果 树 学 报 2026,43(8):2063-2071
Journal of Fruit Science

DOI:10.13925/j.cnki.gsxb.20250682

西瓜少侧枝性状的分子标记开发与辅助育种研究

陈路娜[1],王浩波[1],谢长宝[2],张瑞涛[1],李 汉[1],范家萌[1],睢祥琨[2],周贤达[1]

([1]国投丰乐种业股份有限公司,合肥 231283;[2]合肥丰乐新三农股份有限公司,合肥 231283)

摘 要:【目的】基于已知的西瓜少侧枝*Clbl*基因及其关键C/A SNP位点,开发高通量实用型KASP标记,建立多世代分子辅助育种体系,实现少侧枝优质材料创制与新品种培育。**【方法】**以少侧枝材料ZXG1361(供体)和正常侧枝优良材料FLW03Z01、FLW03Z02(受体)为亲本,构建F_1、F_2遗传群体,通过表型鉴定、基因测序、KASP标记开发及F_2→F_4多世代筛选开展研究。**【结果】**开发的KASP标记FLB-K1在2个F_2群体中表型-基因型吻合率达98.28%~98.97%,通过FLB-K1辅助筛选获得5份纯合材料,核心材料SC-3711-③与SC-5352-①农艺性状突出,组配的少权1号定植45 d单株侧枝数2~5条,中心可溶性固形物含量(*w*,后同)为12%,与对照品质相当,但节省整枝成本。**【结论】**成功开发针对西瓜少侧枝性状的KASP标记FLB-K1,该标记精准高效、适配高通量筛选;利用该标记快速创制5份优良纯合材料,培育出少侧枝新品种少权1号,达成了分子标记技术与育种实践的深度结合。

关键词:西瓜;少侧枝性状;*Clbl*基因;KASP标记;分子辅助育种

中图分类号:S651 **文献标志码:**A **文章编号:**1009-9980(2026)08-2063-09

Development of molecular markers and marker-assisted breeding for sparse lateral branching in watermelon

Chen Luna[1], Wang Haobo[1], Xie Changbao[2], Zhang Ruitao[1], Li Han[1], Fan Jiameng[1], Sui Xiangkun[2], Zhou Xianda[1]

([1]SDIC Fengle Seed Co., Ltd., Hefei 231283, Anhui, China; [2]Hefei Fengle New Three Rural Issues Co., Ltd., Hefei 231283, Anhui, China)

Abstract:【Objective】This study attempted develop a high-throughput kompetitive Allele-Specific PCR (KASP) marker targeting the sparse lateral branching in watermelon (*Citrullus lanatus*), systematically validated its specificity, stability and applicability, and applied it to marker-assisted breeding (MAS) to create elite lines with reduced lateral branches and high quality, as well as to breed new varieties suitable for industrial cultivation. This study aims to reduce the high cost of manual pruning and improve the low efficiency of traditional breeding, both of which are caused by excessive lateral branching, and thereby accelerate the breeding of watermelon varieties with an ideal plant architecture.【Methods】Donor ZXG1361 (homozygous mutant AA, reduced lateral branches) and recipients FLW03Z01/FLW03Z02 (homozygous wild-type CC, normal lateral branches) were used to construct F_1, F_2, F_3, and F_4 populations, grown at two experimental stations (2023—2025) under uniform protected cultivation. Lateral branch number (≥2 cm), plant height, and internode number were investigated at 30 and 45 days after transplanting; chi-square test verified F_2 segregation ratio, and *T*-test (α=0.05) analyzed parental phenotypic differences. Genomic DNA was extracted from cotyledons via CTAB method. Based on the C/A SNP at position 1334 of the *Clbl* gene, KASP marker FLB-K1 was developed, comprising FAM-labeled primer for CC genotype, HEX-labeled primer for AA genotype, and a common reverse primer. PCR was performed in 384-well plates; fluorescence signals were detected with a Pherastar scanner, and genotype-phenotype concordance was analyzed via Fisher's exact test. A multi-generation-

收稿日期:2025-12-12 **接受日期:**2026-02-09

基金项目:国家西瓜甜瓜育种联合攻关任务(农种发〔2022〕5号);2023年安徽省西瓜甜瓜良种联合攻关项目(合农〔2023〕41号);合肥市农业行业首席专家工作室项目(202319)

