖含量和果糖含量相关的 QTL(图 2)。QTL 的命名是以性状的英文缩写、连锁群号以及 QTL 编号为依据。

将与果糖含量和总糖含量相关的 QTL 位点分别命名为 *Fru4.1* 和 *Ts3.1*。由表 3 中可知, *Fru4.1*

表 2 甜瓜连锁遗传图谱的基本参数

Table 2 Description of the linkage groups in melon

连锁群 Linkage group	长度 Length /cM	标记数 No. of markers	平均图距 Average distance /cM	最小间距 Minimum distance /cM
LG1	81.5	9	10.2	3.2
LG2	53.6	6	10.7	3.7
LG3	83.5	4	27.8	22.8
LG4	84.6	4	28.2	13.7
LG5	41.0	3	20.5	6.2
LG6	44.9	3	22.4	18.4
LG7	18.1	2	18.1	18.1
LG8	118.0	10	13.1	1.2
LG9	32.6	3	16.3	14.7
LG10	17.0	2	17.0	17.0
LG11	48.8	3	24.4	22.5
LG12	53.9	4	18.0	12.7
LG13	18.1	3	9.0	4.0
LG14	30.7	2	30.7	30.7
总计 Total	726.3	58	12.7	

注: LG1~LG14 为遗传连锁群; 图 2 同。

Note: LG1-LG14 are the genetic linkage groups; The same as in Fig. 2.

表 1 亲本及 F<sub>2</sub> 群体果实糖含量相关性状遗传分析

Table 1 Genetic analysis of fruit sugar content correlated traits in two parents and F<sub>2</sub> population

性状 Trait (g/kg)	母本 Female	父本 Male	F <sub>2</sub> 群体 F <sub>2</sub> population					
			平均数 Average	最大值 Maximum	最小值 Minimum	标准差 SD	峰度 Kurtosis	偏度 Skewnes
果糖 Fructose	16.326	3.559	13.529	28.891	2.680	5.409	0.289	0.392
葡萄糖 Glucose	12.462	2.420	10.407	20.127	1.388	3.928	0.157	0.062
蔗糖 Sucrose	50.045	2.538	29.517	67.250	1.514	15.512	-0.487	0.293
总糖 Total sugar	78.770	8.517	53.453	91.835	11.636	17.935	-0.312	-0.025

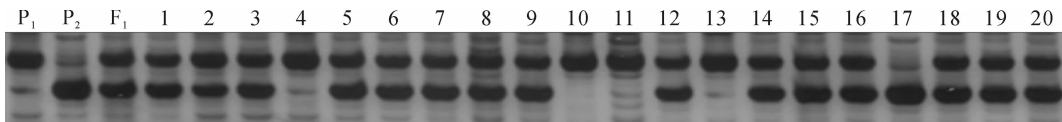


图 1 SSR 标记在  $F_2$  群体中 PCR 扩增的部分带型  
 $P_1$ . 0246;  $P_2$ . Y101;  $F_1$ .  $F_1$  代; 1~20.  $F_2$  群体部分单株  
Fig. 1 PCR profiles generated by SSR in part of  $F_2$  population  
 $P_1$ . 0246;  $P_2$ . Y101;  $F_1$ .  $F_1$  generation; 1—20. Part of  $F_2$  population

