DOI: 10.3969/j.issn.2097-583X.2026.04.010 文章编号：2097-583X(2026)04-0589-08

甜瓜11号染色体片段代换系的鉴定及果形QTL定位

党广磊，李文龙，牛旭旭，李 琼，罗 陈*，胡建斌*

（河南农业大学 园艺学院/河南省园艺植物生物学国际联合实验室/河南省瓜类种质资源创新与利用工程技术研究中心，河南 郑州 450046）

摘 要：以甜瓜11号染色体片段代换系(Chromosome Segment Substitution Lines，CSSLs)为材料，明确果形差异的形态学和细胞学基础，进一步缩小调控甜瓜果形的数量性状位点(Quantitative Trait Locus，QTL)区间，为挖掘果形关键调控基因奠定基础。选择背景回复率最高的CSSLs，观测其果形表型差异，通过细胞学切片观察比较不同果形材料的细胞大小；构建目标片段的分离群体进行表型变异分析，通过连锁分析进一步缩小QTL位点区间；利用候选区间序列变异分析和转录组测序筛选果形候选基因。鉴定到2株背景回复率100%的杂合代换系，自交后代出现3种基因型(A、B、H)，其果形表现为椭圆与圆形的显著性差异，分离群体果形分离比符合3∶1；细胞学观测显示，椭圆形甜瓜果肉细胞大小显著大于圆形甜瓜；精细定位将目的果形QTL定位在11号染色体3.5 Mb区间内，通过序列变异分析和转录组分析候选到了26个基因。明确了细胞大小是导致CSSLs果形差异的主要原因，精细定位了目标QTL，为后续果形关键基因的精细定位及生物学功能研究奠定基础。

关键词：甜瓜；果形；QTL定位；染色体片段代换系(CSSLs)；细胞大小

中图分类号：S652.1 **文献标志码：**A **开放科学(资源服务)标识码(OSID)：**

Identification of chromosome segment substitution lines in chromosome 11 and QTL mapping for fruit shape in melon

Dang Guanglei, Li Wenlong, Niu Xuxu, Li Qiong, Luo Chen*, Hu Jianbin*

(Research Center of Cucurbit Germplasm Enhancement and Utilization of Henan Province/International Joint Laboratory of Henan Horticultural Crop Biology/School of Horticulture, Henan Agricultural University, Zhengzhou 450046, China)

Abstract: The morphological and cytological basis of fruit shape variation was clarified using melon chromosome 11 chromosome segment substitution lines (CSSLs), the quantitative trait locus (QTL) region controlling melon fruit shape was further narrowed down, and a foundation was laid for identifying key regulatory genes of fruit shape. CSSLs with the highest background recovery rate were selected to observe fruit shape phenotypic differences. Cytological sectioning was performed to compare cell sizes among materials with different fruit shapes. A segregating population carrying the target fragment was constructed for phenotypic variation analysis, and linkage analysis was performed to further narrow the QTL interval. Sequence variation analysis of the candidate interval and transcriptome sequencing were used to screen for candidate genes controlling fruit shape. Two heterozygous substitution lines with 100% background recovery rate were identified. Their self-pollinated progeny segregated into three genotypes (A, B, H), showing significant differences in fruit shape between elliptical and

收稿日期：2026-05-12；**修回日期：**2026-06-10；*.**通信联系人，**E-mail：jianbinhu@henau.edu.cn；luochen@henau.edu.cn

基金项目：国家自然科学基金项目(32472740)；河南省科技攻关计划项目(262102111142)；河南省高校科技创新团队支持计划项目(26IRTSTHN014)

作者简介：党广磊(2002—)，男，河南周口人，硕士研究生，主要从事甜瓜分子遗传育种研究；罗 陈(1994—)，男，四川德阳人，副研究员，硕士生导师，主要从事园艺作物果实发育与分子调控研究；胡建斌(1976—)，男，湖北武汉人，教授，博士生导师，主要从事瓜类种质资源与分子遗传育种研究。

引用格式：党广磊，李文龙，牛旭旭，等.甜瓜11号染色体片段代换系的鉴定及果形QTL定位[J].信阳师范大学学报(自然科学版)，2026，39(4)：589-596.

Dang Guanglei, Li Wenlong, Niu Xuxu, et al. Identification of chromosome segment substitution lines in chromosome 11 and QTL mapping for fruit shape in melon[J]. Journal of Xinyang Normal University (Natural Science Edition), 2026, 39(4): 589-596.

round fruits, with a segregation ratio fitting 3∶1. Cytological observations revealed that the flesh cell size of elliptical melon fruits was significantly larger than that of round melon fruits. Fine mapping localized the target fruit shape QTL to a 3.5 Mb interval on chromosome 11. Through sequence variation analysis and transcriptome analysis, 26 candidate genes were identified. It was determined that differences in cell size are the primary cause of phenotypic variation in CSSLs. The target QTL was finely mapped, providing a basis for further fine mapping and functional studies of key fruit shape genes.

