

引用格式:

卿东山, 何长征, 罗玉松, 宋慧娟, 蔡雁平, 孙小武, 戴思慧. 甜瓜种质资源遗传多样性分析与核心种质构建[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2025, 51(2): 36–43.

QING D S, HE C Z, LUO Y S, SONG H J, CAI Y P, SUN X W, DAI S H. Genetic diversity analysis of melon germplasm resources and construction of the core germplasm[J]. Journal of Hunan Agricultural University(Natural Sciences), 2025, 51(2): 36–43.

投稿网址: <http://xb.hunau.edu.cn>



甜瓜种质资源遗传多样性分析与核心种质构建

卿东山^{1,2,3}, 何长征^{1,2,3}, 罗玉松^{1,2,3}, 宋慧娟^{1,2,3}, 蔡雁平^{1,2,3}, 孙小武^{1,2,3}, 戴思慧^{1,2,3*}

(1.湖南农业大学园艺学院, 湖南长沙 410128; 2.岳麓山实验室, 湖南长沙 410128; 3.园艺作物种质创新与新品种选育教育部工程研究中心, 湖南长沙 410128)

摘要: 以200份甜瓜种质为研究对象, 利用SSR分子标记数据进行遗传多样性分析, 并依据遗传相似性系数逐步进行聚类分析, 多次抽样构建甜瓜核心种质库。结果显示: 35对SSR标记共扩增出109个多态性位点, 平均等位基因数(N_a)、有效等位基因数(N_e)、观测杂合度(H_o)、期望杂合度(H_e)、多态性信息含量(PIC)、香农指数(I)分别为3.11、2.60、0.37、0.57、0.49、0.96; 利用非加权配对算术平均法(UPGMA)进行聚类分析, 可将200份种质分为2大类; 遗传结构分析结果表明, 当群体数 $K=2$ 时, 最佳群体分层情况 Δk 最大, 供试种质可划分为2个亚群, 符合聚类结果; 构建的各核心子集遗传多样性指数总体上变化不明显, 最终确立了10.0%的取样比例, 包含20个甜瓜品种核心种质, 其中 N_a 的保留率为98.17%, N_e 的保留率为99.42%, I 的保留率为99.79%, H_o 的保留率高达104.08%, H_e 的保留率为100.35%, PIC的保留率为99.59%; t 检验和主坐标分析结果表明核心种质和原始种质的遗传多样性参数无显著差异, 能充分代表原始种质的遗传多样性。

关键词: 甜瓜; SSR标记; 遗传多样性; 核心种质

中图分类号: S652

文献标志码: A

文章编号: 1007-1032(2025)02-0036-08

Genetic diversity analysis of melon germplasm resources and construction of the core germplasm

QING Dongshan^{1,2,3}, HE Changzheng^{1,2,3}, LUO Yusong^{1,2,3}, SONG Huijuan^{1,2,3}, CAI Yanping^{1,2,3}, SUN Xiaowu^{1,2,3}, DAI Sihui^{1,2,3*}

(1.College of Horticulture, Hunan Agricultural University, Changsha, Hunan 410128, China; 2.Laboratory of Yuelushan, Changsha, Hunan 410128, China; 3.Engineering Research Center for Horticultural Crop Germplasm Creation and New Variety Breeding, Ministry of Education, Changsha, Hunan 410128, China)

Abstract: With 200 melon germplasm as the research object, SSR molecular marker data were used for genetic diversity analysis, and stepwise unweighted pairwise arithmetic mean(UPGMA) clustering was performed on the genetic similarity coefficients, and multiple sampling was used to construct a core germplasm library of melon. The results showed that a total of 109 polymorphic loci were amplified by 35 pairs of SSR markers, the average number of alleles(N_a), the number of effective alleles(N_e), the observed heterozygosity(H_o), the expected heterozygosity(H_e), polymorphism information content(PIC), and the Shannon index(I) were 3.11, 2.60, 0.37, 0.57, 0.49, 0.96, respectively. Cluster analysis based on UPGMA categorized the 200 germplasm into 2 major groups. Genetic structure analysis showed that Δk was the largest when $K=2$, and the tested germplasm could be divided into 2 subgroups, which was consistent with the clustering results. The genetic diversity indices of each core subset constructed did not change significantly in general, and a sampling ratio of 10.0% was finally established, containing 20 core germplasm of melon varieties(species), of which the N_a retention

