

# 新疆甜瓜地方种质资源遗传多样性的 SRAP 分析

杨 永, 王豪杰, 张学军, 李霖华, 伊鸿平, 张永兵

(新疆农业科学院哈密瓜研究中心, 乌鲁木齐 830091)

**摘要:** 为研究我国新疆甜瓜地方种质资源亲缘关系及其分类, 充分高效的利用种质资源, 利用 SRAP (sequence-related amplified polymorphism technique) 标记对 117 份中国新疆甜瓜地方品种和 28 份国内外对照材料进行亲缘关系和遗传多样性分析。结果表明, 20 对 SRAP 引物共扩增出 224 个带, 其中多态性谱带 216 个, 多态性比率达 96%, 平均每对引物扩增的带数和多态性带数分别为 11.2 个和 10.8 个, 每对引物的多态性信息含量  $PIC$  值为 0.73 ~ 0.94, 平均为 0.85; 不同生态区域供试材料的 Nei's 基因多样性指数 ( $H$ ) 和 Shannon's 信息指数 ( $I$ ) 分别为 0.1075 ~ 0.2560 和 0.1569 ~ 0.4061, 中国新疆的南疆、东疆和北疆均高于其他生态区域供试材料, 且以南疆最高, 具有非常丰富的遗传多样性; 不同生态区域甜瓜种质资源的遗传一致度和遗传距离分别为 0.6384 ~ 0.9919 和 0.0081 ~ 0.4488, 其中南疆、东疆和北疆两两之间的遗传一致度均在 0.95 以上, 遗传距离均在 0.04 以下, 三者之间遗传分化较小; 中国新疆甜瓜与印度、西亚、西班牙的甜瓜种质资源亲缘关系较近, 与韩国、日本、美国和前苏联的甜瓜种质资源亲缘关系较远。聚类分析结果表明, 以遗传相似系数 0.548 为阈值, 145 份种质材料可分为 3 大类群; 厚皮甜瓜与薄皮甜瓜间在分子水平上没有严格的界限, 两者之间亲缘关系的远近在不同的种质材料间差异很大; 117 份中国新疆甜瓜地方种质资源可分为 A (I-1)、B (I-2、I-3、I-5)、C (I-6)、D (II) 等 4 大类 6 个亚类群, 与传统 4 个变种 10 个品种群分类结果不同, 但在每个大类或亚类群中属于同一变种或品种群的材料倾向于聚在一起。

**关键词:** 甜瓜; 新疆地方品种; SRAP 标记; 遗传多样性

## Genetic Diversity Analysis of Melon Landraces (*Cucumis melo*) in Xinjiang Based on SRAP Markers

YANG Yong, WANG Hao-jie, ZHANG Xue-jun, LI Mei-hua, YI Hong-ping, ZHANG Yong-Bing

(Hami Melon Research Center, Xinjiang Academy of Agricultural Sciences, Urumqi 830091)

**Abstract:** The phylogenetic relationship and genetic diversity among 145 melon accessions, including 117 China's Xinjiang landraces and 28 exotic melon germplasms collected from abroad and eastern China, were analyzed based on sequence-related amplified polymorphism technique (SRAP). Two-hundred and twenty-four bands were identified by 20 pairs of SRAP primers in total. Among them, 216 bands were polymorphic with the polymorphic rate 96%. And 11.2 bands and 10.8 polymorphic bands were amplified by each pair of primer on average. The polymorphism information content ( $PIC$ ) with each pairs of primer was between 0.73 and 0.94, and the average was 0.85. The genetic diversity index ( $H$ ) and Shannon's information index ( $I$ ) of accessions in different ecological regions ranged from 0.1075 to 0.2560 and from 0.1569 to 0.4061, respectively. Whether  $H$  and  $I$  of southern Xinjiang, eastern Xinjiang or northern Xinjiang, which were higher than other ecological regions, in which the southern Xinjiang was highest. These results suggested that there was rich genetic diversity among the melon landraces collected

收稿日期: 2016-10-10 修回日期: 2016-11-12 网络出版日期: 2017-04-21

URL: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20170421.0921.004.html>

**基金项目:** 国家自然科学基金项目 (31260480); “十二五”农村领域国家科技计划子课题或研究任务 (2012BAD02B03-4); 国家西甜瓜产业技术体系 (CARS-26-04)

第一作者研究方向为甜瓜遗传育种。E-mail: yangyongsj062@163.com

通信作者: 张永兵, 研究方向为甜瓜遗传育种。E-mail: luoybzhzhang@163.com

from various parts of Xinjiang. The values of genetic identity and genetic distance between any two distinct ecological regions were 0.6384-0.9919 and 0.0081-0.4488, respectively. The values of genetic identity were above 0.95 among northern Xinjiang, southern Xinjiang and eastern Xinjiang, and in which the values of genetic distance were below 0.04, the genetic differentiation in three ecological regions was low. The relationship of melon accessions was from Xinjiang of China, Western Asia, India and Spain were near with each other while it had a distant relationship for Xinjiang with Korea, Japan, the United States and the former Soviet republics. Three groups were clustered for 145 melon accessions according to genetic similarity coefficient of 0.548. There was no distinct boundary between thick-skinned melon and thin-skinned melon. The genetic relationship of thick-skinned melon and thin-skinned melon was quite different with different germplasm materials. 117 China's Xinjiang landraces can be divided into four categories and six subgroups, as A( I-1), B( I-2, I-3, I-5), C( I-6) and D( II), which was different from the clustering result based on SRAP markers and the classification result according to the characters of melon mature period, the fruit shape and fruit surface. But the melon accessions which belonged to the same variety or cultivar group were tending to in the same cluster based on SRAP markers.

**Key words:** melon; Xinjiang landraces; SRAP markers; genetic diversity

甜瓜 (*Cucumis melo* L.  $2n = 2x = 24$ ) 在新疆具有悠久的栽培历史<sup>[1]</sup>, 是新疆重要的特色经济作物。甜瓜的遗传变异非常丰富, 国内外众多学者对其分类进行了研究<sup>[1-4]</sup>。M. Pitrat 等<sup>[3]</sup>对前人有关甜瓜分类的研究进行了梳理, 认为甜瓜分类存在两种趋势, 一种以 Robinson 和 Decker-Walters 为代表, 将栽培甜瓜仅分为 6 个变种或类群, 即 *cantalupensis*、*inodorus*、*flexuosus*、*conomon*、*chito* 和 *mormordica*; 而另一趋势如 Pyzhenkov 和 Malinina 的建议, 将甜瓜细分为很多个品种群。而甜瓜在中国通常根据果皮厚度分为薄皮甜瓜和厚皮甜瓜, 薄皮甜瓜主要分布于中国东部省区, 而厚皮甜瓜主要在新疆栽培种植<sup>[5]</sup>。

近年来, 对甜瓜资源的遗传多样性的研究日益受到重视, 与甜瓜起源或次生起源中心相关的国家或地区均对各自拥有的甜瓜地方种质资源的遗传多样性进行了探索<sup>[5-10]</sup>。

新疆被认为是厚皮甜瓜的次级起源中心之一<sup>[11]</sup>, 具有非常丰富的甜瓜种质资源, 是新疆甜瓜遗传改良的重要基因库<sup>[12]</sup>, 其形态特征尤其是果实性状的遗传差异较为明显, 是新疆甜瓜种质资源传统分类的重要依据<sup>[13]</sup>。20 世纪 80 年代, 科研工作者对新疆地方品种的全面调查及基于甜瓜熟性、果实形状、果面特征等将新疆厚皮甜瓜分为 4 个栽培变种, 部分变种又进一步分为若干品种群<sup>[4]</sup>, 对于认识新疆地方种质资源的遗传多样性及亲缘关系具有非常重要的意义, 但由于仅是依据部分形态学和生理学性状, 至于各品种间的遗传多样性及遗传关系依然还不清楚<sup>[5]</sup>。