Key words: melon; fruit shape; QTL mapping; chromosome segment substitution lines (CSSLs); cell size

0　引言

作为世界十大水果之一，甜瓜具有较高的经济价值。果实形状是甜瓜外观品质的核心构成要素，其果形呈现出丰富的多样性，包括扁圆、圆球、椭圆、棒状、蛇形等形状，这种广泛的表型变异使其成为研究葫芦科乃至园艺作物果实形状变异机理的理想材料。果形的最终表现是果实发育过程中细胞分裂、细胞膨大及轴向极性建立协同作用的结果。该果形性状受多个数量性状位点(Quantitative Trait Locus, QTL)的加性、显性及上位性效应共同控制，且易受栽培环境与激素信号的影响，遗传基础较为复杂[1-2]。由于遗传背景干扰，许多QTL仍停留在初步定位阶段[3]，效应较小的QTL更难实现精细定位与基因克隆。

染色体片段代换系(Chromosome Segment Substitution Lines, CSSLs)是解析复杂数量性状的理想遗传材料[4]。CSSLs群体通过多代回交与分子标记辅助选择，仅在特定染色体区段存在供体亲本片段的差异，其余遗传背景与轮回亲本高度一致，有效消除主效QTL的掩蔽效应及背景噪声干扰，从而实现对QTL的精准鉴定与遗传解析。

课题组前期以长果型甜瓜变种ZTG00906为供体亲本、圆果型网纹甜瓜变种ZTG00581为轮回亲本，定位到多个与果形相关的QTL。其中，11号染色体上的QTL(*qFS11.1*)表型稳定但贡献率较低，且尚未实现基因克隆。因此，本研究在前期研究的基础上，利用背景回复率达100%的11号染色体高代CSSLs材料，结合其表型和细胞学特征分析，进一步构建其分离群体精细定位*qFS11.1*区间，以期为后续该位点关键基因的克隆与功能验证提供理论依据与材料基础。

1　材料与方法

1.1　试验材料

试验材料为轮回亲本ZTG00581(*Cucumis melo* var. *reticulatus*；圆果)和供体亲本ZTG00906(*C. melo* var. *flexuosus*；长果)的11号染色体片段代换系。其中，ZTG00581和ZTG00906均由国家西甜瓜种质中期库提供[5]，CSSLs为河南农业大学甜瓜育种课题组创制(图1a)，目的片段为包含调控果实长度的QTL位点(*qFS11.1*)。用于CSSLs构建的前景标记为目的片段侧翼标记，背景标记为覆盖甜瓜12条染色体的106个SSR标记。2024年秋季于河南农业大学科教园区塑料大棚中种植高代回交群体(BC_5F_1)，在BC_5F_1中利用*qFS11.1*位点内的3个INDEL标记进行筛选，获得不同片段杂合的重组单株(图1b)。通过对其中入选的重组单株进行种植、自交获得BC_5F_2；2025年春季种植BC_5F_2群体，进行基因分型和表型观察，自交获得$BC_5F_{2:3}$；2025年秋季种植$BC_5F_{2:3}$群体，继续进行基因分型和表型观察。采用各种试验材料进行单蔓整枝、人工自花授粉和单株留单果，其他田间管理均为常规管理[6]。

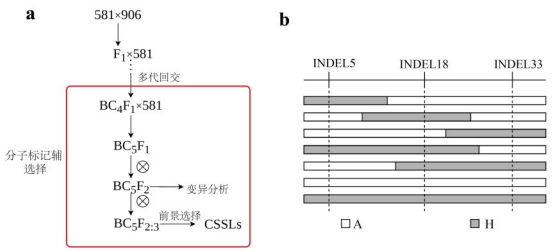


图1　染色体片段代换系(CSSLs)的构建流程

Fig. 1　Construction scheme of Chromosome Segment Substitution Lines (CSSLs)

注　a为CSSLs构建的流程图；b为在苗期利用分子标记进行辅助选择的示意图。

1.2　CSSLs果实表型统计

在甜瓜盛花期至果实成熟期调查植株第11～15节的果实表型，具体调查时期为开花0 d(授粉0 d)、花后1 d、花后5 d、花后10 d和花后35 d(成熟期)。开花当天每株选取3个子房，用游标卡尺测量子房长度(Ovary Length, OL)、子房宽度(Ovary

