

研究报告

A Letter

与甜瓜嫁接亲和性连锁分子标记鉴定

陈亚丽^{1,2}, 郭世荣¹, 朱为民², 刘龙洲², 陈幼源²

1. 南京农业大学园艺学院, 农业部南方蔬菜遗传改良重点开放实验室, 南京, 210095

2. 上海市农业科学院设施园艺研究所, 上海市设施园艺技术重点实验室, 上海, 201403

✉ 通讯作者: shoujitcl@yahoo.com.cn ✉ 作者

分子植物育种, 2012 年, 第 10 卷, 第 71 篇 doi: 10.5376/mpb.cn.2012.10.0071

收稿日期: 2012 年 06 月 22 日

接受日期: 2012 年 07 月 10 日

发表日期: 2012 年 12 月 20 日

本文首次发表在《分子植物育种》(2012 年第 10 卷第 6 期 714-721 页)上。现依据版权所有人授权的许可协议, 采用 Creative Commons Attribution License 协议对其进行授权, 再次发表与传播。只要对原作有恰当的引用, 版权所有人允许并同意第三方无条件的使用与传播。

引用格式(中文):

陈亚丽等, 2012, 与甜瓜嫁接亲和性连锁分子标记鉴定, 分子植物育种(online) Vol.10 No.71 pp.1518-1525 (doi: 10.5376/mpb.cn.2012.10.0071)

引用格式(英文):

Chen et al., 2012, Identification of Molecular Marker Linked to Grafting Compatibility in Melon, Fenzi Zhiwu Yuzhong (online) (Molecular Plant Breeding) Vol.10 No.71 pp. 1518-1525 (doi: 10.5376/mpb.cn.2012.10.0071)

摘要 使用与南瓜类型砧木(“壮士”)嫁接亲和性差异明显的两个甜瓜自交系(85-1 和 B717)为亲本, 配制 F_{2:3} 家系群体; 利用 BSA 法构建亲和性优劣池, 结合 PCR 技术筛选与嫁接亲和性有关的分子标记。结果表明: 使用葫芦科遗传连锁图谱上发表的 750 对 SSR、SRAP 和 AFLP 等分子标记引物扩增, 最终筛选出在两个甜瓜材料之间具有多态性的 382 对引物, 其中 9 对引物分别在嫁接亲和性优劣 DNA 池中扩增出差异性片段。将这些标记用于 F₂ 群体的扩增, 计算标记与嫁接亲和性遗传连锁距离, 两对 SSR 引物 CMN-0616 和 M103 与嫁接亲和性的遗传距离分别为 17.6 cm 和 9.3 cm。这 2 对引物有望成为鉴定甜瓜嫁接亲和性的辅助引物, 从而将嫁接亲和性差异材料从分子角度区别开来, 为甜瓜嫁接接穗育种等研究提供参考。

关键词 甜瓜; 嫁接; 亲和性; 分子标记

Identification of Molecular Marker Linked to Grafting Compatibility in Melon

Chen Yali^{1,2}, Guo Shirong¹, Zhu Weimin², Liu Longzhou², Chen Youyuan²

1. College of Horticulture, Nanjing Agriculture University, Key Laboratory of Southern Vegetable Crop Genetic Improvement, Ministry of Agriculture, Nanjing, 210095, P.R. China

2. Protected Horticultural Research Institute, Shanghai, Academy of Agricultural Sciences, Shanghai Key Laboratory of Protected Horticultural Technology, Shanghai, 201403, P.R. China