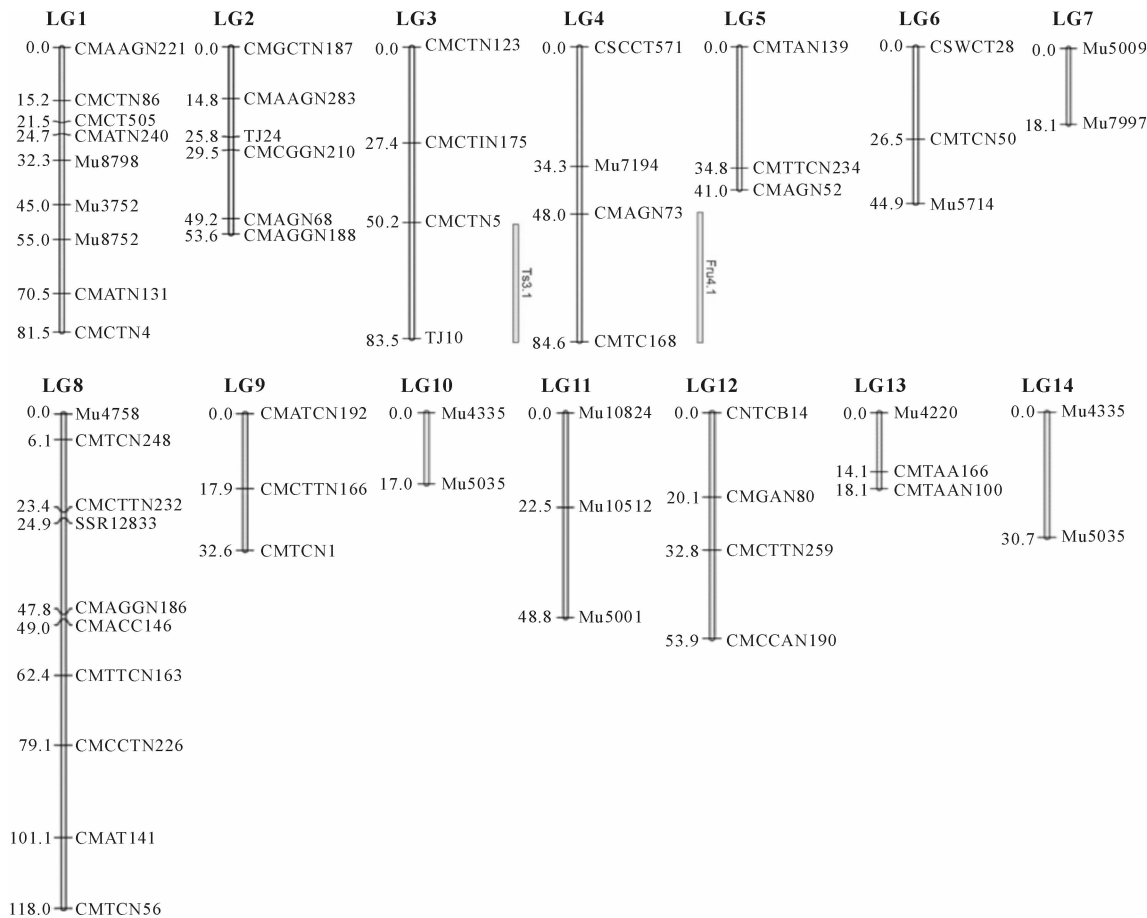


图 2 甜瓜遗传连锁图谱构建及果糖和总糖含量相关 QTL 分析  
 $Ts3.1$ . 总糖含量相关的 QTL;  $Fru4.1$ . 果糖含量相关的 QTL  
Fig. 2 The construction of genetic linkage map and analysis of QTLs associated with fructose and total sugar contents in melon  
 $Ts3.1$ . QTL associated with total sugar content;  $Fru4.1$ . QTL associated with fructose content

表 3 甜瓜果糖和总糖含量相关的 QTL

性状 Trait	QTL 位点 QTL locus	LOD 值 LOD value	连锁群 Linkage group	图谱位置 Position/cM	标记区间 Interval marker	变异贡献率 Variance explained/%	加性效应 Additive effect
果糖 Fructose	<i>Fru4.1</i>	3.10	4	64.00	CMAGN73- CMTC168	13.02	0.40
总糖 Total sugar	<i>Ts3.1</i>	3.60	3	72.00	CMCTN5- TJ10	14.89	9.26

