

西瓜果肉维生素 C 含量遗传多样性 及全基因组关联分析

吕爽¹, 郭宇^{1,2}, 梁晓雪^{1,2}, 刘宝生¹, 曹洁¹, 刘秀杰³, 王紫莹¹,
张涵棋¹, 高越³, 刘继秀³, 赵文³, 姜亚艳⁴, 高美玲^{1,2}

(1. 齐齐哈尔大学生命科学与农林学院 黑龙江齐齐哈尔 161006; 2. 黑龙江省抗性基因工程与寒地生物多样性保护重点实验室 黑龙江齐齐哈尔 161006; 3. 齐齐哈尔农业技术推广中心 黑龙江齐齐哈尔 161006;
4. 黑龙江省农业广播电视学校安达市分校 黑龙江安达 151400)

摘要:以 53 份不同西瓜种质为材料,测定果肉中心与边缘的维生素 C 含量,并开展遗传多样性分析及全基因组关联分析。结果表明,果肉中心维生素 C 含量范围为 0.00~23.57 mg·100 g⁻¹,边缘为 0.00~17.73 mg·100 g⁻¹,遗传多样性指数分别为 1.36 和 1.73,表明供试材料在该性状上具有较丰富的遗传变异。全基因组关联分析共检测到 4 个与果肉中心维生素 C 含量显著相关的 SNP 位点簇,分别分布于 7、9、10 和 11 号染色体;检测到 2 个与果肉边缘维生素 C 含量显著相关的 SNP 位点簇,分别位于 6 和 7 号染色体。其中,7 号染色体在中心和边缘维生素 C 含量性状中均检测到显著关联信号,且存在一个约 11 kb 的重叠区间,推测该重叠区间可能含有调控西瓜果肉维生素 C 含量的关键候选基因。本研究结果为后续维生素 C 合成相关基因的精细定位、功能解析及分子育种提供了重要依据。

关键词:西瓜;维生素 C;遗传多样性;全基因组关联分析

中图分类号:S651

文献标志码:A

文章编号:1673-2871(2026)07-047-07

Genetic diversity and genome-wide association analysis of vitamin C content in watermelon fruit

Lü Shuang¹, Guo Yu^{1,2}, Liang Xiaoxue^{1,2}, Liu Baosheng¹, Cao Jie¹, Liu Xiujie³, Wang Ziyang¹, Zhang Hanqi¹, Gao Yue³, Liu Jixiu³, Zhao Wen³, Jiang Yayan⁴, Gao Meiling^{1,2}

(1. College of Life Sciences, Agriculture and Forestry, Qiqihar University, Qiqihar 161006, Heilongjiang, China; 2. Heilongjiang Key Laboratory of Resistance Gene Engineering and Biodiversity Conservation in Cold Regions, Qiqihar 161006, Heilongjiang, China; 3. Qiqihar Agricultural Technology Extension Center, Qiqihar 161006, Heilongjiang, China; 4. Anda Branch, Heilongjiang Agricultural Radio and Television School, Anda 151400, Heilongjiang, China)

Abstract: Using 53 distinct watermelon germplasm resources as test materials, the vitamin C content in the center and edge of the flesh was measured, and performed genetic diversity analysis as well as genome-wide association study (GWAS). The results showed that the vitamin C content in the central flesh ranged from 0.00 to 23.57 mg·100 g⁻¹, while that in the marginal flesh varied from 0.00 to 17.73 mg·100 g⁻¹. The genetic diversity indices were 1.36 and 1.73, respectively, indicating abundant genetic variation for this trait among the tested germplasm resources. Genome-wide association analysis detected a total of four SNP clusters significantly associated with vitamin C content in the center flesh, which are located on chromosomes 7, 9, 10, and 11; Two SNP clusters linked to vitamin C content in the marginal flesh were detected on chromosomes 6 and 7. Notably, significant association signals for both central and marginal flesh vitamin C content were detected on chromosome 7, with an overlapping interval of approximately 11 kb. It is speculated that this overlapping region may harbor key candidate genes regulating vitamin C accumulation in watermelon flesh. The findings of this study provide a valuable foundation for fine mapping, functional characterization of genes involved in vitamin C biosynthesis, and molecular breeding of watermelon.

