

DOI: 10.16861/j.cnki.zggc.202423.0737

## 89 份西瓜种质资源表型鉴定和遗传多样性分析

康旗帅, 闫梦苑, 袁伟格, 豆峻岭, 杨 森, 刘东明,  
牛欢欢, 闫文凯, 朱华玉, 杨路明

(河南农业大学园艺学院 郑州 450002)

**摘要:**以 89 份西瓜种质资源为材料, 利用形态学标记和西瓜 SNP 高效液相芯片, 结合多样性分析、群体结构分析、聚类分析和主成分分析等方法, 对其遗传多样性进行系统全面的研究。结果表明, 49 个表型性状 Shannon 多样性指数的变化范围是 0.42~3.00, 平均值为 2.32, 其中描述型性状平均值为 1.28, 数量性状为 2.82; 33 个数量性状的变异系数变化范围为 5.45%~72.59%, 平均值为 28.00%, 变异系数最大的是果实质量(72.59%), 其次是第一雌花节位(64.21%)和第一雄花节位(58.59%)。利用液相芯片对这 89 份种质资源进行 DNA 测序, 得到 60.2 Gb 的原始数据和 401.3 Mb 的 raw\_reads 数据, 质控后得到 53.1 Gb 的数据和 399.7 Mb 的 clean\_reads 数据, 比对到参考基因组上的 reads 数为 332.4 Mb, 平均比对率为 82.97%, 平均测序深度为 923.7 X。群体结构分析显示 89 份材料的最优群体结构数为 2, 主成分分析和系统发育树结果显示, 在 89 份材料中, 药西瓜与饲用西瓜亲缘关系最近, 栽培西瓜与饲用西瓜亲缘关系次之。长期的选择驯化使西瓜遗传背景变得十分狭窄, 通过发掘野生西瓜资源, 进而拓宽西瓜遗传背景, 对西瓜抗病、抗逆以及株型改良等分子育种具有重要意义。

**关键词:**西瓜; 种质资源; 群体结构分析

中图分类号: S651

文献标志码: A

文章编号: 1673-2871(2024)04-014-13

## Phenotypic characterization and genetic diversity analysis of 89 watermelon germplasm resources

KANG Qishuai, YAN Mengyuan, YUAN Weige, DOU Junling, YANG Sen, LIU Dongming, NIU Huanhuan, YAN Wenkai, ZHU Huayu, YANG Luming

(College of Horticulture, Henan Agricultural University, Zhengzhou 450002, Henan, China)

**Abstract:** The genetic diversity of 89 watermelon germplasm resources was studied by morphological markers, SNP high-performance liquid chip, diversity analysis, population structure analysis, cluster analysis and principal component analysis. The results showed that the Shannon diversity index of 49 phenotypic traits ranged from 0.42 to 3.00 with an average value of 2.32, among which the mean value of descriptive traits was 1.28 and the mean value of quantitative traits was 2.82. The coefficient of variation of the 33 quantitative traits ranged from 5.45%-72.59%, and the mean value was 28.00%. The highest coefficient of variation was fruit mass (72.59%), followed by the first female flower node (64.21%) and the first male flower node (58.59%). In terms of plant type, the variation coefficient of 30 d lateral branches was also large. Liquid chip sequencing yielded 60.2 Gb of raw data and 53.1 Gb of data after quality control. The number of raw\_reads and clean\_reads after quality control were 401.3 Mb, 399.7 Mb, and 332.4 Mb of reads were compared to the reference genome, with an average comparison rate of 82.97%. The average sequencing depth was 923.7 X. Population structure analysis showed that the optimal population structure number of 89 materials was 2. Principal component analysis and phylogenetic tree showed that among 89 materials, the relationship between medicinal watermelon and forage watermelon was the closest, while that between cultivated watermelon and forage watermelon was the second. Long-term selection and domestication have narrowed the genetic background of watermelon. By exploring wild watermelon resources and broadening the genetic background, this study is of great significance for molecular breeding of watermelon disease resistance, stress resistance and plant type improvement.

**Key words:** Watermelon; Germplasm resources; Population structure analysis

收稿日期: 2023-11-24; 修回日期: 2024-01-19

基金项目: 国家自然科学基金项目(32172602, 32172574, 32102389); 河南省农业良种联合攻关项目(2022010503); 河南省重大科技专项(221100110400); 河南省科技攻关项目(242102111124)

作者简介: 康旗帅, 男, 在读硕士研究生, 研究方向为西瓜分子育种。E-mail: Kangqishuai@163.com

通信作者: 杨路明, 男, 教授, 研究方向为瓜类作物基因组与分子育种。E-mail: lumingyang@henau.edu.cn

西瓜(*Citrullus lanatus*)是葫芦科(Cucurbitaceae)西瓜属(*Citrullus*)一年生蔓生植物<sup>[1]</sup>,是世界十大水果之一,在世界范围内广泛种植。我国是世界上最大的西瓜生产和消费国,总生产面积、产量和销量均居世界第一<sup>[2]</sup>。西瓜原产于非洲,距今已有5000年的栽培历史,在长期的栽培驯化过程中,不同的生态区驯化产生了一系列形态特征差异明显、各具特色的地方品种<sup>[3]</sup>。然而,长期的驯化和选育导致了一些优异基因的缺失,育种材料遗传多样性狭窄,品种同质化严重,培育突破性新品种日益困难。种质资源的遗传多样性是植物育种工作的基础<sup>[4-7]</sup>,野生种质资源中具有许多优良基因,越来越受到育种家的重视,如何利用种质资源并发掘其中的优异基因也成为育种工作者研究的新方向,因此,发掘野生种质资源中的优异性状并将其运用到育种当中成为一个亟待解决的问题。

分子标记是以个体间遗传物质内核苷酸序列变异为基础的遗传标记<sup>[8]</sup>,是DNA水平遗传多态性的直接反映,比形态学标记更为准确可靠<sup>[9]</sup>。精准的形态学标记和高质量的分子标记相互结合,可以更准确地鉴定种质资源,更好地应用于品种改良和新品种选育。形态学标记和分子标记已广泛应用到种质资源的遗传多样性研究中,特别是分子标记技术如RAPD、AFLP、SSR和SNP等分子标记<sup>[10-11]</sup>。随着测序技术的发展,测序成本大大降低,测序技术结合分子标记技术已经在多种植物中广泛应用,同时根据SNP位点开发液相芯片也可以快速高效地进行遗传背景选择和多样性分析<sup>[12]</sup>,大大地缩短分析时间,加快育种进程<sup>[13]</sup>。在小麦中,通过测序结合分子标记筛选,从野生小麦二倍体近缘种中克隆了4个抗锈病基因<sup>[14]</sup>;在甜菜中,通过对606份种质资源进行测序分析,阐释了野生甜菜与栽培甜菜的驯化关系,为后续将野生甜菜应用于作物改良提供了理论基础<sup>[15]</sup>;在橡胶树中利用GWAS分析鉴定到了1个调控乳管数量的驯化基因<sup>[16]</sup>。Han等<sup>[17]</sup>组建了阔叶猕猴桃与中华猕猴桃T2T无缺口基因组图谱,通过基因组、转录组、代谢组等多组学关联分析深入挖掘到1个蔗糖转运蛋白基因*Ac-SWEET9b*,在调控猕猴桃果实品质方面发挥作用。姚冬霞<sup>[18]</sup>利用基因芯片对陆地棉进行表达谱分析,通过芯片数据分析和荧光定量PCR验证了42个抗性相关基因,为培育抗逆性强的棉花新品种提供了重要参考。