✉ Corresponding author, shoujitcl@yahoo.com.cn; ✉ Authors

Abstract Two melon varieties (85-1 and B717), being significant differences in grafting affinity with the pumpkin rootstock “a strong man”, were used as parents to construct F_{2:3} populations; molecular markers linked to graft compatibility were identified by PCR technology based on differential DNA pools in grafting affinity prepared by BSA approach. The results showed that 382 pairs of primers with polymorphism in two melon parents were screened from 750 pairs of SSR, SRAP, AFLP primers, which had published in the cucurbitaceae genetic linkage map. There are 9 pairs of primers that can respectively amplified different fragments in differential DNA pools in grafting affinity, and these different markers were further used to amplify F₂ population to calculate the genetic linkage distance between the marker and the trait of grafting affinity. The distance of markers of CMN-0616 and M103 both linked to grafting affinity with the genetic were 17.6 cm and 9.3 cm respectively. These two pairs of primers would be expected to be as assist markers to identify grafting affinity of the melon in order to distinguish varieties with different grafting affinity at the level of molecular background which might provide the reference for developing grafted melon scion in breeding program.

Keywords Melon; Grafting; Grafting affinity; Molecular marker

研究背景

甜瓜(*Cucumis melo* L. var *reticulatus* Nand.)为葫芦科(Cucurbitaceae)甜瓜属(*Cucumis*)一年生草本植物, 是一种重要的园艺作物。随着设施栽培面积的东移南扩, 甜瓜设施栽培面积逐渐扩大, 但连年种植造成的大幅度减产、土传病害、土壤盐分积累

等问题严重制约着其大面积种植和生产, 而嫁接成为克服这些障碍的首选之举。近年来蔬菜嫁接在世界范围内的应用已越来越广泛(Cantliffe, 2009), 尤其在葫芦科作物黄瓜、甜瓜、西瓜、西葫芦等作物上使用效果明显, 且嫁接能显著提高作物的耐逆性(Estañet al., 2009; 张古文等, 2006; 2007)、抗病性

(Lee and Oda, 2003; Stegemann and Bock, 2009)解决连作障碍, 获得高产和稳产。

目前, SSR (simple sequence repeat, 微卫星标记)、AFLP (amplified fragment length polymorphism, 扩增片段长度多态性)、SRAP (sequence-related amplified polymorphism, 相关序列扩增多态性)等分子标记技术已飞速发展, 利用各种DNA分子标记技术研究各种植物的遗传机理也成为近年来分子生物学领域的研究热点。目前开展的分子标记基本上都是以PCR为基础的DNA多态性检测技术, 鉴于多态性高、重复性好、遗传信息量大、稳定性好、测序方便等优点, 在分子标记辅助育种中有着很大的应用前景。近年来对于嫁接亲和性分子标记方面的研究鲜有报道, 以甜瓜接穗开展的研究则更少。

本实验以两种嫁接亲和性差异明显的甜瓜接穗自交系为研究材料, 配制 $F_{2,3}$ 群体并构建亲和性优、差DNA池, 采用BSA法(bulked segregate analysis, 分离群体分组分析)筛选两池中具有多态性的引物, 以期获得与甜瓜嫁接亲和性有关的分子连锁标记, 进而辅助选择嫁接亲和性优良的甜瓜品种, 同时为其嫁接亲和性基因定位、克隆及揭示嫁接这一古老而特殊的栽培操作内在分子机理奠定基础。

1 结果与分析

1.1 亲和性调查

亲和性调查发现不同嫁接组合之间嫁接株成活率、坐果率、果实品质有差异(表1)。其中, 甜瓜接穗85-1与南瓜砧木“壮士”的亲和性表现优(0级), 与自根苗相比嫁接株成活率高达99%, 坐瓜率为100%, 果实甜度无变化、整体品质与对照相当; 而B717嫁接成活率仅为40% (3级), 坐瓜率56%, 甜度比对照降低2.8%、整体品质表现较差。这表明甜瓜自交系85-1与南瓜砧木“壮士”的嫁接亲和力较高, 而B717嫁接亲和力较差。 F_3 家系中各接穗得到嫁接苗(F_2 对应单株做对照), 在嫁接亲和力(成活率、坐瓜率、果实甜度)表现出一定的分离变化见表1。