Key words: Watermelon; Vitamin C; Genetic diversity; Genome-wide association study

收稿日期:2026-01-26;修回日期:2026-04-19

基金项目:国家自然科学基金面上项目(32272738);黑龙江省自然科学基金联合基金重点项目(ZL2024C027);黑龙江省省属高等学校基本科研业务费自然科学基金类科研创新平台专项(145409450);黑龙江省“双一流”学科协同创新成果项目(LJGXCG2025-F26)

作者简介:吕爽,女,在读硕士研究生,研究方向为园艺作物种质资源创新与生物技术高效育种。E-mail:1632052553@qq.com

通信作者:高美玲,女,教授,主要从事西瓜、甜瓜分子育种及遗传改良研究。E-mail:gaomeiling0539@163.com

维生素 C 具有参与人体物质的合成、代谢、免疫等作用,是人体必需的营养素之一,适当补充维生素 C,有助于促进人体铁、锌等多种微量元素的吸收。天然维生素 C 与合成维生素 C 产品相比,富含多种生物活性物质,具有出色的抗氧化、增强免疫力、抵抗慢性疾病的能力^[1]。

西瓜(*Citrullus lanatus* L.)是葫芦科西瓜属一年生蔓生藤本植物,果肉甘甜多汁,呈浓红、淡红、黄或白色。根据联合国粮食及农业组织(FAO)统计,2024 年我国西瓜产量为 6351 万 t,占世界西瓜总产量的 60%以上,是全球最大的西瓜生产和消费国^[2]。此外,凭借纬度跨度大的地理优越性和大棚栽培技术的迅速发展,我国已实现西瓜的周年供应。不同果肉颜色的西瓜果实,其番茄红素、 β -胡萝卜素、瓜氨酸及维生素 C 等营养品质含量存在差异,红色果肉西瓜是番茄红素与维生素 C 的优质来源^[3]。西瓜除不含脂肪和胆固醇外,几乎含有人体所需的各种营养成分,具备极高的营养保健潜力及多种药用价值,直接食用即可被人体吸收并产生保健作用,是良好的天然维生素 C 来源。北京地区常见的 5 个西瓜品种维生素 C 含量在 2.98~5.72 mg·100 g⁻¹ 之间,其中小甜王最高^[4]。关于植物果实在生长过程中维生素 C 含量的变化已有诸多报道,杏的维生素 C 含量在幼果期、成熟期较高,硬核期较低;嘉平

大枣维生素 C 含量的变化规律则相反^[5-6]。

目前,果肉维生素 C 含量的研究主要集中在不同种质资源的鉴定评价与变化规律等方面^[7],关于西瓜维生素 C 含量的遗传位点挖掘尚未见报道。鉴于此,笔者以 53 份西瓜种质资源为试验材料,测定果肉中心和边缘的维生素 C 含量,并进行遗传多样性分析和全基因组关联分析,挖掘与西瓜果肉维生素 C 含量显著关联的 SNP 位点,以期推测调控西瓜维生素 C 含量的代谢基因与定向遗传改良提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

选取 53 份纯合的西瓜品系作为研究材料,具体信息见表 1。

1.2 试验设计

2024 年 4 月,将 53 份西瓜种质资源材料种植于齐齐哈尔市园艺研究所试验基地的塑料大棚,试验采取随机区组设计,设置 3 次生物学重复,每份材料种植 4 株,行距 55 cm,株距 40 cm。采取单蔓整枝,整枝后吊主蔓,每株在第二雌花处留瓜,进行严格的自交授粉。在授粉 30 d 后采收成熟的西瓜果实,分别准确称取西瓜果肉中心与边缘组织(图 1),用于测定西瓜果肉中心与边缘维生素 C 含量。

表 1 53 份西瓜种质资源名称与来源
Table 1 Name and source of 53 watermelon germplasm resources

序号 No.	实验室编号 Accession ID	资源名称 Resource name	来源 Source	序号 No.	实验室编号 Accession ID	资源名称 Resource name	来源 Source
1	GWAS-2	郑引 05 号 Zhengyin No. 05	意大利 Italy	28	GWAS-90	早熟西瓜 Zaoshuxigua	中国河南 Henan, China
2	GWAS-3	波兰 Poland	波兰 Poland	29	GWAS-101	曼谷西瓜-1 Manguxigua-1	泰国 Thailand
3	GWAS-6	神武早-e Shenwuzao-e	日本 Japan	30	GWAS-110	PI476330-2	中国河南 Henan, China
4	GWAS-9	桂引 6 号 Guiyin No. 6	中国广西 Guangxi, China	31	GWAS-113	枕头西瓜 Zhentouxigua	突尼斯 Tunisia
5	GWAS-10	HS-10	中国海南 Hainan, China	32	GWAS-116	Sugarlee	中国陕西 Shaanxi, China
6	GWAS-11	G--1/ND3-15	日本 Japan	33	GWAS-117	鸡头黑西瓜 Jitouheixigua	中国上海 Shanghai, China
7	GWAS-14	红籽美早-1 Hongzimeizao-1	中国河南 Henan, China	34	GWAS-118	久比利选 Jiubilixuan	中国河南 Henan, China
8	GWAS-17	长灰 Changhui	中国新疆 Xinjiang, China	35	GWAS-121	籽瓜 GN-1 Zigua GN-1	中国甘肃 Gansu, China
9	GWAS-18	郑抗 1 号-5 Zhengkang No. 1-5	中国河南 Henan, China	36	GWAS-133	北京野生 Beijing Yesheng	中国北京 Beijing, China
10	GWAS-20	郑资 37 号 Zhengzi No. 37	中国河南 Henan, China	37	GWAS-145	吉利-3 Jili-3	中国甘肃 Gansu, China