作者简介:陈路娜,女,初级农艺师,研究方向为西瓜分子育种。E-mail:18370007236@163.com

al MAS system was established: F_2 seedlings with AA genotype were selected by FLB-K1, followed by phenotypic (lateral branch number ≤7 per plant) and quality (central soluble solids ≥10%) screening; F_3/F_4 populations were further screened for stable traits (lateral branch number ≤5 per plant, central soluble solids ≥10.5%). Two elite F_4 lines (SC-3711-③ and SC-5352-①) were crossed to breed hybrid Shaocha No.1, with Zhongmi No.1 as control for trait comparison.【Results】F_1 plants exhibited normal branching, confirming dominant inheritance of the normal trait. The F_2 populations of AF_2 (693 plants) and BF_2 (390 plants) showed segregation ratios of 3.03∶1 (χ^2=0.012, P=0.913) and 3.11∶1 (χ^2=0.085, P=0.770) for normal vs. reduced lateral branches plants, respectively, indicating control by a single recessive gene. FLB-K1 achieved clear and distinct genotyping in F_2 populations, with blue clusters for CC genotype, red for AA genotype, green for CA genotype, and no cross-contamination with blank controls. Genotype-phenotype concordance rates reached 98.28% (681/693) in AF_2 and 98.97% (386/390) in BF_2, with un-typable samples accounting for only 0.8% and 0.5% respectively, demonstrating high specificity and stability. Compared with traditional dCAPS markers, FLB-K1 eliminated restriction enzyme digestion and electrophoresis steps, avoiding misjudgment caused by incomplete digestion, and shortened the screening cycle from over 30 days after transplanting to a few days within the 1-leaf stage, and improved detection throughput by 4 times via 384-well plates compared with 96-well plates for dCAPS markers. Multi-generational MAS maintained 100% AA genotype homozygosity across F_2 to F_4 generations. F_4 lines showed stable traits of sparse lateral branching (2−5 per plant) and significantly improved quality, with central soluble solids of 10.5%−13%, which was 2.5%−4% higher than donor ZXG1361 (8%−9%). Five elite homozygous lines were successfully created, among which SC-3711-③ had 2−4 lateral branches per plant, a fruit weight of 5.4−6.5 kg, a peel thickness of 0.6−0.8 cm, and central soluble solids up to 13%; SC-5352-① had 2−5 lateral branches per plant, a fruit weight of 5.3−5.9 kg, and central soluble solids 11%−12%; Shaocha No.1 had 2−5 lateral branches per plant at 45 days after transplanting, which was significantly fewer than the control Zhongmi No.1 (19−25 branches per plant, P<0.001), completely eliminating the need for manual pruning. Its central soluble solids reached ≥12%, fruit weight 4.0−6.5 kg. It had tender flesh with medium fiber content, and a peel thickness of 0.7−1.0 cm, with comprehensive agronomic traits comparable to the control, while showing obvious advantages in simplified cultivation.【Conclusion】The developed FLB-K1 marker enables accurate, high-throughput genotyping for the watermelon with sparse lateral branch trait at the seedling stage, displaying superior performance to traditional dCAPS markers in operation simplicity, detection efficiency and stability. Application of FLB-K1 in multi-generational MAS successfully yielded five elite homozygous lines integrating traits of sparse lateral branching and high quality, solving the problem of poor quality in existing reduced lateral branch materials. The bred hybrid Shaocha No.1 combines excellent quality traits and simplified cultivation advantages, meeting the demand for industrial watermelon production. This marker and the corresponding multi-generational MAS system effectively enhanced the breeding efficiency of watermelon ideal plant architecture, providing important variety support and technical guarantee for simplified cultivation of watermelon.

Key words: *Citrullus lanatus*; Sparse lateral branching trait; *Clbl* gene; KASP marker; Molecular marker-assisted breeding

侧枝分生是作物的核心农艺性状之一，直接决定植株株型（株高、侧枝数量及生长习性等），进而影响作物对环境的适应性、光能捕获效率与养分分配，最终关联生产力及产量形成，如粮食作物的结实率与分枝或分蘖特性密切相关[1-2]。西瓜（*Citrullus lanatus*）全节易萌发侧枝，过度分枝导致群体郁

