

基于 SRAP 标记的甜瓜耐盐种质资源遗传多样性分析

高宁宁, 常高正, 康利允, 李晓慧, 梁 慎, 李海伦, 赵卫星*

(河南省农业科学院 园艺研究所, 郑州 450002)

摘 要: 研究不同耐盐程度甜瓜种质资源的亲缘关系和遗传多样性, 为甜瓜种质资源有效利用提供理论依据。该试验以不同耐盐程度的 27 个甜瓜品种为材料, 利用 SRAP 标记分析甜瓜种质资源的遗传多样性, 从 364 对引物组合中筛选出 24 对扩增清楚且多态性丰富的引物, 共扩增出 415 个清晰的位点, 其中多态性位点 241 个, 多态比率达 58%。平均观测等位基因数(N_a)为 1.588 0, 平均有效等位基因数(N_e)为 1.347 0, 平均 Nei's 基因多样性指数(H)为 0.201 3, 平均 Shannon's 信息指数(I)为 0.301 0, 表明供试甜瓜具有丰富的遗传多样性。UPGMA 聚类结果显示: 遗传相似系数在 0.36~1.00 之间, 遗传相似性系数在 0.72 时, 可将 27 个甜瓜品种划分为 4 个类群, 耐盐型甜瓜在其中 3 个类群有分布, 中等耐盐型甜瓜在 4 大类群中均有分布, 盐敏感型均集中在第 I 类群, 表明耐盐型和中等耐盐型甜瓜种质的遗传多样性比盐敏感型种质丰富。遗传相似系数与 UPGMA 聚类结果的 Cophentic 矩阵相关系数为 0.749, 说明聚类分析结果较准确。研究认为, 耐盐型甜瓜的遗传多样性较丰富, 要得到耐盐的杂种优势品种, 需要融入更多遗传关系较远的新种质。

关键词: 甜瓜; SRAP; 遗传多样性; 耐盐

中图分类号: Q346⁺.5; Q789; S652

文献标志码: A

Genetic Diversity Analysis of Salt Tolerance Germplasm Resources of Melon Based on SRAP

GAO Ningning, CHANG Gaozheng, KANG Liyun, LI Xiaohui,
LIANG Shen, LI Hailun, ZHAO Weixing*

(Horticulture Institute, Henan Academy of Agricultural Sciences, Zhengzhou 450002, China)

Abstract: To provide theoretical basis for effective use of melon germplasm resources, we studied the genetic relationship and diversity of melon with different degree of salt tolerance. In this study, the genetic diversity of melon germplasm resources was analyzed by Sequence-Related Amplified Polymorphism (SRAP) using 27 melon varieties with different salt tolerance levels. 24 primer pairs with clear amplification and rich polymorphism were selected from 364 pairs, and 415 clear sites were amplified totally, of which 241 were polymorphic sites and the polymorphic ratio was 58%. Average observed number of alleles (N_a) was 1.588 0, average effective number of alleles (N_e) was 1.347 0, average Nei's gene diversity (H) was 0.201 3, average Shannon's information index (I) was 0.301 0, and the results showed that melon germplasms had abundant genetic diversity. Unweighted pair-group method with arithmetic means (UPGMA) clustering results showed that the genetic similarity coefficients were between 0.36 and 1.00. 27

收稿日期: 2018-11-02; 修改稿收到日期: 2018-12-18

基金项目: 国家西甜瓜产业技术体系建设项目(CARS-25); 河南省农业科学院科技发展专项(2019CY017); 河南省农业科学院自主创新项目

作者简介: 高宁宁(1986—), 女, 博士, 助理研究员, 主要从事西甜瓜分子育种研究。E-mail: gnnzhu@163.com

* 通信作者: 赵卫星, 博士, 副研究员, 主要从事西甜瓜育种及栽培生理研究。E-mail: wxzhao2008@163.com

melon varieties were divided into four classes at the genetic similarity coefficient of 0.72. Salt tolerant melon was distributed among three categories, medium salt tolerant melon was distributed through all the classes, and while salt sensitive melon was concentrated in the first group, the results demonstrated that genetic diversity of salt tolerant and medium salt tolerant melon were more abundant than that of salt sensitive melon. Cophenetic matrix correlation coefficient of genetic similarity coefficient and UPGMA clustering result was 0.749, which indicated that the cluster analysis was accurate. The study indicated that the genetic diversity of salt tolerant melon was rich, and in order to get salt tolerant heterosis varieties, more far genetic relationship germplasms need to be introduced.