表 1 (续)
Table 1 (Continued)

序号 No.	实验室编号 Accession ID	资源名称 Resource name	来源 Source	序号 No.	实验室编号 Accession ID	资源名称 Resource name	来源 Source
11	GWAS-25	金兰 Jinlan	中国台湾 Taiwan, China	38	GWAS-147	籽瓜 SWBB-01 (黑大片) ZiguaSWBB- 01 (heida- pian)	中国新疆 Xinjiang, China
12	GWAS-27	郑资 107 号 Zhengzi No. 107	中国河南 Henan, China	39	GWAS-148	黑中片 Heizhongpian	中国新疆 Xinjiang, China
13	GWAS-28	西班牙 Xibanya	西班牙 Spain	40	GWAS-149	新农黑小籽 1 号 Xinnongheixiaozi No. 1	中国新疆 Xinjiang, China
14	GWAS-30	郑资 017 号 Zhengzi No. 017	中国河南 Henan, China	41	GWAS-151	新疆红籽 9 号 (红小片) Xinjianghongzi No. 9 (hongxiaopian)	中国新疆 Xinjiang, China
15	GWAS-35	法国西瓜长 Faguo xiguachang	法国 France	42	GWAS-153	21	中国黑龙江 Heilongjiang, China
16	GWAS-38	抗病西瓜-1 Kangbingxigua-1	中国河南 Henan, China	43	GWAS-155	31	中国黑龙江 Heilongjiang, China
17	GWAS-40	郑引 28 号(084 ♂-2) Zhengyin No. 28 (084 ♂-2)	美国 America	44	GWAS-161	51	中国黑龙江 Heilongjiang, China
18	GWAS-43	郑引 15 号(159 ♀) Zhengyin No. 15 (159 ♀)	美国 America	45	GWAS-164	20 板叶 20 Banye	中国黑龙江 Heilongjiang, China
19	GWAS-48	郑引 27 号 Zhengyin No. 27	美国 America	46	GWAS-183	PI255137-S9	南非 South Africa
20	GWAS-54	郑引 05 号 Zhengyin No. 5	意大利 Italy	47	GWAS-185	PI271769-S9	南非 South Africa
21	GWAS-56	郑资 21 号 Zhengzi No. 21	中国河南 Henan, China	48	GWAS-186	PI271773-S9	南非 South Africa
22	GWAS-57	呼图壁早熟 Hutubizaoshu	中国新疆 Xinjiang, China	49	GWAS-191	PI596666-S9	南非 South Africa
23	GWAS-68	小钢皮 Xiaogangpi	中国安徽 Anhui, China	50	GWAS-206	PI207471-S9	阿富汗 Afghanistan
24	GWAS-69	I-a	日本 Japan	51	GWAS-213	PI385964-S9	肯尼亚 Kenya
25	GWAS-78	玉山 Yushan	中国江西 Jiangxi, China	52	GWAS-216	PI593345-S9	中国上海 Shanghai, China
26	GWAS-85	PI508446-2	美国 America	53	GWAS-220	PI612468-S9	韩国 Republic of Korea
27	GWAS-88	Sweet meat	美国 America				

1.3 方法

1.3.1 维生素 C 含量测定 参考《果蔬采后生理生化实验指导》^[8],采用 2,6-二氯酚酚滴定法测定维生素 C 含量。

1.3.2 遗传多样性分析 对 53 份西瓜果肉的维生素 C 含量开展数量性状遗传多样性分析,分别计算最大值、最小值、平均值、标准差和多样性指数。依据平均数 $\bar{x}$ 、标准差 s 把数量性状分为 10 个等级 X_1 至 X_{10} ,第 1 级 $X_1 < (\bar{x} - 2s)$,第 10 级 $X_{10} \geq (\bar{x} + 2s)$,每