闭，增加病害风险，加剧养分竞争而影响坐果，且需大量人工整枝，显著提升生产成本[3]。培育少侧枝品种是解决上述问题的关键，也是西瓜理想株型育种的核心目标之一。

植物侧枝发育由遗传网络与环境信号协同调控，模式植物中关键通路已明确。拟南芥MAX家族基因通过合成独脚金内酯调控侧芽休眠[4]；TCP转录因子编码基因*BRC1*则直接抑制侧芽萌发，*BRC1*基因功能缺失会加速腋生分生组织启动，导致侧枝数量显著增加[5]；玉米*TB1*基因高表达可增强对侧枝生长的抑制作用[6-7]；水稻*IPA1*作为SL信号通路的下游组件，与D53互作调控分蘖[8]；水稻*APO1*基因过表达可促进分枝和小穗数量的增加[9-10]。通过BSA-seq定位克隆了西瓜少侧枝基因*Clbl*（Cla018392），其基因组第1334位C→A、第二内含子T→C存在突变，基于前者开发了dCAPS10标记[11]。但dCAPS标记需经酶切、电泳检测，通量低（仅96孔板），难以满足大规模育种需求。

KASP（kompetitive allele-specific PCR）是一种简便、快速的检测核苷酸多态性和序列变异的方法，目前在医学、农业中广泛应用[12-13]。该标记具有高通量、特异性高、检测快速的优势，更适合批量材料筛选[14]。鉴于此，笔者以少侧枝西瓜材料ZXG1361为核心，明确西瓜少侧枝性状的遗传模式，定位关键基因，开发KASP标记并建立多世代筛选体系，以期解决传统育种周期长、标记通量低等问题，从而推动西瓜理想株型的分子育种进程。

1　材料和方法

1.1　材料与种植环境

供体亲本为少侧枝材料ZXG1361，引自中国农业科学院郑州果树研究所国家西瓜甜瓜种质资源中期库，定植45 d的单株侧枝数≤5条，后期自封顶，叶片浓绿肥大，主蔓粗壮；FLB-K1位点基因型为纯合突变型（AA）。受体亲本为正常分枝材料FLW03Z01、FLW03Z02，全节萌发侧枝，无自封顶现象；FLB-K1位点基因型为纯合野生型（CC）。

2023年春季配制杂交组合FLW03Z01×ZXG1361、FLW03Z02×ZXG1361，分别获得F_1种子；2023年秋季，种植F_1植株并自交收种；2024年春季种植2个F_2群体（AF_2：FLW03Z01×ZXG1361-F_2，693株；BF_2：FLW03Z02×ZXG1361-F_2，390株）；2024—2025年，通过自交与筛选获得AF_3、AF_4、BF_3、BF_4家系，构建“F_2→F_3→F_4”多世代育种群体。

供试材料于2023—2025年种植于国投丰乐种业长丰旱作试验站（黄棕土）和海南乐东试验站（砂瓤土）；田间管理采用常规保护地栽培，50孔穴盘育苗，定植密度500株·666.7 m^{-2}，统一水肥管理，确保群体生长环境一致。

1.2　表型鉴定

于定植30 d、45 d，分别选取ZXG1361、FLW03Z01、FLW03Z02及2个组合F_1植株各10株，测定株高（主蔓基部至生长点的直线距离）、节间数（主蔓基部至生长点的总节数）、侧枝数（主蔓上长度≥2 cm的侧枝总数）。采用Graphpad Prism8软件进行数据统计，通过*T*检验（α=0.05）分析亲本间表型差异。观察AF_2、BF_2群体定植30、45 d的侧枝表型，统计正常侧枝与少侧枝单株数，通过卡方检验（χ^2检验，未使用Yates校正，自由度*df*=1，α=0.05）验证分离比是否符合孟德尔遗传规律。

果实可溶性固形物含量测定：果实成熟后，每株选取1个商品果，沿赤道面切取中间部位果肉，挤压出汁液滴于手持折光仪（MASTER-20α）检测窗口，每个样品重复测定3次，取平均值。

品种性状鉴定：少权1号与对照中蜜1号采用随机区组设计，设置3次重复，每次重复30株，仅对照进行常规整枝处理，少权1号不整枝，其余田间管理一致，成熟期统一测定侧枝数、单果质量、果皮厚度（从外果皮表皮至内果皮与果肉交界处）、中心可溶性固形物含量、果肉颜色、果肉质地等商品性状，通过*T*检验（α=0.05）分析差异显著性。