Key words: melon; SRAP; genetic diversity; salt tolerance

中国是甜瓜生产大国,据国际粮农组织(FAO)统计,2016 年甜瓜栽培面积为 $4.819 \times 10^5 \text{ hm}^2$,位居世界第一,中国甜瓜栽培范围广,对种质资源的需求大。种质资源是携带遗传物质的载体,是进行新品种选育和科研工作的重要基础物质,加强甜瓜特异种质资源的开发和利用,对促进甜瓜产业发展和科研水平提升具有重要意义^[1]。土壤盐渍化已经成为制约全球农业生产的重要因素之一^[2],近年来,随着保护地面积的增加,中国甜瓜生产发展迅速,但过量施肥和连作使土壤盐渍化程度不断加重,影响了甜瓜的品质,盐敏感品种受到盐胁迫的影响比耐盐品种要大,因此,加快选育耐盐品种是缓解土壤盐渍化的有效途径之一^[3-6]。目前有关作物耐盐性研究较多集中在水稻、大豆、玉米和棉花上^[7-11],甜瓜耐盐性研究较少^[12-15],耐盐甜瓜种质资源仍较匮乏,如何加快耐盐甜瓜品种选育已成为一个迫切需要解决的问题。

常规育种耗时长且效率低,利用分子标记技术辅助育种可以加速育种进程,目前常用的分子标记有 SRAP、SSR、RAPD、AFLP、SNP、SCAR 等,分子标记能够反映种群间 DNA 片段的差异,不受外界环境因子影响,可以更直观和高效进行育种辅助选择^[16]。相关序列扩增多态性(SRAP)是 2001 年由 Li 和 Quiros 开发的一种新型分子标记技术,基于 PCR 设计提出,具有稳定简单和多态性丰富等特点,在西瓜、甜瓜、棉花和甘蓝等作物上已得到广泛应用^[17-21]。本试验利用 SRAP 标记对不同耐盐程度甜瓜种质资源进行多样性分析,为耐盐甜瓜种质资源的保存、杂交育种和有效利用提供有力科学依据,最终为甜瓜新品种选育和遗传改良奠定基础。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试的 27 份厚皮甜瓜种质资源均为河南省农业科学院园艺研究所西甜瓜研究室从中国各地收集

并经过多年种植观察的品种(系),根据甜瓜种质资源芽苗期和幼苗期耐 NO_3^- 的鉴定筛选^[14],将供试材料分为 3 个类型;1~10 号为耐盐型,11~15 号为盐敏感型,16~27 号为中等耐盐型(表 1)。

表 1 供试甜瓜品种编号		
Table 1 Numbers of experimental melon varieties		
类型 Type	编号 No.	品种(系) Variety (Line)
耐盐型 Salt tolerance	1	T-28-1
	2	T-47-1
	3	T-72 (伽师瓜 Jiashigua)
	4	T-75
	5	T-81
	6	T-97
	7	IVF-198
	8	IVF-117
	9	众云 18 (Zhongyun 18)
	10	T-100
盐敏感型 Salt sensitivity	11	T-14
	12	T-30-1
	13	T-38
	14	A-65
	15	A-68
中等耐盐型 Medium salt tolerance	16	T-45
	17	A-71
	18	T-73
	19	T-98
	20	T-99
	21	T-101-1
	22	T-104-1
	23	T-107
	24	D-110-1
	25	D-127-1
	26	T-128
	27	T-129

1.2 方 法

1.2.1 甜瓜 DNA 提取 将供试的 27 个甜瓜材料于温室中育苗,待幼苗长出 3~4 片真叶时,取少量叶片,用研钵或破碎仪进行破碎,采用改良 SDS 方法提取甜瓜基因组 DNA^[22],用紫外分光光度法测其浓度,将样品稀释为 30 ng/ μ L,低温冷冻保存。

1.2.2 SRAP 扩增筛选 SRAP 反应采用 15 μ L 改良体系:TaqDNA 聚合酶 0.05 U/ μ L,Mg²⁺ 4.0 mmol/L,dNTPs 0.4 mmol/L (试剂购自 Vazyme 公司),DNA 2 ng/ μ L,引物 0.1 μ mol/L,其反应条件和程序参考黄春琼等的方法^[23]。选取耐盐品种和盐敏感品种各 1 份对 364 组 SRAP 引物进行筛选,采用 8%非变性聚丙烯酰胺凝胶进行检测,具体参考梁宝萍等的方法^[24],筛选出扩增稳定、位点清晰且多态性好的引物来分析供试甜瓜材料。

1.3 数据统计分析

利用 Excel 软件将图谱上有条带的记为“1”,相同位置没有条带的记为“0”,构成原始数矩阵。利用 NTSYS-pc 2.1e 软件 UPGMA 方法得到遗传相似系数,聚类分析使用 Treeplot 模块;用 PopGen Version 3.2 软件计算不同类型甜瓜的遗传多样性指数,包括 Nei's 基因多样性指数(H)、Shannon's 信息指数(I)、观测等位基因数(N_a)、有效等位基因数(N_e)、遗传一致度和遗传距离,并用 Cophenetic 相关性方法检验聚类分析结果的准确性。