0.5 s 是 1 个等级,利用每组的相对频率计算遗传多样性指数(H')。 $H' = -\sum P_i \times \ln P_i$,式中, P_i 是某性状第 i 个等级的出现频率, $\ln$ 是自然对数。使用 Graph-Pad Prism 软件对数据进行统计分析和作图。

1.3.3 样本测序及 SNP 标记检测 利用改良后的 CTAB 法提取 53 份种质材料的基因组 DNA,并检测基因组 DNA 浓度,将质检合格的基因组 DNA 送至广州基迪奥生物科技有限公司进行全基因组重测序及 GWAS 分析。将基因组 DNA 使用相对应



图 1 西瓜果肉纵切面中心与边缘取样图
Fig. 1 Diagram of sampling of watermelon flesh from center to edge

酶打断成短 DNA 片段,经末端修复后添加接头,构建纯化后的 DNA 文库。将合格文库使用 NovaSeq X Plus 测序仪上机测序,采用 PE 150 测序策略,平均测序深度为 15.1×。待原始数据下机后进行过滤,去除 adapter、含有未知核苷酸(N)大于等于 10%的 Reads 以及低质量的 Reads。

使用 BWA 比对软件,采用 mem 算法将过滤后的 Reads 与西瓜 97103 V2 参考基因组进行比对,结果以 BAM 格式输出。使用变异检测软件 GATK 进行群体 SNP 检测,获取变异 SNP 或 Indel。使用自写 perl 脚本过滤掉非二等位点、缺失率大于 0.5 的位点、杂合比例大于 0.8 的位点及第二等位基因频率小于 0.05 的位点,最终获得群体 SNP 位点。

1.3.4 全基因组关联分析 以西瓜 97103 V2 作为参考基因组,使用 TAS-SEL 软件对筛选后的 SNP 位点结合 2 个数量性状进行全基因组关联分析,获得西瓜维生素 C 含量全基因组关联分析结果。以 $-\log_{10}(P)>4$ 为筛选阈值,通过比较各模型图,最终确定与目标性状显著关联的 SNP 位点^[9]。

2 结果与分析

2.1 西瓜果肉维生素 C 含量遗传多样性分析

由图 2 可知,53 份西瓜种质资源的中心果肉维生素 C 含量介于 0.00~23.57 mg·100 g⁻¹,含量最高的种质为 GWAS-147,其中含量在 0.00~2.00 mg·100 g⁻¹ 的种质有 29 份;含量在 2.01~4.00 mg·100 g⁻¹ 区间的种质有 10 份;含量在 4.01~6.00 mg·100 g⁻¹ 区间的种质有 8 份;含量在 6.01~8.00 mg·100 g⁻¹ 区间的种质有 4 份;含量在 8.01~10.00 mg·100 g⁻¹ 与 22.01~24.00 mg·100 g⁻¹ 区间的种质均为 1 份。

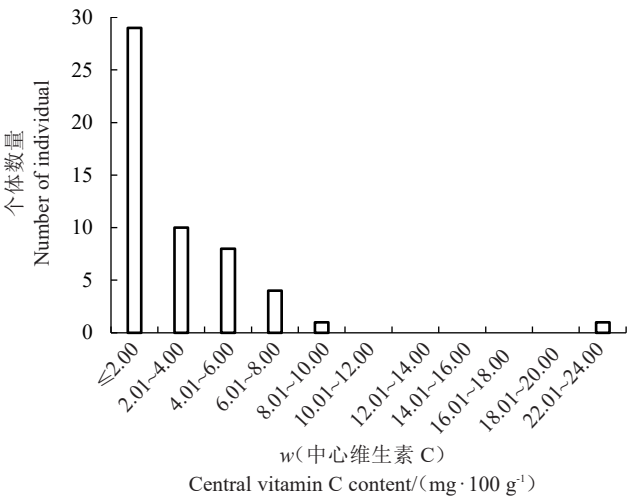


图 2 西瓜果肉中心维生素 C 含量频率分布
Fig. 2 Frequency distribution of vitamin C content in the center of watermelon flesh

由图 3 可知,53 份西瓜种质资源的边缘果肉维生素 C 含量介于 0.00~17.73 mg·100 g⁻¹,含量最高的种质为 GWAS-147,其中含量在 0.00~2.00 mg·100 g⁻¹ 的种质数量最多,有 28 份;含量在 2.01~4.00 mg·100 g⁻¹ 区间的种质有 9 份;含量在 4.01~6.00 mg·100 g⁻¹ 与 8.01~10.00 mg·100 g⁻¹ 区间的种质均有 3 份;含量在 16.01~18.00 mg·100 g⁻¹ 区间的种质有 2 份。