在西瓜中,Yi等<sup>[19]</sup>利用400份西瓜材料通过图

位克隆和全基因组关联分析发现了调节果实糖分积累的关键蛋白CITST2;纪海波等<sup>[20]</sup>对768份西瓜材料的24个表型性状进行调查,变异系数均值为32.41%,多样性指数均值为1.6。郭禄芹等<sup>[21]</sup>调查了167份西瓜种质材料的29个表型性状,Shannon多样性指数的变化范围为0.54~2.03,平均值为1.50。刘柳等<sup>[22]</sup>鉴定了44份西瓜种质资源对枯萎病和白粉病的抗性,筛选出22份对2种病害同时具有抗性的西瓜种质资源。高宁宁等<sup>[23]</sup>对51份西瓜抗、感病毒病种质资源利用SRAP分子标记进行遗传多样性分析,为加速西瓜抗病毒病新品种的选育进程提供理论参考。康保珊等<sup>[24]</sup>对24份西瓜品种资源进行西瓜抗细菌性果斑病抗性鉴定,有7份资源对菌株pslb96表现高抗,12份资源对菌株ZZ-1表现高抗。易丽聪等<sup>[25]</sup>利用449个SNP标记对64份西瓜材料进行遗传多样性分析,平均多态性信息含量(PIC)为0.229,平均Nei's多样性指数(H)为0.28,平均Shannon多样性指数(I)为0.43,平均期望杂合度(He)为0.282;农艺性状统计分析表明,4个亚群在首雌花节位、坐果节位和果皮厚度3个性状之间存在显著差异。综上所述,前人研究主要集中于西瓜抗逆育种和果实品质方面,关于株型、花期发育等报道较少,且液相芯片在西瓜种质资源分析中的应用还未见报道。笔者以搜集的来自世界各地的89份西瓜材料,对49个农艺性状进行表型鉴定,结合液相芯片测序数据进行遗传多样性分析、相关性分析、群体结构、主成分和聚类分析,以期筛选出综合性状优良的种质,为西瓜株型改良和抗逆新品种选育提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

供试材料为89份西瓜种质资源,由河南农业大学园艺学院瓜类基因组与分子育种实验室所搜集(表1)。其中,有药西瓜[*Citrullus colocynthis* (L.) Schrad.]4份,饲用西瓜(*Citrullus amarus* Schrad.)63份,黏籽西瓜[*Citrullus mucosospermus* (Fursa) Fursa]5份,栽培西瓜[*Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. & Nakai]17份。其中,来自非洲的71份(南非和津巴布韦各23份、博茨瓦纳5份、赞比亚4份、斯威士兰3份、刚果民主共和国和乍得各2份,摩洛哥、苏丹、加纳、埃塞俄比亚、塞内加尔等9个国家各1份);来自亚洲的8份(中国、印度各2份,土耳其、土库曼斯坦、伊朗、塞浦路斯各1

表1 89份西瓜种质资源信息

Table 1 The information of 89 germplasm resources of watermelon

材料编号 Material number	植物学分类 Botanical classification	来源 Source
wm002	药西瓜 <i>Citrullus colocynthis</i> (L.) Schrad.	伊朗 Iran
wm003	药西瓜 <i>Citrullus colocynthis</i> (L.) Schrad.	摩洛哥 Morocco
wm019	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	南非 South Africa
wm020	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	南非 South Africa
wm025	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	南非 South Africa
wm100	药西瓜 <i>Citrullus colocynthis</i> (L.) Schrad.	塞浦路斯 Cyprus
wm101	药西瓜 <i>Citrullus colocynthis</i> (L.) Schrad.	土库曼斯坦 Turkmenistan
wm103	栽培西瓜 <i>Citrullus lanatus</i> (Thunb.) Matsum. & Nakai	美国 America
wm104	栽培西瓜 <i>Citrullus lanatus</i> (Thunb.) Matsum. & Nakai	美国 America
wm106	栽培西瓜 <i>Citrullus lanatus</i> (Thunb.) Matsum. & Nakai	美国 America
wm108	栽培西瓜 <i>Citrullus lanatus</i> (Thunb.) Matsum. & Nakai	美国 America
wm109	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	津巴布韦 Zimbabwe
wm110	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	津巴布韦 Zimbabwe
wm153	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	南非 South Africa
wm154	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	南非 South Africa
wm184	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	津巴布韦 Zimbabwe
wm212	黏籽西瓜 <i>Citrullus mucosospermus</i> (Fursa) Fursa	刚果民主共和国 Democratic Republic of the Congo
wm213	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	博茨瓦纳 Botswana
wm215	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	美国 America
wm216	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	津巴布韦 Zimbabwe
wm219	黏籽西瓜 <i>Citrullus mucosospermus</i> (Fursa) Fursa	刚果民主共和国 Democratic Republic of the Congo
wm220	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	津巴布韦 Zimbabwe
wm223	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	南非 South Africa
wm224	栽培西瓜 <i>Citrullus lanatus</i> (Thunb.) Matsum. & Nakai	土耳其 Turkey
wm225	栽培西瓜 <i>Citrullus lanatus</i> (Thunb.) Matsum. & Nakai	印度 India
wm226	黏籽西瓜 <i>Citrullus mucosospermus</i> (Fursa) Fursa	加纳 Ghana
wm227	栽培西瓜 <i>Citrullus lanatus</i> (Thunb.) Matsum. & Nakai	埃塞俄比亚 Ethiopia
wm228	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	津巴布韦 Zimbabwe
wm229	栽培西瓜 <i>Citrullus lanatus</i> (Thunb.) Matsum. & Nakai	苏丹 Sudan
wm230	栽培西瓜 <i>Citrullus lanatus</i> (Thunb.) Matsum. & Nakai	塞内加尔 Senegal
wm232	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	南非 South Africa
wm233	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	南非 South Africa
wm234	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	南非 South Africa
wm235	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	南非 South Africa
wm236	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	南非 South Africa
wm237	栽培西瓜 <i>Citrullus lanatus</i> (Thunb.) Matsum. & Nakai	南非 South Africa
wm238	栽培西瓜 <i>Citrullus lanatus</i> (Thunb.) Matsum. & Nakai	南非 South Africa
wm239	栽培西瓜 <i>Citrullus lanatus</i> (Thunb.) Matsum. & Nakai	印度 India
wm240	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	南非 South Africa
wm241	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	南非 South Africa
wm242	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	南非 South Africa
wm243	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	南非 South Africa
wm244	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	北马其顿 North Macedonia
wm246	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	津巴布韦 Zimbabwe
wm247	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	津巴布韦 Zimbabwe
wm248	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	津巴布韦 Zimbabwe
wm249	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	津巴布韦 Zimbabwe

表 1(续)  
Table 1 (Continued)

