

节瓜、冬瓜重要性状多样性及亲缘关系的 SRAP 分析

乔燕春¹, 林锦英¹, 谢伟平², 谢丽芳¹, 李莲芳¹

(¹广州市农业科学研究院, 广州 510308; ²广州市果树研究所, 广州 510405)

摘要:以冬瓜、节瓜 38 份种质资源为材料, 主要对萌芽率、单果重、瓜长、瓜宽、瓜皮色、瓜型、星点多少、果肉厚和果肉色共计 9 个性状的表型性状进行了研究, 供试材料 9 个性状的表型变异系数在 9.12% ~ 123.13% 之间, 尤以单果重的变异系数最大; 遗传多样性指数(H') 在 0.122 ~ 1.859 之间。SRAP 结果显示: 利用筛选出的 20 对引物对 38 份节瓜、冬瓜材料进行扩增, 共扩增出多态性条带 323 条, 遗传相似系数在 0.95 ~ 0.99 之间, 节瓜和冬瓜的遗传背景非常窄, 冬瓜和黄毛型节瓜亲缘关系近于普通类型节瓜。本研究还解决了部分材料同名异物的问题, 可为冬瓜和节瓜育种提供有价值的参考。

关键词: 冬瓜; 节瓜; 表型多样性; SRAP; 遗传多样性

Genetic Relationship of Chieh-qua and Wax-gourd on the Morphological Phenotypes and SRAP Markers

QIAO Yan-chun¹, LIN Jin-ying¹, XIE Wei-ping², XIE Li-fang¹, LI Lian-fang¹

(¹Institute of Vegetable of Guangzhou Academy of Agricultural Sciences, Guangzhou 510308;

²Guangzhou Fruit Research Institute, Guangzhou 510405)

Abstract: In this study, genetic relationship of 38 representative germplasm of the chieh-qua and wax-gourd was studied based on the investigation of 9 morphological characters and SRAP markers. A total of 9 characters were studied, including the germination rate, single fruit weight, melon length, width, skin color, shape, stars number, and melon flesh color. The variation coefficient of these 9 biological characters ranged from 9.12% to 123.13%, among which the coefficient of single fruit weight was the maximum, and their genetic diversity index(H') ranged from 0.122 to 1.859. The SRAP marker showed that totally 323 polymorphic fragments in the tested 38 chieh-qua and wax-gourd materials were generated by 20 pairs of SRAP primers. The molecular genetic similarity coefficient ranged from 0.95 to 0.99. The genetic backgrounds gap between chieh-qua and wax-gourd was very narrow. The genetic relationship results showed that both yellow-fuzz chieh-qua and wax-gourd were close to the type of common chieh-qua. Therefore, the chieh-qua should not be considered as a variant of wax-gourd, common chieh-qua, yellow-fuzz chieh-qua, and black-fuzz chieh-qua could be considered as wax-gourd local variety. This study also addressed some material homonym problems. In a word, this study could provide the valuable reference for the chieh-qua and wax-gourd breeding.

Key words: wax-gourd; chieh-qua; phenotypic diversity; SRAP; genetic diversity

节瓜和冬瓜均为葫芦科(Cucurbitaceae)冬瓜属冬瓜种, 原产中国南部和东印度, 冬瓜(*Benincasa hispida* Cogn.) 古名通称白瓜、水芝^[1]。冬瓜在中国

从南到北均有栽培^[2], 节瓜(*Benincasa hispida* var. *chieh-qua* How.) 主要分布在广东、广西、海南等地, 近年在北方部分地区普遍栽培^[3]。节瓜是冬瓜的一个

收稿日期: 2013-11-25 修回日期: 2013-12-26 网络出版日期: 2014-08-07

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20140807.1021.002.html>

基金项目: 广州市珠江科技新星项目(131700039); 广东省科技攻关项目(2012B020401001); 广州市农业科学研究院项目(NKY-02-2010-02); 广州市科学研究专项(141800016)