张永兵等<sup>[14]</sup>采集了 121 份新疆甜瓜地方品种的 32 个形态性状, 较为系统的对新疆甜瓜地方品种遗传多样性及亲缘关系进行了分析。但基于形态学标记研究种质资源的遗传多样性, 易受环境影响<sup>[15]</sup>、近缘种难以区分<sup>[6]</sup>、观测标准难以界定、工作量大, 因而在作物遗传多样性的研究方面受到一定的限制。随着分子生物学技术的发展, 更多的研究者倾向于利用分子标记在分子水平认识种质资源的遗传多样性及亲缘关系。近年来, RAPD 标记、SSR 标记、AFLP 标记及 SRAP 标记等均已应用于甜瓜遗传多样性方面的研究<sup>[5-6, 8, 16-18]</sup>, 但前人采用分子标记的研究中供试的新疆地方品种材料数量较少, 系统性和代表性不足, 不利于新疆特色甜瓜种质资源的挖掘和利用。因此如何在传统分类的基础上, 从分子水平上客观系统的评价新疆地方品种的遗传多样性及亲缘关系有待进一步研究。

SRAP 标记是一种基于 PCR 的分子标记技术, 该技术因其独特的引物设计, 对 ORFs (开放阅读框) 区域进行扩增, 具备 RFLP、RAPD、SSR、AFLP 等分子标记优点, 且克服了它们的缺点<sup>[19]</sup>, 已广泛应用于植物遗传多样性方面的研究。在本研究中, 收集了分布于新疆各地的农家品种、常规品种和野生甜瓜共 117 份, 同时收集了来自不同国家或地区的对照材料 28 份, 应用 SRAP 标记对不同生态区域的 145 份甜瓜种质资源的遗传多样性、亲缘关系进行分析, 为新疆甜瓜种质资源的引进、利用及进一步遗传改良提供科学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试材料

试验于 2014-2015 年在新疆农业科学院哈密瓜研究中心吐鲁番育种基地和分子育种实验室进行。供试的 145 份种质资源(表 1)包括 117 份中国新疆甜瓜地方种质资源,23 份收集自西亚、印度、非洲、西班牙、美国、前苏联、东亚等国家或地区的种质材料,5 份中国薄皮甜瓜。本研究中,新疆甜瓜地方种质资源包含来自新疆南疆、东疆和北疆 3 个生态区域的 110 份农家种、5 份常规品种和 2 份野生甜瓜,包含了传统分类的 3 个亚种 4 个变种 10 个品种群。所有供试材料种子均由新疆农业科学院哈密瓜研究中心提供。

### 1.2 基因组 DNA 提取及检测

采集每个种质材料 3~5 个单株生长顶端的 1 片幼嫩叶片,混合在一起,液氮速冻研磨后,利用植物基因组 DNA 提取试剂盒(购自天根生化科技北京有限公司),按照其说明书提取供试材料基因组 DNA。取每份材料基因组 DNA 溶液 2  $\mu\text{L}$ ,利用 Q3000 超微量紫外分光光度计检测各样品基因组 DNA 浓度及纯度,统一稀释成 20  $\text{ng}/\mu\text{L}$ , $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$  保存备用。

### 1.3 基因组 DNA 的 SRAP-PCR 扩增及电泳

正向引物 me- 包含 17 个碱基,14 个核心碱基序列加 3 个选择性碱基;反向引物 em- 包含 18 个碱基,15 个核心碱基序列加 3 个选择性碱基,参考桂琴等<sup>[20]</sup>整理的前人所使用的 SRAP 引物,引物序列详见表 2(由上海生工合成)。利用品种其里甘(编号 3)、伯克扎尔德(编号 18)、花皮金棒子(编号 27)、卡拉克赛(编号 92)和黑眉毛密极甘(编号 106)5 份地方品种的 DNA 筛选多态性引物。PCR 扩增体系为:2  $\times$  PCR Master(购自上海生工) 10  $\mu\text{L}$ ,正反向引物各 0.75  $\mu\text{L}$ , $\text{ddH}_2\text{O}$  7.5  $\mu\text{L}$ ,DNA 模板 1  $\mu\text{L}$ 。PCR 反应程序为:94  $^{\circ}\text{C}$  预变性 5 min;94  $^{\circ}\text{C}$  变性 1 min,55  $^{\circ}\text{C}$  退火 30 s,72  $^{\circ}\text{C}$  延伸 1 min,30 个循环;72  $^{\circ}\text{C}$  延伸 10 min;4  $^{\circ}\text{C}$  保存。

利用 6% 的非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳,上样量 1.0~1.5  $\mu\text{L}$ ,电泳缓冲液为 1  $\times$  TBE,120 v 恒压电泳 3 h。电泳结束后,采用银染法进行检测,并拍照记录。

### 1.4 数据统计及聚类分析

将电泳图谱照片在 Alpha Innotech Chemilum 5500 CCD 成像仪上转换成.tif 格式后,利用 Quantity one 软件将 100~800 bp 范围内清晰可见的条带进行标记,经过 match 比对后,输出由 0 和 1 构成的原始矩阵。在相同迁移率的位置有条带为“1”,无条带为“0”。采用多态性信息含量  $PIC$  (polymorphism information content) 表征新疆甜瓜种质资源的遗传多样性,计算公式为  $PIC = 1 - \sum P_i^2$ ,其中  $P_i$  为某个标记第  $i$  种带型出现的频率。采用分析软件 NTSYSpc2.10 计算遗传相似系数,按照不加权成对群算数平均法(UPGMA,unweighted pair group method with arithmetic means)进行聚类分析,绘制树状聚类图并对聚类结果进行 cophenetic correlation 分析。利用 Popgen1.32 软件获得不同生态区域甜瓜种质遗传多样性的指标,包括观测等位基因数( $N_a$ )、有效等位基因数( $N_e$ )、Nei's 基因多样性指数( $H$ )、Shannon's 信息指数( $I$ );及反映不同生态区域甜瓜种质遗传结构的指标,包括遗传一致度( $GI$ )、Nei's 标准遗传距离( $GD$ )、基因流( $Nm$ )及遗传分化系数( $Gst$ )。

## 2 结果与分析

### 2.1 多态性引物的筛选及 SRAP 扩增结果的多态性

选取中国新疆的尉犁、鄯善、吐鲁番、伽师等地的 5 份材料,从 112 对 SRAP 引物中共筛选出扩增稳定、多态性高的引物 20 对。利用 20 对筛选出的多态性引物对 145 份供试材料进行 SRAP 扩增,选取大小在 100~800bp 间清晰可辨的条带进行统计(表 3),共获取 224 个条带,多态性条带共为 216 个,多态性条带比率为 96%。平均每对引物扩增出 11.2 个条带,每对引物的扩增条带多态性比率为 75%~100%,其中有 14 对引物所扩条带多态性比率为 100%。每对引物的多态性信息含量  $PIC$  值为 0.73~0.94,均值为 0.85,表明所有引物均为高多态性信息引物,供试材料具有较为丰富的遗传多样性(代表性图谱见图 1)。

### 2.2 不同生态区供试材料的遗传多样性

将 145 份供试材料按照其地理来源,划分到中国新疆的北疆、南疆、东疆,中国薄皮甜瓜产区,东亚、西亚、印度、西班牙、非洲、美国和前苏联等 11 个生态区域,应用 Popgen1.32 软件计算各生态区域甜瓜的遗传多样性指数(表 4)。