Diameter, OD),计算子房形状指数(Ovary Shape Index,OSI=OL/OD)。花后5 d至成熟期,每株取1个果实,测量果实长度(Fruit Length, FL)、果实宽度(Fruit Diameter, FD),计算果形指数(Fruit Shape Index, FSI=FL/FD)[7]。设置3次生物学重复,每次3~5株。采用SPSS 17.0进行差异显著性检验和变异分析。

1.3 CSSLs果实细胞学观测

选取开花0 d、花后5 d和花后10 d的目标片段纯合的CSSLs(BC_5F_2-A、BC_5F_2-B)进行取样,分别沿横向、纵向切取样品中部组织,按照李三培等[8]的方法对样品依次进行固定、脱水、包埋、切片、染色,采用Olympus BX53光学显微镜对组织细胞进行形态观察与图像采集,利用ImageJ 6.0软件统计细胞数量与细胞大小。

1.4 目的位点的精细定位

基于ZTG00581与ZTG00906的基因组重测序数据,在11号染色体上开发INDEL标记,对果形QTL *qFS11.1*进行精细定位。用于*qFS11.1*精细定位的INDEL标记,如表1所示。

首先,利用11号染色体前(INDEL5)、中(INDEL20)和后(INDEL34)共3个标记对BC_5F_1群体进行基因型分析,筛选重组单株;再利用覆盖11号染色体的22个INDEL标记(表1)分析重组单株的基因型,缩小定位区间;然后在该区间内筛选次级群体(BC_5F_2)中新的重组单株,利用定位区间内新开发的INDEL标记进行基因分型,进一步缩小*qFS11.1*区间;最后,实现目的QTL的精细定位。表1中第二列,如chr11:1 596 974表示的是该标记在第11号染色体的1 596 974 bp处。

表1 甜瓜11号染色体的前景标记信息

Tab. 1 Information of foreground markers on chromosome 11

名称	位置/bp	前端引物	后端引物	差异片段大小/bp
INDEL1	chr11:1 596 974	CAAAGCCTTTTTCCGTGATG	CGGATCACTTGCTTCCTATA-AA	10
INDEL5	chr11:5 056 602	AGCTTTCCCAAATAGT-CAAGTCCT	TCTGCCTCAAAAAGGTT-GAGT	15
INDEL7	chr11:7 029 301	GAGTTAGAGTTGGAAC-GAGGGT	TCACCTGATTTTGTTCAT-GCCC	55
INDEL11	chr11:11 099 191	GCACAAACTACCACTTGTAGCA	ACTATTTCGACAATTCAAAT-GGCA	43
INDEL13	chr11:13 261 977	TTGAGGGTATTTCTTCCT-TATTTCA	TTTTCTTATTCATTGTG-TACTGATGC	12
INDEL18	chr11:18 177 376	TCATCCATCCCTTTTGCTTC	GCAATTGATCCCCTCCAGTA	8
INDEL20	chr11:20 365 798	GTTGTAGTATTTGCCA-CACTTTG	AAAGTGGCTTTGAAT-CAGTCTT	7
INDEL21	chr11:21 277 061	CTTCAACTCAGCTTCACAGCT	AACCCATCCCTCACTTCCTT	17
INDEL22	chr11:22 140 379	GTCGGCCTTCATGGAGTCTA	TGTTGGTGGGAGGGACACTA	10
INDEL24	chr11:24 084 745	TTGCCAGTGTCCAACTTGTC	CCCCAGTGAGCATTGAAATC	8
INDEL25	chr11:25 157 693	CCAAAACAACTTTTCCCCTTC	GCTCTAACCCTAAGATGATA-AATGC	10
INDEL28	chr11:28 033 504	GTATCCCCTGCTTGCCATAA	TTCTGGCAGTGT-GACTTTCAA	23
INDEL29	chr11:29 182 880	TTGACATTTCCCATAGCTCCT	TCTCACAATTCGCCGTTACA	30

(续表1)

名称	位置/bp	前端引物	后端引物	差异片段大小/bp
INDEL29.4	chr11:29 483 882	ATCACGATGCAAACATCCTCT	CTGGGGCCACAGGTTTTCTT	7
INDEL29.8	chr11:29 833 193	ACGGTCAGTATAACAAAGTCCA	TCTTGTTTATACACGGC-TACTCT	38
INDEL30	chr11:30 353 164	CCTCCATTTCCTCTCCTTCC	ATTCCATCGGAGATGTCGTC	12
INDEL30.5	chr11:30 500 318	AGTAGGAGTTATTCCTCAACA-CAA	TGAAGCCTTCTCCTAAAGCC	15
INDEL30.8	chr11:30 844 097	GCATGAAGTTCTATTTCGTTA-ACCT	TCTTTCCACATCTT-TACCCCTCA	7
INDEL31	chr11:31 057 513	AAATTCCCCTTGCTTCCAGT	CTCCTCGCTCCTTCCTTCTT	9
INDEL32	chr11:32 157 272	GGTTGCTTTTGTTGCCATCT	GGTCTCTCCTTTGCCAAAAA	41
INDEL33	chr11:33 065 013	AAAAAGTGAGAACTTC-CAATCCT	CAAGTCAATTTGGTAAAAAT-TACGG	27
INDEL34	chr11:34 158 313	TGTTGAGTTTACATTGC-CATTTG	GCTACATTGAACTAAAGTA-ATTTTTCC	24