2 结果与分析

2.1 SRAP 分子标记引物筛选

选取耐盐甜瓜品种 T-97 和盐敏感甜瓜品种 T-30-1,从 364 对引物组合中筛选出条带扩增清楚、稳定性好且多态性高的引物 24 对,利用筛选的 24 对引物组合对 27 份供试甜瓜基因组 DNA 进行 SRAP 标记,共得到 415 个扩增清晰的条带,其中多态性条带 241 个,平均每对引物组合扩增出 17 个条带,其中多态性条带 10 个,多态比率为 58% (表 2),图 1 为引物组合 me6-em29 对 27 份供试甜瓜的扩增结果。上述结果表明,相同引物扩增不同供试甜瓜材料其扩增图谱差异较大,具有较高的遗传多样性,SRAP 分子标记的方法可用于甜瓜材料的遗传多样性分析。

2.2 甜瓜耐盐种质资源的遗传多样性分析

根据 SRAP 分子标记的图谱矩阵结果,利用分析软件 NTSYS-pc 2.1e 计算 27 份供试甜瓜的遗传相似矩阵,得出遗传相似系数在 0.36~1.00 之间

(表 3),其中 3 组甜瓜的遗传相似系数最小为 0.36,说明其亲缘关系最远,8 组甜瓜的遗传相似系数最大为 1.00,说明其亲缘关系最近。

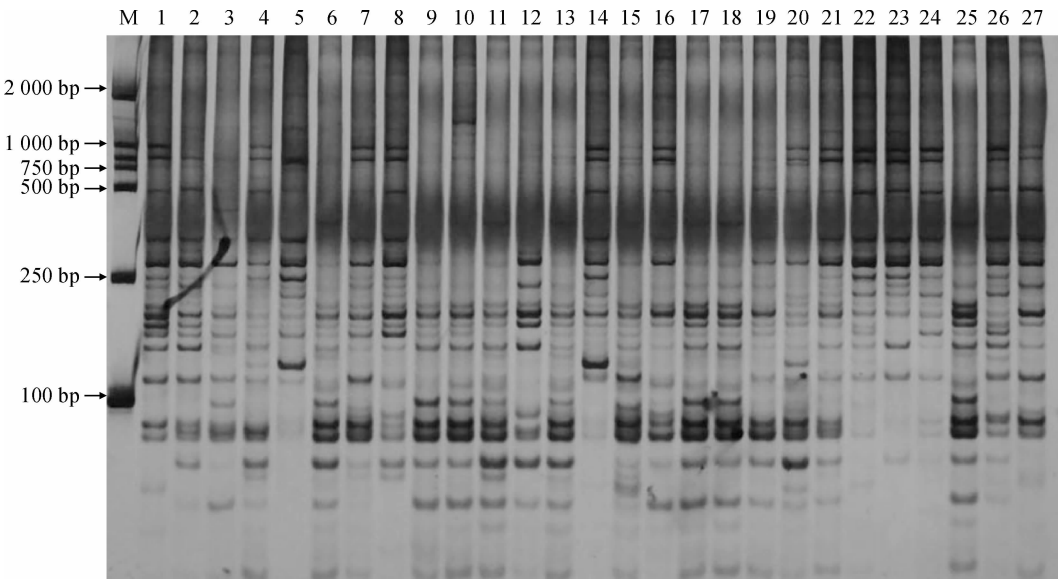
通过软件 PopGen Version 3.2 计算不同耐盐类型供试甜瓜的遗传多样性指数(表 4),结果表明,不同耐盐类型供试甜瓜的观测等位基因数(N_a)在 1.192 8~1.368 7 之间,整体均值为 1.588 0;有效等位基因数(N_e)在 1.104 1~1.177 4 之间,整体均值为 1.347 0;Nei's 基因多样性指数(H)的变化在 0.063 0~0.107 9 之间,整体均值为 0.201 3;Shannon's 信息指数(I)的范围在 0.096 3~0.166 8 之间,整体均值为 0.301 0。由上述结果可知,供试甜

表 2 SRAP 扩增引物及扩增多态率

Table 2 SRAP primers and their amplification polymorphic ratios			
引物组合 Primer combination	总条带数 Total bands	多态条带数 Polymorphic bands	多态比率 Polymorphic ratio/%
me1-em22	14	8	57
me2-em22	13	8	62
me3-em22	21	16	76
me4-em2	17	7	41
me4-em22	17	11	65
me6-em1	23	16	70
me6-em29	26	20	77
me8-em6	19	13	68
me10-em8	18	10	56
me12-em8	18	9	50
me13-em2	15	9	60
me13-em5	26	12	46
me17-em8	16	10	63
me17-em22	16	11	69
me18-em2	10	6	60
me18-em5	18	7	39
me18-em23	18	11	61
me18-em26	18	10	56
me19-em3	19	13	68
me21-em4	15	6	40
me22-em3	16	6	38
me24-em2	16	7	44
me27-em2	18	10	56
me29-em5	8	5	63
总计 Total	415	241	58
平均 Average	17	10	58