材料编号 Material number	植物学分类 Botanical classification	来源 Source
wm250	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	津巴布韦 Zimbabwe
wm251	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	津巴布韦 Zimbabwe
wm252	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	津巴布韦 Zimbabwe
wm253	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	津巴布韦 Zimbabwe
wm254	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	津巴布韦 Zimbabwe
wm255	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	津巴布韦 Zimbabwe
wm256	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	津巴布韦 Zimbabwe
wm257	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	津巴布韦 Zimbabwe
wm258	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	津巴布韦 Zimbabwe
wm259	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	津巴布韦 Zimbabwe
wm260	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	津巴布韦 Zimbabwe
wm261	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	津巴布韦 Zimbabwe
wm262	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	津巴布韦 Zimbabwe
wm264	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	博茨瓦纳 Botswana
wm265	黏籽西瓜 <i>Citrullus mucosospermus</i> (Fursa) Fursa	马里 Mali
wm266	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	赞比亚 Zambia
wm267	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	赞比亚 Zambia
wm268	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	赞比亚 Zambia
wm269	栽培西瓜 <i>Citrullus lanatus</i> (Thunb.) Matsum. & Nakai	澳大利亚 Australia
wm270	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	赞比亚 Zambia
wm271	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	西班牙 Spain
wm272	栽培西瓜 <i>Citrullus lanatus</i> (Thunb.) Matsum. & Nakai	埃及 Egypt
wm273	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	斯威士兰 Eswatini
wm274	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	斯威士兰 Eswatini
wm275	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	斯威士兰 Eswatini
wm276	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	博茨瓦纳 Botswana
wm277	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	博茨瓦纳 Botswana
wm278	黏籽西瓜 <i>Citrullus mucosospermus</i> (Fursa) Fursa	刚果共和国 Democratic Republic of the Congo
wm279	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	博茨瓦纳 Botswana
wm281	栽培西瓜 <i>Citrullus lanatus</i> (Thunb.) Matsum. & Nakai	乍得 Chad
wm282	栽培西瓜 <i>Citrullus lanatus</i> (Thunb.) Matsum. & Nakai	乍得 Chad
wm283	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	南非 South Africa
wm284	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	南非 South Africa
wm286	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	南非 South Africa
wm287	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	南非 South Africa
wm288	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	南非 South Africa
wm289	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	南非 South Africa
wm290	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	俄罗斯 Russia
wm291	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	纳米比亚 Namibia
wm292	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	美国 America
wm293	饲用西瓜 <i>Citrullus amarus</i> Schrad.	中国 China
wm294	栽培西瓜 <i>Citrullus lanatus</i> (Thunb.) Matsum. & Nakai	中国 China

份);来自欧洲的3份(俄罗斯、西班牙和北马其顿各1份);来自北美洲的6份(美国);来自大洋洲的1份(澳大利亚)。

## 1.2 材料种植与表型调查

材料于2022年春季种植在焦作市马村区河南农业大学马村优质果蔬科教园区,先在穴盘进行育

苗,待幼苗长至3叶1心时定植在日光温室中。所有材料均采用随机区组的方式进行定植,每种材料种植8株,栽培方式为起垄栽培,每垄2行,行距1.6 m,每行定植16株,株距0.4 m,开花期进行人工授粉,管理方式按照常规西瓜栽培管理进行。在西瓜生长不同时期,对49个表型性状进行调查。

### 1.3 样本采集和液相芯片分析

在定植2周后,取植株的幼嫩叶片提取DNA,之后将DNA样品送到石家庄博瑞迪公司利用6K液相芯片进行测序。根据芯片测序结果,对89份野生西瓜材料进行群体结构分析。

### 1.4 数据分析

西瓜所有表型性状田间调查标准参考《西瓜种

质资源描述规范和数据标准》<sup>[26]</sup>进行统计、分级和赋值,描述型性状以0~9级进行记录并统计频率(表2),计算遗传多样性指数,数量性状参照张凯歌等<sup>[27]</sup>的方法,根据平均值( $\bar{X}$ )和标准差( $S$ )把数据分为10级,1级 $<(\bar{x}-2s)$ ,10级 $\geq(\bar{x}+2s)$ ,每0.5s为一级,统计各级分布频率。各个性状遗传多样性采用Shannon's 信息指数( $H'$ )进行评价,计算公式为 $H' = -\sum P_i \ln P_i$ ,式中: $P_i$ 为第*i*种变异类型出现的频率,ln为自然对数(表3)。采用Excel 2016统计各性状数据,并计算各数量性状的最大值、最小值、平均值、极差和变异系数。采用SPSS 24软件对各性状进行方差分析和相关性分析。利用VCF2Dis (<https://github.com/BGI-shenzhen/VCF2Dis>)和

表2 西瓜种质资源中描述型性状的分级描述

Table 2 Classification of descriptive traits in germplasm resources of watermelon

性状 Trait	分级 Classification									
	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9
雄花花瓣颜色 Male flower petal color		浅黄 Pale yellow	黄 Yellow	绿 Green						
柱头颜色 Stigma color		黄 Yellow	黄绿 Yellowgreen	绿 Green						
卷须 Tendrils	无 None	无杈 None branches	2杈 Two branches	多杈 Multi-branch						
子房形状 Ovary shape		圆形 Round	椭圆形 Oval	长椭圆形 Long oval						
子房茸毛 Ovary fuzz	无 None	少 Few	多 More							
叶片姿态 Leaf gesture		直立 Upright	平展 Flat	下垂 Nutant						
叶柄姿态 Petiole gesture		直立 Upright	半直立 Semi-upright	平伸 Flat						
叶片缺刻类型 Blade notch type	无 None	1对 One pair	2对 Two pairs	3对 Three pairs	4对 Four pairs					
果皮底色 Peel color		浅黄 Pale yellow	黄 Yellow	深黄 Dark yellow	绿白 Greenish white	浅绿 Pale green	黄绿 Yellow green	绿 Green	深绿 Dark green	墨绿 Blackish green
果皮覆纹形状 Peel covering shape		网条 Reticulated	齿条 Dentoid	条带 Strip-shaped	放射条 Actinomorphic	斑点 Punctate				
果皮覆纹颜色 Skin covering color	无 None	浅黄 Pale yellow	黄 Yellow	深黄 Dark yellow	浅绿 Pale green	绿 Green	深绿 Dark green	墨绿 Blackish green	白 White	
果肉颜色 Flesh color		白 White	乳白 Milky white	浅绿 Pale green	浅黄 Pale yellow	黄 Yellow	橙黄 Orange	粉红 Pink	桃红 Pinkish	红 Red
果实顶部形状 Fruit apex shape		尖 Pointy	平 Flat	凹 Concave						
果实基部形状 Fruit base shape		尖 Pointy	平 Flat	凹 Concave						
第一侧枝节位 First branch	无 None	第1节 First segment	第2节 Second segment	第3节 Third segment						
性型 Sexual type		两性花 Hermaphroditic flower	单性花 Unisexual flower	雌雄同株 Monoecious	雄花与两性花同株 Andromonoecy	雄花、雌花与两性花同株 Trimonoecious				

FastME 2.0 计算 89 份材料的遗传距离,并用 ITOL 绘制和优化进化树。利用 Plink 和 R 语言对 89 份材料进行主成分分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 表型性状遗传多样性分析

2.1.1 描述型性状遗传多样性分析 16 个描述型性状田间表型变异丰富(图 1),将其按照表 2 进行赋值并进行统计分析,结果见表 3。多样性指数变幅是 0.42~2.74,平均值为 1.28,其中 10 个性状(性型、子房形状、叶片姿态、叶柄姿态、叶片缺刻类型、果皮底色、果皮覆纹形状、果皮覆纹颜色、果肉颜色、果实基部形状)的多样性指数大于 1。多样性指数最高的是果肉颜色,白色(28.09%)所占比重最大,桃红色占比最小(1.12%)。果皮底色以绿白色(44.94%)为主,只有 1 份材料为黄色。果皮覆纹颜色以深绿色(33.71%)为主。而果皮覆纹形状主要是齿条(29.21%)和条带(25.84%),这些材料中有 22.47%的材料没有果皮覆纹。多数材料的果实基