1.5　候选基因的表达分析

以甜瓜轮回亲本ZTG00581与供体亲本ZTG00906为试验材料,开展子房转录组分析。于开花当天(开花0 d)采集果实子房样品,每个样品设置3次生物学重复。利用高通量测序平台完成样品的转录组测序。以甜瓜参考基因组DHL92(CM3.6.1)为参照,使用比对软件进行序列匹配与转录本定量分析,TPM作为基因表达量评价标准。设定$|\log_2 FC|\geqslant 1$且$P<0.05$为筛选阈值,对*qFS11.1*所在3.5 Mb候选区间内的基因进行差异表达基因筛选,最终获得两亲本间表达水平存在显著差异的基因集合。

1.6　候选基因的序列变异分析

基于甜瓜轮回亲本ZTG00581与供体亲本ZTG00906的全基因组重测序数据,以DHL92(CM3.6.1)为参考基因组,解析3.5 Mb候选区间内基因序列变异。使用BamTools完成比对文件的格式转换、排序与去重,通过VCFtools提取目标区间内的变异位点,借助BEDtools完成区间筛选与位点提取,利用SnpEff对变异进行功能注释与效应预测。以基因的编码区变异为筛选重点,保留非同义突变位点,剔除同义突变、内含子区及基因间区变异,获得候选区间内编码区存在功能性变异的基因集合。

2　结果与分析

2.1　高世代回交群体背景回复率检测

课题组前期已在亲本ZTG00581、ZTG00906间开发获得覆盖12条染色体的106个背景标记。利用该标记检测高世代回交群体的背景回复率,共检测到22株11号染色体CSSLs。其中,背景回复率最高的单株为BC_4F_1-12和BC_4F_1-16,其背景回复率均为100%,如图2所示。选取上述两个单株的回交后代BC_5F_1自交,构建目标片段分离群体BC_5F_2。

2.2　BC_5F_2分离群体果实性状的孟德尔遗传规律验证

对BC_5F_2群体的214株植株按果实表型分类并进行χ^2适合性检验,结果如图3所示。其中,图3a是子房时期(开花0 d)的子房形状指数统计数据,图3b是子房形状指数按照圆(OSI≤1.6)、椭圆(OSI>1.6)分类的数量统计结果,图3c是果实成熟期(花后35 d)果形指数统计数据,图3d是BC_5F_2果形指数按照圆(FSI≤1.1)、椭圆(FSI>1.1)分类的数量统计结果。

针对OSI,将OSI≤1.6果实划分为圆形(参考ZTG00581)、OSI>1.6为椭圆形,统计得到圆形42株、椭圆形131株(图3a、b),群体分离比≈1∶3($\chi^2=0.048$,$P=0.827>0.05$);针对果形指数,将

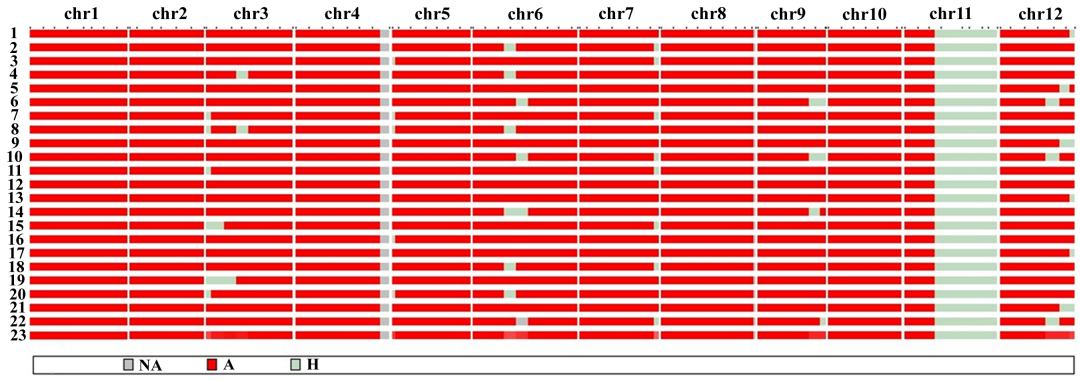


图2　CSSLs的背景回复率检测结果

Fig. 2　Detection of background recovery rate in CSSLs

FSI≤1.1划分为圆形(参考ZTG00581)、FSI>1.1为椭圆形,统计得圆形54株、椭圆形138株(图3c、d),群体分离比接近1∶3(χ^2=2.204,P=0.137>0.05)。综上,基于OSI与FSI的性状分离结果均符合孟德尔单基因显性遗传规律,表明该果形QTL受单显性基因调控。