表 1 供试材料及其来源

Table 1 Materials and its origin in the study

编号 Code	品种名称 Accession	市场 类型 Market type	<sup>a</sup> 品种 特性 Characteristic	<sup>b</sup> 生态 区域 Ecological area
1	卡拉其里甘	厚皮	LR	1
2	红肉热瓜旦	厚皮	LR	1
3	其里甘	厚皮	LR	1
4	吐鲁番瓜旦子	厚皮	LR	2
5	恰二其里甘	厚皮	LR	2
6	黄旦子	厚皮	LR	前苏联
7	塔什可洪	厚皮	LR	2
8	纳西甘	厚皮	LR	1
9	努拉伊(绿肉)	厚皮	LR	1
10	努拉伊(红肉)	厚皮	LR	1
11	离瓜	厚皮	LR	1
12	巴登	厚皮	LR	2
13	白巴登	厚皮	LR	2
14	哈曼齐(白肉)	厚皮	LR	1
15	奎克苏依曼	厚皮	LR	1
16	阿克苏伊曼	厚皮	LR	1
17	艾兹	厚皮	LR	1
18	伯克扎尔德	厚皮	LR	2
19	米未子都肉克	厚皮	LR	1
20	白皮可口(1)	厚皮	LR	2
21	白皮脆	厚皮	LR	3
22	连木沁白瓜	厚皮	LR	2
23	阿克苏甜瓜	厚皮	LR	1
24	洋海白瓜	厚皮	LR	2
25	八一香梨	厚皮	LR	3
26	绿棒子(红肉)	厚皮	LR	2
27	花皮金棒子	厚皮	LR	2
28	金棒子	厚皮	LR	1
29	阿合甫提	厚皮	LR	1
30	奎克脱拉	厚皮	LR	1
31	赛热克脱拉(绿肉)	厚皮	LR	1
32	赛热克脱拉(白肉)	厚皮	LR	1
33	卡拉可口奇	厚皮	LR	1
34	青皮可口奇	厚皮	LR	1
35	粗皮可口奇	厚皮	LR	1
36	孢子可口奇	厚皮	LR	1
37	麻皮瓜(1)	厚皮	LR	1
38	麻皮瓜(2)	厚皮	LR	1
39	麻皮瓜(3)	厚皮	LR	1
40	酥心黄	厚皮	LR	2
41	老铁皮	厚皮	LR	1
42	黄皮脆	厚皮	LR	1
43	一包糖	厚皮	LR	2
44	伊里拉	厚皮	LR	1
45	赛热克麦盖	厚皮	LR	1
46	炮弹瓜	厚皮	LR	2
47	且未加格达	厚皮	LR	1
48	阿克吐木休克	厚皮	LR	1
49	阿克瓦他拉克	厚皮	LR	1
50	赛热克吐木休克	厚皮	LR	1
51	科日夏帕阿克其	厚皮	LR	1
52	柳拉尔	厚皮	LR	1
53	卡拉可洪	厚皮	LR	1
54	苏克阿克那瓦提	厚皮	LR	1
55	集孜阿克那瓦提	厚皮	LR	1
56	阿克恰潘	厚皮	LR	1
57	红肉阿克拉克瓦提	厚皮	LR	1
58	米子瓜	厚皮	LR	2
59	红心脆	厚皮	LR	1
60	奎克集孜	厚皮	LR	1
61	赛力克集孜	厚皮	LR	1
62	俄罗斯可洪	厚皮	LR	3
63	卡尔孕西(1)	厚皮	LR	1
64	卡尔孕西(2)	厚皮	LR	1
65	卡尔孕西(3)	厚皮	LR	1
66	奎把子密极甘	厚皮	LR	2
67	亚孜勒克卡其勒克	厚皮	LR	1
68	恰尔可洪(绿肉)	厚皮	LR	1
69	恰尔可洪(红肉)	厚皮	LR	1
70	温宿卡尔孕西	厚皮	LR	1
71	且介可洪	厚皮	LR	1
73	伯些克辛	厚皮	LR	1

表 1 (续)

编号 Code	品种名称 Accession	市场 类型 Market type	<sup>a</sup> 品种 特性 Characteristic	<sup>b</sup> 生态 区域 Ecological area	编号 Code	品种名称 Accession	市场 类型 Market type	<sup>a</sup> 品种 特性 Characteristic	<sup>b</sup> 生态 区域 Ecological area
74	白兰瓜	厚皮	LR	美国	110	乌热可洪	厚皮	LR	1
75	皮山奎瑞克	厚皮	LR	1	111	吾乃尔	厚皮	LR	3
76	21 夏甜瓜	厚皮	LR	1	112	恰尔密极甘	厚皮	LR	2
77	阿克日下克	厚皮	LR	1	113	皇后	厚皮	CV	2
78	赛力克卡什卡拉拉克	厚皮	LR	1	114	芙蓉	厚皮	CV	2
79	花巴登	厚皮	LR	2	115	郁金	厚皮	CV	3
80	小青皮(1)	厚皮	LR	2	116	含笑	厚皮	CV	2
81	小青皮(2)	厚皮	LR	1	117	黄密脆	厚皮	CV	3
82	奎克拜尔	厚皮	LR	1	118	哈密野瓜	厚皮	LR	2
83	赛力拜尔	厚皮	LR	1	119	吐鲁番野瓜	厚皮	LR	2
84	阿合其晚熟	厚皮	LR	1	120	齐甜香	薄皮	N	N
85	赛力克可口其(白肉)	厚皮	LR	1	121	一窝猴	薄皮	N	N
86	赛力克可口其(红肉)	厚皮	LR	1	122	八里香	薄皮	N	N
87	库达可口其	厚皮	LR	3	123	十棱黄金	薄皮	N	N
88	木吉可口其	厚皮	LR	1	124	PI 164723	厚皮	N	印度
89	克孜可口其	厚皮	LR	2	125	PI 212895	厚皮	N	印度
90	青麻皮	厚皮	LR	2	126	PI 140814	厚皮	N	伊朗
91	冬可口其	厚皮	LR	1	127	PI 143240	厚皮	N	伊朗
92	卡拉克赛	厚皮	LR	2	128	PI 385965	厚皮	N	肯尼亚
93	哈密加格达(红肉)	厚皮	LR	2	129	PI 140816	厚皮	N	伊朗
94	哈密加格达(绿肉)	厚皮	LR	2	130	PI 126082	厚皮	N	阿富汗
95	米未穆	厚皮	LR	2	131	PI 401650	厚皮	N	西班牙
96	秋黄皮白肉可口奇	厚皮	LR	2	132	PI 164976	厚皮	N	土耳其
97	于田冬瓜	厚皮	LR	1	133	PI 169345	厚皮	N	土耳其
98	塔城冬甜瓜	厚皮	LR	3	134	PI 124105	厚皮	N	印度
99	奎克维尔	厚皮	LR	1	135	PI 126071	厚皮	N	阿富汗
100	阿拉格尔	厚皮	LR	1	136	PI 435288	厚皮	N	伊拉克
101	青皮白肉冬瓜	厚皮	LR	2	137	PI 401653	厚皮	N	西班牙
102	细纹红肉	厚皮	LR	1	138	婆杀	薄皮	N	日本
103	奎孜力克集孜	厚皮	LR	1	139	PI 161375	薄皮	N	韩国
104	赛热克西力克可洪	厚皮	LR	3	140	PI 143215	厚皮	N	伊朗
105	赛红	厚皮	LR	1	141	PI 124449	厚皮	N	印度
106	黑眉毛密极甘	厚皮	LR	2	142	PI 482421	厚皮	N	津巴布韦
107	黄花皮白肉密极甘	厚皮	LR	2	143	PI 164797	厚皮	N	印度
108	恰尔可口奇	厚皮	LR	1	144	PI 164975	厚皮	N	土耳其
109	皮极甘	厚皮	LR	1	145	红瓢酥	薄皮	N	N

<sup>a</sup> 品种特性: LR 表示中国新疆农家品种, CV 表示常规品种, N 表示不确定; <sup>b</sup> 生态区域: 数字 1, 2, 3 分别代表中国新疆的南疆、东疆和北疆 3 个生态区域, N 表示不确定