表 3 27 个甜瓜种质的相似系数
Table 3 Similarity coefficient of 27 melon germplasm

1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27
1	1.00																									
2	1.00	1.00																								
3	0.86	0.86	1.00																							
4	0.93	0.93	0.93	1.00																						
5	0.71	0.71	0.86	0.79	1.00																					
6	0.79	0.79	0.79	0.86	0.93	1.00																				
7	0.71	0.71	0.71	0.79	0.71	0.79	1.00																			
8	0.64	0.64	0.50	0.57	0.64	0.71	0.64	1.00																		
9	0.86	0.86	0.71	0.79	0.86	0.93	0.71	0.79	1.00																	
10	0.79	0.79	0.79	0.86	0.79	0.86	0.79	0.71	0.79	1.00																
11	0.79	0.79	0.79	0.86	0.64	0.71	0.79	0.71	0.64	0.86	1.00															
12	0.71	0.71	0.71	0.79	0.71	0.79	0.86	0.79	0.71	0.93	0.93	1.00														
13	0.79	0.79	0.79	0.86	0.64	0.71	0.79	0.71	0.64	0.86	1.00	0.93	1.00													
14	0.71	0.71	0.71	0.79	0.71	0.79	0.86	0.79	0.71	0.93	0.93	1.00	0.93	1.00												
15	0.79	0.79	0.79	0.86	0.79	0.86	0.93	0.71	0.79	0.86	0.86	0.93	0.86	0.93	1.00											
16	0.64	0.64	0.50	0.57	0.50	0.57	0.79	0.71	0.64	0.57	0.57	0.64	0.57	0.64	0.71	1.00										
17	0.79	0.79	0.64	0.71	0.79	0.86	0.64	0.71	0.93	0.71	0.57	0.64	0.57	0.64	0.71	0.71	1.00									
18	0.79	0.79	0.64	0.71	0.79	0.86	0.64	0.71	0.93	0.71	0.57	0.64	0.57	0.64	0.71	0.71	1.00	1.00								
19	0.86	0.86	0.71	0.79	0.71	0.79	0.71	0.64	0.86	0.79	0.64	0.71	0.64	0.71	0.79	0.79	0.93	0.93	1.00							
20	0.71	0.71	0.57	0.64	0.71	0.79	0.57	0.79	0.86	0.79	0.64	0.71	0.64	0.71	0.64	0.64	0.93	0.93	0.86	1.00						
21	0.71	0.71	0.57	0.64	0.57	0.64	0.71	0.79	0.71	0.79	0.79	0.86	0.79	0.86	0.79	0.79	0.79	0.86	0.86	1.00						
22	0.64	0.64	0.50	0.57	0.50	0.57	0.79	0.71	0.64	0.71	0.71	0.79	0.71	0.79	0.71	0.86	0.71	0.71	0.79	0.93	1.00					
23	0.64	0.64	0.50	0.57	0.50	0.57	0.79	0.71	0.64	0.71	0.71	0.79	0.71	0.79	0.71	0.86	0.71	0.71	0.79	0.93	1.00	1.00				
24	0.71	0.71	0.71	0.64	0.71	0.64	0.71	0.79	0.71	0.79	0.79	0.86	0.79	0.86	0.79	0.64	0.64	0.64	0.71	0.86	0.79	0.79	1.00			
25	0.71	0.71	0.71	0.64	0.71	0.64	0.43	0.64	0.71	0.64	0.64	0.57	0.64	0.57	0.50	0.36	0.64	0.64	0.57	0.71	0.57	0.50	0.71	1.00		
26	0.71	0.71	0.71	0.64	0.71	0.64	0.43	0.64	0.71	0.64	0.64	0.57	0.64	0.57	0.50	0.36	0.64	0.64	0.57	0.71	0.57	0.50	0.71	1.00	1.00	
27	0.71	0.71	0.71	0.64	0.71	0.64	0.43	0.64	0.71	0.64	0.64	0.57	0.64	0.57	0.50	0.36	0.64	0.64	0.57	0.71	0.57	0.50	0.71	1.00	1.00	1.00



M. DL2000; 1~27 依次为 27 份甜瓜样品,同表 1

图 1 引物组合 me6-em29 对 27 份甜瓜的扩增结果

M. DL2000; 1~27. Melon samples, the order is same as in Table 1

Fig. 1 27 melon application results of primer combination me6-em29

表 4 不同耐盐类型甜瓜品种(系)遗传多样性数据

Table 4 Genic variation statistics of different salt tolerance types of melon

耐盐类型 Salt tolerance type	遗传多样性指数 Genetic diversity index			
	N_a	N_e	H	I
耐盐型 Salt tolerance	1.368 7	1.177 4	0.107 9	0.166 8
中等耐盐型 Medium salt tolerance	1.310 8	1.160 9	0.096 8	0.148 1
盐敏感型 Salt sensitivity	1.192 8	1.104 1	0.063 0	0.096 3
总体 Total	1.588 0	1.347 0	0.201 3	0.301 0

注: N_a . 观测等位基因数; N_e . 有效等位基因数; H . Nei's 基因多样性指数; I . Shannon's 信息指数
Note: N_a . Observed number of alleles; N_e . Effective number of alleles; H . Nei's gene diversity; I . Shannon's information index