部形状为平(62.92%),只有 1 份材料果实基部形状为尖。果实顶部形状有平(64.04%)和凹(35.96%)两类。大部分材料叶片姿态和叶柄姿态呈直立状态,分别为(69.66%)和(56.18%),4.49%的材料中叶片呈下垂姿态。叶片缺刻类型以 3 对缺刻(48.31%)和 4 对缺刻(50.56%)为主,只有 1 份材料叶片无缺刻。多数雄花花瓣颜色为黄色(85.39%),少数为浅黄色(11.24%),只有 3 份材料为绿色。柱头颜色以黄色(92.13%)为主,只有 2 份为黄绿色柱头(2.25%),5 份材料为绿色柱头(5.62%)。89 份材料中以雌雄同株(46.07%)和雄花与两性花同株(47.19%)为主,只有 6 份材料表现为雌花、雄花和雌雄同花都存在。多数材料第一侧枝从第 2 节位(87.64%)发出,少数材料从第 3 节位(12.36%)发出。多数材料的卷须分权类型为 2 杈(93.26%),少数材料为无杈(2.25%)和多杈(4.49%)。多数材料中子房形状为圆形(66.29%),少数材料为长椭圆形(4.49%)。多数材料子房茸毛多(64.04%),少数子房茸毛少(35.96%)。

表 3 89 份西瓜种质资源描述型性状频率分布及多样性  
Table 3 Frequency distribution a criptive traits of 89 watermelon germplasm resources

性状 Trait	频数 Frequency										多样性指数 $H'$ Diversity index $H'$	
	0	1	2	3	4	5	6	7	8	9		
雄花花瓣颜色 Male flower petal color		11.24	85.39	3.37								0.71
柱头颜色 Stigma color		92.13	2.25	5.62								0.47
卷须 Tendril		2.25	93.26	4.49								0.42
子房形状 Ovary shape		66.29	29.21	4.49								1.11
子房茸毛 Ovary fuzz		35.96	64.04									0.94
叶片姿态 Leaf gesture		69.66	25.84	4.49								1.07
叶柄姿态 Petiole gesture		56.18	21.35	22.47								1.43
叶片缺刻类型 Blade notch type	1.12			48.31	50.56							1.08
果皮底色 Peel color			1.12		44.94	19.10	10.11	14.61	10.11			2.12
果皮覆纹形状 Peel covering shape	22.47	12.36	29.21	25.84	6.74	3.37						2.31
果皮覆纹颜色 Skin covering color	22.47			1.12	5.62	24.72	33.71	10.11	2.25			2.27
果肉颜色 Flesh color		28.09	13.48	17.98	15.73	4.49	12.36	2.25	1.12	4.49		2.74
果实顶部形状 Fruit apex shape			64.04	35.96								0.94
果实基部形状 Fruit base shape		1.12	62.92	35.96								1.02
第一侧枝节位 First branch			87.64	12.36								0.54
性型 Sexual type				46.07	47.19	6.74						1.29



图1 不同西瓜种质资源丰富的田间表型

Fig. 1 Abundant field phenotypes of different watermelon germplasm resources

2.1.2 数量性状遗传多样性分析 对花、果实品质、株型和种子等相关的 33 个数量性状进行分析,结果如表 4 所示。供试 89 份材料中的 33 个数量性状多样性指数变幅为 2.25~3.00,平均值为 2.82,说明这些西瓜材料中的数量性状变异范围更大。

各个数量性状的变异系数介于 5.45%~72.59%之间,12 个数量性状的变异系数超过 30%,变异系数最大的是果实质量(72.59%),第一雌花节位次之(64.21%),然后依次为第一雄花节位(58.59%)、中心可溶性固形物含量(45.40%)、种子千粒重(44.44%)、果柄长度(41.71%)和边部可溶性固形物含量(39.60%)、果皮厚度(36.88%)、30 d 侧枝数(36.57%)、45 d 主蔓长度(33.51%)、果实长度(33.31%)、30 d 主蔓长度(31.87%)。其他 21 个数量性状的变异系数相对较小(5.45%~28.27%),其中

第一雌花节位(64.21%)、第一雄花节位(58.59%)和果实质量(72.59%)都超过了 50%,表明在这些材料中这 3 个数量性状可以进行遗传改良的潜力较大。

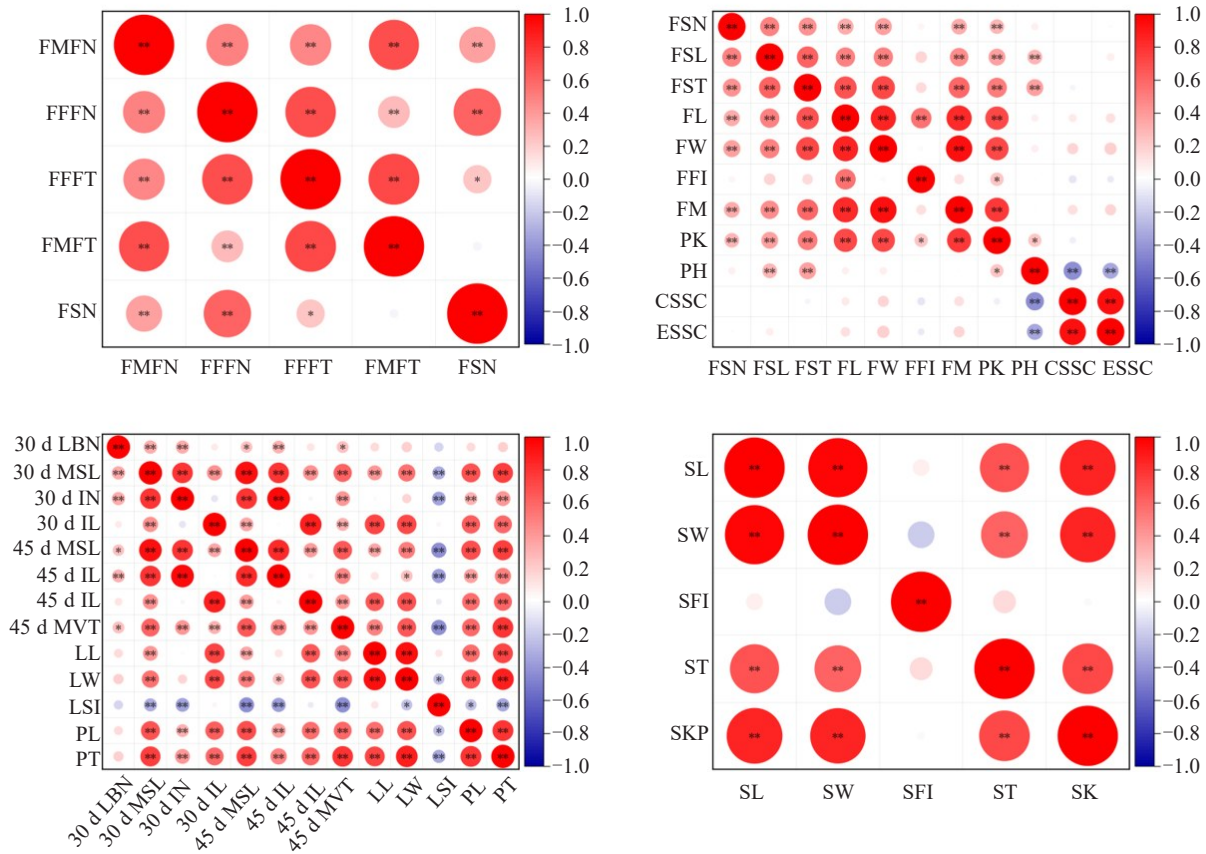
2.1.3 不同数量性状间的相关性分析 对 89 份西瓜材料的花、果实、株型和种子等性状进行相关性分析(图 2)。第一雌花节位、第一雄花节位、播种至第一雌花开放时间、播种至第一雄花开放时间互为极显著正相关;坐瓜节位与第一雌花节位、第一雄花节位、播种至第一雌花开放时间也呈现显著正相关。