收稿日期: 2024-04-19

修回日期: 2025-03-21

基金项目: 国家西甜瓜产业技术体系项目(CARS-25)

作者简介: 卿东山(1998—), 男, 四川广安人, 硕士研究生, 主要从事瓜类栽培育种, 1477688136@qq.com; *通信作者, 戴思慧, 博士, 教授, 主要从事瓜类栽培育种研究, daisihui@126.com

rate was 98.17%, the N_e retention rate was 99.42%, the I retention rate was 99.79%, the H_o retention rate was as high as 104.08%, the H_e retention rate was 100.35% and the PIC retention was 99.59%. The t -test and principal coordinate analysis showed that there was no significant difference between the genetic diversity parameters of the core germplasm and the original germplasm, and the genetic diversity of the original germplasm could be adequately represented.

Keywords: melon; SSR marker; genetic diversity; core germplasm

甜瓜(*Cucumis melo* L.)为葫芦科一年生蔓性植物,在中国已有3 000多年的栽培历史,是一种重要的园艺经济作物^[1],经过复杂的环境适应和长期的人工选择后,具有丰富的遗传多样性^[2]。据估计,全球范围内植物基因库数量约为1 300个,所贮存的种质资源材料近600万份^[3]。我国国家西瓜甜瓜中期库保存了近2 000份甜瓜种质资源^[4]。尽管种质资源丰富,但其有效评价和利用率仍然较低,目前仅有小部分被用于遗传改进和优化^[5]。因此,亟需建立核心种质库,并对其进行评价和利用,以期提高种质资源的利用效率和管理水平^[6]。

创建核心种质主要有基于表型特征或分子标记基因型数据2种方法,但表型方法易受环境干扰、误差大,且需分析多性状,工作繁重^[7]。相比之下,SSR分子标记凭借多态性高、重复性好以及操作简便等显著优势,正逐步成为构建核心种质的主要手段之一^[8]。崔俊杰等^[9]利用23对SSR引物对184份苦瓜种质资源进行了遗传多样性分析,成功构建了34份核心种质,占原有资源的18.47%;刘松等^[10]利用21对SSR荧光引物分析了342个中国板栗品种的遗传多样性,基于等位基因数最大原则,构建了规模为原始种质24.85%(样本数为85份)的核心种质;ZHANG等^[11]利用23对SSR核心引物,通过逐步聚类法,成功从1 197份西瓜种质资源中精选出130份核心种质,为原有种质资源的10.86%。目前对于瓜类核心种质构建的研究主要集中于黄瓜^[12-14]和西瓜^[15-16],而对甜瓜种质资源的研究较少。

本研究采用SSR标记技术,对从国内外广泛收集的200份甜瓜种质资源进行遗传多样性与群体结构的深入分析。基于最小距离逐步取样策略,构建甜瓜核心种质,旨在为甜瓜资源的长期保存、高效利用以及新品种的定向选育提供依据。

1 材料与方法

1.1 材料

200份甜瓜种质资源均由中国农业科学院郑州果树研究所国家西瓜甜瓜中期库提供,均为纯种自交系,其中国内品种139份,国外品种61份。

1.2 方法

1.2.1 DNA提取与SSR-PCR反应

以甜瓜新鲜叶片作为实验材料,运用CTAB法提取其基因组DNA,再通过1%琼脂糖凝胶电泳进行质量检测,确认合格后将DNA稀释至50 ng/ μ L,以备PCR扩增使用。从合成的113对引物中,筛选出多态性显著且扩增效果稳定的35对引物^[17-20],用于后续的SSR标记分析,并采用聚丙烯酰胺凝胶银染法对扩增产物进行条带检测。