瓜具有较高的遗传多样性,耐盐型和中等耐盐型甜瓜遗传多样性指数较为接近,且均高于盐敏感型甜瓜,表明耐盐型和中等耐盐型甜瓜种质的多态性高于盐敏感型甜瓜种质。

耐盐型和盐敏感型甜瓜种质的遗传一致度最低为 0.773 7,且这两种类型供试甜瓜的遗传距离最大为 0.256 5(表 5),表明耐盐型和盐敏感型甜瓜之间的亲缘关系最远;中等耐盐型和盐敏感型甜瓜种质遗传一致度最高为 0.839 6,且这两种类型供试甜瓜的遗传距离最小为 0.174 8(表 5),说明中等耐盐型和盐敏感型甜瓜的亲缘关系最近。

2.3 甜瓜耐盐种质资源的聚类分析

采用 UPGMA 方法进行聚类分析,以遗传系数 0.72 为界,可将 27 份供试甜瓜种质资源划分为 4 大类群(图 2),耐盐型甜瓜主要分布在 I、II、III 类群,

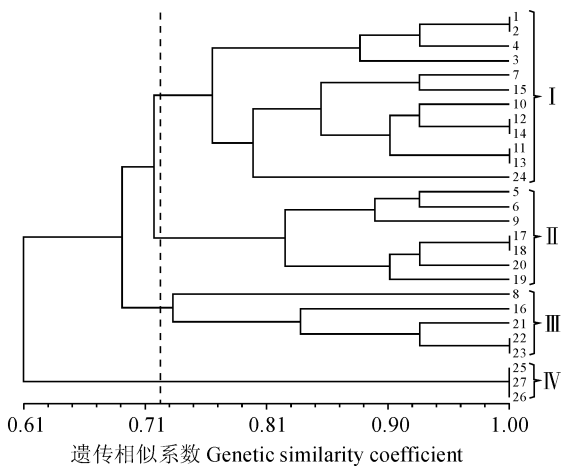
表 5 不同耐盐类型甜瓜品种(系)遗传一致度和遗传距离

Table 5 Genetic identity and genetic distance of different salt tolerance types of melon

耐盐类型 Salt tolerance type	耐盐型 Salt tolerance	中等耐盐型 Medium salt tolerance	盐敏感型 Salt sensitivity
耐盐型 Salt tolerance	* * * *	0.817 6	0.773 7
中等耐盐型 Medium salt tolerance	0.201 4	* * * *	0.839 6
盐敏感型 Salt sensitivity	0.256 5	0.174 8	* * * *

注: 对角线以上为不同类型间的遗传一致度; 对角线以下为不同类型间的遗传距离

Note: Above the diagonal is the genetic identity among the different types; Below the diagonal is the genetic distance of the different types



1~27 样品编号同表 1

图 2 27 个甜瓜种质聚类结果

Number of samples are the same as in Table 1

Fig. 2 Cluster results of 27 melon germplasm

盐敏感型均集中在第 I 类群,中等耐盐型甜瓜在 4 大类群中均有分布。第 I 类群包含 12 份种质,其中 6 份耐盐型、1 份中等耐盐型和 5 份盐敏感型;第 II 类群包含 7 份种质,其中 3 份耐盐型和 4 份中等耐盐型;第 III 类群共 5 份种质,其中包括 1 份耐盐型和 4 份中等耐盐型;第 IV 类群的 3 份均为中等耐盐种质。结果表明盐敏感型种质间的亲缘关系接近,耐盐型和中等耐盐型种质的遗传多样性高于盐敏感型种质,从总体来看供试的甜瓜种质资源遗传多样性较丰富。

Cophentic 相关性能够检验遗传相似性矩阵和 UPGMA 聚类分析结果的相关程度,评价相似性原始数据与聚类结果间的吻合度。利用 Cophentic 相关性检验甜瓜种质聚类结果,通过计算得出 Cophentic 矩阵相关系数值为 0.749,结果表明原始遗传相似性数据与 UPGMA 聚类分析结果之间的相关性较强,其聚类分析结果较准确。

3 讨论

SRAP 分子标记技术操作简单、成本低且扩增多态性高,是分析种质资源遗传多样性的有效工具。本研究第一次采用 SRAP 标记对 27 份不同耐盐程度的甜瓜进行扩增,筛选出的 24 对引物组合共扩增得到 415 个清晰的位点,其中 241 个多态位点,引物组合扩增多态性比率范围在 38%~77%,其平均值在 58%,这与前人陈芸等对甜瓜(58.63%)的研究结果较为接近^[19],高于前人对小白菜(32.9%)、平菇(30.1%)及西瓜(52.24%)的 SRAP 标记结果^[25-27],说明 SRAP 分子标记甜瓜的多态性较高,