1.2 DNA质量检测

将所提取的DNA用0.8%琼脂糖凝胶电泳进行质量检测(图1)。由图可以看出, 无论是嫁接亲和性优良的85-1, 还是嫁接亲和性较差的B717, 提取的DNA均主带清晰, 质量较好。

1.3 引物筛选

通过750对引物对亲和性优差池的筛选发现,

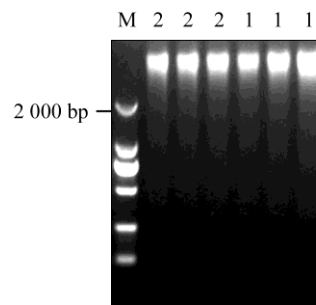


图1 琼脂糖凝胶电泳检测DNA质量

注: M: DL2000 DNA marker; 1: 亲和性优良的甜瓜材料85-1; 2: 亲和性较差的甜瓜材料B717

Figure 1 DNA Quality test by agarose gel electrophoresis

Note: M: DL2000 DNA marker; 1: Melon material 85-1 with good affinity, 2: Melon materials B717 with poor affinity

共有382对引物在两份甜瓜亲本材料间呈现多态性, 占检测引物总数的50.93%, 其中9对引物(Y1(CMN-0616), Y2(M103), Y3, Y4, Y5, Y6, Y7, Y8, Y9)在亲和性优良池和亲和性较差池中检测出差异片段, 呈现显著差异, 占检测引物的1.20%。9对差异标记的引物扩增图谱(图2)。其中4对引物在嫁接亲和性良好的85-1中都扩增出条带, 而在嫁接亲和性较差的B717中均未扩增出条带; 另5对引物情况与之相反(图2), 在嫁接亲和性较差的B717中都扩增出条带, 而在嫁接亲和性良好的85-1中均未扩增出条带, 且这9对引物在亲和性差异明显的两个品种间扩增出的差异片段均在500~750 bp之间。

另外, 对扩增引物的筛选过程中还发现有373对引物在嫁接亲和性良好的85-1和嫁接亲和性较差的B717中扩增出相同条带, 其中有351对引物在亲和性差异明显的两个品种间扩增出的相同条带在200~1 000 bp之间, 占总相同条带的94.1%; 而另外22对引物在两品种间扩增出大约1 100 bp的条带, 占总相同条带的5.9%。368对引物在亲和性差异显著的两品种间未扩增出片段(图2)。

1.4 标记计算与验证

用所得到的9对引物对 F_2 群体单株进行了验证。结果显示, Y1 (CMN-0616)和Y2 (M103)与嫁接亲和性性状遗传距离分别为17.6 cm和9.3 cm; 通过标记扩增和实际实验比较, 分子标记辅助鉴定准确率在90%以上。由图3可以看出, 这两对引物用于扩增所选 F_2 代亲和性优差个体DNA, 进行标记的稳定性验证。

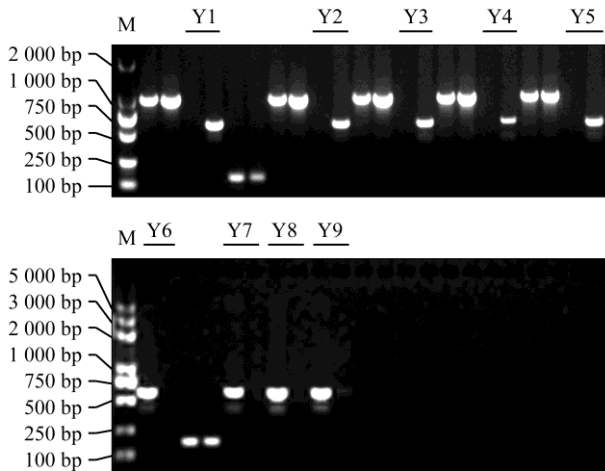


图2 9对引物对两个池的扩增图谱

注: 两个为一组, 每组顺序分别为亲和性优良的85-1和亲和性较差的B717; M: DNA marker; Y1~Y9为差异条带; 其余为扩增出的相同条带; 右下部分为无条带