1.2.2 数据处理及分析

扩增出的条带经过人工读带并记录,形成“01”矩阵,利用Data Formater软件^[21]将其转换为Pb型数据。采用GenAlEx 6.50插件^[22]和PowerMarker软件^[23]计算等位基因数(N_a)、有效等位基因数(N_e)、香农指数(I)、期望杂合度(H_e)、观测杂合度(H_o)、多态性信息含量(PIC),同时分析群体间遗传距离并绘制主坐标分析图;利用PowerMarker软件,依据Nei's遗传距离,借助非加权配对算术平均法(UPGMA)构建聚类图,再运用在线工具iTOL^[24]对个体聚类图进行修饰和美化处理;利用Structure 2.3.4软件^[25]采用混合数据模型分析200份甜瓜种质资源的群体遗传结构,设置 K (群体数)为1~8, Burnin(预热迭代次数)为100 000, MCMC(马尔可夫链蒙特卡洛算法)为10 000,每个 K 均运行20次,以 K 为横坐标、 Δk (最佳群体分层情况)为纵坐标绘制折线图。

1.2.3 核心种质构建与评价确认

采用最小距离逐步抽样法(LDSS)构建核心种质^[16], 设定40.5%、35.0%、32.2%、24.5%、19.5%、15.0%和10.0%等7个不同比例的抽样子集。针对这些子集, 分别计算并评估其与原始种质在遗传多样性指数上的差异。运用*t*检验方法, 对核心种质与原始种质之间的差异性进行显著性分析, 以此确定最终的核心种质构成, 并计算各抽样比例下核心种质的各遗传参数保留率。

2 结果与分析

2.1 SSR扩增结果及多态性分析

采用35对SSR标记对甜瓜群体进行遗传多样性分析, 结果见表1。35个SSR位点中, 每个位点检测到的等位基因数为2.00~7.00个, 共检测到109.00个等位基因, 平均值为3.11个, 其中, DE1577引物检测到的等位基因数最多, 为7.00个。每个位点的平均有效等位基因数为2.60个。观测杂合度的平均值为0.37, 其幅度覆盖了0~1的完