53 份西瓜种质资源数量性状的遗传多样性统计分析结果见表 2,西瓜果肉中心和边缘维生素 C 含量的遗传多样性指数分别为 1.36、1.73。其中有 8 份种质用此方法没有检测出维生素 C 含量。

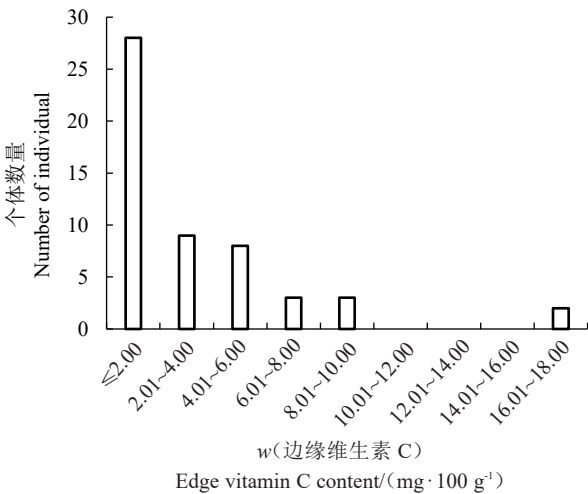


图 3 西瓜果肉边缘维生素 C 含量频率分布图
Fig. 3 Frequency distribution of vitamin C content at the edge of watermelon flesh

表 2 西瓜维生素 C 含量遗传多样性分析

Table 2 Analysis of genetic diversity in vitamin C content of watermelon

性状 Trait	最小值 Minimum	最大值 Maximum	平均值 Mean	标准差 SD	极差 Range	遗传多样性指数 Genetic diversity index
w(中心维生素 C) Center vitamin C content/(mg·100 g ⁻¹)	0	23.57	2.88	3.84	23.57	1.36
w(边缘维生素 C) Edge vitamin C content/(mg·100 g ⁻¹)	0	17.73	3.14	3.86	17.73	1.73

2.2 西瓜果肉中心维生素 C 含量的全基因组关联分析

对西瓜果肉中心维生素 C 含量与 SNP 位点在全基因组水平上进行关联分析,共检测到 88 个显著相关的 SNP 位点(表 3),分别位于第 1、3、4、6、7、

9、10、11 号染色体, P 值变化范围为 $3.67\times10^{-6}\sim9.99\times10^{-6}$, P 值最小的位点是 Chr07_3519986。成簇分布的 SNP 位点数有 4 个,分别命名为 *qcvc7.1*、*qcvc9.1*、*qcvc10.1*、*qcvc11.1*,位于 7 号、9 号、10 号、11 号染色体上(图 4)。

表 3 西瓜果肉中心维生素 C 含量全基因组关联显著位点

Table 3 Significant loci of whole-genome association with vitamin C content in the center of watermelon flesh

染色体号 Chromosome No.	起始位置 Start position	终止位置 End position	P 值范围 P value range	SNP 位点数量 Number of SNP loci
1	17 888 155	23 363 249	$8.67\times10^{-6}\sim9.99\times10^{-6}$	3
3	2 407 973	5 080 519	$7.19\times10^{-6}\sim9.24\times10^{-6}$	3
4	5 334 606	14 499 238	$7.66\times10^{-6}\sim9.93\times10^{-6}$	2
6	7 720 192	27 562 700	$6.49\times10^{-6}\sim7.64\times10^{-6}$	4
7	3 136 163	3 768 680	$3.67\times10^{-6}\sim9.64\times10^{-6}$	42
9	6 398 991	8 554 645	$6.67\times10^{-6}\sim9.92\times10^{-6}$	23
10	10 764 783	10 764 797	$8.46\times10^{-6}\sim8.53\times10^{-6}$	2
11	3 381 695	3 443 704	$6.59\times10^{-6}\sim9.89\times10^{-6}$	9