<sup>a</sup> Characteristic: LR means the melon landraces in Xinjiang, CV means the conventional variety, and N means not clearly; <sup>b</sup> Ecological area: The No. 1, No. 2 and No. 3 means the ecological area of the southern Xinjiang, the eastern Xinjiang and the northern Xinjiang in China, respectively, and N means not clearly



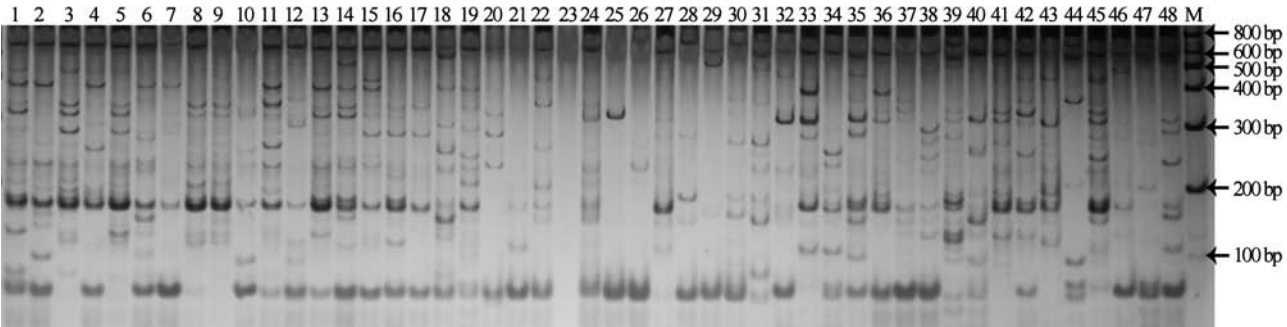
表 2 SRAP 标记的引物序列  
Table 2 The primer sequences of SRAP marker

引物 F Primer F	序列 Sequence	结合位点 (染色体) Binding site( chromosome)	引物 R Primer R	序列 Sequence	结合位点 (染色体) Binding site( chromosome)
me2	TGAGTCCAAACCGGAAT	ch3 ; ch5 ; ch6 ; ch10 ; ch11 ; ch12	em1	GACTCGGTACGCAATTAAA	chl ; ch3 ; ch4 ; ch5 ; ch6 ; ch7 ; ch8 ; ch9 ; ch10 ; ch11 ; ch12
me6	TGAGTCCAAACCGGACA	ch8	em2	GACTCGGTACGCAATTAAAT	chl ; ch3 ; ch4 ; ch6 ; ch8 ; ch9 ; ch10 ; ch11 ; ch12
me9	TGAGTCCAAACCGGACG	ch9	em5	GACTCGGTACGCAATTAGC	ch6 ; ch7 ; ch10 ; ch11
me10	TGAGTCCAAACCGGATT	ch3 ; ch5 ; ch6 ; ch8 ; ch9 ; ch12	em6	GACTCGGTACGCAATTATT	ch3 ; ch6 ; ch7 ; ch8 ; ch9 ; ch10 ; ch11 ; ch12
me13	TGAGTCCAAACCGGTAG	ch3 ; ch9	em8	GACTCGGTACGCAATTTCG	ch3 ; ch5 ; ch6 ; ch8 ; ch9
me14	TGAGTCCAAACCGGTTG	chl ; ch3 ; ch6 ; ch8 ; ch9 ; ch10 ; ch11 ; ch12	em9	GACTCGGTACGCAATTACA	ch3 ; ch5 ; ch6 ; ch8 ; ch9 ; ch10 ; ch11 ; ch12
me19	TGAGTCCAAACCGGCTA	chl ; ch3 ; ch4 ; ch5 ; ch9 ; ch12	em10	GACTCGGTACGCAATTTCG	ch2 ; ch6 ; ch10 ; ch11 ; ch12
me20	TGAGTCCAAACCGGGAC	ch5	em11	GACTCGGTACGCAATTACG	ch3 ; ch6 ; ch9 ; ch10 ; ch11 ; ch12
me21	TGAGTCCAAACCGGTAA	chl ; ch5 ; ch6 ; ch12			
me22	TGAGTCCAAACCGGGCT	ch5 ; ch7 ; ch9			
me24	TGAGTCCAAACCGGTCC	ch7 ; ch8 ; ch9 ; ch12			
me45	TGAGTCCAAACCGGCCA	chl ; ch2 ; ch3 ; ch4 ; ch6 ; ch7 ; ch8 ; ch9 ; ch10 ; ch11 ; ch12			
me46	TGAGTCCAAACCGGCCT	chl ; ch3 ; ch5 ; ch7 ; ch8 ; ch12			
me49	TGAGTCCAAACCGGGCA	ch2 ; ch5			

引物在染色体上的分布所参考的基因组序列来自 [https://melonomics.net/files/Genome/Melon\\_genome v3.5.1/](https://melonomics.net/files/Genome/Melon_genome_v3.5.1/)  
The reference genome for the primers distributing on was from [https://melonomics.net/files/Genome/Melon\\_genome v3.5.1/](https://melonomics.net/files/Genome/Melon_genome_v3.5.1/)

表 3 供试甜瓜种质的 SRAP 多态性引物  
Table 3 Polymorphism in 145 samples of melon revealed by SRAP marker

编号 Code	引物 Primer	总带数 Total bands	多态性带数 Polymorphic bands	多态性比率(%) Polymorphic rate	多态性信息含量 <i>PIC</i>
1	me2-em11	14	14	100	0.91
2	me6-em10	15	15	100	0.90
3	me9-em6	11	11	100	0.85
4	me9-em10	12	12	100	0.88
5	me10-em1	7	6	86	0.80
6	me10-em10	12	12	100	0.86
7	me13-em1	9	9	100	0.83
8	me14-em9	11	10	91	0.87
9	me19-em2	12	11	92	0.86
10	me19-em10	8	8	100	0.75
11	me20-em10	15	15	100	0.91
12	me21-em10	15	15	100	0.88
13	me22-em8	9	8	89	0.81
14	me24-em8	4	4	100	0.73
15	me45-em5	8	6	75	0.81
16	me45-em9	11	11	100	0.90
17	me46-em5	10	10	100	0.86
18	me49-em8	20	18	90	0.94
19	me49-em10	11	11	100	0.82
20	me49-em11	10	10	100	0.83
合计 Total		224	216	—	—
平均 Mean		11.2	10.8	96	0.85



1 ~ 48 为材料编号;M 为 100 bp Marker  
No. 1-48 represents different code of melon varieties in this study. M means 100 bp Marker

图 1 引物组合 me10-em10 电泳结果  
Fig.1 Primer me10-em10 electrophoresis result

表 4 不同生态区的甜瓜遗传多样性

Table 4 Genetic diversity analysis of melons from different ecological zones

生态区域 Ecological regions	收集种质数量 No. of melon germplasms	多态性位点数 No. of polymorphic loci	多态性位点百分比(%) The percentage of polymorphic loci	遗传多样性指数 Genetic diversity index			
				<i>Na</i>	<i>Ne</i>	<i>H</i>	<i>I</i>
北疆	6	141	62.95	1.6295	1.3482	0.2066	0.3141
南疆	78	222	99.11	1.9911	1.4022	0.2560	0.4061
东疆	33	210	93.75	1.9375	1.4051	0.2508	0.3921
中国新疆	117	223	99.55	1.9955	1.4048	0.2509	0.3993
中国薄皮甜瓜产区	5	130	58.04	1.5804	1.3362	0.1981	0.2991
东亚	2	55	24.55	1.2594	1.1834	0.1075	0.1569
西亚	10	148	66.07	1.6607	1.3245	0.1931	0.2971
印度	5	120	53.57	1.5357	1.2642	0.1635	0.2538
西班牙	2	90	40.18	1.4018	1.2654	0.1505	0.2225
非洲	2	68	30.36	1.3036	1.2147	0.1257	0.1836
美国	1	—	—	—	—	—	—
前苏联	1	—	—	—	—	—	—
国外	23	203	90.62	1.9062	1.3760	0.2319	0.3646