表1 SSR标记对200份甜瓜种质的遗传多样性分析

Table 1 Genetic diversity analysis of 200 melon germplasms by SSR markers

引物名称	等位基因数/个	有效等位基因数/个	香农指数	观测杂合度	期望杂合度	多态性信息含量
CM07	3.00	2.68	1.03	0.03	0.63	0.55
CMCT505	5.00	3.53	1.36	1.00	0.72	0.67
NR38	4.00	3.78	1.36	1.00	0.74	0.69
SSR011330	4.00	3.91	1.37	0.03	0.74	0.70
SSR12083	4.00	3.33	1.28	1.00	0.70	0.65
CmSSR07989	2.00	1.88	0.66	0.03	0.47	0.36
SSR013487	3.00	2.05	0.88	0.01	0.51	0.46
TJ10	2.00	1.87	0.66	0.03	0.46	0.36
TJ30	2.00	1.62	0.57	0.02	0.38	0.31
CmSSR08180	2.00	1.95	0.68	0.03	0.49	0.37
ECM205	2.00	1.66	0.59	0.02	0.40	0.32
SSR015784	2.00	1.69	0.60	0.05	0.41	0.33
SSR016829	2.00	1.83	0.65	0.05	0.45	0.35
HNM12	2.00	1.75	0.62	0.03	0.43	0.34
CMATN89	5.00	4.55	1.57	1.00	0.78	0.75
CmSSR13690	2.00	1.86	0.66	0.03	0.46	0.36
DE1557	7.00	3.31	1.39	1.00	0.70	0.65
SSR020947	5.00	3.62	1.37	1.00	0.72	0.67
CMAGN52	2.00	1.82	0.64	0.00	0.45	0.35
CmSSR16173	2.00	1.83	0.65	0.02	0.46	0.35
SSR025990	4.00	3.98	1.38	1.00	0.75	0.70
CMCTN7	2.00	1.90	0.67	0.03	0.47	0.36
gSSR22419	4.00	3.62	1.34	0.45	0.72	0.67
SSR029474	2.00	2.00	0.69	0.05	0.50	0.37
CmSSR19836	2.00	1.65	0.58	0.07	0.39	0.32
SSR029716	4.00	3.37	1.29	0.60	0.70	0.65
TJ24	3.00	1.33	0.43	0.29	0.25	0.22
CmSSR22938	3.00	2.62	1.03	0.03	0.62	0.55
SSR033639	5.00	3.92	1.46	1.00	0.75	0.70
CM38	2.00	1.76	0.62	0.02	0.43	0.34
CMGA172	3.00	2.62	1.03	1.00	0.62	0.55
CmSSR23360	4.00	3.94	1.38	0.95	0.75	0.70
CmSSR25485	4.00	3.35	1.29	1.00	0.70	0.65
CMTCN14	3.00	2.73	1.05	0.01	0.63	0.56
SSR040314	2.00	1.75	0.62	0.01	0.43	0.34
均值	3.11	2.60	0.96	0.37	0.57	0.49
总计	109.00	91.08	33.43	12.82	19.82	17.23

2.3 群体结构分析

采用 Structure 软件分析所得数据，基于 $\ln P(D)$ (对数似然值)平均值和 Δk 绘制折线图(图2)。 $\ln P(D)$ 平均值的折线图并未呈现出明显的折点，当 Δk 达到最大时，对应的 K 为2，这表明200份材料可以合理地划分为2个类群(图3)。种群I包括4份厚皮甜瓜种质和46份薄皮甜瓜种质，种群II包括150份厚皮甜瓜种质，表明薄皮甜瓜和厚皮甜瓜在遗传结构上有较大差别，与聚类分析结果对应，其中每个亚群内的材料呈现出极高的相似性，说明供试材料具有鲜明的群体结构特征。