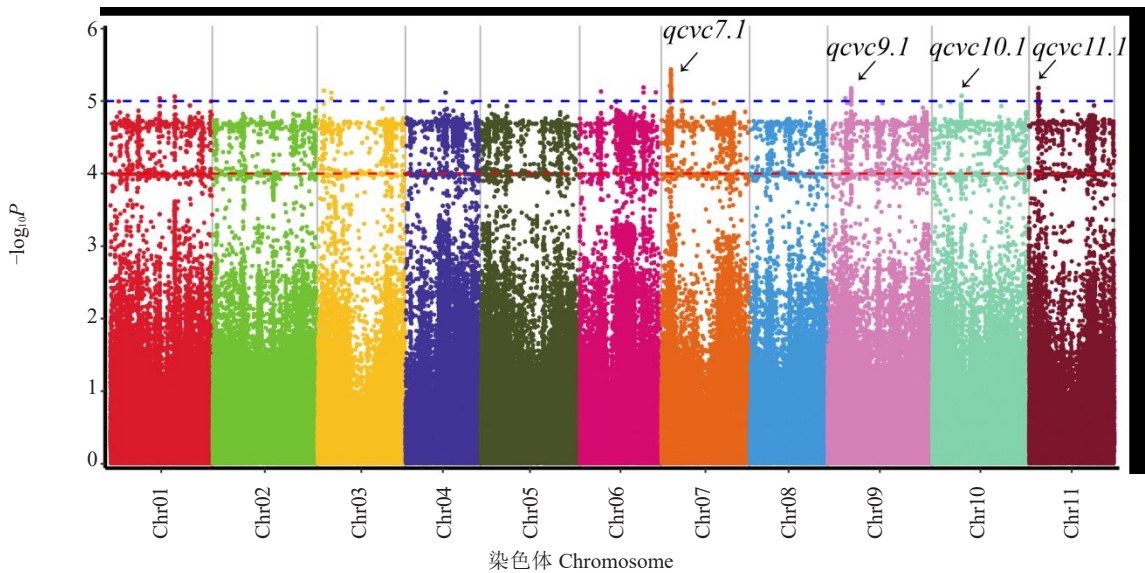


图 4 西瓜果肉中心维生素 C 含量全基因组关联分析的曼哈顿图

Fig. 4 Manhattan plot of the genome-wide association analysis of vitamin C content in the center of watermelon flesh

2.3 西瓜果肉边缘维生素 C 含量的全基因组关联分析

对西瓜果肉边缘维生素 C 含量与 SNP 位点在全基因组水平上进行关联分析,共检测到 16 个显著相关的 SNP 位点(表 4),分别位于 1、2、

4、6、7、8、9 号染色体, P 值变化范围为 $1.63\times10^{-5}\sim9.06\times10^{-5}$, P 值最小的位点是 Chr04_17247662。成簇分布的 SNP 位点数有 2 个,分别命名为 *qpvc6.1*、*qpvc7.1*,位于 6 号、7 号染色体上(图 5)。

表 4 西瓜果肉边缘维生素 C 含量全基因组关联显著位点

染色体号 Chromosome No.	起始位置 Start position	终止位置 End position	P 值范围 P value range	SNP 位点数量 Number of SNP loci
1	11 958 504	36 891 221	$4.86\times10^{-5}\sim9.06\times10^{-5}$	2
2	7 049 689	11 159 178	$2.49\times10^{-5}\sim4.05\times10^{-5}$	3
4	17 247 662	17 247 662	1.63×10^{-5}	1
6	638 145	16 625 062	$2.15\times10^{-5}\sim4.66\times10^{-5}$	4
7	3 756 876	26 302 777	$4.00\times10^{-5}\sim6.66\times10^{-5}$	2
8	26 474 476	26 474 476	4.47×10^{-5}	1
9	14 322 661	35 284 168	$1.85\times10^{-5}\sim2.84\times10^{-5}$	3