坐瓜节位、果柄长度、果柄粗度、果实长度、果实宽度和果实质量之间互为极显著正相关;果柄长度、果柄粗度、果实长度、果实宽度、果实质量和果皮厚度之间同样互为极显著正相关;果皮硬度与果柄长度、果柄粗度和果肉厚度也呈极显著正相关;中心可溶性固形物含量和边部可溶性固形物含量呈极显著正相关,与果皮硬度呈极显著负相关。

表4 89份西瓜种质资源数量性状变异统计  
Table 4 Quantitative character variation statistics of 89 watermelon germplasm resources

性状 Trait	平均值 Mean	标准差 Standard deviation	最大值 Maximum	最小值 Minimum	极差 Range	变异系数 Variable coefficient/%	多样性系数 $H'$ Diversity index $H'$
第一雄花节位 First male flower node	6.37	3.75	25.33	2.80	22.53	58.59	2.25
第一雌花节位 First female flower node	16.01	10.34	42.00	2.00	40.00	64.21	2.69
播种至第一雌花开放时间 First female flower time/d	63.69	13.08	88.00	38.20	49.80	20.42	2.82
播种至第一雄花开放时间 First male flower time/d	53.85	6.78	79.00	42.60	36.40	6.97	2.64
坐瓜节位 Fruit-setting node	25.71	5.93	41.00	11.50	29.50	22.93	2.96
果柄长度 Fruit stalk length/cm	7.13	2.99	14.76	1.78	12.99	41.71	2.88
果柄粗度 Fruit stalk thickness/mm	6.85	1.40	10.06	3.12	6.94	20.35	2.93
果实长度 Fruit length/cm	14.05	4.71	29.77	4.20	25.57	33.31	2.90
果实宽度 Fruit width/cm	13.43	3.82	22.63	4.27	18.36	28.27	2.94
果形指数 Fruit shape index	1.04	0.18	1.89	0.75	1.14	16.99	2.31
果实质量 Fruit mass/g	1 691.65	1 234.91	5 917.50	46.67	5 870.83	72.59	2.64
果皮厚度 Pulp thickness/mm	12.82	4.76	32.39	3.67	28.72	36.88	2.72
果皮硬度 Pulp hardness/(N·cm <sup>2</sup> )	16.99	4.37	27.49	5.88	21.61	25.56	2.96
中心可溶性固形物含量 Central soluble solid content/%	3.97	1.81	10.82	1.30	9.52	45.40	2.44
边部可溶性固形物含量 Edge soluble solid content/%	3.76	1.50	9.17	1.30	7.87	39.60	2.68
30 d 侧枝数 30 d Lateral branch number	6.29	2.31	12.20	1.67	10.53	36.57	2.91
30 d 主蔓长度 30 d Main stem length/cm	144.94	46.45	229.30	19.54	209.76	31.87	2.87
30 d 节间数 30 d Internode number	23.72	4.87	32.40	11.40	21.00	20.42	2.95
30 d 节间长度 30 d Internode length/cm	21.59	4.61	30.90	8.42	22.48	21.24	2.98
45 d 主蔓长度 45 d Main stem length/cm	259.27	87.38	392.90	32.75	360.15	33.51	2.87
45 d 节间数 45 d Internode number	32.83	6.32	42.25	13.60	28.65	19.13	2.69
45 d 节间长度 45 d Internode length/cm	23.41	5.19	39.90	9.56	30.34	22.05	2.99
45 d 主蔓粗度 45 d Main vine thickness/mm	5.74	1.17	8.44	2.82	5.62	20.33	2.78
叶片长度 Leaf length/cm	16.94	3.36	24.30	7.73	16.57	19.70	2.92
叶片宽度 Leaf width/cm	15.31	3.00	20.86	6.73	14.13	19.49	2.88
叶形指数 Leaf shape index	1.11	0.08	1.31	0.93	0.38	7.44	3.00
叶柄长度 Petiole length/cm	11.00	3.02	19.11	4.66	14.45	27.31	2.97
叶柄粗度 Petiole thickness/mm	4.80	0.89	6.71	2.44	4.27	18.51	2.96
种子长度 Seed length/mm	11.35	2.26	18.51	6.32	12.19	19.79	2.90
种子宽度 Seed width/mm	6.79	1.41	11.40	3.92	7.49	20.58	2.95
种形指数 Seed shape index	1.68	0.09	1.88	1.46	0.42	5.45	2.99
种子厚度 Seed thickness/mm	2.64	0.39	3.76	1.60	2.16	14.84	2.92
种子千粒重 Seed-1000-kernel mass/g	119.11	53.24	283.33	14.00	269.33	44.44	2.79





注:FMFN:第一雄花节位;FFFN:第一雌花节位;FFFT:播种至第一雌花开放时间;FMFT:播种至第一雄花开放时间;FSN:坐瓜节位;FSL:果柄长度;FST:果柄粗度;FL:果实长度;FW:果实宽度;FFI:果形指数;FM:果实质量;PK:果皮厚度;PH:果皮硬度;CSS:中心可溶性固形物含量;ESSC:边部可溶性固形物含量;30 d LBN:30 d 侧枝数;30 d MSL:30 d 主蔓长度;30 d IN:30 d 节间数;30 d IL:30 d 节间长度;45 d MSL:45 d 主蔓长度;45 d IL:45 d 节间数;45 d IL:45 d 节间长度;45 d MVT:45 d 主蔓粗度;LL:叶片长度;LW:叶片宽度;LSI:叶形指数;PL:叶柄长度;PT:叶柄粗度;SL:种子长度;SW:种子宽度;SF:种形指数;ST:种子厚度;SKP:种子千粒重。

\*和\*\*分别表示在 0.05 水平差异显著和在 0.01 水平差异极显著。

Note: FMFN: First male flower node; FFFN: First female flower node; FFFT: First female flower time; FMFT: First male flower time; FSN: Fruit-setting node; FSL: Fruit stalk length; FST: Fruit stalk thickness; FL: Fruit length; FW: Fruit width; FFI: Fruit shape index; FM: Fruit mass; PK: Pulp thickness; PH: Pulp hardness; CSSC: Central soluble solid content; ESSC: Edge soluble solid content; 30 d LBN: 30 d Lateral branch number; 30 d MSL: 30 d Main stem length; 30 d IN: 30 d Internode number; 30 d IL: 30 d Internode length; 45 d MSL: 45 d Main stem length; 45 d IL: 45 d Internode number; 45 d IL: 45 d Internode length; 45 d MVT: 45 d Main vine thickness; LL: Leaf length; LW: Leaf width; LSI: Leaf shape index; PL: Petiole length; PT: Petiole thickness; SL: Seed length; SW: Seed width; SFI: Seed shape index; ST: Seed thickness; SKP: Seed-1000-kernel mass.

\* represented significant correlation( $p<0.05$ )and \*\* represented extremely significant correlation( $p<0.01$ ).