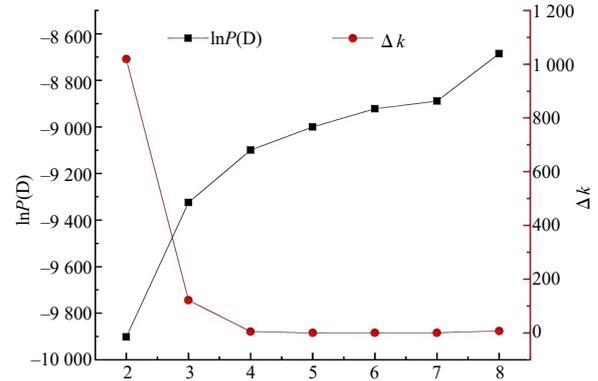


图2 200份甜瓜种质资源的 $\ln P(D)$ 和 Δk 变化图

Fig.2 Variation of $\ln P(D)$ and Δk of 200 melon germplasm resources

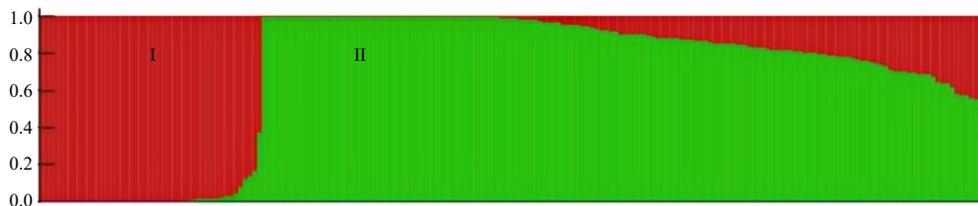


图3 200份甜瓜种质资源在 $K=2$ 的遗传结构

Fig.3 Genetic structure of 200 melon germplasm resources at $K=2$

2.4 LDSS取样法的取样结果

根据200份甜瓜种质的聚类结果，基于LDSS取样法进行核心种质的构建，每个抽样比例的核心种质取样是以上1个抽样比例下的核心种质聚类图为依据，共抽样7次。实际抽样比例为40.5%(81份)、35.0%(70份)、32.0%(64份)、24.5%(49份)、19.5%(39份)、15.0%(30份)、10.0%(20份)。

各核心种质子集所呈现的遗传多样性指数在整体上并未出现显著变化，结果见表2。7个抽样

比例下等位基因数(N_a)的最大值为3.114个，最小值为3.057个。以19.5%取样比例为节点，随着取样比例的减小，等位基因数(N_a)呈逐渐下降的趋势；有效等位基因数(N_e)、香农指数(I)、观测杂合度(H_o)、期望杂合度(H_e)、多态性信息含量(PIC)整体趋势为随着抽样比例的减小而增加，在10.0%取样比例下达到最大值，分别为2.587个、0.954、0.383、0.568、0.491。综上，选择19.5%和10.0%的抽样比例进入下一步验证。

表2 LDSS 取样法不同抽样比例下甜瓜核心种质的遗传多样性

Table 2 Genetic diversity of melon core germplasm under LDSS sampling with different sampling ratios

抽样比例/%	等位基因数/个	有效等位基因数/个	香农指数	观测杂合度	期望杂合度	多态性信息含量
100.0	3.114±1.278	2.602±0.937	0.956±0.356	0.368±0.448	0.566±0.147	0.493±0.164
40.5	3.114±1.278	2.467±0.922	0.910±0.362	0.367±0.439	0.537±0.168	0.467±0.171
35.0	3.114±1.278	2.463±0.918	0.910±0.360	0.367±0.439	0.537±0.166	0.462±0.172
32.0	3.114±1.278	2.429±0.918	0.897±0.364	0.367±0.437	0.529±0.171	0.459±0.173
24.5	3.114±1.278	2.457±0.909	0.911±0.358	0.373±0.435	0.537±0.163	0.467±0.168
19.5	3.114±1.278	2.507±0.918	0.927±0.356	0.369±0.440	0.548±0.157	0.476±0.166
15.0	3.086±1.292	2.512±0.924	0.929±0.359	0.371±0.435	0.549±0.156	0.477±0.166
10.0	3.057±1.259	2.587±0.895	0.954±0.349	0.383±0.433	0.568±0.139	0.491±0.158

2.5 核心种质与保留种质的遗传参数

进一步比较LDSS取样法下19.5%和10.0%取样比例的核心种质与保留种质的遗传参数，结果(表

3)表明，19.5%取样比例的核心种质在等位基因数(N_a)和观测杂合度(H_o)上略高于保留种质的，但其他参数均较低，可见这一比例未能有效代表原始种质的遗传多样性。相比之下，10.0%取样比例下的

核心种质在香农指数(I)、观测杂合度(H_o)、期望杂合度(H_e)以及多态性信息含量(PIC)等参数上均超过了保留种质的,除了等位基因数(N_a)外,10.0%取样比例的核心种质在其他遗传参数上的表现均优于

19.5%取样比例的核心种质的表现。综上所述,基于LDSS取样法,确立10.0%的抽样比例为构建甜瓜品种核心种质的最佳比例,最终包含了20个甜瓜核心种质。

表 3 不同抽样比例下核心种质与保留种质遗传参数

Table 3 Genetic parameters of the core germplasm and the retained germplasm under different sampling ratios