Figure 2 DNA pools amplified with nine pairs of primers

Note: Two lanes as a group, each group places a melon 85-1 and B717 in turn; M: DNA marker; Y1~Y9 indicates the primers with amplified differential bands, and the rest shows no difference in band; The blank of the right lower parts shows no amplified bands

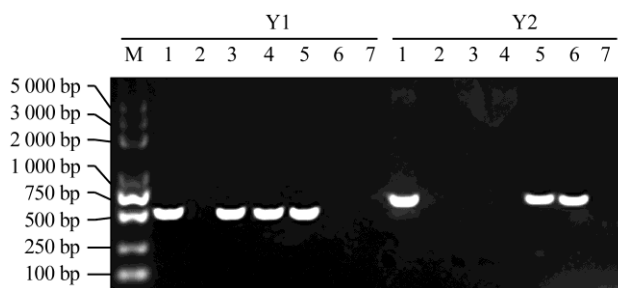


图3 引物Y1 (CMN-0616)和Y2 (M103)在部分F₂单株中的验证
注: M: DNA ladder marker; 1: 亲和性优良的85-1; 2: 亲和性较差的B717; 3~7: 为F₂群体中随机选择的单株; 其中Y1为CMN-0616、Y2为M103

Figure 3 Verification of primer Y1 (CMN-0616) and Y2(M103) in part of F₂ individual plants

Note: M: DNA ladder marker; 1: Excellent affinity varieties 85-1; 2: Poor affinity varieties B717; 3~7: Individual plants selected from F₂ population in random; Y1 is CMN-0616, Y2 is M103

2讨论

目前嫁接栽培已经在我国西甜瓜大田生产中得到了广泛应用, 尤其在我国南部海南省、中部厚薄皮混杂种植区(江苏南通及长三角地区, 安徽和县, 河南洛阳等)、黄河以北的薄皮甜瓜区等应用较

多。近年来, 甜瓜嫁接研究已经从以往的单纯生理方面深入到分子水平, 研究内容也相应的从简单的提高植株抗逆性、提高产量等方面扩展到具体的嫁接基因亲和性方面, 从对薄皮甜瓜的大量研究(齐红岩, 2010; 陈友根等, 2008)延伸到厚皮甜瓜上, 在以往筛选优良砧木接穗组合、考察嫁接植株生长发育状况的基础上, 进一步探讨嫁接植株间的分子机理; 与此同时, 导致不同砧木接穗嫁接组合表现不同嫁接优势的原因以及嫁接能够提高作物抗逆性、提高产量的具体过程是什么, 具体机理是如何运作的等一系列问题也一直令广大学者百思不得其解。

目前, 各种分子技术在葫芦科作物上已经开展了诸如种质亲缘关系鉴定、遗传图谱构建、基因标记与转基因等方面的研究, 且随着SSR、AFLP、ISSR和SRAP等技术的不断成熟, 其应用在各个研究、各个领域仍在逐步扩大。张桂华等(2004)借助分子标记对育种材料从DNA分子水平上进行选择, 标记了与黄瓜白粉病抗性相关基因连锁的AFLP标记, 连锁距离为5.56 cm, 从而更有效地筛选高产高抗优质品种, 提高育种效率。陈飞雪等(2008)用黄瓜耐高温自交系863-7和不耐高温自交系863-6构建F₂群体寻找与黄瓜耐高温连锁的分子标记, 用62对SSR引物和132对SRAP引物进行多态性筛选, 结果8对SSR引物和71对SRAP引物呈现出多态性。本研究选取与南瓜砧木嫁接亲和性差异明显甜瓜自交系85-1和B717杂交产生F_{2,3}群体, 并通过调查遗传群体中嫁接植株成活率、坐果率、果实甜度等指标进行亲和性考察, 使用成熟BSA法筛选嫁接亲和性相关基因连锁标记时, 方法简单、直观, 研究结果具有可靠性。