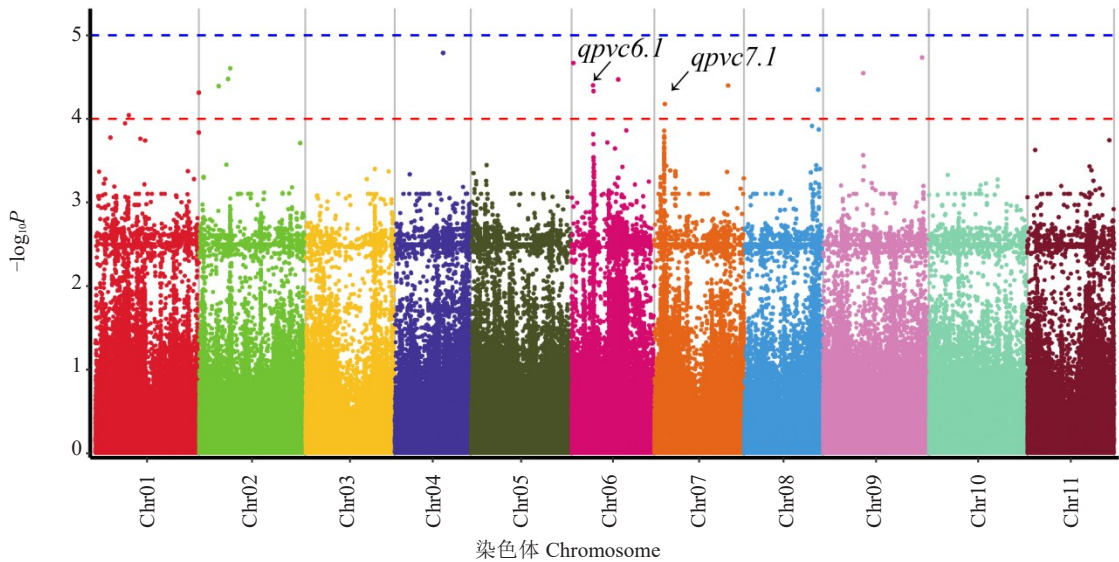


图 5 西瓜果肉边缘维生素 C 含量全基因组关联分析的曼哈顿图

Fig. 5 Manhattan plot of genome-wide association analysis of vitamin C content at the edge of watermelon flesh

3 讨论与结论

对于高维生素 C 含量的水果蔬菜,学者们进行了有效测量,得到了区间含量结果。在蔬菜中,辣椒中维生素 C 含量名列前茅,为 618.5~1 429.1 mg·kg⁻¹ (FW),大白菜、马铃薯、胡萝卜中维生素 C 含量分别为 645.6、559.1、311.0 mg·kg⁻¹ (FW),三者中大白菜的维生素 C 含量更高,芦笋作为蔬菜之王,通过对 3 个芦笋品种的 3 个部位进行维生素 C 含量测定,发现品种为冠军的芦笋嫩茎上端部分的维生素 C 含量最高,达到 559 mg·kg⁻¹ (FW)^[10-12]。在大众眼中,柠檬属于高维生素 C 含量水果,但柠檬中维生素 C 含量仅为 266.9~299.1 mg·kg⁻¹ (FW)^[13]。笔者对西瓜的中心与边缘果肉维生素 C 含量进行测定,发现最高的种质为 GWAS-147(23.57 mg·100 g⁻¹),在测定西瓜果肉维生素 C 含量时还发现,部分样本未检出维生素 C 含量,其原因可能在于某些西瓜品种

本身维生素 C 含量极低,低于该测定方法的检出限^[14]。由遗传多样性分析结果可以看出,中心与边缘维生素 C 含量的遗传多样性指数分别为 1.36、1.73,表明该性状变异类型丰富,有较大的选育空间。通过分析西瓜中心与边缘维生素 C 含量的多样性,可以了解其分布特征及差异规律,推动传统育种与分子育种相结合,掌握核心种质资源,从而有效加速育种进程^[15]。

通过对外观、营养代谢物等重要农艺性状进行全基因组关联分析,能准确挖掘关键 SNP 位点,已成为葫芦科作物从经验育种迈向精准育种的核心引擎^[16]。利用单位点和多位点 GWAS 模型进行标记-性状关联分析,在 125 份西瓜材料中鉴定出 37 个与可溶性固形物含量、果肉颜色、果实长度、果实直径和果形指数显著相关的 SNP 位点^[17]。种子长度与 4 个 SSR 位点有关,另有 7 个位点分别与种子宽度、果实长度、果实宽度、果肉厚度、可溶性固形

物含量、坐瓜节位、第一雄花开放节位相关,在7号染色体上检测到与种子大小有关的QTL位点^[18-19]。在西瓜3号染色体26.80~27.33 Mb区间内,预测到包含14个与果形相关的候选基因,且在外显子区域内均含有SNPs^[20]。但目前未见与西瓜果肉维生素C含量有关的全基因组关联分析。本研究中,由于果肉中心与边缘维生素C含量的遗传信号强度存在明显差异,对两个部位采用了差异化显著性阈值。果肉中心位点效应较强,采用严格阈值 $P < 1.0 \times 10^{-5}$ 以避免假阳性;果肉边缘位点效应较弱,在 $P < 1.0 \times 10^{-5}$ 下无显著位点,故放宽至 $P < 1.0 \times 10^{-4}$ 以捕获有效关联信号。在此基础上,本研究在7号染色体上检测到1个与中心和边缘果肉维生素C含量均显著相关的SNP位点簇,存在11 kb的重叠区间,推测该重叠区间可能含有调控西瓜果肉维生素C含量的关键候选基因。