抽样比例/%	样本群体	样本数/个	等位基因数/个	有效等位基因数/个	香农指数	观测杂合度	期望杂合度	多态性信息含量
19.5	核心种质	39	3.114±1.278	2.507±0.918	0.927±0.356	0.369±0.440	0.548±0.157	0.476±0.166
	保留种质	161	3.057±1.211	2.604±0.938	0.954±0.355	0.365±0.450	0.566±0.146	0.485±0.164
10.0	核心种质	20	3.057±1.259	2.587±0.895	0.954±0.349	0.383±0.433	0.568±0.139	0.491±0.158
	保留种质	180	3.085±1.197	2.586±0.940	0.950±0.355	0.364±0.450	0.563±0.147	0.482±0.165

2.6 核心种质与原始种质的遗传参数比较

对核心种质和原始种质的等位基因数(N_a)、有效等位基因数(N_e)、香农指数(I)、观测杂合度(H_o)、期望杂合度(H_e)、多态性信息含量(PIC)这6个参数进行*t*检验,结果见表4。核心种质和原始种质在这6个参数上的*P*均大于0.05,表明它们之间均无

显著差异。此外试验还统计了各遗传参数指标的保留率,其中 N_a 的保留率为98.17%、 N_e 的保留率为99.42%、 I 的保留率为99.79%、 H_o 的保留率高达104.08%、 H_e 的保留率为100.35%、PIC的保留率为99.59%,说明核心种质在遗传特性上具有较好的代表性,能有效地反映原始种质的遗传多样性。

表 4 核心种质与原始核心种质的遗传参数 *t* 检验结果

Table 4 Results of *t*-test of genetic parameters between the core germplasm and the original germplasm

样本群体	等位基因数/个	有效等位基因数/个	香农指数	观测杂合度	期望杂合度	多态性信息含量
核心种质	3.057±1.259	2.587±0.895	0.954±0.349	0.383±0.433	0.568±0.139	0.491±0.158
原始种质	3.114±1.278	2.602±0.937	0.956±0.356	0.368±0.448	0.566±0.147	0.493±0.164
保留率/%	98.17	99.42	99.79	104.08	100.35	99.59
<i>t</i>	-0.188	-0.072	-0.012	0.157	0.058	-0.039
<i>P</i>	0.851	0.943	0.991	0.875	0.954	0.969

2.7 主坐标分析对核心种质的确认

为了直观反映核心种质和原始种质在二维主坐标分析图上的位置差异,进行了主坐标分析,进一步对最终构建的核心种质的代表性进行确认。主坐标分析采用Nei's相似系数,运用GenAlEx插件的PCA程序进行分析。结果(图4)显示,核心

种质在主坐标图上分布广泛且均匀,其分布范围与原始种质大致吻合,这进一步验证了核心种质的高代表性。

3 结论与讨论

本研究利用SSR引物对200份甜瓜种质进行遗传多样性检测,共检测到109个等位点,表明甜瓜遗传信息在进化过程中发生显著变异。多态性信息含量(PIC)通常划分为低($PIC \leq 0.25$)、中($0.25 < PIC \leq 0.5$)和高($PIC > 0.5$)^[26]3个等级。筛选得到的35对引物平均PIC为0.49,属中度多态性引物,表明其适用于甜瓜群体大量样本的遗传多样性分析。在35个标记中,除TJ24的PIC低于0.25外,其余引物均呈现出较高的 H_e 、 H_o 以及PIC,这些参数能够有效地反映群体材料的遗传多样性程度。本研究中,等位基因数(N_a)、有效等位基因数(N_e)、观测杂合度(H_o)、期望杂合度(H_e)、香农指

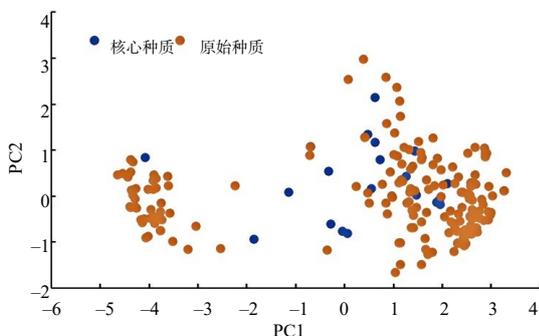


图 4 核心种质和原始种质的主坐标分析结果

Fig.4 Principal coordinate analysis of the core germplasm and the original germplasm