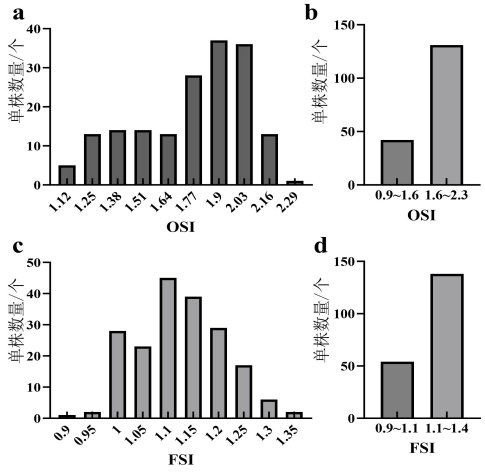


图3　BC_5F_2的果实表型统计结果

Fig. 3　Statistical analysis of fruit phenotypes in the BC_5F_2 population

2.3　不同基因型果实发育动态观察

图4为不同基因型果实发育过程分析。其中图4a—4f分别为开花后0、1、5、10、15、30 d的果实形貌图。每张图从左到右分别为A(BC_5F_2-A)、H(BC_5F_2-H)、B(BC_5F_2-B)基因型的果实,比例尺为3 cm;图4g为果实动态发育过程中果形指数统计结果,图4h为0 d时子房形状指数,图4i为35 d时果实形状指数,图4h和i中的a、b、c为显著性差异分析结果。

对BC_5F_2-A(等同于ZTG00581基因型)、BC_5F_2-H(杂合基因型)、BC_5F_2-B(轮回亲本ZTG00906型)的果实发育过程(开花0 d至花后30 d)进行动态观测(图4a—4f),发现授粉后5 d为果实快速膨大期,花后5~30 d果实持续膨大,30 d后进入成熟期,体积不再显著变化。分析表明:3种基因型FSI变化规律整体相近,花后1 d开始下降,花后10~15 d趋于稳定;最终BC_5F_2-A稳定在1.0左右,BC_5F_2-B稳定在1.25左右,BC_5F_2-H稳定在1.15左右。果实发育动态曲线显示,杂合基因型BC_5F_2-H处于纯合基因型BC_5F_2-A和BC_5F_2-B之间(图4g)。

为明确3种基因型的表型差异,分别于盛花期(开花0 d)与果实成熟期(花后35 d)测定并统计各基因型的OSI和FSI(图4h、i)。结果显示,3种基因型OSI和FSI差异显著,但每种基因型的表型稳定,说明11号染色体目标QTL为微效位点,在果形修饰方面发挥作用。

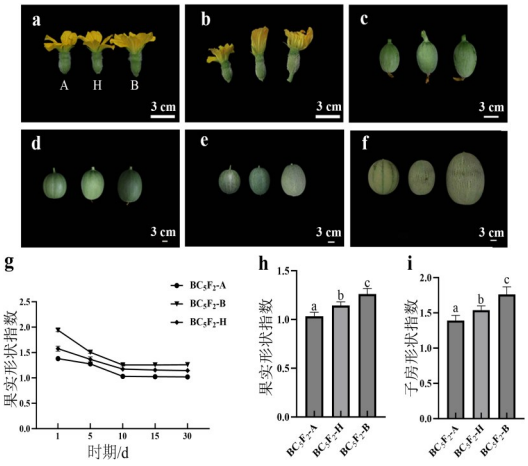


图4　不同基因型果实发育过程分析

Fig. 4　Analysis of fruit development process in different genotypes

2.4　果形差异形成的细胞学观测

为探明甜瓜果形差异的细胞学机理,对其不同

发育时期的果实横、纵切片进行观测和分析，如图5所示。分别在开花0 d、花后5 d及花后10 d取BC_5F_2-A和BC_5F_2-B果实中部组织进行横向与纵向石蜡切片观察，如图5a所示。统计同一视野下的2种CSSLs细胞数量，结果显示，3个时期BC_5F_2-A的细胞数量均多于BC_5F_2-B的细胞数量，但在花后10 d的差异相对较小(图5b)。