北疆:中国新疆天山以北;南疆:中国新疆天山以南;东疆:中国新疆的吐鲁番、哈密、鄯善;东亚:韩国、日本;西亚:伊朗、伊拉克、阿富汗、土耳其;非洲:津巴布韦、肯尼亚;国外:去除新疆和中国薄皮甜瓜产区两个生态区域。*Na*:观测等位基因数;*Ne*:有效等位基因数;*H*:Nei's 基因多样性指数;*I*:Shannon's 信息指数;—:无数据

Northern Xinjiang:North of the Tianshan mountain in Xinjiang of China,Southern Xinjiang:South of the Tianshan mountain in Xinjiang of China,Eastern Xinjiang:Turpan,Hami and Shanshan in Xinjiang of China,Eastern Asia:Korea and Japan ,Western Asia:Iran,Iraq,Afghan and Turkey ,Africa:Zimbabwe and Kenya,Foreign:The ecological area except Xinjiang and the thin-skinned planting areas in China. *Na*:No. of allele, *Ne*:No. of effective allele, *H*:Nei's genetic diversity, *I*:Shannon's index,—:No data

收集自新疆的种质资源共 117 份,占总供试材料数的 80.7%,其中南疆、东疆和北疆分别收集了 78 份、33 份和 6 份。除有效等位基因数 *Ne* 为东疆最高外,多态性位点数、多态性位点百分比、观测等位基因数 *Na*、Nei's 基因多样性指数 *H* 和 Shannon's 信息指数 *I* 均以南疆最高,其次为东疆,北疆最低。

中国新疆甜瓜的各项遗传多样性指数均明显高于其他 6 个生态区域,且高于收集自国外的 23 份甜瓜材料总的遗传多样性。不同生态区域甜瓜的 Nei's 基因多样性指数 *H*、Shannon's 遗传多样性指数 *I* 从大至小依次均为:中国新疆、中国薄皮甜瓜产区、西亚、印度、西班牙、非洲和东亚。总的来看,中国新疆甜瓜地方种质资源遗传多样性较为丰富,尤其是南疆和东疆的甜瓜种质资源。相对于除中国外的其他几个生态区域收集的种质材料,收集自西亚和印度的种质材料遗传多样性较为丰富。

2.3 不同生态区甜瓜种质资源的遗传一致度及遗传距离

11 个生态区域在甜瓜种质资源方面的亲缘关系如图 2 所示。在相似系数 0.96 处,可将 11 个生

态区域划分为 8 组。第 1 组为中国新疆的北疆、南疆和东疆;第 2 组为印度;第 3 组为西亚和西班牙;第 4 组为 5 份中国薄皮甜瓜;第 5 组为非洲;第 6 组为东亚;第 7 组为美国;第 8 组为前苏联。

中国新疆 3 个生态区域的甜瓜资源的遗传分化系数 *Gst* 和基因流 *Nm* 分别为 0.0564 和 8.3721 (图 3),表明新疆 3 个生态区域甜瓜资源遗传分化现象不明显,遗传背景较为相近。进一步由表 5 可以看出,新疆的北疆、南疆和东疆的遗传一致度均在 0.95 以上,遗传距离在 0.04 以下,其中南疆和东疆之间的遗传一致度高达 0.9919,遗传距离仅为 0.0081,表明南疆和东疆甜瓜资源的亲缘关系更近。中国新疆南疆、北疆和东疆 3 个生态区域与其他生态区域间的遗传一致度及遗传距离表明新疆甜瓜种质资源与东亚、美国、前苏联的甜瓜材料亲缘关系较远,与西亚、印度、西班牙等生态区域甜瓜资源亲缘关系较近。中国新疆与其他生态区域间甜瓜种质资源的基因流 *Nm* 和遗传分化系数 *Gst* 大小如图 3 所示,中国新疆与西亚、印度、西班牙 3 个生态区域的甜瓜种质资源基因流较强,遗传分化较小,与东亚、



美国、前苏联等生态区域的甜瓜种质资源基因流较弱,遗传分化现象较为明显,亦表明中国新疆甜瓜与东亚、美国、前苏联的甜瓜种质资源关系较远,与西亚、印度、西班牙的甜瓜种质资源亲缘关系较近。

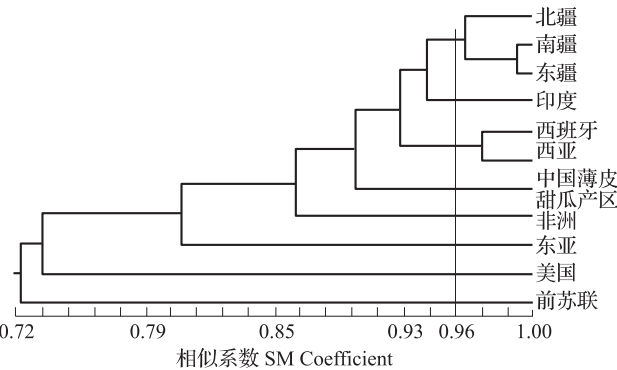


图2 甜瓜不同生态区域亲缘关系树状图

Fig. 2 Dendrogram of melons from different ecological zones

表5 不同生态区供试材料的遗传一致度及遗传距离

Table 5 Genetic identity and genetic distance of melons from different ecological zones

	北疆 Northern Xinjiang	南疆 Southern Xinjiang	东疆 Eastern Xinjiang	中国薄皮 甜瓜产区 The thin melon production area	东亚 Eastern Asia	西亚 Western Asia	印度 India	西班牙 Spain	非洲 Africa	美国 USA	前苏联 The former Soviet Union
北疆	****	0.9584	0.9674	0.9143	0.8146	0.9554	0.9343	0.9291	0.8749	0.7523	0.7476
南疆	0.0425	****	0.9919	0.8859	0.7827	0.9379	0.9410	0.8931	0.8612	0.7571	0.7624
东疆	0.0332	0.0081	****	0.9023	0.7992	0.9527	0.9487	0.9161	0.8832	0.7618	0.7708
中国薄皮甜瓜产区	0.0896	0.1212	0.1028	****	0.8545	0.9225	0.8902	0.9045	0.8588	0.7438	0.7301
东亚	0.2051	0.2451	0.2242	0.1573	****	0.8174	0.8027	0.8140	0.7887	0.6678	0.6686
西亚	0.0456	0.0642	0.0484	0.0807	0.2016	****	0.9393	0.9715	0.8861	0.7603	0.7588
印度	0.0680	0.0609	0.0526	0.1163	0.2198	0.0626	****	0.8959	0.8558	0.7134	0.7243
西班牙	0.0735	0.1131	0.0877	0.1003	0.2058	0.0289	0.1099	****	0.8728	0.7622	0.7291
非洲	0.1336	0.1494	0.1242	0.1522	0.2374	0.1209	0.1557	0.1360	****	0.6839	0.6943
美国	0.2846	0.2783	0.2720	0.2960	0.4038	0.2740	0.3377	0.2716	0.3799	****	0.6384
前苏联	0.2909	0.2713	0.2603	0.3145	0.4025	0.2760	0.3225	0.3160	0.3649	0.4488	****

表格左下角数据为遗传距离,右上角数据为遗传一致度

The data on the bottom-left corner represent the genetic distance and the data on the top right represent the genetic identity in the table above

2.4 聚类分析

UPGMA 聚类之后,将聚类结果转化的协表征矩阵和相似系数矩阵之间的相关性进行 Mantel 检验,两矩阵间的相关系数  $r$  为 0.77,表明聚类结果较好地体现了供试材料间的遗传关系。145 份种质材料的聚类结果如图 4 所示。以相似系数 0.548 为阈值,145 份种质材料可分为 3 大类,第 I 类共包括 128 份种质材料,占总供试材料的 88%,进一步可分