第一作者主要从事园艺作物遗传育种及分子生物学研究。E-mail: qyc19790128@163.com

变种,二者亲缘关系较近。前人运用生物学性状^[4-7]和 RAPD 分子标记^[8-11]研究了冬瓜和节瓜的资源多样性,结果都显示,二者的遗传背景较狭窄,但从表观多样性可见,冬瓜、节瓜类型多样,资源丰富,果实形状有扁圆形、短圆柱形和长圆柱形,根据果实表皮颜色和被蜡粉与否分为青皮冬瓜和白皮(粉皮)冬瓜,肉色有白色、淡绿色和青绿色,果皮有黑色、深绿、绿色和淡绿色。节瓜有普通节瓜、黄毛节瓜、黑毛节瓜等品种类型。相关序列扩增多态性(SRAP, sequence-related amplified polymorphism)分子标记技术是由美国加州大学蔬菜作物系 G. Li 等^[12]于 2001 年在研究芸薹属作物时创立的,具有操作简便、中等产量、高共显性、重复性、易于分离条带及测序等优点。本研究为了进一步确定节瓜、冬瓜资源的遗传特性以及和表型的相关性,利用 SRAP 分子标记对 38 份节瓜、冬瓜开展遗传聚类分析,并结合表型数据共同探讨供试材料的遗传特性,生产中节瓜、冬瓜同名异物或同物异名现象较为普遍,利用生物学性状很难区分和鉴定,本试验利用 SRAP 技术分析 38 份节瓜和冬瓜栽培品种的遗传多样性和表型多样性,探讨亲缘关系,为节瓜和冬瓜种质资源评价、鉴定和良种选育提供理论依据。

1 材料与方 法

1.1 材 料

供试材料为冬瓜、节瓜资源 38 份,主要有黑优 2 号冬瓜、铁柱冬瓜、广东黑皮冬瓜等冬瓜类型,黄毛、黑毛类型节瓜和普通类型节瓜。

1.2 方 法

1.2.1 表型性状调查分析 本研究以节瓜、冬瓜为材料,主要对萌芽率、果肉厚、单果重、瓜长、瓜宽、瓜型、瓜皮色、星点多少、果肉色等 9 个性状进行研究,参照 U. Lavi 等^[13]的方法进行赋值和统计分析。非数值型性状赋值标准见表 1。

表 2 筛选出扩增稳定的 SRAP 引物组合

Table 2 SRAP primer combinations with stable amplification profiles

引物组合 Primer combination	引物序列 Primer sequence	引物组合 Primer combination	引物序列 Primer sequence
em7me6	5'-GACTGCGTACGAATFCAA-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGTAA-3'	em9me1	5'-GACTGCGTACGAATTCGA-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGATA-3'
em5me5	5'-GACTGCGTACGAATTAAC-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGAAG-3'	em10me1	5'-GACTGCGTACGAATTCAG-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGATA-3'
em7me7	5'-GACTGCGTACGAATFCAA-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGTCC-3'	em6me6	5'-GACTGCGTACGAATTGCA-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGTAA-3'
em9me8	5'-GACTGCGTACGAATTCGA-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGTGC-3'	em5me4	5'-GACTGCGTACGAATTAAC-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGACC-3'

表 1 非数值型性状赋值

Table 1 Quantified value of the nonnumeric typic traits

性状 Traits	赋值 Quantified value
瓜型 Fruit shape	中短筒 = 1, 中筒 = 2, 中长筒 = 3, 长筒 = 4
瓜皮色 Skin color	白绿 = 1, 浅绿 = 2, 绿色 = 3, 深绿 = 4, 黑色 = 5
星点多少 Stars number	星点少 = 1, 星点适中 = 2, 星点多 = 3
瓜肉色 Melon flesh color	白色 = 1, 浅绿 = 2