位点位于第 4 连锁群 CMAGN73-CMTC168 标记区间,与标记 CMAGN73 的遗传距离为 16.0 cM。该位点加性效应值为 0.40,加性效应为正值,对增加果糖含量表现为增效累加效应。可解释表型变异的 13.02%。 $Ts3.1$  位点位于第 3 连锁群 CMCTN5-TJ10 标记区间,与标记 TJ10 的遗传距离为 12.6

cM。该位点加性效应值为 9.26, 加性效应为正值, 对增加总糖含量表现为增效累加效应。可解释表型变异的 14.89%。

### 3 讨 论

偏分离是植物构建遗传连锁图谱研究中的一种非常普遍的现象, 能够提高群体内杂合基因型的频率。研究者普遍关注偏分离现象的原因, 主要是因为其具有一种非常重要的进化原动力<sup>[27]</sup>。刘莉等<sup>[28]</sup>采用西瓜  $F_2$  群体, 基于 AFLP 标记构建遗传连锁图谱, 偏分离率为 27%; 朱子成等<sup>[29]</sup>采用甜瓜重组自交系, 基于 SSR 标记构建遗传连锁图谱, 偏分离率为 7.98%; 张雪娇等<sup>[30]</sup>采用甜瓜重组自交系, 基于 SSR 标记构建遗传连锁图谱, 偏分离率为 9.33%; 王兆吉等<sup>[31]</sup>采用西瓜  $F_2$  群体, 基于 SSR 标记构建遗传连锁图谱, 偏分离率为 18.18%。本研究采用甜瓜  $F_2$  群体, 基于 SSR 标记构建遗传连锁图谱, 偏分离率为 13.43%。由此可见, 不同的试验材料及构图群体可能会导致不同程度的偏分离现象。本研究偏分离率较高, 可能是由于所选用的作图群体较小, 导致标记表现出偏分离现象。

SSR 标记具有覆盖基因组范围广、共显性和可重复性好等特点而不仅被广泛应用于瓜类遗传连锁图谱的构建工作中, 还被应用于构建高密度遗传连锁图谱。谭行之等<sup>[32]</sup>利用 SSR 和 AFLP 标记构建了一张包括 12 个连锁群和 84 个标记位点的南瓜遗传连锁图谱。本研究利用 SSR 标记构建了一张包括 14 个连锁群和 58 个标记的遗传连锁图谱。覆盖基因组长度为 726.30 cM, 标记间平均图距为 12.74

cM。此外, 在 LG2、LG3、LG4、LG5、LG11、LG12 连锁群上标记间遗传距离较大, 表明这些部位的标记空缺较多, 可能是由于作图群体数量较小, 导致了标记间交换值估计的偏差。在以后的研究中, 需增加作图群体数量来获得标记间遗传距离较小的遗传图谱。

Harel-Beja 等<sup>[22]</sup>对甜瓜果实糖含量性状进行 QTL 定位发现了与蔗糖含量相关的 6 个 QTL 位点, 遗传效应以加性为主, 同时还将与果糖含量相关的 1 个 QTL 位点定位到第 4 连锁群。Soon 等<sup>[33]</sup>对甜瓜果实糖含量性状进行 QTL 定位, 结果表明与蔗糖含量相关的 6 个 QTL 位点遗传效应以加性为主。这与本试验的结果一致。本研究共检测到与果糖和总糖含量相关的 2 个 QTL 位点, 且均为加性遗传效应, 分别对增加果糖和总糖含量效应表现出增效累加性。其中将与果糖含量相关的 1 个位点定位于第 4 连锁群, 可解释表型变异的 13.02%; 将与总糖含量相关的 1 个位点定位于第 3 连锁群, 可解释表型变异的 14.89%。已有研究表明贡献率低于 5% 可视为微效 QTL, 贡献率高于 15% 可视为主效 QTL<sup>[34]</sup>。本研究中与总糖含量相关的 QTL 位点贡献率为 14.89%, 接近于 15%, 可视为主效 QTL。然而糖分含量符合典型数量性状遗传特征, 比较容易受到环境条件的影响。因此本研究检测到的 2 个 QTL 位点需进一步利用永久性群体进行重复的验证, 以期对甜瓜果实糖含量相关基因的精细定位提供理论依据, 进而为甜瓜果实品质的遗传改良奠定基础。