数(I)和多态性信息含量(PIC)的保留率分别为98.17%、99.42%、104.08%、100.35%、99.79%、99.59%，其中 N_a 、 H_o 、 I 以及PIC等遗传多样性指标与张凯歌等^[27]得出的结果均较为接近。另外，平均等位基因数为3.11个，略高于KONG等^[28]、王盼乔等^[29]的研究结果，表明所用的35个标记具有较高的多态性。

聚类分析方法能够揭示种质资源间的遗传亲缘关联，为杂种优势的利用提供科学理论支撑，因此在种质资源研究领域得到了广泛应用^[30-31]。本研究中，200份甜瓜种质资源被分为2大类群，种群I主要由46份薄皮甜瓜构成，其中有4份厚皮种质也被归入该类群，推测可能是由于它们携带了薄皮甜瓜的遗传背景，或者是受当前标记数量限制而未能实现有效区分，但随着遗传系数的调整，它们可能会与薄皮种质完全区分开。种群II包含了150份厚皮甜瓜，不同来源地的厚皮种质聚在一起，显示出它们之间紧密的遗传关联，表明这些种质具有相同的遗传起源中心。

核心种质的构建有效解决了种质资源收集规模的扩大与高效便捷利用之间的矛盾，不仅能显著提升种质资源的管理和利用效能，还能借助精选后的保存资源，以更高效的方式筛选出优质种质，并深入挖掘优异基因^[1]。本研究采用最小距离逐步取样法，以10.0%的抽样比例得到20份核心种质，成功构建了包含20份核心种质的样本集，占原始种质的10%，这一比例与前人关于核心种质取样比例的研究结论(5%~40%)相符^[32]。尽管构建核心种质所采用的方法丰富多样，但评价其有效性的标准大致相同，即核心种质能够充分体现原始种质的遗传多样性特征。BROWN^[6]和张俊红等^[32]的研究指出，核心种质需至少保留原始种质等位基因比例的70%，或在各项遗传参数上与原始种质保持高度一致。在本研究中，各遗传参数的保留率均高于98%，同时 t 检验分析结果表明核心种质与原始种质在遗传多样性参数方面不存在显著差异，均满足构建核心种质的条件。因此，本研究中10.0%的取样比例为甜瓜核心种质构建的最佳取样比例，构建的20份核心种质能有效代表甜瓜原始种质的遗传信息，可达到最大化保留原始种质的目的，为甜瓜种质资源的有效保存和利用提供

理论支撑。

参考文献:

- [1] 林德佩. 中国栽培甜瓜植物的起源、分类及进化[J]. 中国瓜菜, 2010, 23(4): 34-36.
- [2] 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.
- [3] RÍOS R O. Plant breeding in the omics era[M]. Cham: Springer International Publishing, 2015.
- [4] 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.
- [5] GLASZMANN J, KILIAN B, UPADHYAYA H, et al. Accessing genetic diversity for crop improvement[J]. Current Opinion in Plant Biology, 2010, 13(2): 167-173.
- [6] BROWN A H D. Core collections: a practical approach to genetic resources management[J]. Genome, 1989, 31(2): 818-824.
- [7] 杨学乐, 何录秋, 张璐, 等. 湖南芝麻种质资源农艺性状的遗传多样性[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2019, 45(6): 577-582.
- [8] 齐丹, 曹玉芬, 胡红菊, 等. 中国南方154份梨地方品种基于SSR标记的遗传多样性与群体结构分析[J]. 中国南方果树, 2023, 52(5): 104-110, 122.
- [9] 崔竣杰, 程蛟文, 曹毅, 等. 基于SSR标记和表型性状构建苦瓜核心种质的研究[J]. 中国蔬菜, 2022(2): 25-32.
- [10] 刘松, 聂兴华, 李伊然, 等. 基于SSR荧光标记构建板栗品种(系)核心种质群[J]. 果树学报, 2023, 40(2): 230-241.
- [11] ZHANG H Y, FAN J G, GUO S G, et al. Genetic diversity, population structure, and formation of a core collection of 1197 *Citrullus* accessions[J]. HortScience, 2016, 51(1): 23-29.
- [12] 张广平, 李锡香, 向长萍, 等. 黄瓜种质核心样本构建方法初探[J]. 园艺学报, 2006, 33(2): 260-265.
- [13] 吕婧. 黄瓜种质资源群体结构分析与核心种质集筛选[D]. 北京: 中国农业科学院, 2011.
- [14] 王俐翔. 基于表型性状的黄瓜种质资源遗传多样性分析及初级核心种质构建[D]. 南京: 南京农业大学, 2020.
- [15] 杨静. 基于植物学性状和SCoT标记的籽用西瓜遗传多样性分析及核心种质构建[D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2017.

- [16] 石磊. 籽用西瓜种质资源遗传多样性的分析和核心种质库的构建[D]. 呼和浩特: 内蒙古农业大学, 2016.
- [17] 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.
- [18] 颜韶兵, 黄凯美, 邹宜静, 等. 甜瓜栽培品种的遗传多样性研究[J]. 分子植物育种, 2020, 18(14): 4790–4801.
- [19] 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(S1): 41–46.
- [20] 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.
- [21] 樊文强, 盖红梅, 孙鑫, 等. SSR数据格式转换软件 Data Formater[J]. 分子植物育种, 2016, 14(1): 265–270.
- [22] PEAKALL R, SMOUSE P E. Genalex 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research[J]. Molecular Ecology Notes, 2006, 6(1): 288–295.
- [23] LIU K J, MUSE S V. PowerMarker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis[J]. Bioinformatics, 2005, 21(9): 2128–2129.
- [24] LETUNIC I, BORK P. Interactive tree of life(iTOL) v3: an online tool for the display and annotation of phylogenetic and other trees[J]. Nucleic Acids Research, 2016, 44(W1): W242–W245.
- [25] FALUSH D, STEPHENS M, PRITCHARD J K. Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies[J]. Genetics, 2003, 164(4): 1567–1587.
- [26] 张倩男. 基于表型性状及SSR、SNP标记的樱桃番茄种质资源遗传多样性分析[D]. 银川: 宁夏大学, 2018.
- [27] 张凯歌, 胡倩梅, 靳志恒, 等. 219份甜瓜种质资源的遗传多样性分析[J]. 河南农业大学学报, 2020, 54(2): 216–230.
- [28] KONG Q S, XIANG C P, YANG J, et al. Genetic variations of Chinese melon landraces investigated with EST-SSR markers[J]. Horticulture, Environment, and Biotechnology, 2011, 52(2): 163–169.
- [29] 王盼乔, 周亚峰, 许彦宾, 等. 基于多序列比对的甜瓜SSR标记开发及应用[J]. 河南农业大学学报, 2016, 50(2): 189–197.
- [30] 李雷, 王海燕, 陶尚玉, 等. 基于果实品质性状和SSR标记的李种质资源聚类[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2020, 46(1): 38–47.
- [31] 徐超华, 刘新龙, 毛钧, 等. 基于SSR分子标记数据构建割手密核心种质库[J]. 湖南农业大学学报(自然科学版), 2020, 46(6): 657–663.
- [32] 张俊红, 王洋, 周生财, 等. 闽楠群体遗传结构分析与核心种质库构建[J]. 林业科学, 2024, 60(1): 68–79.

责任编辑: 毛友纯

英文编辑: 罗维