1.2.2 DNA 提取 DNA 提取采用改良 CTAB 法,浓度为 3%,参照乔燕春等^[14]方法略作改动。用 0.8% 的琼脂糖凝胶电泳检测 DNA 的浓度及纯度,将每个样品浓度调至 50 ng/ μ L, -20 °C 备用。

1.2.3 SRAP 反应体系建立 本试验采用均匀设计 SRAP 反应体系,以普通节瓜材料为模板,针对 25 μ L 反应体系中 5 个因素(*Taq* DNA 聚合酶、模板 DNA、dNTPs、引物、 Mg^{2+})各设定 5 个水平,建立 U25(5⁵)均匀设计表参照乔燕春等^[14]方法。

SRAP 扩增程序参照乔燕春等^[14]方法并略加优化:94 °C 5 min;94 °C 1 min,35 °C 1 min,72 °C 1.5 min,5 个循环;94 °C 1 min,50 °C 1 min,72 °C 1.5 min,35 个循环;72 °C 延伸 8 min。扩增结束后,在 2% 琼脂糖凝胶下电泳 2 h,检测并拍照。

1.2.4 遗传多样性分析 供试引物为 9 条正向引物和 11 条反向引物,每条正向引物都与 11 条反向引物配对,组成 99 组引物组合,以任意 2 份材料为模板,分别对 99 个引物组合进行 PCR 扩增反应,筛选出稳定扩增的引物组合(表 2)。用筛选出来的引物对 38 份材料进行扩增及 4% 聚丙烯酰胺凝胶电泳分析,4% 聚丙烯酰胺在 0.5 \times TBE 中以 2000 v 电压电泳 1.5 h,拍照、统计数据。采用 NTSYS 2.1 软件进行 UPGMA 法的聚类分析,得出 38 份材料的遗传距离。

表 2(续)

引物组合 Primer combination	引物序列 Primer sequence	引物组合 Primer combination	引物序列 Primer sequence
em8me4	5'-GACTGCGTACGAATTCTG-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGACC-3'	em8me1	5'-GACTGCGTACGAATTAAC-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGATA-3'
em7me1	5'-GACTGCGTACGAATTCAG-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGATA-3'	em6me7	5'-GACTGCGTACGAATTGCA-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGTCC-3'
em6me9	5'-GACTGCGTACGAATTGCA-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGTAG-3'	em10me5	5'-GACTGCGTACGAATTCAG-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGAAG-3'
em4me4	5'-GACTGCGTACGAATTTGA-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGACC-3'	em9me7	5'-GACTGCGTACGAATTGCA-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGTCC-3'
em9me5	5'-GACTGCGTACGAATTCGA-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGAAG-3'	em10me8	5'-GACTGCGTACGAATTCAG-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGTGC-3'
em2me5	5'-GACTGCGTACGAATTTGC-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGAAG-3'	em1me4	5'-GACTGCGTACGAATTAAT-3' 5'-TGAGTCCAAACCGGACC-3'

2 结果与分析

2.1 表型多样性分析

利用 DPSv 7.05 软件对 38 份材料的 9 个性状进行了遗传聚类,结果显示,6 份冬瓜材料先聚为一类,接着黄毛材料聚为一类,黑毛材料聚为一类,再和普通节瓜材料聚为一类(图 1)。