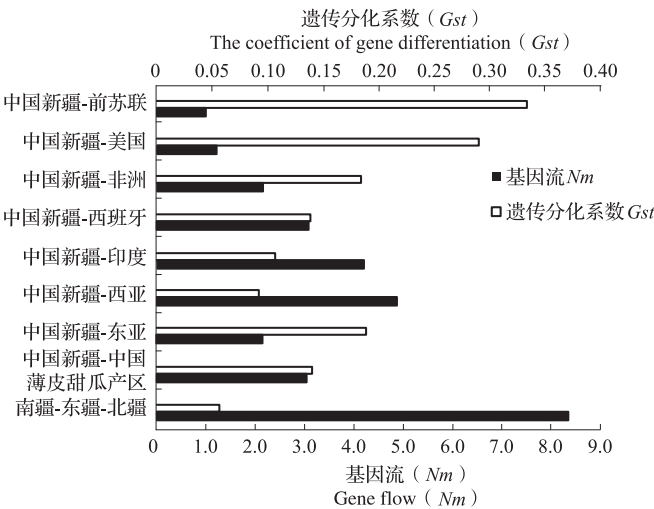


图3 新疆甜瓜群体遗传分化和基因流

Fig. 3 Genetic differentiation and gene flow of melon landraces in Xinjiang

为 6 个亚类,第 1 亚类(共 47 份)包含 2 个变种的 7 个品种群,以夏甜瓜变种为主,包括夏甜瓜变种的可口奇夏瓜品种群、长棒品种群、白皮甜瓜品种群、伯克扎德品种群、纳西甘品种群,此外包含了 7 份瓜旦甜瓜变种材料,除夏甜瓜变种的长棒品种群和伯克扎德品种群聚类较为分散外,其他 5 个品种群均倾向于按品种群聚集在一起,如瓜旦甜瓜变种材料(编号 1、3)和(编号 2、4、7)分别聚在一起;夏甜瓜

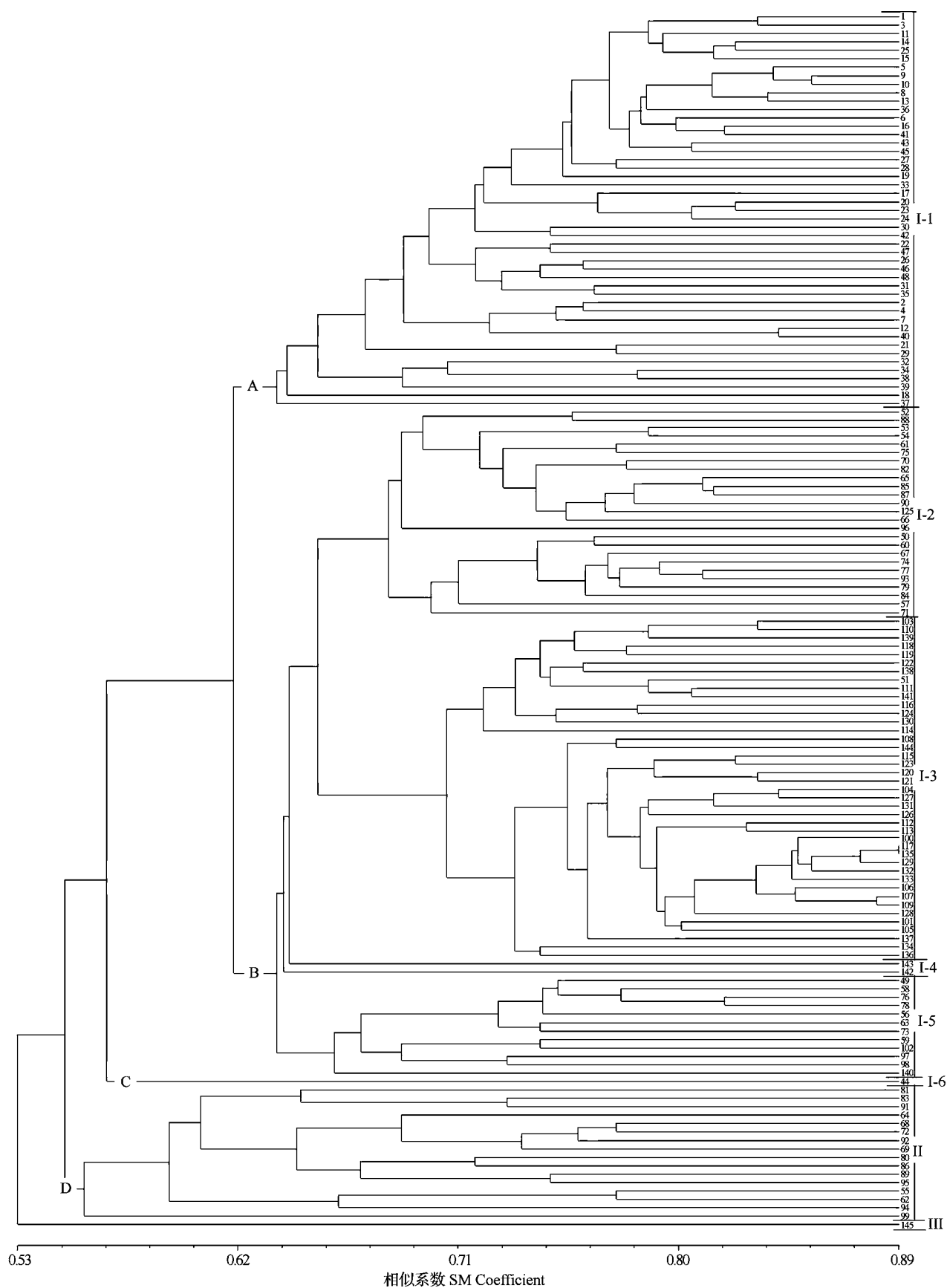


图 4 145 份种质材料基于 SRAP 标记的聚类图

Fig. 4 Dendrogram of 145 melon germplasm accessions based on SRAP marker

变种的纳西甘品种群(编号 8、9、10、13)和(编号 11、14、15)分别聚在一起;夏甜瓜变种的白皮甜瓜品种群(编号 20、23、24)聚在一起;夏甜瓜变种的可口奇夏瓜品种群(编号 41、43、45)和(编号 34、38、39)分别聚在一起。第 2 亚类(共 25 份)包含 3 个变种的 4 个品种群、1 份印度野瓜资源和 10 份未明确分类的材料。主要为冬甜瓜变种的可口奇冬瓜品种群和夏甜瓜变种的可口奇夏瓜品种群、密极甘品种群、纳西甘品种群,各品种群的材料相互交错聚集。第 3 亚类(41 份),种质资源来源较为广泛,主要为冬甜瓜变种的可口奇冬瓜品种群、密极甘冬瓜品种群,此外还包含 4 份中国薄皮甜瓜材料,19 份来自国外的材料及 2 份新疆野瓜资源(吐鲁番野瓜和哈密野瓜),编号 100、101、105、106、107、109、112、113、117、128、129、132、133 和 135 等 14 份种质资源亲缘关系较近,相似性在 80%~89% 之间,其中常规品种黄密脆(编号 117)和收集自阿富汗的材料 PI126071(编号 135)相似性达 89%,是所有供试材料中亲缘关系最近的 2 份材料;编号分别为 113、114、115、116 的皇后、芙蓉、郁金和含笑均为多亲复合杂交后代中选育的常规品种,也聚于此亚类中,其中含笑是新疆现有许多新品种的原始育种材料;3 份野瓜资源具有较近的亲缘关系,其中哈密野瓜(编号 118)和吐鲁番野瓜(编号 119)相似系数约为 0.77;中国薄皮甜瓜 120、121、123 聚在一起,其中编号为 123 的中国薄皮甜瓜十棱黄金瓜兼具薄皮甜瓜和厚皮甜瓜的特点,与编号为 115 的厚皮甜瓜郁金亦具有较近的亲缘关系;而编号为 122 的中国薄皮甜瓜‘八里香’与来自日本(编号 138)和韩国(编号 139)的薄皮甜瓜具有较近的亲缘关系。第 4 亚类仅含分别来自印度和津巴布韦的 2 份甜瓜材料,均为 *chito* 品种群。第 5 亚类主要为冬甜瓜变种的可口奇冬瓜品种群和夏甜瓜变种的可口奇夏瓜品种群、卡沙巴变种以及来自伊朗的一份属于 *dudaim* 品种群的种质资源。第 6 亚类为来自南疆皮山县的伊力拉,与第 I 类其他种质资源差异较大,单独聚为第 I 类中的第 6 亚类。