嫁接亲和性分子机理的进一步分析为植株间高效嫁接、利用嫁接优势更好的服务于农业生产提供重要的意义和价值, 该领域目前国内研究较少, 若能找到嫁接亲和性连锁距离更近的相关标记, 将会为甜瓜或者葫芦科植物嫁接研究带来重大突破。本实验筛选的2对引物初步将两个甜瓜嫁接亲和性差异明显的材料区分开来, 至于这些标记能否用于甜瓜大批量的嫁接鉴定, 还需进一步验证。有关葫芦科作物嫁接分子标记辅助选择, 还需借鉴其他分子技术进一步筛选, 总之更多的嫁接相关分子机理研究正蓄势待发。

3材料和方法

3.1实验材料

南瓜砧木“壮士”品种以及甜瓜接穗自交系85-1

表 1 不同嫁接组合亲和性调查

Table 1 The investigation of grafting compatibility between different combination

品种编号 Series no. of variety	嫁接成活率(%) Grafting survival rate (%)	坐果率(%) Rate of fruit setting (%)	果实甜度(%) Fruit sweetness (%)	定级 Grading
85-1 + “壮士”南瓜 85-1 + Pumpkin “a strong man”	99 ^a	100	14.5	0
B717 + “壮士”南瓜 B717 + Pumpkin “a strong man”	40 ^b	56	11.7	3
1	100	66.7	12.8	1
2	100	66.7	13.0	1
3	100	50	10.5	2
4	100	83.3	13.5	0
5	100	66.7	12.8	1
6	0	0	0	3
7	100	50	13.8	2
8	100	66.7	13.7	1
9	0	0	0	3
10	100	66.7	13.0	1
11	100	50	13.4	2
12	100	66.7	13.0	1
13	100	66.7	12.8	1
14	0	0	0	3
15	100	66.7	13.0	1
16	100	50	12.8	2
17	100	66.7	13.5	1
18	100	66.7	13.9	1
19	100	66.7	14.0	1
20	100	100	13.8	0
21	100	83.3	13.3	0
22	100	66.7	13.1	1
23	100	66.7	13.4	1
24	100	66.7	13.2	1
25	100	66.7	13.3	1
26	0	0	0	3
27	100	66.7	12.7	1
28	0	0	0	3
29	100	83.3	13.4	0
30	100	66.7	12.7	1
31	100	100	13.3	0
32	100	50.0	13.1	2
33	100	66.7	13.9	1
34	100	66.7	13.6	1
35	100	66.7	13.0	1
36	100	66.7	13.7	1
37	100	66.7	13.0	1
38	100	100	13.1	0
39	0	0	0	3
40	100	66.7	13.9	1
41	100	50	12.0	2
42	0	0	0	3
43	100	66.7	13.5	1
44	100	66.7	12.7	1