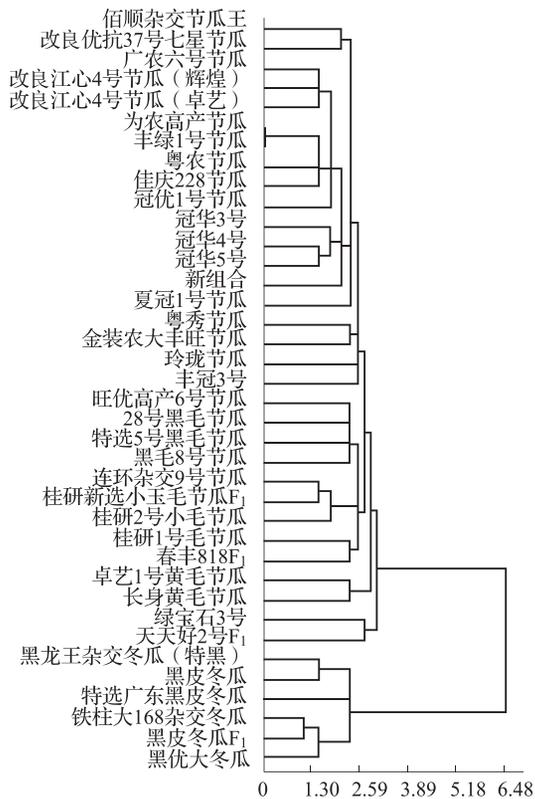


图 1 38 份节瓜、冬瓜材料表型多样性的聚类图

Fig. 1 Dendrogram by cluster analysis based on the morphological phenotypes of 38 chieh-qua and wax-gourd

从表 3 可以看出,9 份供试材料萌芽率、果肉厚、单果重、瓜长、瓜宽、瓜型、瓜皮色、星点多少、果肉色共计 9 项性状的变异系数在 9.12% ~ 123.13% 之间,萌芽率的变异系数最小,单果重的变异系数最大,遗传多样性指数的变化范围在 0.122 ~ 1.859 之间,尤以果肉厚的多样性水平最高。