第 II 类包括 16 份种质材料,均为新疆地方品种,主要为冬甜瓜变种中的可口奇冬瓜品种群和夏甜瓜变种的密极甘夏瓜品种群、纳西甘品种群,冬甜瓜变种倾向于聚在一起(如编号 81、83、91、80、86、89、95 和 94、99 分别聚在一起),同属夏甜瓜变种的密极甘夏瓜品种群倾向于聚在一起,如编号 64、68、69、72 等 4 份材料,冬甜瓜变种和夏甜瓜变种间无

明显界限,有一定交叉。综上所述,117 份新疆地方种质资源共分为 A(I-1)、B(I-2、I-3、I-5)、C(I-6)、D(II)等 4 大类 6 个亚类群,与传统 4 个变种 10 个品种群分类结果有所不同,但在每个大类或亚类群中属于同一变种或品种群的材料倾向于聚在一起。第 III 类仅有 1 份种质材料即中国薄皮甜瓜红瓢酥。

### 3 讨论

#### 3.1 SRAP 分子标记在甜瓜种质资源遗传多样性方面研究的应用

SRAP 分子标记引物设计简单,且具有较好的稳定性和重复性,现已广泛应用于作物遗传多样性方面的研究。本研究中利用 20 对多态性引物对 145 份供试材料进行 SRAP 扩增,每对引物在 100~800 bp 间可扩增出 4~20 个带,平均 11.2 个带,多态性比率达 96%,每对引物的多态性信息含量 *PIC* 值为 0.73~0.94,均值为 0.85(表 3)。陈芸等<sup>[21]</sup>利用 16 对 SRAP 引物对 61 份甜瓜种质资源的遗传多样性研究,每对引物在 100~2000 bp 间可产生 28.56 个位点和 16.56 个多态性位点,多态性比率为 57.98%。为减少人为误判及方便整合 3 张图谱数据(因供试材料较多,每对引物对应 3 张图谱),本研究图谱仅统计了 100~800 bp 间清晰可辨的条带,因此每对引物扩增出的条带数及多态性条带数均低于陈芸等<sup>[21]</sup>的研究,但多态性比率明显高于其结果,这可能是由于本研究中收集的供试材料数量和遗传多样性更为丰富。T. Rym 等<sup>[10]</sup>、王美荣等<sup>[17]</sup>、盛云燕等<sup>[22]</sup>和刘龙洲等<sup>[23]</sup>学者均采用 SSR 分子标记技术研究了甜瓜种质材料的遗传多样性,每对引物检测到的等位位点数为 2.6~9.3 个,其中 T. Rym 等<sup>[10]</sup>和刘龙洲等<sup>[23]</sup>研究中每个 SSR 位点的多态性信息含量 *PIC* 均值分别为 0.75 和 0.37,均明显低于本研究 SRAP 分子标记。Y. Aierken 等<sup>[5]</sup>利用 18 条 RAPD 引物共获得 26 个多态性位点,平均每条引物产生 1.44 条带。S. Sensoy 等<sup>[6]</sup>利用 33 条 RAPD 引物研究土耳其甜瓜遗传多样性,共获得 109 个多态性位点。F. S. Luan 等<sup>[24]</sup>利用 17 条 RAPD 引物评价 68 份中国甜瓜的遗传关系,在 300~1200 bp 间共获得 32 个位点。由此可见, RAPD 分子标记每条引物多态性位点数亦低于 SRAP 分子标记。程振家等<sup>[18]</sup>利用 AFLP 技术对 48 份甜瓜材料遗传多样性和亲缘关系的研究,10 对引物共扩增出 423 条,其中多态性条带 172 条,多态性

比率为 40.66%。M. Danesh 等<sup>[16]</sup>、徐志红等<sup>[25]</sup>均利用 AFLP 技术分别对中国的 31 份甜瓜和伊朗的 90 份甜瓜资源进行研究,平均每对引物可扩增出 31.8~87.3 条带,多态性比率为 76% 以上。AFLP 分子标记单对引物扩增出的条带数较多,但 AFLP 分子标记技术对样本 DNA 浓度和纯度要求较高,且需要酶切、预扩增及高压电泳,设备要求高,操作较为繁琐。M. Ferriol 等<sup>[7]</sup>在葫芦科种质资源的遗传多样性研究中比较了 SRAP 分子标记和 AFLP 分子标记,结果表明 SRAP 分子标记更能表现型的多样性及进化历史。因此 SRAP 分子标记在甜瓜种质资源遗传多样性及亲缘关系方面的研究,更为可靠有效,且操作简便,优势较为突出。

### 3.2 新疆地方种质资源的遗传多样性及聚类分析

等位基因数、有效等位基因数、Nei's 基因多样性指数  $H$  和 Shannon's 信息指数  $I$  是衡量和评价不同居群变异程度高低和遗传多样性的重要指标。本研究供试材料共收集新疆地方种质资源 117 份,4 项参数分别为 1.9955、1.4048、0.2509 和 0.3993,均高于陈芸等<sup>[21]</sup>对 42 份新疆甜瓜地方种质资源的研究。新疆甜瓜居群的 4 项参数均高于其他生态区域的种质资源,表明新疆甜瓜种质资源变异程度较高,遗传多样性更为丰富。本研究中南疆、东疆和北疆 Nei's 基因多样性指数  $H$  和 Shannon's 信息指数  $I$  分别为 0.2560、0.2508、0.2066 和 0.4061、0.3921、0.3141,呈现出南疆 > 东疆 > 北疆的变化趋势(表 4),同张永兵等<sup>[14]</sup>通过表型性状的研究结果一致,揭示了新疆地方品种由南向北的栽培演化趋势。不同生态区域甜瓜种质资源遗传一致度和遗传距离数据结果与陈芸等<sup>[21]</sup>、Y. Aierken 等<sup>[5]</sup>较为一致,中国新疆甜瓜地方种质资源与西亚的土耳其、伊朗、阿富汗等国的种质资源基因流( $Nm = 4.882$ )最强,遗传分化系数( $G_{st} = 0.093$ )最小,遗传一致度(0.9379~0.9554)最高,遗传距离(0.0456~0.0642)最小,亲缘关系最近。Y. Aierken 等<sup>[5]</sup>认为新疆哈密瓜通过古丝绸之路由西亚、中亚传入新疆。中国新疆甜瓜与中国薄皮甜瓜、东亚、美国、前苏联等生态区域的甜瓜资源亲缘关系较远,与 Y. Aierken 等<sup>[5]</sup>、陈芸等<sup>[21]</sup>、F. S. Luan 等<sup>[24]</sup>研究结果一致。

按照传统的分类习惯,供试的新疆甜瓜地方种质资源分属于夏甜瓜变种(纳西甘品种群、伯克扎德品种群、白皮甜瓜品种群、长棒品种群、可口奇夏瓜品种群、密极甘夏瓜品种群)、冬甜瓜变种(密极甘冬瓜品种群和可口奇冬瓜品种群)、瓜旦甜瓜变