能够有效地研究甜瓜种质资源的遗传多样性。

N_a 、 N_e 、 H 与 I 是评价物种群体间遗传多样性丰富程度的常用指标^[28],本试验结果显示供试甜瓜的观测等位基因数(N_a)为 1.588 0,有效等位基因数(N_e)为 1.347 0,Nei's 基因多样性指数(H)为 0.201 3,Shannon's 信息指数(I)为 0.301 0,计算所得的指数与前人的研究结果相似^[19,29],表明供试甜瓜具有较丰富的遗传多样性。其中,耐盐型甜瓜遗传多样性指数(N_a 、 N_e 、 H 与 I)高于中等耐盐型,但差别较小,这两种类型甜瓜指数均高于盐敏感型,说明耐盐型和中等耐盐型甜瓜种质的多态性比盐敏感型甜瓜种质丰富,耐盐型甜瓜种质的遗传背景最丰富,盐敏感型甜瓜的遗传背景较狭窄,这可能与盐敏感型甜瓜样本数量小有关,要想矩阵结果更准确,可增加样本数量^[30]。

本研究基于 SRAP 标记和 UPGMA 聚类分析,将 27 份不同类型供试甜瓜种质资源划分为 4 个类群,耐盐型甜瓜主要分布在前 3 个类群,中等耐盐型甜瓜在 4 大类群中均有分布,盐敏感型均集中在第 I 类群,从分类群体来看,耐盐型和中等耐盐型甜瓜分布较为分散,表明耐盐型和中等耐盐型种质的遗传多样性较高,盐敏感型种质的亲缘关系最近,遗传多样性较低,这跟前面的遗传多样性指数分析结果相一致。耐盐型和盐敏感型甜瓜种质的遗传一致度最低(0.773 7),且遗传距离最大(0.256 5),表明耐盐型和盐敏感型甜瓜之间的遗传差异大,亲缘关系远。中等耐盐型和盐敏感型甜瓜种质遗传一致度最高(0.839 6),且遗传距离最小(0.174 8),说明中等耐盐型和盐敏感型甜瓜的遗传差异小,亲缘关系近,SRAP 分子标记能够有效区分亲缘关系较近的种质,这与前人的研究结果一致^[17,31]。

优异的种质资源是进行杂交育种的基础,只有了解了种质资源的遗传关系,才能有效的加以利用^[32]。分子标记能快速、准确地评价和鉴定甜瓜种质资源遗传多样性及其亲缘关系,本研究利用 SRAP 分子标记发现耐盐型和中等耐盐甜瓜种质资源的遗传距离较大,这些种质材料可作为优良的特异育种资源进行亲本选配,提高耐盐品种选育效率。但是,本研究的 27 份甜瓜种质都是厚皮甜瓜类型,亲缘关系差异不是很显著,要得到特异的耐盐杂种优势品种,需要融入亲缘关系较远的新种质,扩增耐盐甜瓜种质资源的数量和种类,不断优化分子标记技术,为甜瓜新品种的创制提供更加丰富可靠的科学依据。

参考文献:

- [1] 王吉明, 尚建立, 李娜, 等. 我国西瓜甜瓜种质资源收集、保存与利用研究进展[J]. 中国瓜菜, 2018, **31**(2): 1-6.
WANG J M, SHANG J L, LI N, *et al.* Collection, preservation, and utilization of germplasm resources of watermelon and melon in China[J]. *Chinese Cucurbits and Vegetables*, 2018, **31**(2): 1-6.
- [2] MUNNS R, TESTER M. Mechanisms of salinity tolerance[J]. *Annu. Rev. Plant Biol.*, 2008, **59**: 651-681.
- [3] 张恒, 郑宝江, 宋保华, 等. 植物盐胁迫应答蛋白质组学分析[J]. 生态学报, 2011, **31**(22): 6 936-6 946.
ZHANG H, ZHENG B J, SONG B H, *et al.* Salt-responsive proteomics in plants[J]. *Acta Ecologica Sinica*, 2011, **31**(22): 6 936-6 946.
- [4] 王迎儿, 高旭, 王毓洪, 等. 南瓜耐盐种质的筛选鉴定及耐盐基因的标记[J]. 浙江农业学报, 2015, **27**(3): 372-379.
WANG Y E, GAO X, WANG Y H, *et al.* Screening of salt tolerance germplasms and tagging of the tolerance gene(s) using RAPD and SSR markers in pumpkin[J]. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*, 2015, **27**(3): 372-379.
- [5] ABEL G H, Mackenzie A J. Salt tolerance of soybean varieties during germination and later growth[J]. *Crop Sci.*, 1964, (4): 157-160.
- [6] 赵丽娜, 张芙蓉, 莫霏, 等. 甜瓜盐碱逆境生理响应及相关基因研究进展[J]. 上海农业学报, 2016, **32**(6): 176-180.
ZHAO L N, ZHANG F R, MONG F, *et al.* Research progress on physiological responses of melon under saline stress and their related genes[J]. *Acta Agriculture Shanghai*, 2016, **32**(6): 176-180.
- [7] SAJID H, ZHANG J H, ZHONG C, *et al.* Effects of salt stress on rice growth, development characteristics, and the regulating ways: A review[J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2017, **16**(11): 2 357-2 374.
- [8] REDDY I N B L, KIM B K, YOON I S, *et al.* Salt tolerance in rice: Focus on mechanisms and approaches[J]. *Rice Science*, 2017, **24**(3): 123-144.
- [9] 田艺心, 高凤菊, 曹鹏鹏, 等. 大豆耐盐基因研究进展[J]. 大豆科学, 2018, **37**(4): 629-636.
TIAN Y X, GAO F J, CAO P P, *et al.* Recent developments of salt tolerance gene in soybean[J]. *Soybean Science*, 2018, **37**(4): 629-636.
- [10] 郝德荣, 程玉静, 徐辰武, 等. 玉米耐盐种质筛选及群体遗传结构分析[J]. 植物遗传资源学报, 2013, **14**(6): 1 153-1 160.
HAO D R, CHENG Y J, XU C W, *et al.* Screening of maize germplasms for salt-tolerance and evaluation of population genetic structure[J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2013, **14**(6): 1 153-1 160.
- [11] 刘雅辉, 王秀萍, 鲁雪林, 等. 棉花耐盐相关序列扩增多态性(SRAP)分子标记筛选[J]. 江苏农业学报, 2015, **31**(3): 484-488.
LIU Y H, WANG X P, LU X L, *et al.* Selection of sequence-related amplified polymorphism molecular marker associated with salt tolerance of cotton[J]. *Jiangsu J. of Agr. Sci.*, 2015, **31**(3): 484-488.
- [12] BEHROOZ S, SAHEBALI B, NASSER G, *et al.* Genotypic differences in physiological and biochemical responses to salinity stress in melon (*Cucumis melo* L.) plants: prospects for selection of salt tolerant landraces[J]. *Plant Physiology and Biochemistry*, 2017, **119** (2017): 294-311.
- [13] 王澍, 朱春燕, 俞晨玺, 等. NaCl 对不同甜瓜品种植株中 K⁺ 和 Na⁺ 含量的影响[J]. 上海交通大学学报, 2011, **29** (3): 41-46.
WANG S, ZHU C Y, YU C X, *et al.* K⁺ and Na⁺ contents in plants of muskmelon varieties under NaCl stress[J]. *Journal of Shanghai Jiaotong University*, 2011, **29**(3): 41-46.
- [14] 赵卫星, 常高正, 高宁宁, 等. 甜瓜种质资源芽苗期和幼苗期耐 NO₃⁻ 性评价及鉴定指标筛选[J]. 河南农业科学, 2018, **47**(1): 84-89.
ZHAO W X, CHANG G Z, GAO N N, *et al.* Evaluation and selection of identification Indices for NO₃⁻ tolerance at sprout and seedling stages of melon germplasms[J]. *Journal of Henan Agricultural Sciences*, 2018, **47**(1): 84-89.
- [15] 陈嘉贝, 张芙蓉, 黄丹枫, 等. 盐胁迫下两个甜瓜品种转录因子的转录组分析[J]. 植物生理学报, 2014, **50** (2): 150-158.
CHEN J B, ZHANG F R, HUANG D F, *et al.* Transcriptome analysis of transcription factors in two melon (*Cucumis melo* L.) cultivars under salt stress[J]. *Plant Physiology Journal*, 2014, **50** (2): 150-158.
- [16] 刘东明, 杨丽梅, 方智远, 等. 甘蓝类蔬菜作物分子育种研究进展[J]. 中国农业科技导报, 2015, **17**(1): 15-22.
LIU D M, YANG L M, FANG Z Y, *et al.* Progress of brassica crops molecular breeding[J]. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 2015, **17**(1): 15-22.
- [17] SOLMAZ I, KACAR A Y, SARI N, *et al.* Genetic diversity within Turkish watermelon (*Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsumura & Nakai) accessions revealed by SSR and SRAP markers[J]. *Turk. J. Agric. For.*, 2016, **40**: 407-419.
- [18] 杨永, 王豪杰, 张学军, 等. 新疆甜瓜地方种质资源遗传多样性的 SRAP 分析[J]. 植物遗传资源学报, 2017, **18**(3): 436-448.
YANG Y, WANG H J, ZHANG X J, *et al.* Genetic diversity analysis of melon landraces (*Cucumis melo*) in Xinjiang based on SRAP markers[J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2017, **18**(3): 436-448.
- [19] 陈芸, 李冠, 王贤磊. 甜瓜种质资源遗传多样性的 SRAP 分析[J]. 遗传, 2010, **32**(7): 744-751.
CHEN Y, LI G, WANG X L. Genetic diversity of a germplasm collection of *Cucumis melo* L. using SRAP markers[J]. *Hereditas*, 2010, **32**(7): 744-751.
- [20] 刘雅辉, 王秀萍, 鲁雪林, 等. 棉花耐盐相关序列扩增多态性(SRAP)分子标记筛选[J]. 江苏农业学报, 2015, **31**(3): 484-488.