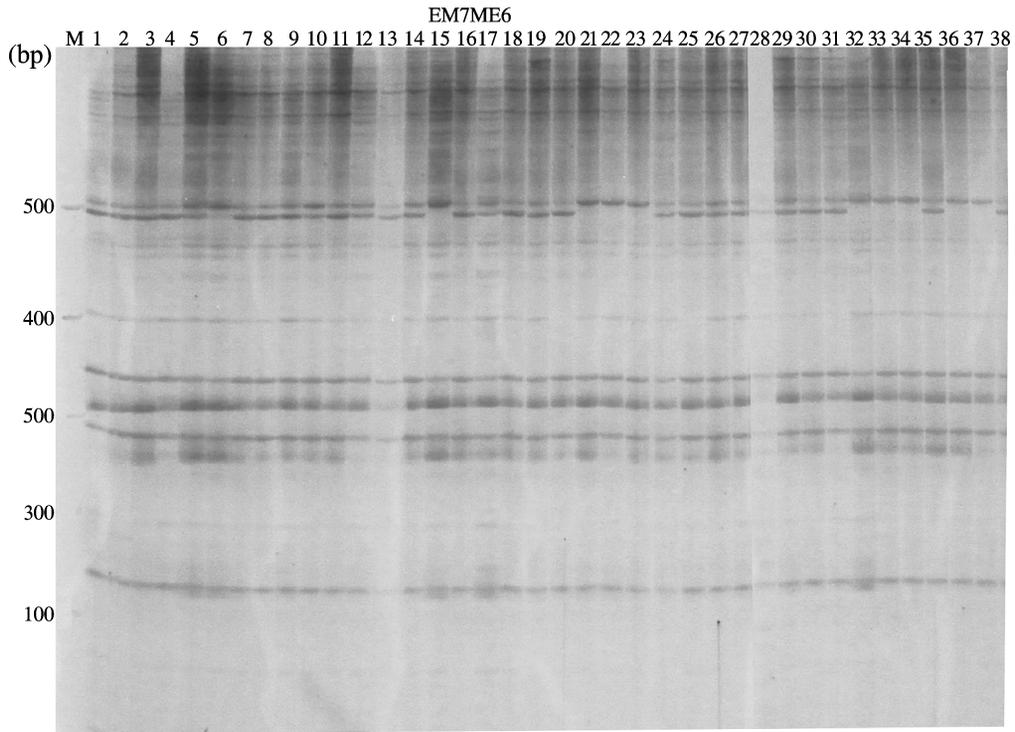
2.2 SRAP 分析

从 99 组 SRAP 引物组合中筛选出 20 个多态性较好的组合对 38 份材料进行分析,共计获得 323 条遗传条带,其中 65 条差异带,258 条公共带。多态性比率为 20.1%。图 2 是引物 EM7ME6 的扩增图样,图 3 是基于 SRAP 分析构建的遗传聚类图,结果表明:供试的 38 份节瓜、冬瓜研究材料的遗传相似系数为 0.95 ~ 0.99,遗传多样性比较窄,和前人 RAPD 分子标记的遗传多样性类似。从聚类图可见当遗传相似系数为 0.950 时,38 份材料划分为 2 大类群:第 I 类群群的桂研 1 号毛节瓜、天天好 2 号 F₁、春风 818F₁ 先聚类,这 3 个瓜均来自广西,瓜身背有黄毛,且为短筒型节瓜,且老瓜均披白色蜡粉;第 II 群包括冬瓜资源、普通类型和其他黄毛类型;当遗传相似系数为 0.963 时类群 II 分为 4 个亚类,第 i 亚类的 5 份冬瓜资源和 2 份黄毛短筒节瓜(桂研新选小玉毛节瓜、绿宝石 3 号)和 1 份普通类型节瓜(玲珑节瓜)聚类,说明节瓜和冬瓜在长期的自然选择中有基因渐渗现象;第 ii 亚类只有夏冠 1 号节瓜,为普通类型节瓜;第 iii 亚类包括 28 号黑毛节瓜、特选 5 号黑毛节瓜和黑毛 8 号节瓜,3 个品种均瓜身背有黑毛;第 iv 亚类中,除了铁柱 168 杂交冬瓜、卓艺 1 号黄毛节瓜和长身黄毛节瓜外,其他资源均为普通节瓜类型。本研究中的大部分材料为审定的品种,个别为选配的组合,如冠华 3 号、冠华 4

表 3 38 份节瓜、冬瓜材料的表型性状指标

Table 3 The index of the morphological traits in the tested 38 chieh-qua and wax gourd