图2 不同数量性状间的相关性热图

Fig. 2 Correlation heat maps of different quantitative traits

在供试 89 份材料中,30 d 侧枝数与 30 d 主蔓长度、30 d 节间数、45 d 节间长度、45 d 主蔓长度和 45 d 主蔓粗度均呈极显著正相关。30 d 主蔓长度与 30 d 节间数、30 d 节间长度、45 d 节间长度、45 d 主蔓长度和 45 d 主蔓粗度、叶片长度、叶片宽度、叶柄长度和叶柄粗度均呈极显著正相关,而与叶形指数呈极显著负相关。节间数与叶柄长度、叶柄粗度呈极显著正相关;30 d 和 45 d 节间长度均与 30 d 和 45 d 主蔓长度、45 d 主蔓粗度、叶片长度、叶片宽

度、叶柄长度和叶柄粗度均呈极显著正相关;叶片长度、叶片宽度、叶柄长度和叶柄粗度互呈极显著正相关。

## 2.2 基于液相芯片的群体结构分析

笔者实验室开发的 6K 西瓜液相芯片上共含有 6103 个 SNP 位点,均匀分配在各条染色体上。对 89 份西瓜材料进行 SNP 位点检测并进行群体结构分析,总计获得了 60.2 Gb 的原始数据,质控后得到 53.1 Gb 的数据,raw\_reads 数为 401.3 Mb,质控后

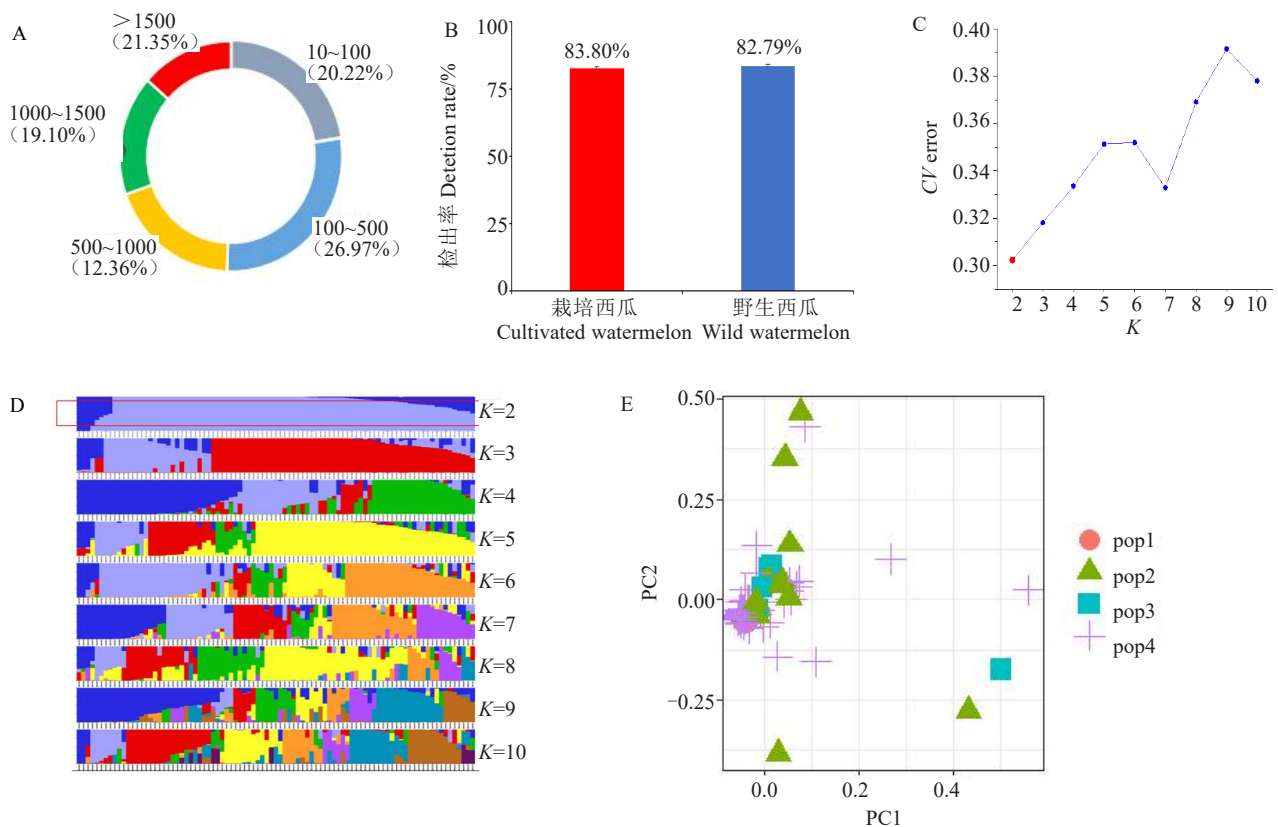
clean\_reads 数为 399.7 Mb, 比对到参考基因组上的 reads 数为 332.4 Mb, 平均比率为 82.97%, 平均测序深度为 923.7 X, 其中 52.81% 的样本测序深度超过 500 X (图 3-A)。

89 份材料中, 栽培西瓜的平均检出率为 83.8%, 而野生西瓜的平均检出率为 82.79% (图 3-B)。使用 Admixture46 对 89 份材料的群体结构进行调查, 检测 2~10 个聚类数。当 K=2 时 CV 误差值最低 (图 3-C~D), 这表明 89 份材料中最佳亚群数为 2。在 K=2 时, 这些材料可以非常显著地分为 2 个亚群, 亚群 1 包括 4 个来自非洲南部津巴布韦和博茨瓦纳的饲用西瓜, 1 个来自非洲中部刚果民主共和国的黏籽西瓜, 2 个分别来自非洲东北部埃塞俄比亚和苏丹的栽培种, 1 个来自美国的栽培种; 亚群 2 包括 59 个饲用西瓜, 4 个药西瓜, 4 个黏籽西瓜, 14 个栽培西瓜。药西瓜和饲用西瓜来源于

同一个祖先, 药西瓜、饲用西瓜亲缘关系更近。主成分分析 (PCA) (图 3-E) 和系统发育树 (图 4) 结果与前述群体结构分析结果基本一致, 药西瓜和饲用西瓜聚类更集中, 亲缘关系更近。

### 3 讨论与结论

笔者对 89 份西瓜种质资源进行田间性状调查以及基于液相芯片的遗传多样性分析, 更加全面地阐述了西瓜不同亚种间的遗传多样性。在本研究中, 89 份西瓜材料的 49 个表型性状 Shannon 多样性指数的变化范围是 0.42~3.00, 平均值为 2.32, 其中质量性状平均值为 1.28, 数量性状为 2.82; 33 个数量性状的变异系数变化范围为 5.45%~72.59%, 平均值为 28.00%, 有 12 个数量性状的变异系数超过 30%。在纪海波<sup>[28]</sup>的研究中, 果皮斑纹性状、单果质量、果皮厚度和果实质地等性状的变异系数较



注: (A) 89 份西瓜材料的测序深度; (B) 栽培西瓜和野生西瓜的检出率; (C) CV 误差值; (D) 89 份材料的群体结构; (E) 89 份材料的主成分分析。(球形代表药西瓜, 三角形代表栽培西瓜, 正方形代表黏籽西瓜, 十字形代表饲用西瓜。)

Note: (A) The sequencing depth of 89 watermelon accessions; (B) The detection rate of *Citrullus lanatus* accessions and non-*Citrullus lanatus* accessions; (C) The CV error by Admixture test; (D) The population structure of 89 accessions; (E) Principal component analysis of 89 materials. [The ball represents *Citrullus colocynthis* (L.) Schrad., the triangle represents *Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. & Nakai, the square represents *Citrullus mucosopermus* (Fursa) Fursa, and the cross represents *Citrullus amarus* Schrad.]