1.3　基因组DNA提取

采用CTAB法提取西瓜1叶期子叶DNA。取约0.5 g西瓜子叶置于2 mL的96深孔板中，液氮研磨成粉；加入400 μL含1% β-巯基乙醇的2% CTAB提取液，65 ℃水浴0.5 h，每15 min颠倒混匀1次；加入等体积24∶1的氯仿/异戊醇，振荡混匀后抽提10 min，10 000 r·min^{-1}离心10 min，回收上层水相；加入0.7倍体积的异丙醇，充分混匀，−20 ℃静置0.5 h；离心机预冷至4 ℃，10 000 r·min^{-1}离心10 min，弃上清液；75%乙醇洗涤沉淀，10 000 r·min^{-1}离心5 min，弃上清液；通风橱干燥后，用100 μL超纯水溶解，4 ℃保存备用。

1.4 候选基因序列分析

参考已有研究[11]，锁定*Clbl*基因为少侧枝性状候选基因。基于葫芦科基因组数据库（http://www.icugi.org/）中提取的*Clbl*基因的基因组序列、CDS序列和氨基酸序列，使用Primer Premier 5.0软件设计特异性引物（F：ATGGCAAGAAAAATAGCAGAAC，R：CTATCGCCTCCTTGCAGCA）对亲本进行测序验证，核心聚焦1334位C/A SNP与ZXG1361表型的共分离关系。

1.5 KASP标记（FLB-K1）的开发与检测

基于已验证的*Clbl*基因1334位C/A SNP，使用Primer3Plus（https://www.primer3plus.com/）设计FLB-K1引物组：正常侧枝位点结合引物（FAM标签）：GAAGGTGACCAAGTTCATGCTCTGTTGCTGCTGTCTATTTCAATGC，少侧枝位点结合引物（HEX标签）：GAAGGTCGGAGTCAACGGATTCTGTTGCTGCTGTCTATTTCAATGA，通用下游引物：CGCCTCCTTGCAGCAGTTTCTCT，上述引物均由LGC公司合成。

采用384孔板反应，体系总体积6.042 μL：20~50 ng·μL^{-1}模板DNA 3.0 μL、KASP V4.0 2×Master Mix（LGC，KBS-1050-102）3.0 μL、KASP Assay Mix（2条上游引物和下游引物体积比2∶2∶5，初始浓度100 μmol·L^{-1}）0.042 μL。PCR程序：94 ℃预变性15 min；94 ℃变性20 s、61~55 ℃退火60 s（10个循环，每循环降低0.6 ℃）；94 ℃变性20 s、55 ℃退火60 s（26个循环）。若存在未分型样本（粉色信号），补充5个循环：94 ℃变性20 s、57 ℃退火60 s，直至完全分型。采用Pherastar荧光扫描仪读取信号，采用Kraken软件分型，蓝色为CC基因型（正常侧枝）、红色为AA基因型（少侧枝）、绿色为CA基因型（正常侧枝）。以AF_2（693株）和BF_2（390株）为试验材料，ZXG1361、FLW03Z01、FLW03Z02为对照，统计基因型与表型的吻合率，采用Fisher精确检验（α=0.05）共分离显著性。

1.6 分子辅助育种流程

以“FLB-K1标记锁定基因型→少侧枝表型稳定性验证→品质筛选聚合优质性状”为核心，开展F_2~F_4世代选育。2024年春季至2025年冬季，在F_2代苗期（1叶期）利用FLB-K1标记筛选AA基因型单株，定植45 d后保留侧枝数≤7条的单株自交留种，果实成熟后保留中心可溶性固形物含量（w，后同）≥10%的种子；F_3代按家系种植（每个家系50株），苗期保留AA基因型家系，定植45 d后保留侧枝数≤5条的家系，果实成熟后保留中心可溶性固形物含量变异系数≤5%的家系；F_4代在海南按家系种植（每个家系40株），验证AA基因型纯合度，筛选少侧枝性状稳定且综合农艺性状优异的纯合材料。以F_4代稳定材料中综合性状优异的SC-3711-③为母本、SC-5352-①为父本，花期人工授粉套袋隔离，组配杂交种少权1号。