- LIU Y H, WANG X P, LU X L, *et al.* Selection of sequence-related amplified polymorphism molecular marker associated with salt tolerance of cotton[J]. *Jiangsu Journal of Agriculture Science*, 2015, **31**(3): 484-488.
- [21] 张 羽, 张晓娟, 陈 进, 等. 43 份油菜菌核病抗性资源 SCoT, SSR 与 SRAP 标记分析[J]. 西北农林科技大学学报, 2017, **45**(1): 45-52.
- ZHANG Y, ZHANG X J, CHEN J, *et al.* Germplasm analysis of 43 *Sclerotinia sclerotiorum* resistant *Brassica napus* by SCoT, SSR and SRAP markers[J]. *Journal of Northwest A and F University*, 2017, **45**(1): 45-52.
- [22] 张全芳, 张萃嘉, 梁水美, 等. 适用于多重荧光 SSR 检测的玉米基因组 DNA 提取方法[J]. 玉米科学, 2016, **24**(2): 29-34.
- ZHANG Q F, ZHANG L J, LIANG S M, *et al.* Apply to multiple fluorescent SSR detection of maize genome DNA extraction method[J]. *Journal of Maize Sciences*, 2016, **24**(2): 29-34.
- [23] 黄春琼, 刘国道, 白昌军. SRAP 标记在落花生属种质资源遗传多样性上的利用[J]. 基因组学与应用生物学, 2015, **34**(3): 622-627.
- HUANG C Q, LIU G D, BAI C J. Application of SRAP markers in the genetic diversity of *Arachis* Linn. germplasm resources[J]. *Genomics and Applied Biology*, 2015, **34**(3): 622-627.
- [24] 梁宝萍, 原玉香, 朴凤植, 等. 大白菜非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳技术的优化[J]. 河南农业科学, 2012, **41**(5): 129-132.
- LIANG B P, YUAN Y X, PIAO F Z, *et al.* The optimization of technique of native polyacrylamide gel electrophoresis (Native-PAGE) [J]. *Journal of Henan Agricultural Sciences*, 2012, **41**(5): 129-132.
- [25] 李桂花, 陈汉才, 张 艳, 等. 小白菜种质遗传多样性与亲缘关系的 SRAP 和 SSR 分析[J]. 广东农业科学, 2017, **44**(5): 37-45.
- LI G H, CHEN H C, ZHANG Y, *et al.* Genetic diversity and phylogenetic relationships analysis of Chinese cabbage germplasm resources by SRAP and SSR[J]. *Guangdong Agricultural Sciences*, 2017, **44**(5): 37-45.
- [26] 常 艳, 金 青, 凌 磊, 等. 16 种平菇遗传关系的 SRAP 分析[J]. 安徽农业大学学报, 2017, **44**(5): 834-838.
- CHANG Y, JIN Q, LING L, *et al.* Phylogenetic relationship analysis of 16 *Pleurotus ostreatus* species by SRAP markers[J]. *Journal of Anhui Agricultural University*, 2017, **44**(5): 834-838.
- [27] WANG P, LI Q, HU J, SU Y. Comparative analysis of genetic diversity among Chinese watermelon germplasms using SSR and SRAP markers, and implications for future genetic improvement [J]. *Turk. J. Agric. For.*, 2015, **39**: 322-331.
- [28] NEI M. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals[J]. *Genetics*, 1978, **89**(3): 583-590.
- [29] LUAN F, DELANNAY I, STAUB J E. Chinese melon (*Cucumis melo* L.) diversity analyses provide strategies for germplasm curation, genetic improvement, and evidentiary support of domestication patterns[J]. *Euphytica*, 2008, **164**: 445-461.
- [30] 赵 娜, 周 晶, 杨文才, 等. 厚皮甜瓜遗传多样性的 SSR 分析[J]. 中国瓜菜, 2009, **5**(2): 5-10.
- ZHAO N, ZHOU J, YANG W C, *et al.* Genetic diversity analysis of thick skin melon (*Cucumis melo* L.) germplasm by using SSR markers[J]. *Chinese Cucurbits and Vegetables*, 2009, **5**(2): 5-10.
- [31] 陈 芸, 王继莲, 丁晓丽, 等. 新疆石榴种质资源遗传多样性的 SRAP 分析[J]. 西北植物学报, 2016, **36**(5): 916-922.
- CHEN Y, WANG J L, DING X L, *et al.* Genetic diversity of germplasm collection of pomegranate in Xinjiang using SRAP markers [J]. *Acta Bot. Boreal.-Occident. Sin.*, 2016, **36**(5): 916-922.
- [32] 马 丽, 侯乐峰, 郝兆祥, 等. 82 个石榴品种遗传多样性的 ISSR 分析[J]. 果树学报, 2015, **32**(5): 741-750.
- MA L, HOU L F, HAO Z X, *et al.* Genetic diversity analysis of 82 pomegranate (*Punica granatum* L.) cultivars by ISSR markers[J]. *Journal of Fruit Science*, 2015, **32**(5): 741-750.

(编辑:宋亚珍)