图5d为横向切面细胞学观测结果，开花0 d时，BC_5F_2-B的横向细胞面积显著大于BC_5F_2-A($P<0.05$)；花后5 d果实进入快速膨大期，两种基因型细胞面积差异最大，BC_5F_2-B面积约为BC_5F_2-A的1.8倍；花后10 d，两种基因型的横向细胞面积增幅趋缓，但BC_5F_2-B仍显著大于BC_5F_2-A。在观测的3个时期中，BC_5F_2-B的横向细胞面积始终大于BC_5F_2-A。纵向切面统计结果(图5e)与横向切面观测结果一致，BC_5F_2-B果肉细胞的纵向扩张明显大于BC_5F_2-A，且同时期同一视野下BC_5F_2-A的细胞数量多于BC_5F_2-B(图5c)。综合3个时期的纵、横切面观测数据可知，BC_5F_2-B(椭圆果)果肉细胞在纵向和横向上的膨大能力均强于BC_5F_2-A(圆果)，表明BC_5F_2-A与BC_5F_2-B在果形上的差异主要是由细胞体积差异所致。

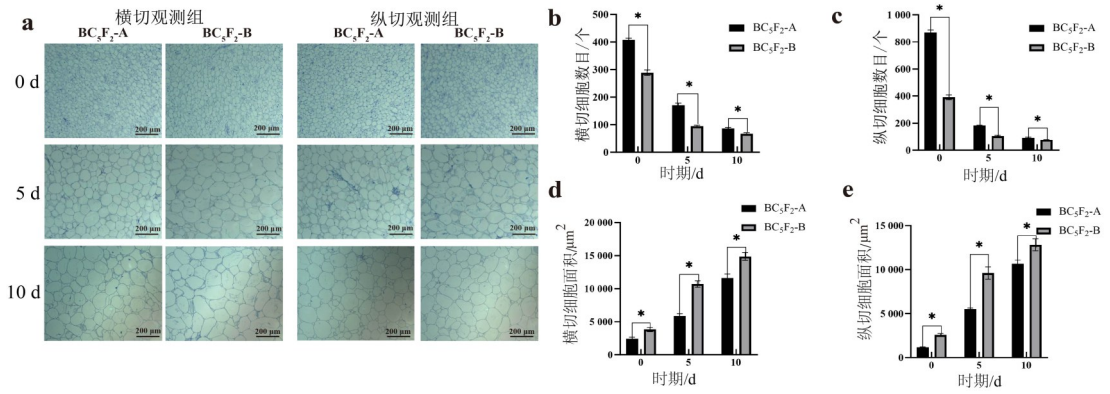


图5　不同发育时期的果实横、纵切片观测

Fig. 5　Observation of transverse and longitudinal fruit sections at different developmental stages

注　a为3个时期果实切片观测图；b、c分别为横切和纵切细胞数量统计图；d、e为横切和纵切平均细胞面积统计图。

2.5　甜瓜果形主效QTL *qFS11.1*的精细定位

图6为甜瓜果形QTL *qFS11.1*的精细定位示意图。图6a为甜瓜参考基因组DHL92(CM3.6.1)示意图，图6b是利用BC5F1群体进行qFS11.1初步定位的结果，图6c是qFS11.1精细定位结果，基因分型左侧为得到的单株数量，右侧为表型描述(椭圆/圆)。

课题组前期在11号染色体上鉴定到1个果形相关的QTL(*qFS11.1*)，但该QTL几乎覆盖整个11号染色体。为了精细定位*qFS11.1*，用11号染色体前(INDEL5)、中(INDEL18)和后(INDEL33)共3个标记筛选BC_5F_1群体1500个单株，获得7种重组类型，共304株。再采用11号染色体的21个INDEL标记分析重组单株的基因型，并结合果形表型数据进行连锁分析，结果显示*qFS11.1*位于11号染色体后半段INDEL20—INDEL32之间(图6a、b)，物理长度约12 Mb；选取该区间杂合型(H型)单株自交，获得BC_5F_2群体。

2025年春季用定位区间中的INDEL20、

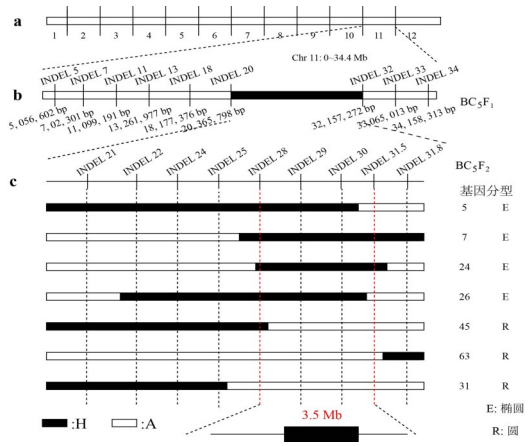


图6　甜瓜果形QTL *qFS11.1*的精细定位

Fig. 6　Fine mapping of the fruit shape QTL *qFS11.1* in melon

INDEL28、INDEL32共3个标记对BC_5F_2群体1200个单株进行筛选，获得156株重组单株。进一步利用INDEL20—INDEL32区间内12个INDEL标记进行基因型分析，并结合2025年秋季$BC_5F_{2:3}$表型数据分析，该QTL定位于INDEL28—INDEL31.5标记之间，区间大小缩小至3.5 Mb(图6c)。该试