图 3 89 份材料的群体结构分析  
Fig. 3 Population structure analysis of 89 materials

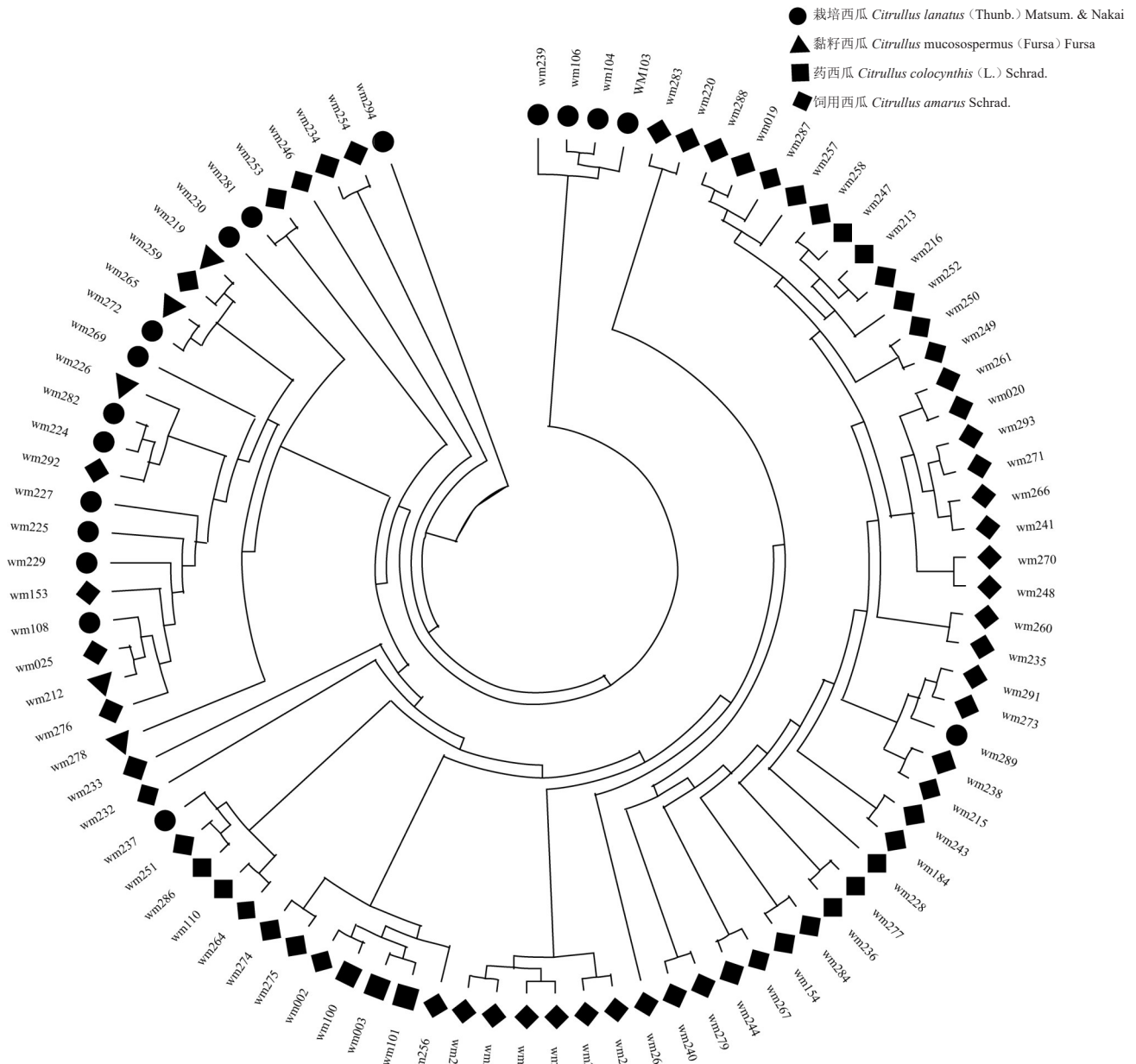


图4 89份材料的系统发育树  
Fig. 4 Phylogenetic trees of 89 materials

大,分别为 37.72%、52.63%和 33.55%。潘存祥等<sup>[29]</sup>对国内外 783 份西瓜材料的 24 个表型性状进行了遗传多样性研究,24 个表型性状的平均变异系数为 31.19%,其中第一雌花节位最小(0.48%)。郭禄芹等<sup>[21]</sup>研究发现,边部可溶性固形物含量的变异系数最大,为 90.73%,中心可溶性固形物含量、果柄长度、果实质量、果皮厚度的变异系数分别为 88.52%、58.68%、49.84%和 36.54%。在前人的研究中,果皮覆纹、果实质量、果实厚度、中心可溶性固形物含量等性状变异系数大,在材料中多样性丰富,本研究中相关性状与其较一致,但是本研究中第一雄花节

位和第一雌花节位变异系数分别为 64.21%和 58.59%,比前人研究结果更丰富。

相较于前人利用 SSR 标记从分子层面揭示西瓜种质资源多样性<sup>[21-30]</sup>,笔者运用西瓜 SNP 液相芯片对西瓜进行分析,通过基因芯片测序后的遗传多样性分析、主成分分析、群体结构分析,发现药西瓜和饲用西瓜亲缘关系更近,栽培西瓜次之,这与前人的研究结果也一致<sup>[31]</sup>。亚群 1 包括 4 个非洲南部的饲用西瓜,1 个来自非洲中部刚果民主共和国的黏籽西瓜,2 个来自非洲东北部埃塞俄比亚和苏丹的栽培种,1 个来自美国的栽培种,亚群体 2 包括

59个饲用西瓜,4个药西瓜,4个黏籽西瓜,14个栽培西瓜。西瓜起源于苏丹的达尔富尔地区<sup>[10,32]</sup>,在之前的报道中西瓜的传播路径之一就是从海上传播到美洲<sup>[33-35]</sup>,亚群1的几份材料亲缘关系更近,且分布在非洲中部、非洲南部和美国,与新航路的开辟以及16世纪的三角贸易路线一致,也可以作为该传播路径的一个佐证。亚群2中,非洲的饲用西瓜和药西瓜和一些栽培西瓜来自同一个祖先,早期西瓜传播是在陆地上向北传播。笔者的调查性状包括花、果实、种子等相关性状,还调查了侧枝数、第一侧枝节位、叶片姿态和主蔓长度等株型相关性状,与前人研究相比,调查性状更为全面丰富,涉及了西瓜从开花到结果的多个性状。变异系数最大的是果实质量(72.59%),其次为第一雌花节位(64.21%),然后依次为第一雄花节位(58.59%)、中心可溶性固形物含量(45.40%)、种子千粒重(44.44%)、果柄长度(41.71%)和边部可溶性固形物含量(39.60%)、果皮厚度(36.88%)、30 d侧枝数(36.57%)、45 d主蔓长度(33.51%)、果实长度(33.31%)、30 d主蔓长度(31.87%)。