编号 Code	种质名称 Germplasm name	萌芽率(%) Germination rate	果肉厚(cm) Melon flesh thickness	单果重(kg) Single fruit weight	瓜长(cm) Fruit length	瓜宽(cm) Fruit width	瓜型 Fruit shape	瓜皮色 Melon skin color	星点数 Stars number	肉色 Melon flesh color
1	佰顺杂交节瓜王	65	0.945	0.329	15.483	6.357	1	3	3	1
2	粤秀节瓜	68	1.110	0.617	15.950	7.095	2	3	2	1
3	旺优高产6号节瓜	75	0.965	0.485	21.890	6.088	3	2	3	1
4	广农六号节瓜	74	0.996	0.328	14.614	6.534	1	4	2	1
5	改良优抗37号七星节瓜	68	0.982	0.393	16.413	6.414	2	4	3	1
6	冠优1号节瓜	72	1.235	0.434	17.350	6.685	2	4	2	1
7	金装农大丰旺节瓜	63	1.166	0.890	17.240	6.820	2	4	2	1
8	为农高产节瓜	68	1.136	0.445	16.830	6.811	2	3	2	1
9	丰绿1号节瓜	70	1.196	0.473	17.430	6.777	2	3	2	1
10	改良江心4号节瓜(卓艺)	73	1.111	0.442	15.586	6.830	1	3	2	1
11	改良江心4号节瓜(辉煌)	75	1.011	0.384	14.684	6.610	1	3	2	1
12	佳庆228节瓜	65	1.030	0.514	17.680	6.768	3	3	2	1
13	粤农节瓜	65	1.054	0.463	16.090	6.761	2	3	2	1
14	玲珑节瓜	85	0.993	0.373	14.830	6.473	2	4	2	1
15	夏冠1号节瓜	75	0.923	0.398	15.840	6.425	3	3	2	1
16	冠华3号	81	0.982	0.445	18.140	6.650	2	3	2	1
17	冠华4号	80	1.025	0.440	16.520	6.721	2	3	2	1
18	冠华5号	79	0.984	0.445	17.980	6.529	2	3	3	1
19	28号黑毛节瓜	70	0.970	0.435	21.200	6.185	4	3	2	1
20	卓艺1号黄毛节瓜	68	0.995	0.553	27.067	5.827	4	2	2	1
21	新广优节瓜(228)	67	1.079	0.468	19.560	6.446	3	3	2	1
22	特选5号黑毛节瓜	65	1.098	0.593	24.210	6.593	4	3	2	1
23	黑毛8号节瓜	69	1.147	0.608	24.940	6.314	4	2	2	1
24	连环杂交9号节瓜	68	1.356	0.530	27.780	5.710	4	2	2	1
25	长身黄毛节瓜	71	1.065	0.428	25.586	5.384	4	2	2	1
26	丰冠3号	60	0.922	0.453	19.100	6.246	3	2	2	1
27	绿宝石3号	56	1.484	0.535	21.010	6.578	2	2	2	1
28	桂研1号毛节瓜	68	1.405	0.480	20.420	6.421	3	2	3	2
29	桂研新选小玉毛节瓜 F ₁	68	1.344	0.538	25.320	6.167	4	2	2	1
30	春丰818F ₁	75	1.566	0.498	20.800	6.842	3	2	2	1
31	天天好2号 F ₁	58	1.390	0.530	18.530	6.916	4	1	2	1
32	黑龙王杂交冬瓜(特黑)	73	3.000	4.150	37.500	12.750	4	5	1	1
33	特选广东黑皮冬瓜	72	3.500	4.600	39.150	15.275	4	5	1	1
34	黑皮冬瓜	78	3.200	3.465	36.767	13.467	4	5	1	1
35	铁柱168杂交冬瓜	63	3.000	3.600	49.050	13.050	4	5	1	1
36	黑优大冬瓜	62	3.700	3.700	40.000	14.400	4	5	1	1
37	黑皮冬瓜 F ₁	64	2.950	3.825	46.000	12.450	4	5	1	1
38	新组合	65	1.256	0.463	16.420	6.864	2	4	3	1
平均值 Mean		69.5	1.455	1.020	22.657	7.611	2.816	3.158	2.000	1.026
标准差 SD		0.064	0.790	1.256	9.007	2.629	1.048	1.064	0.562	0.160
变异系数(%) CV		9.12	54.34	123.13	39.75	34.54	37.21	33.71	28.10	15.60
遗传多样性指数 H'		1.607	1.859	1.529	1.821	1.604	1.282	1.397	0.843	0.122