验共获得2株CSSLs植株,其目标区间均为H型,其背景为A型,子房和果实均表现为椭圆形表型(OSI约1.71,FSI约1.26),证实该定位区间内携带调控甜瓜果形性状的供体亲本候选基因。

2.6 *qFS11.1*候选基因的表达和序列变异分析

为进一步筛选*qFS11.1*位点调控甜瓜果形的关键候选基因,结合转录组差异表达与基因组序列变异数据,对3.5 Mb候选区间内的基因进行了联合分析。在该区间内共注释到418个基因,基于开花当天两亲本子房的转录组数据,筛选得到55个在ZTG00581与ZTG00906间存在显著差异表达的基因。同时,利用双亲重测序数据对候选区间内基因的编码区序列变异进行分析,共检测到1659个位于编码区的SNP位点,涉及240个基因;进一步剔除同义突变位点后,获得184个存在非同义突变的基因。

将差异表达基因集合与编码区非同义突变基因集合取交集,最终得到26个具有差异表达并且存在功能性序列变异的候选基因,这些基因在两亲本间的表达模式存在明显差异(图7),可作为后续功能验证的重点研究对象。

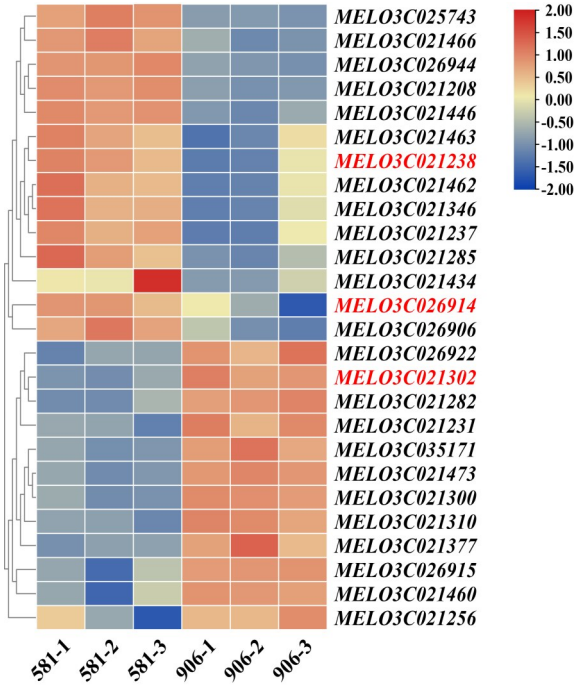


图7 候选基因的表达模式图

Fig. 7 Expression patterns of candidate genes

3 讨论

甜瓜果形属于多基因控制的数量性状,遗传机制较为复杂。现阶段虽已在全基因组范围内鉴定出大量与甜瓜果形相关的QTL,但成功克隆目的基因的研究报道仍较少。本研究以多代回交构建的11号染色体片段代换系(CSSLs)为核心试验材料,通过严格的前景标记筛选和全基因组背景筛选,有效排除第2号和8号染色体的主效QTLs遗传干扰,从而实现对11号染色体上效应较小(约为8.4%)的QTL(*qFS11.1*)精准解析。

从BC_5F_2群体中鉴定到3个CSSLs,即不含供体片段纯合的BC_5F_2-A(同于ZTG00581)、含供体片段纯合的BC_5F_2-B(同于ZTG00906)和含供体片段杂合的BC_5F_2-H。其中,BC_5F_2-A为圆果,BC_5F_2-B为椭圆果,而BC_5F_2-H果形介于BC_5F_2-A和BC_5F_2-B果形之间。组织细胞学观察显示,BC_5F_2-B的果实细胞大小在开花0 d、花后5 d、花后10 d均显著大于BC_5F_2-A的果实细胞大小,这表明BC_5F_2-B所携带的目的片段具有较强的细胞膨大能力,可能是导致果实纵向伸长、形成椭圆果形的关键原因[9]。