### 参考文献:

- [1] 中国农业科学院郑州果树研究所. 中国西瓜甜瓜[M]. 北京: 中国农业出版社, 2000: 390—391.
- [2] ZHANG L T(张力田). The sweetness of sugars[J]. *Journal of South China University of Technology* (华南理工大学学报·自然科学版), 2002, **30**(1): 89—91(in Chinese).
- [3] BURGER Y, SAAR U, KATZIR N, *et al.* A single recessive gene for sucrose accumulation in *Cucumis melo* fruit[J]. *Journal of the American Society for Horticulture Science*, 2002, **127**(6): 938—943.
- [4] PARIS M K, ZALAPA J E, MCCREIGHT J D, *et al.* Genetic dissection of fruit quality components in melon (*Cucumis melo* L.) using a RIL population derived from exotic and elite US Western Shipping germplasm[J]. *Molecular Breed*, 2008, **22**(3): 405—419.
- [5] MONFORTE A J, OLIVER M, GONZALO M J, *et al.* Identification of quantitative trait loci involved in fruit quality traits in melon (*Cucumis melo* L.)[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2004, **108**(4): 750—758.
- [6] GUO SH G(郭绍贵), XU Y(许勇), ZHANG H Y(张海英), *et al.* QTL analysis of soluble solids content in watermelon under different environments[J]. *Molecular Plant Breeding* (分子植物育种), 2006, **4**(3): 393—398(in Chinese).
- [7] LIU SH(刘识), WANG X ZH(王学征), LUAN F SH(栾非时), *et al.* QTL analysis for total sugar content in watermelon[J]. *Journal of Fruit Science* (果树学报), 2013, **30**(1): 75—80(in Chinese).
- [8] WAN X SH(万学闪), LIU W G(刘文革), YAN ZH H(阎志红), *et al.* Sugar contents in different parts of seedless watermelon fruit[J]. *China Cucurbits and Vegetables* (中国瓜菜), 2009, (5): 10—14(in Chinese).