本试验中的89份西瓜材料来源多样,包含了不同国家和地区的野生种、栽培种等材料,说明不同来源的西瓜以及野生西瓜变异范围更大,这对从多样性的种质资源中筛选优异性状基因以及品种改良具有重要意义。数量性状相关性分析发现第一雌花节位和第一雌花开花时间与坐瓜节位呈极显著正相关,且变异系数较大,西瓜的早熟和提前上市有密切联系,本研究中的材料可为早熟西瓜育种提供材料基础;果柄长度和粗度与果实质量、果实大小、果皮硬度也呈显著正相关,长而粗壮的果柄可以减少掉果,有利于果实采摘、运输和贮存。笔者发现药西瓜发育迟缓,整体都较普通品种缓慢,但抗病性远强于其他品种,这对研究西瓜抗逆性具有重要意义,也为西瓜抗逆育种提供了重要基础。同时笔者通过精准的形态学鉴定结合高效液相芯片,更加快速准确地分析了西瓜的遗传多样性,为今后西瓜遗传多样性分析、优异基因挖掘、优异种质资源筛选提供了新方向。

89份西瓜种质资源遗传多样性丰富,育种潜力巨大。在西瓜育种时,可以结合液相芯片快速选育,对侧枝数、主蔓长度等株型相关性状进行轻简化栽培改良,在选育早熟高产品种时,要注重第一雌花节位、第一雄花节位、果实质量、果柄长度等性状的改良。

## 参考文献

- [1] LEVI A, THOMAS C E, KEINATH A P, et al. Estimation of genetic diversity among *Citrullus* accessions using RAPD markers[J]. HortScience, 2000(510):385-390.
- [2] 何楠,赵胜杰,路绪强,等.河南省西瓜产业现状、存在问题与发展建议[J].中国瓜菜,2020,33(3):66-69.
- [3] 王铭,刘江,王长彪,等.109份西瓜育种材料果实性状的遗传多样性分析[J].中国瓜菜,2020,33(10):23-28.
- [4] 蒋举卫,薛红霞,宋晓飞,等.109份黄瓜种质资源主要农艺性状分析[J].河北农业大学学报,2018,41(1):38-43.
- [5] 吴超,林巧奇,秦德辉,等.切花百合种质资源表型性状遗传多样性分析[J].分子植物育种,2016,14(5):1300-1308.
- [6] 李晓慧,赵卫星,康利允,等.小果型西瓜耐低温弱光种质资源遗传多样性的SSR分析[J].山东农业科学,2022,54(8):39-45.
- [7] 栾非时,闫令文,刘树森,等.西瓜种质资源背景选择标记筛选及遗传多样性分析[J].东北农业大学学报,2021,52(7):19-32.
- [8] 张慕月.基于SSR标记和表型性状的西瓜种质资源遗传多样性分析[D].哈尔滨:东北农业大学,2018.
- [9] 高宁宁,李晓慧,康利允,等.西瓜抗病毒病种质资源SSR分子标记及其遗传多样性分析[J].分子植物育种,2022,20(4):1239-1249.
- [10] GUILLAUME C, SUSANNE S R. Watermelon origin solved with molecular phylogenetics including Linnaean material: Another example of museumics[J]. New Phytologist, 2015, 205(2):526-532.
- [11] ZAMIR D, NAVOT N, RUDICH J. Enzyme polymorphism in *Citrullus lanatus*, and *C. colocynthis* in israel and sinai[J]. Plant Systematics and Evolution, 1984, 146(3/4):163-170.
- [12] 朱国忠.基于转录组测序和SNP芯片开展棉花耐盐特征分析[D].南京:南京农业大学,2017.
- [13] 李式昭,王琴,郑建敏,等.利用基因芯片分析西南麦区主栽小麦品种川麦104的遗传构成[J].麦类作物学报,2021,41(6):665-672.
- [14] ARORA S, STEUERNAGEL B, GAURAV K, et al. Resistance gene cloning from a wild crop relative by sequence capture and association genetics[J]. Nature Biotechnology, 2019, 37(2):139-143.
- [15] WASCHER F L, STRALIS-PAVESE N, MCGRATH J M, et al. Genomic distances reveal relationships of wild and cultivated beets[J]. Nature Communications, 2021, 13(1). <https://doi.org/10.1038/s41467-022-29676-9>.
- [16] CHAO J Q, WU S H, SHI M J, et al. Genomic insight into domestication of rubber tree[J]. Nature Communications, 2023, 14(1):4651.
- [17] HAN X, ZHANG Y L, ZHANG Q, et al. Two haplotype-resolved, gap-free genome assemblies of *Actinidia latifolia* and *Actinidia chinensis* shed light on regulation mechanisms of vitamin C and sucrose metabolism in kiwifruit[J]. Molecular Plant, 2022, 16(2):452-470.
- [18] 姚冬霞.棉花应答盐胁迫和干旱胁迫的基因芯片表达谱和小RNA测序数据分析[D].北京:中国农业大学,2015.

- [19] REN Y, GUO S G, ZHANG J, et al. A tonoplast sugar transporter underlies a sugar accumulation QTL in watermelon[J]. *Plant Physiology*, 2018, 176(1):836-850.
- [20] 纪海波, 张玉鑫, 李玉明, 等. 西瓜种质资源主要性状的表型多样性[J]. *西北农林科技大学学报(自然科学版)*, 2013, 41(8): 155-160.
- [21] 郭禄芹, 赵世豪, 朱华玉, 等. 167份西瓜种质材料的遗传多样性分析[J]. *中国瓜菜*, 2018, 31(1):5-11.
- [22] 刘柳, 南宇航, 沙彤芸, 等. 西瓜种质资源对枯萎病和白粉病的抗性评价[J]. *北方园艺*, 2018(11):43-49.
- [23] 高宁宁, 李晓慧, 康利允, 等. 基于 SRAP 分子标记的 51 份西瓜抗、感病毒病种质资源遗传多样性分析[J]. *南方农业学报*, 2021, 52(5): 1174-1182.
- [24] 康保珊, 段曼曼, 彭斌, 等. 西瓜品种资源抗细菌性果斑病苗期鉴定[J]. *植物保护学报*, 2022, 49(2): 547-552.
- [25] 易丽聪, 王运强, 焦春海, 等. 基于 SNP 标记的西瓜种质资源遗传多样性分析[J]. *中国瓜菜*, 2020, 33(12):8-13.
- [26] 马双武, 刘君璞. 西瓜种质资源描述规范和数据标准[M]. 北京: 中国农业出版社, 2005.
- [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] 纪海波. 西瓜种质资源表型多样性研究[D]. 兰州: 甘肃农业大学, 2013.
- [29] 潘存祥, 许勇, 纪海波, 等. 西瓜种质资源表型多样性及聚类分析[J]. *植物遗传资源学报*, 2015, 16(1):59-63.
- [30] 赵胜杰, 周灵焱, 尚建立, 等. 基于 SSR 标记的中国西瓜地方品种资源遗传多样性分析[J]. *江苏农业科学*, 2016, 44(9): 61-63.
- [31] RENNER S S, WU S, PEREZ-ESCOBAR O A, et al. A chromosome-level genome of a Kordofan melon illuminates the origin of domesticated watermelons[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2021, 118(23):e2101486118.
- [32] WU S, WANG X, REDDY U, et al. Genome of “Charleston Gray”, the principal american watermelon cultivar, and genetic characterization of 1365 accessions in the US national plant germplasm system watermelon collection[J]. *Plant Biotechnology Journal*, 2019, 17(12):2246-2258.
- [33] CARNEY J A. African rice in the Columbian exchange[J]. *Journal of African History*, 2001, 42(3):377-396.
- [34] DANE F, LIU J R. Diversity and origin of cultivated and citron type watermelon (*Citrullus lanatus*) [J]. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 2007, 54(6):1255-1265.
- [35] SOUSA E C, RAIZADA M N. Contributions of african crops to american culture and beyond: The slave trade and other journeys of resilient peoples and crops[J]. *Frontiers in Sustainable Food Systems*, 2020, 4:586340.