BC_5F_2群体在果形上呈现出明显的变异,说明目的片段在群体内出现了分离现象,有助于*qFS11.1*的精细定位。遗传分离检验结果显示,该群体的果形指数基本符合3∶1的分离比,表明其可能受单个显性基因控制,即通过构建CSSLs成功将数量性状转化为质量性状,为目的基因的克隆提供便利。然而,尽管本研究采用了较大的分离群体(>1200个单株),通过逐步缩小定位区段,最终也只能将候选区段缩小至3.5 Mb,其中包含418个注释基因。此外,结合基因序列分析、转录组测序等方法,在此区间内筛选到26个候选基因。其中,*MELO3C026914.2.1*(图7标红处,生长素响应蛋白*SAUR32-like*)是调控甜瓜果形与细胞伸长的关键候选基因。*SAUR*家族编码蛋白是生长素信号通路的核心下游效应因子,可直接调控细胞壁松弛与细胞伸长;该家族基因已在冬瓜中被证实参与果实膨大与果形建成,是调控果形指数的重要基因[10]。*MELO3C021238.2.1*(图7标红处)注释为成膜体定向驱动蛋白-*1 isoform X1*,该蛋白主要参与植物细胞分裂面定向与胞质分裂,通过控制细胞排列方向影响组织形态建成,为细胞极性生长与器官形态塑造提供基础支撑[11]。

上述基因分别从细胞伸长、分裂定向、信号调控、结构保障等层面协同作用,可能在甜瓜果形指数形成过程中发挥重要功能,这些关键候选基因

即将通过基因编辑技术进行功能验证。

4　结束语

本研究构建了甜瓜11号染色体高代回交染色体片段代换系,依托纯合度高、遗传背景单一的优良遗传材料,消除了基因组其他位点的遗传干扰,明确了果肉细胞扩张差异是造成CSSLs株系果形表型分化的核心细胞学机制。通过分子标记连锁分析完成目标位点的精细定位,将微效果形QTL *qFS11.1*成功缩小至3.5 Mb区间,并结合基因组序列变异与转录组差异表达联合筛选,获得26个参与甜瓜果形建成的关键候选基因。研究结果可为后续甜瓜果形关键基因的克隆、功能验证及分子调控通路解析提供可靠的试验基础与基因资源,同时有效完善了微效数量性状的精细定位研究体系,为甜瓜果形品质分子遗传改良以及同类园艺作物低效应QTL的精准挖掘提供了有益的研究思路与参考。

参考文献:

[1] 郑静文, 曹晨晨, 曹磊, 等. 甜瓜果形基因CmSUN25-26-27a的鉴定和分子标记[J]. 河南农业大学学报, 2024, 58(2): 195-204.

[2] 王晨晖, 栾非时, 高鹏, 等. 菜瓜×马泡瓜遗传连锁图谱构建及果实相关性状QTL分析[J]. 园艺学报, 2019, 46(12): 2347-2358.

[3] 王岭, 才羿, 王桂超, 等. 甜瓜SLAF图谱构建及果实相关性状QTL分析[J]. 中国农业科学, 2021, 54(19): 4196-4206.

[4] Xu Yongle, Pan Yue, Xiang Yong, et al. Genetic dissection of yield-related traits using an inter-subspecific chromosome segment substitution line population in rice[J]. Agronomy, 2026, 16(5): 580.

[5] 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.

[6] 高路银. 甜瓜高密度遗传图谱构建及果实和种子性状的遗传定位[D]. 郑州: 河南农业大学, 2020: 12-15.

[7] Zhang Tingting, Hong Yuanyuan, Zhang Xuan, et al. Relationship between key environmental factors and the architecture of fruit shape and size in near-isogenic lines of cucumber(*Cucumis sativus* L.)[J]. International Journal of Molecular Sciences, 2022, 23(22): 14033.

[8] 李三培, 华德平, 高星, 等. 不同类型甜瓜成熟过程中果肉质地及其细胞显微结构的变化[J]. 西北植物学报, 2017, 37(6): 1118-1125.

[9] Mauxion J P, Chevalier C, Gonzalez N, et al. Complex cellular and molecular events determining fruit size[J]. Trends in Plant Science, 2021, 26(10): 1023-1038.

[10] Luo Chen, Yan Jinqiang, He Changxia, et al. Genome-wide identification of the SAUR gene family in wax gourd (*Benincasa hispida*) and functional characterization of BhSAUR60 during fruit development[J]. International Journal of Molecular Sciences, 2022, 23(22): 14021.

[11] Lipka E, Gadeyne A, Stöckle D, et al. The phragmoplast-orienting kinesin-12 class proteins translate the positional information of the preprophase band to establish the cortical division zone in *Arabidopsis thaliana*[J]. The Plant Cell, 2014, 26(6): 2617-2632.

责任编辑:王　萍　任长江