种(热瓜旦品种群和黄旦子品种群)、卡沙巴变种等 4 个变种 10 个品种群。通过 SRAP 分子标记图谱统计结果的聚类分析发现,新疆甜瓜地方种质资源的分类结果与传统以熟性、果形及果皮特征为依据的分类结果具有一定的相关性,属于同一品种群的甜瓜材料倾向于聚在一起,但并不能完全区分开,存在一定的差异,与张永兵等<sup>[11]</sup>表型形态学标记和陈芸等<sup>[21]</sup>SRAP 标记研究结果一致。F. S. Luan 等<sup>[24]</sup>研究中供试材料薄皮甜瓜 Taitian2-4-5 与无网纹厚皮甜瓜 mentianbaibao 遗传相似性为 0.94,菜瓜类型 55-qingpicaigua 与无网纹厚皮甜瓜 66-TN 遗传相似性最低为 0.08,徐志红等<sup>[25]</sup>亦发现不同类型薄皮甜瓜之间比薄皮甜瓜与厚皮甜瓜之间的亲缘关系更远。与 F. S. Luan 等<sup>[24]</sup>、徐志红等<sup>[25]</sup>研究结果较为类似,本研究中中国薄皮甜瓜‘红瓢酥’单独聚为第Ⅲ类,与其他种质资源亲缘关系最远,其他 4 份中国薄皮甜瓜和来自日本、韩国的 2 份薄皮甜瓜均聚于第Ⅰ大类的第 3 亚类,中国薄皮甜瓜八里香和日本‘婆杀’品种亲缘关系较近,在相似系数 0.74 处聚为一类。薄皮甜瓜资源倾向于聚在一起,但聚类结果与陈芸等<sup>[21]</sup>不同,并未将厚皮甜瓜和薄皮甜瓜完全分为两大类群,直接原因可能是收集的薄皮甜瓜材料及所用引物的不同造成的,但推测更可能是因为厚皮甜瓜和薄皮甜瓜在分子水平上没有严格的界限,厚皮甜瓜和薄皮甜瓜可能具有共同的起源,支持马德伟等<sup>[26]</sup>研究结论,两者仅是在不同生态条件下经长期人工或自然选择所形成的不同甜瓜类型,并随着厚皮甜瓜与薄皮甜瓜间杂交育种的开展,将会涌现出更多的中间类型。

## 4 结论

新疆的南疆甜瓜地方种质资源数量及其遗传多样性最为丰富;在供试的 11 个生态区域中,中国新疆的南疆、东疆和北疆遗传分化较小,中国新疆甜瓜与印度、西亚、西班牙的甜瓜具有较近的亲缘关系,与东亚、美国和前苏联的甜瓜亲缘关系相对较远;基于 SRAP 标记,117 份新疆甜瓜地方种质资源可分为 A(Ⅰ-1)、B(Ⅰ-2、Ⅰ-3、Ⅰ-5)、C(Ⅰ-6)、D(Ⅱ)等 4 大类 6 个亚类群,同时聚类分析表明厚皮甜瓜和薄皮甜瓜在分子水平上无严格界限。

### 参考文献

- [1] 吴明珠. 吐鲁番盆地厚皮甜瓜品种资源及其利用[J]. 中国果树, 1982(2): 28-33
- [2] Nakata E, Staub J E, López-Sesé A I, et al. Genetic diversity of



- Japanese melon cultivars (*Cucumis melo* L.) as assessed by random amplified polymorphic DNA and simple sequence repeat markers[J]. Genet Res Crop, 2005, 52(4): 405-419
- [3] Pitrat M, Hanelt P, Hammer K. Some comments on infraspecific classification of cultivars of melon [C.]// Eucarpia Meeting on Cucurbit Genetics and Breeding, 2000; 29-36
- [4] 林德佩, 向征. 新疆甜瓜的品种群及其特征特性研究[J]. 中国果树, 1984(1): 32-37
- [5] Aierken Y, Akashi Y, Nhi P T P, et al. Molecular analysis of the genetic diversity of Chinese Hami melon and its relationship to the melon germplasm from Central and South Asia[J]. J Jpn Soc Hort Sci, 2011, 80(1): 52-65
- [6] Sensoy S, Buyukalaca S, Abak K. Evaluation of genetic diversity in Turkish melons (*Cucumis melo* L.) based on Phenotypic characters and RAPD markers[J]. Genet Res Crop Evol, 2007, 54(6): 1351-1365
- [7] Ferriol M, Pico B, de Cordova P F, et al. Molecular diversity of a germplasm collection of squash (*Cucurbita moschata*) determined by SRAP and AFLP markers [J]. Crop Sci, 2004, 44(2): 653-664
- [8] Yildiz M, Ekbic E, Keles D, et al. Use of ISSR, SRAP and RAPD markers to assess genetic diversity in Turkish melons [J]. Sci Hortic, 2011, 130(1): 349-353
- [9] Lopez Sese A I, Staub J E, Gomez-Guillamon M L. Genetic analysis of Spanish melon (*Cucumis melo* L.) germplasm using a standardized molecular marker array and geographically diverse reference accessions[J]. Theor Appl Genet, 2003, 108(1): 41-52
- [10] Rym T, Makram A, Mohamed B. Genetic diversity of Tunisian melon (*Cucumis melo* L.) landraces and their relationships with introduced varieties as assessed by simple-sequence repeat (SSR) markers[J]. Afr J Biotechnol, 2015, 14(2): 86-95
- [11] 胡建斌, 马双武, 简在海, 等. 中国甜瓜种质资源形态性状遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2013, 14(4): 612-619
- [12] 张永兵, 伊鸿平, 马新力, 等. 新疆甜瓜地方品种资源核心种质构建[J]. 植物遗传资源学报, 2013, 14(1): 52-57
- [13] 新疆甜瓜西瓜资源调查组. 新疆甜瓜西瓜志[M]. 乌鲁木齐: 新疆人民出版社, 1985: 38-40
- [14] 张永兵, 李霖华, 吴海波, 等. 新疆甜瓜地方品种资源的表型遗传多样性[J]. 园艺学报, 2012, 39(2): 305-314
- [15] 王炜勇, 俞少华, 李鲁峰, 等. 浙江省薄皮甜瓜地方品种的表型遗传多样性[J]. 植物遗传资源学报, 2013, 14(3): 448-454
- [16] Danesh M, Lotfi M, Azizinia S. Genetic diversity of Iranian melon cultigens revealed by AFLP markers[J]. Int J Hort Sci Tech, 2015, 2(1): 43-53
- [17] 王美荣, 许勇, 詹永乐, 等. 甜瓜育种亲本材料遗传多样性及群体结构的 SSR 标记分析[J]. 华北农学报, 2010, 25(S): 41-46
- [18] 程振家, 王怀松, 张志斌, 等. 甜瓜遗传多样性的 AFLP 分析[J]. 西北植物学报, 2007, 27(2): 244-248
- [19] 文雁成, 王汉中, 沈金雄, 等. 利用 SRAP 标记分析中国甘蓝型油菜品种的遗传多样性和遗传基础[J]. 中国农业科学, 2006, 39(2): 246-256
- [20] 桂琴, 王嘉璐, 伍晓明, 等. SRAP-cDNA 方法在植物基因差异表达分析中的应用[J]. 中国油料作物学报, 2007, 29(4): 497-502
- [21] 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
- [22] 盛云燕, 栾非时, 陈克农. 甜瓜 SSR 标记遗传多样性的研究[J]. 东北农业大学学报, 2006, 37(2): 165-170
- [23] 刘龙洲, 翟文强, 陈亚丽, 等. 设施用厚皮甜瓜品种 SSR 标记遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报, 2012, 13(3): 381-385
- [24] Luan F S, 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(2): 445-461
- [25] 徐志红, 徐永阳, 刘君璞, 等. 甜瓜种质资源遗传多样性及亲缘关系研究[J]. 果树学报, 2008, 25(4): 552-558
- [26] 马德伟, 高锁柱, 孙岚, 等. 甜瓜花粉形态研究及起源、分类的探讨[J]. 园艺学报, 1989, 16(2): 134-138