续表 1

Continuing table 1

品种编号 Series no. of variety	嫁接成活率(%) Grafting survival rate (%)	坐果率(%) Rate of fruit setting (%)	果实甜度(%) Fruit sweetness (%)	定级 Grading
45	100	66.7	12.7	1
46	0	0	0	3
47	0	0	0	3
48	100	66.7	12.9	1
49	100	66.7	12.8	1
50	100	66.7	13.0	1
51	100	100	13.3	0
52	100	66.7	13.7	1
53	100	50	13.5	2
54	100	66.7	13.9	1
55	100	50	12.7	2
56	100	100	14.1	0
57	100	50	13.5	2
58	100	100	13.4	0
59	100	66.7	14.0	1
60	100	97	13.2	0
61	100	66.7	14.0	1
62	100	66.7	13.9	1
63	100	66.7	13.9	1
64	100	66.7	13.8	1
65	100	100	13.5	0
66	100	66.7	14.0	1
67	100	66.7	13.9	1
68	100	66.7	13.8	1
69	100	66.7	13.7	1
70	0	0	0	3
71	100	66.7	13.9	1
72	0	0	0	3
73	100	66.7	13.6	1
74	100	66.7	13.8	1
75	100	66.7	13.0	1
76	100	66.7	13.2	1
77	100	100	13.3	0
78	100	83.3	13.5	0
79	100	83.3	13.2	0
80	100	100	13.4	0
81	0	0	0	3
82	100	66.7	12.9	1
83	100	66.7	13.0	1
84	100	66.7	13.0	1
85	100	50	11.5	2
86	100	66.7	13.5	1
87	100	66.7	13.0	1
88	100	83.3	14.0	0
89	100	66.7	13.8	1
90	100	50	12.0	2
91	100	66.7	13.0	1
92	100	66.7	12.7	1

续表 1

Continuing table 1

品种编号 Series no. of variety	嫁接成活率(%) Grafting survival rate (%)	坐果率(%) Rate of fruit setting (%)	果实甜度(%) Fruit sweetness (%)	定级 Grading
93	100	66.7	13.0	1
94	100	66.7	12.7	1
95	100	100	13.5	0
96	100	90	13.0	2
97	100	66.7	13.2	1
98	100	66.7	13.0	1
99	100	50	12.9	2
100	0	0	0	3
101	100	83.3	13.2	0
102	0	0	0	3
103	100	66.7	13.0	1
104	100	66.7	14.0	1
105	100	66.7	13.7	1
106	100	66.7	13.7	1
107	0	0	0	3
108	100	100	13.4	0
109	0	0	0	3
110	100	50	13.6	2
111	0	0	0	3
112	100	83.3	13.4	0
113	0	0	0	3
114	0	0	0	3
115	100	66.7	12.8	1
116	100	66.7	13.9	1
117	100	66.7	13.0	1
118	100	66.7	12.8	1
119	100	100	13.4	0
120	0	0	0	3
121	100	83.3	13.5	0
122	100	66.7	13.0	1
123	100	100	13.2	0
124	100	50	12.6	2

注: a嫁接成活率数值中: 为100个植株做接穗嫁接统计结果; b嫁接成活率数值中: 为100个植株做接穗嫁接统计结果; c所有嫁接甜瓜均三杆留瓜(每杆留2瓜); 果实甜度为正常成熟各瓜甜度平均值

Note: a grafting survival rate of value: Statistical results based on the 100 plants grafted scion; b Grafting survival rate of value: Statistical results based on the 100 plants grafted scion; c All grafted melon remain three melon plants (stay two melon of each plant); Fruit sweetness is the average sweetness of normal mature melon

和B717, 均由上海市农业科学院园艺所提供。课题组预实验表明, 85-1为与“壮士”嫁接亲和性较好的自交系, B717为与“壮士”嫁接亲和性较差的自交系。以85-1和B717为亲本组配F_{2:3}家系群体(F₂包括126个单株)。

3.2亲和性分级和调查

亲和性分级主要采用3个指标分别是嫁接成活

率、坐瓜率和果实甜度。亲和性分级为: 0级别: 亲和性优, 群体嫁接成活率95%以上或单株成活、坐瓜率100%以上、果实甜度与对照相差0.5%以内; 1级别: 亲和性良, 群体嫁接成活率85%~95%以内或单株成活、坐瓜率83.3%~95%以内、果实甜度与对照相差0.5%~0.8%以内; 2级别: 亲和性中, 群体嫁接成活率70%~85%以内或单株成活、坐瓜率

66.7%~83.3%以内、果实甜度与对照相差0.8%~1.2%以内; 3级别: 亲和性差, 群体嫁接成活率70%以下或单株死亡, 坐瓜率66.7%以下、果实甜度与对照相差1.2%以下。