M:DL 1000;1 ~ 38 同表 3

M:DL 1000,1 - 38 was the same as table 3

图 2 引物 EM7ME6 对 38 份节瓜、冬瓜的 SRAP 扩增图样

Fig. 2 SRAP patterns of 38 chieh-qua and wax-gourd with primer pairs of EM7ME6

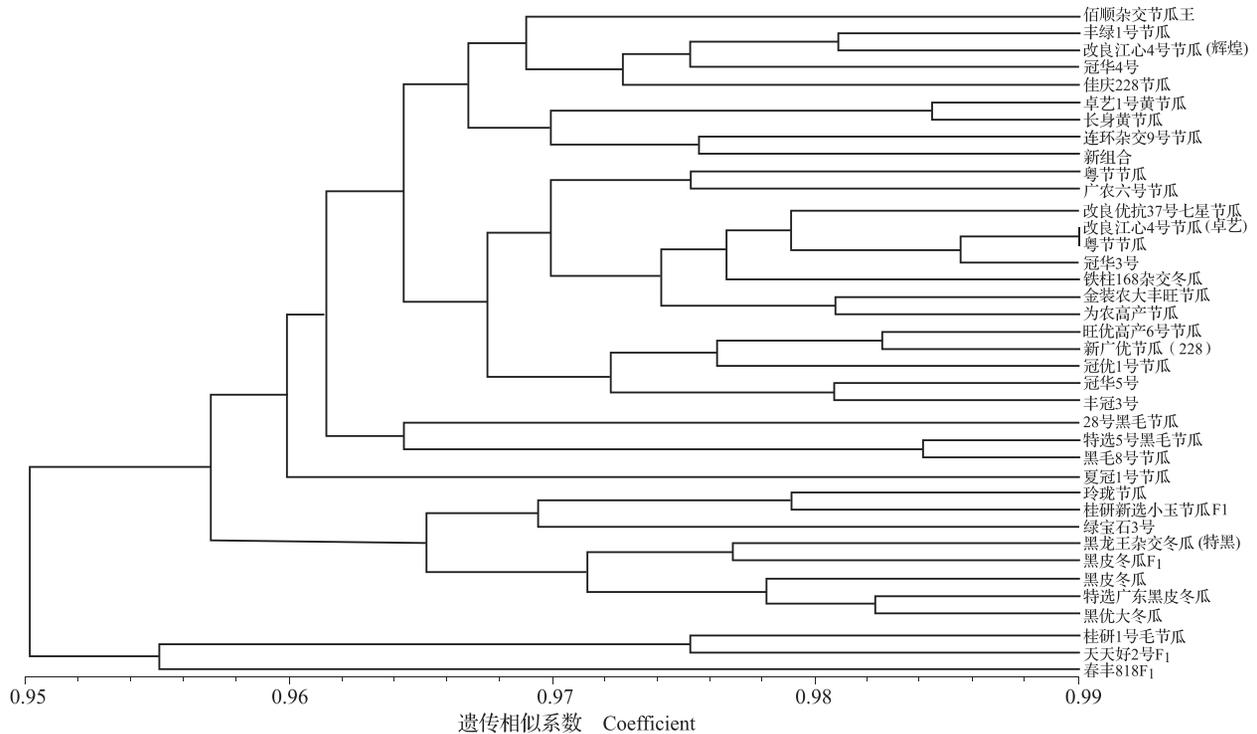


图 3 38 份节瓜、冬瓜资源的 SRAP 聚类分析

Fig. 3 Dendrogram by cluster analysis based on SRAP markers of 38 chieh-qua and wax gourd

号是粤农节瓜和改良江心 4 号节瓜进一步选育的品种,但母本改良江心 4 号节瓜来源不同,聚类结果显示,分别来自广州卓艺种子公司和广州辉煌种子提供的改良江心 4 号节瓜属同名异物,冠华 3 号节瓜和父本粤农节瓜、母本改良江心 4 号节瓜(卓艺)亲缘关系较近,而冠华 4 号和母本改良江心 4 号(辉煌)节瓜较为接近。

2.3 表型与 SRAP 标记的遗传多样性的相关性分析

本研究对表型性状和 SRAP 标记的遗传距离矩阵之间进行了关联分析。结果表明,二者之间存在显著的相关性,相关系数为 0.3035 ($P=0.05$)。

3 讨论

分子标记技术已经在蔬菜作物中得到了广泛的应用,近年葫芦科作物的相关研究也得到了广泛和深入研究,尤以黄瓜、西瓜、甜瓜的种质资源亲缘关系和遗传多样性研究的较为深入^[15]。葫芦科瓜类作物种质资源丰富,但长期的定向遗传改良使生产上推广应用的品种遗传基础日益狭窄,通过分子标记研究,利用 SRAP 分子标记开展节瓜、冬瓜材料的遗传关系分析,进一步确定他们的亲缘关系可为今后在分子水平进行冬瓜属植物选育种及系谱分析等研究提供科学依据。

前人利用 RAPD 技术对节瓜和冬瓜开展了遗传多样性研究。如孟祥东等^[8]利用 RAPD 技术对 3 份冬瓜和节瓜资源进行评价,结果显示,冬瓜和节瓜亲缘关系很近,但所涉及的材料和多态性带比较少。宋世威等^[9]利用 RAPD 分子标记对 41 份节瓜和冬瓜开展了遗传多样性研究,结果也显示,节瓜和冬瓜亲缘关系很近,冬瓜和节瓜最终没有聚成 2 大类,而是互有交叉地分散到 6 大类群中。本研究较全面的对 38 份节瓜、冬瓜材料进行表型和 SRAP 分子标记分析,系统地评价了节瓜和冬瓜的亲缘关系。仅个别资源和表型没有完全对应之外(如铁柱 168 杂交冬瓜、卓艺 1 号黄毛节瓜和长身黄毛节瓜),整个聚类图的分布还是有规律可循的。冬瓜和黄毛节瓜的亲缘关系要近于普通类型结果。从遗传相似系数结果可见,节瓜和冬瓜的遗传背景非常窄。传统育种将节瓜定为冬瓜的变种,但从本研究的分子标记结