- [9] 薛应龙. 植物生理学实验手册[M]. 上海:上海科学技术出版社,1985:135—138.
- [10] 张龙翔,张庭芳,李令媛,等. 生化实验方法和技术[M]. 北京:高等教育出版社,1982:9.
- [11] QIAN Q Q(钱琼秋), LIU H Y(刘慧英), ZHU ZH J(朱祝军). Studies on sugar metabolism and related enzymes activity during watermelon fruit development as influenced by grafting[J]. *Journal of Zhejiang University (Agriculture and Life Science)* (浙江大学学报·农业与生命科学版), 2004, **30**(3): 285—289 (in Chinese).
- [12] LUAN F SH, DELANNAY I, STAUB J E. Chinese melon (*Cucumis melo* L.) diversity analyses provide strategies for genetic improvement and evidentiary support of domestication patterns[J]. *Euphytica*, 2008, **164**(2): 445—461.
- [13] DANIN-POLEG Y, REIS N, TZURI G, et al. Development and characterization of microsatellite in cucumis[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2001, **102**(1): 61—72.
- [14] FAZIO G, STAUB J E, CHUNG S M. Development and characterization of PCR markers in cucumber[J]. *Journal of the American Society for Horticulture Science*, 2002, **127**(4): 545—557.
- [15] NAOKI C, KEITA S, TSUKASA N, et al. Development of microsatellite markers in melon (*Cucumis melo* L.) and their application to major cucurbit crops[J]. *Breeding Science*, 2003, **53**: 21—27.
- [16] SILBERSTEIN L, KOVALSKI I, BROTMAN Y, et al. Linkage map of *Cucumis melo* including phenotypic traits and sequence-characterized genes[J]. *Genome*, 2003, **46**: 761—773.
- [17] GONZALO M J, OLIVER M, GARCIA-MAS J, et al. Simple-sequence repeat markers used in merging linkage maps of melon (*Cucumis melo* L.) [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2005, **110**(5): 802—811.
- [18] JOOBEUR T, GUSMINI G, ZHANG X, et al. Construction of a watermelon BAC library and identification of SSRs anchored to melon or arabidopsis genomes[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2006, **112**: 1 553—1 562.
- [19] KONG Q, XIANG C, YU Z, et al. Mining and charactering microsatellites in *Cucumis melo* expressed sequence tags from sequence database[J]. *Molecular Ecology Notes*, 2007, **7**: 281—283.
- [20] ZALAPA J E, STAUB J E, MCCREIGHT J D, et al. Detection of QTL for yield-related traits using recombinant inbred lines derived from exotic and elite US Western Shipping melon germplasm[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2007, **114**(7): 1 185—1 201.
- [21] FERNANDEZ-SILVA I, EDUARDO I, BLANCA J, et al. Bin mapping of genomic and EST-derived SSRs in melon (*Cucumis melo* L.) [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2008, **118**: 139—150.
- [22] HAREL-BEJA R, TZURI G, PORTNOY V, et al. A genetic map of melon highly enriched with fruit quality QTLs and EST markers, including sugar and carotenoid metabolism genes[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2010, **121**: 511—533.
- [23] AURORA D, MOHAMED F, GELSOMINA F, et al. A consensus linkage map for molecular markers and quantitative trait loci associated with economically important traits in melon (*Cucumis melo* L.) [J]. *BMC Plant Biology*, 2011, **11**(11): 2—14.
- [24] ZHANG N(张楠), GAO P(高鹏), LUAN F SH(栾非时). The study of disease resistant, morphological characteristics and genetic relationship using SSR markers in 4 materials of wild cucurbit[J]. *Acta Horticulturae Sinica* (园艺学报), 2012, **39**(5): 905—914 (in Chinese).
- [25] 刘建萍. 野生和栽培甜瓜杂交后代主要性状遗传规律及其分子标记[D]. 哈尔滨:东北农业大学, 2012.
- [26] QIAO J(乔军), CHEN Y H(陈钰辉), WANG L Y(王利英), et al. QTL analysis for fruit shape in eggplant based on genetic linkage map[J]. *Acta Horticulturae Sinica* (园艺学报), 2012, **39**(6): 1 115—1 122 (in Chinese).
- [27] CHARLESWORTH B. Driving genes and chromosomes[J]. *Nature*, 1988, **332**: 394—395.
- [28] LIU L(刘莉), JIAO D L(焦定量), GUO M(郭敏), et al. Linkage mapping in watermelon population segregation for subgynoecious trait[J]. *Journal of Fruit Science* (果树学报), 2010, **27**(1): 50—56 (in Chinese).
- [29] ZHU Z CH(朱子成), GAO M L(高美玲), GAO P(高鹏), et al. QTL analysis of the first fertile flower node of *Cucumis melo* L. [J]. *Acta Horticulturae Sinica* (园艺学报), 2012, **38**(9): 1 753—1 760 (in Chinese).
- [30] ZHANG X J(张雪娇), GAO P(高鹏), LUAN F SH(栾非时). QTL analysis of fruits related traits in melon (*Cucumis melo* L.) [J]. *China Vegetables* (中国蔬菜), 2013, (18): 35—41 (in Chinese).
- [31] WANG ZH J(王兆吉), GAO P(高鹏), LUAN F SH(栾非时), et al. Construction of watermelon genetic map and fruit shape index QTL analysis[J]. *China Vegetables* (中国蔬菜), 2013, (14): 25—30 (in Chinese).
- [32] TAN X ZH(谭行之), GE Y(葛宇), XU W L(徐文龙), et al. Construction of genetic linkage map and QTL analysis for seed width in pumpkin (*Cucurbita maxima*) [J]. *Acta Bot. Boreal. -Occident. Sin.* (西北植物学报), 2013, **33**(4): 697—702 (in Chinese).
- [33] SOON O P, HYE Y H, KEVIN M C, et al. A genetic linkage map including loci for male sterility, sugars, and ascorbic acid in melon[J]. *Journal of the American Society for Horticulture Science*, 2009, **134**(1): 67—76.
- [34] MAO CH Z(毛传澡), CHENG SH H(程式华). Analysis of accuracy and influence factor in QTL mapping about agronomic traits in rice (*Oryza sativa* L.) [J]. *Journal of Agricultural Biotechnology* (农业生物技术学报), 1999, **7**(4): 386—394 (in Chinese).

(编辑:宋亚珍)