调查过程为: 以85-1和B717为亲本产生F₃群体中每个家系取一个植株苗作接穗分别与砧木“壮士”采用插接法嫁接[以自根苗(85-1, B717及其由它们为亲本产生F₂各单株)作为对照]; 分别于4月20日和4月27日播种接穗和砧木, 5月11日进行嫁接。5月23日调查嫁接植株成活率, 定植于日光温室中, 高畦栽培, 每畦定植双行, 株距40 cm, 黑色地膜覆盖, 采用滴灌方式浇水; 6月23日调查坐瓜率, 7月25日考察果实的甜度。

3.3亲和性优差池的建立、DNA的提取和检测

插接操作中将甜瓜接穗上被切下的根和茎材料搜集于-80度储存备用。调查各嫁接苗成活率、坐瓜率、果实甜度亲和性指标并做对应亲和性级别划分。搜集甜瓜接穗中表现亲和性优(0级)和亲和性差(3级)的对应F₂植株DNA各10份, 分别随机各取6份单独混合建成亲和性优、差DNA池各3个。

DNA提取方法使用改良的CTAB方法, 用0.8%琼脂糖凝胶电泳进行质量检测。

3.4 PCR扩增和电泳检测

反应体系: 25 μL, 2×*Taq* PCR Master Mix 12.5 μL (生物公司提供) (10×Buffer (含20 mmol/L的Mg²⁺); 0.5 μL dNTPs (2.5 mmol/L); 0.2 μL *EasyTaq* DNA聚合酶(2.5 U/μL)); 40.5 ng/μL的模板DNA 1 μL; 前后引物(30 ng/μL)各1 μL; 最后加入9.5 μL ddH₂O补齐。PCR反应在基因扩增仪(生物科技公司生产)上进行。PCR反应程序: 94℃预变性3 min; 然后94℃变性30 s, 55℃退火30 s, 72℃延伸1 min, 35个循环; 最后72℃再延伸5 min, 4℃保存待测。扩增产物用1.5%~2%的琼脂糖凝胶电泳检测, EB染色, 100 V恒压下1×TAE缓冲液中电泳90 min左右, 紫外灯下观察记录带型并拍照。

3.5引物筛选

由上海生工合成文献发表的750对SSR、AFLP、SRAP引物(Fernandez-Silva et al., 2008; Fukino et al., 2008; Ren et al., 2009)对亲和性优差池进行筛选。

作者贡献

陈亚丽和刘龙洲是本研究的实验设计和实验研究的执

行人; 陈亚丽完成数据分析, 论文初稿的写作; 刘龙洲和朱为民参与实验设计, 试验结果分析; 刘龙洲、朱为民、郭世荣和陈幼源是项目的构思者及负责人, 指导实验设计, 数据分析, 论文写作与修改, 参与了论文的校对和定稿等。全体作者都阅读并同意最终的文本。

致谢

本研究由国家自然科学基金项目(31000915)、上海市重点学科(蔬菜学-交通大学)建设项目(B209)和上海市启明星人才计划(11QA1405700)共同资助。作者感谢上海市农业科学院园艺所提供实验平台, 能够进行各项试验、完成本研究工作, 在此深表感谢。