综上所述,53份西瓜种质资源果肉中心的维生素C含量范围为0.00~23.57 mg·100 g⁻¹,边缘为0.00~17.73 mg·100 g⁻¹,遗传多样性指数分别为1.36和1.73,表明供试材料在该性状上具有较丰富的遗传变异。全基因组关联分析共检测到4个与果肉中心维生素C含量显著相关的SNP位点簇,2个与果肉边缘维生素C含量显著相关的SNP位点簇,其中,7号染色体在中心和边缘维生素C含量性状中均检测到显著关联信号,且存在11 kb的重叠区间,推测该重叠区间可能含有调控西瓜果肉维生素C含量的关键候选基因。本研究结果为后续维生素C相关基因的精细定位、功能解析及分子育种提供了重要依据。

参考文献

- [1] 常成,曹菲薇,郑炀凡,等.天然来源维生素C与人工合成维生素C[J].现代食品,2017(18):41-43.
- [2] 王福红,夏咏,丁宁,等.中国西瓜生产波动特征及增产贡献因素研究[J].中国瓜菜,2025,38(9):233-244.
- [3] Ansaba V, Pradeepkumar T, Kuttym S, et al. Nutritional potential of watermelon [*Citrullus lanatus* (Thunb.) Matsum. & Nakai] genotypes with different flesh colours[J]. Journal of Advances in Biology & Biotechnology, 2025, 28(2): 330-338.
- [4] 李婷,宋曙辉,王正荣,等.北京地区不同品种西瓜果实的品质分析[J].食品工业科技,2024,45(9):265-271.
- [5] 常美花,张素英,毕树广.温室条件下杏果实发育过程中糖、酸和维生素C含量的变化[J].华北农学报,2007,22(3):68-70.
- [6] 甘霖,谢永红,吴正琴,等.嘉平大枣果实发育过程中维生素C的变化及其相关性研究[J].果树学报,2002,19(4):240-242.
- [7] 何义仲,庞尧,孙浩谦,等.果实抗坏血酸生物合成、代谢循环及其调控的研究进展[J].园艺学报,2023,50(9):1899-1915.
- [8] 曹健康,姜微波,赵玉梅.果蔬采后生理生化实验指导[M].北京:中国轻工业出版社,2007.
- [9] Liu S, Gao P, Zhu Q L, et al. Resequencing of 297 melon accessions reveals the genomic history of improvement and loci related to fruit traits in melon[J]. Plant Biotechnology Journal, 2020, 18(12): 2545-2558.
- [10] 李燕,孙思胜,李琴,等.不同成熟度辣椒果实中维生素C含量的测定[J].现代农业科技,2010(2):116.
- [11] 李占清,魏海英.分光光度法测定新鲜蔬菜中维生素C的含量[J].中国无机分析化学,2014,4(3):79-81.
- [12] 华品忠,刘笑笑,王丽,等.芦笋中维生素C含量测定及变化规律[J].食品工业,2016,37(10):281-283.
- [13] Matteo D A, Simeone R D G, Cirillo A, et al. Morphological characteristics, ascorbic acid and antioxidant activity during fruit ripening of four lemon [*Citrus limon* (L.) Burm. F.] cultivars[J]. Scientia Horticulturae, 2021, 276: 109741.
- [14] 齐芳芳.蔬菜中维生素C含量测定方法的研究[J].现代食品,2023,29(16):206-208.
- [15] 魏爽,张松,薄凯亮,等.黄瓜核心种质幼苗耐热性评价及GWAS分析[J].植物遗传资源学报,2019,20(5):1223-1231.
- [16] 徐颖超,陆森,张思程,等.GWAS在葫芦科作物遗传改良中的研究进展[J].中国农学通报,2023,39(22):23-33.
- [17] Katuuramu D N, Levi A, Wechter W P. Genome-wide association study of soluble solids content, flesh color, and fruit shape in citron watermelon[J]. The Plant Genome, 2023, 16 (4) : 20391-20391.
- [18] 郭禄芹.西瓜重要农艺性状的全基因组关联分析[D].郑州:河南农业大学,2018.
- [19] Duan Y R, Gao M L, Guo Y, et al. Map-based cloning and molecular marker development of watermelon fruit shape gene[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2022, 55(14): 2812-2824.
- [20] 高美玲,胡创然,袁成志,等.基于GWAS的西瓜种子性状候选QTL鉴定[J].四川农业大学学报,2021,39(6):721-728.