果显示,普通节瓜、黄毛节瓜和黑毛节瓜以及冬瓜之间的遗传背景非常窄,这些节瓜类型可能属于冬瓜种内的不同品种类型,从田间表型可见,冬瓜、节瓜表型较丰富,但遗传背景很窄,如何定位冬瓜和节瓜的进化关系,还需要基因进化等方面的证据进一步证实。

本研究利用 SRAP 分子标记结合表型分析验证了冬瓜属种质资源的遗传关系,表型和 SRAP 的相关性为 0.3038 ($P=0.05$),相关系数较低。SRAP 结果和 RAPD 报道有类似,即节瓜和冬瓜的亲缘关系较近,表现遗传背景较窄,今后需要尝试对冬瓜属植物野生资源的开发利用,可以扩大冬瓜属植物的遗传类型,通过生物技术的手段挖掘新型标记也是提高该物种多样性水平的重要途径。

参考文献

- [1] 中国农业科学院蔬菜花卉研究所. 中国蔬菜栽培学 [M], 2 版. 北京:中国农业出版社,2010:635-647
- [2] 谢大森,何晓明,彭庆务,等. 冬瓜研究进展[J]. 华北农学报, 2006,21(S):166-170
- [3] 彭庆务,陈清华,何晓明,等. 我国节瓜育种研究的进程及展望[J]. 广东农业科学,2004(4):43-45
- [4] 李文嘉,方锋学,李立志,等. 节瓜主要农艺性状的遗传相关与通径分析[J]. 园艺学报,2003,30(6):734-736
- [5] 黎炎,李文嘉,王益奎,等. 节瓜果皮颜色遗传规律的研究[J]. 北方园艺,2007(10):14-15
- [6] 李文嘉. 广西节瓜种质资源研究及评价[J]. 长江蔬菜,2003(9):42-43
- [7] 何晓明,彭庆务,谢大森,等. 节瓜产量及主要果实性状的杂种优势与亲缘关系分析[J]. 中国蔬菜,2006(2):8-10
- [8] 孟祥栋,魏佑营,马红,等. RAPD 技术在冬瓜和节瓜品种鉴定中的应用[J]. 上海农业学报,1996,12(4):45-49
- [9] 宋世威,李珍,刘厚诚,等. 冬瓜和节瓜种质资源遗传多样性的 RAPD 分析[J]. 中国蔬菜,2010(22):47-53
- [10] 陈清华,谢大森,何晓明,等. 节瓜性型基因的 RAPD 标记[J]. 广东农业科学,2003(5):19-21
- [11] Li G, Quiros C F. Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction; its application to mapping and gene tagging in *Brassica* [J]. Theor Appl Genet, 2001, 103:455-461
- [12] Budak H, Shearman R C, Parmaksiz I, et al. Molecular characterization of Buffalo grass germplasm using sequence-related amplified polymorphism markers [J]. Theor Appl Genet, 2004, 108: 328-334
- [13] Lavi U, Tomer E, Gazit S. Inheritance of agriculturally important traits in mango [J]. Euphytica, 1989, 44: 5-10
- [14] 乔燕春,林顺权,刘成明,等. SRAP 分析体系的优化及在枇杷种质资源研究上的应用[J]. 果树学报,2008,25(3):348-352
- [15] 何志俊,向长萍. DNA 分子标记技术在瓜类蔬菜遗传育种中的应用[J]. 长江蔬菜,2008(8):36-39