参考文献

- Cantliffe D.J., 2009, Plug transplant technology, *Hortic. Rev.*, 35: 397-436
- Chen F.X., Zhang G.H., Qian W.C., Han Y.K., Chen D.F., Du S.L., and Chen X.W., 2008, Molecular markers linked to high temperature resistance QTLs in cucumber, *Nankai Daxue Xuebao (Acta Scientiarum Naturalium (Universitatis Nankaiensis))*, 41(4): 49-54 (陈飞雪, 张桂华, 钱文成, 韩毅科, 陈德富, 杜胜利, 陈喜文, 2008, 与黄瓜耐高温QTL连锁的分子标记分析, *南开大学学报(自然科学版)*, 41(4): 49-54)
- Estañol M.T., Villalta I., Bolarín M.C., Carbonell E.A., and Asins M.J., 2009, Identification of fruit yield loci controlling the salt tolerance conferred by solanum rootstocks, *Theor. Appl. Genet.*, 118(2): 305-312
- Fernandez-Silva I., Eduardo I., Blanca J., Esteras C., Picó B., Nuez F., Arús P., Garcia-Mas J., and Monforte A.J., 2008, Bin mapping of genomic and EST-derived SSRs in melon (*Cucumis melo* L.), *Theor. Appl. Genet.*, 118: 139-150 <http://dx.doi.org/10.1007/s00122-008-0883-3> PMID:18806992
- Fukino N., Ohara T., Monforte A., Sugiyama M., Sakata Y., Kunihisa M., and Matsumoto S., 2008, Identification of QTLs for resistance to powdery mildew and SSR markers diagnostic for powdery mildew resistance genes in melon (*Cucumis melo* L.), *Theor. Appl. Genet.*, 118(1): 165-175 <http://dx.doi.org/10.1007/s00122-008-0885-1> PMID:18797839
- Lee J.M., and Oda M., 2003, Grafting of herbaceous vegetable and ornamental crops, *Hortic. Rev.*, 28: 61-124
- Qi H.Y., Qiu L.Y., Li Y., Guan X.C., and Li J.R., 2010, Effects of grafting on fruit storability and main quality of oriental sweet melon, *Xibei Nongye Xuebao (Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica)*, 19(3): 163-167 (齐红岩, 邱丽妍, 李岩, 关小川, 李金燃, 2010, 嫁接对薄皮甜瓜果实耐贮性和贮藏期间主要品质的影响, *西北农业学报*,

- 19(3): 163-167)
- Ren Y., Zhang Z.H., Liu J.H., Staub J.E., Han Y.H., Cheng Z.C., Li X.F., Lu J.Y., Miao H., Kang H.X., Xie B.Y., Gu X.F., Wang X.W., Du Y.C., Jin W.W., and Huang S.W., 2009, An integrated genetic and cytogenetic map of the cucumber genome, PLoS One, 4(6): e5795 <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0005795> PMID:19495411 PMCid:2685989
- Stegemann S., and Bock R., 2009, Exchange of genetic material between cells in plant tissue grafts, Science, 324: 649-651 <http://dx.doi.org/10.1126/science.1170397> PMID:19407205
- Zhang G.H., Du S.L., Wang M., and Ma D.H., 2004, AFLP markers of cucumber powdery mildew resistance-related gene, Yuanyi Xuebao (Acta Horticulturae Sinica), 31(2): 189-192 (张桂华, 杜胜利, 王鸣, 马德华, 2004, 与黄瓜抗白粉病相关基因连锁的AFLP标记的获得, 园艺学报, 31(2): 189-192)
- Zhang G.W., Zhu Y.L., Yang L.F., Liu Z.L., and Hu C.M., 2006, Effects of NaCl stress on the biomass and ion contents in grafted tomato seedlings, Xibei Zhiwu Xuebao (Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica), 26(10): 2069-2074 (张古文, 朱月林, 杨立飞, 刘正鲁, 胡春梅, 2006, NaCl胁迫对番茄嫁接苗生物量及离子含量的影响, 西北植物学报, 26(10): 2069-2074)
- Zhang G.W., Zhu Y.L., Yang L.F., Liu Z.L., and Hu C.M., 2007, Effects of NaCl stress on contents of polyamines in roots of grafted tomato seedlings, Yuanyi Xuebao (Acta Horticulturae Sinica), 34(4): 1011-1014 (张古文, 朱月林, 杨立飞, 刘正鲁, 胡春梅, 2007, NaCl胁迫对番茄嫁接苗根系多胺含量的影响, 园艺学报, 34(4): 1011-1014)