2 结果与分析

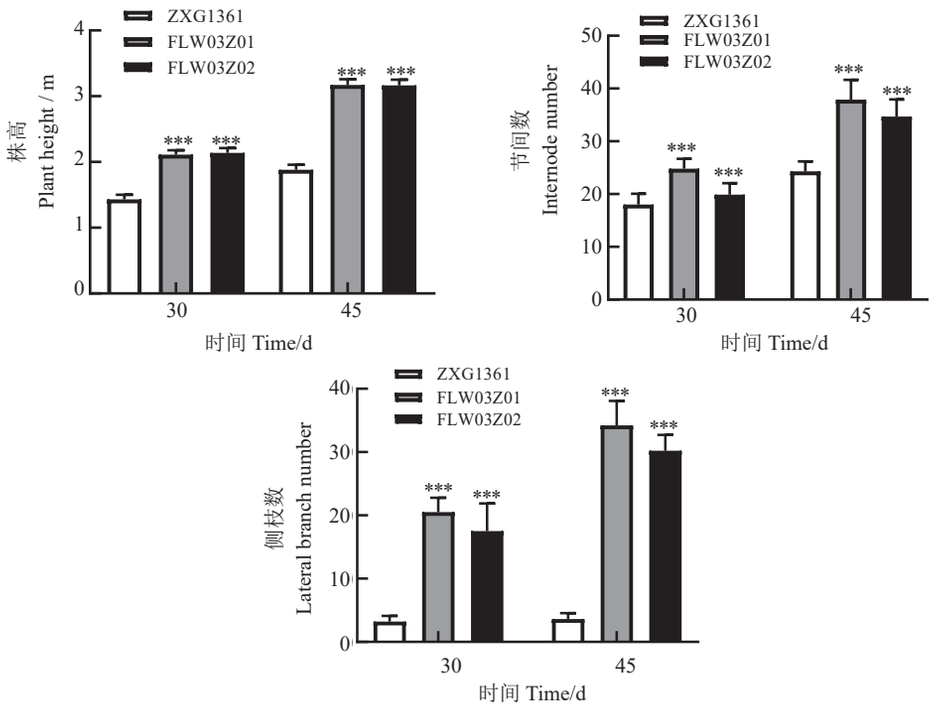
2.1 少侧枝性状核心遗传背景验证

ZXG1361与FLW03Z01、FLW03Z02表型差异显著（P<0.001）（图1）。定植30、45 d，ZXG1361侧枝数≤5条且后期自封顶；FLW03Z01、FLW03Z02均>15条，无自封顶，且株高、节间数均极显著高于ZXG1361。2个组合的F_1植株均正常分枝，表明正常侧枝性状为显性性状。AF_2（693株）与BF_2（390株）群体正常/少侧枝分离比分别为3.03∶1（χ^2=0.012，P=0.913）和3.11∶1（χ^2=0.085，P=0.770），均符合3∶1分离比，表明少侧枝性状受一对隐性单基因控制。测序结果证实ZXG1361中*Clbl*基因第1334位为AA基因型（红色框），正常侧枝亲本为CC基因型，该C/A突变导致A167E氨基酸替换，与已有研究的核心结果一致[11]（图2）。

2.2 KASP标记FLB-K1的开发与有效性验证

基于前期验证的*Clbl*基因1334位C/A关键SNP，采用Primer3Plus软件设计FLB-K1双荧光标签引物（含FAM标签正常侧枝位点特异性引物、HEX标签少侧枝位点特异性引物及通用下游引物），经引物合成与优化后完成标记开发。该标记在F_2群体中分型效果优异（图3），蓝色聚类为CC基因型（正常侧枝）、红色为AA基因型（少侧枝）、绿色为CA基因型（正常侧枝），空白对照无交叉污染，聚类界限明确，表明标记特异性强、分型准确。

FLB-K1标记与表型关联性极强。其中，AF_2群体表型-基因型吻合率为98.28%（681/693），BF_2群体吻合率为98.97%（386/390）（表1）。Fisher精确检验显示，两群体吻合模式无显著差异（P=0.439 1），证明FLB-K1标记与少侧枝表型的关联性稳定，可在1叶期高效用于基因型筛选，将性状筛选周期从定植后30 d以上缩短至苗期，大幅降低鉴定成本与周期，



***表示 ZXG1361 和 FLW03Z01、FLW03Z02 材料之间具有统计学差异，由 *T* 检验确定（*P*＜0.001）。下同。

*** indicate statistically significant differences between ZXG1361, FLW03Z01 and FLW03Z02 materials (*T*-test, *P*＜0.001). The same below.

图 1　ZXG1361、FLW03Z01 和 FLW03Z02 田间表型数据统计

Fig. 1　Field phenotypic data statistics of ZXG1361, FLW03Z01 and FLW03Z02

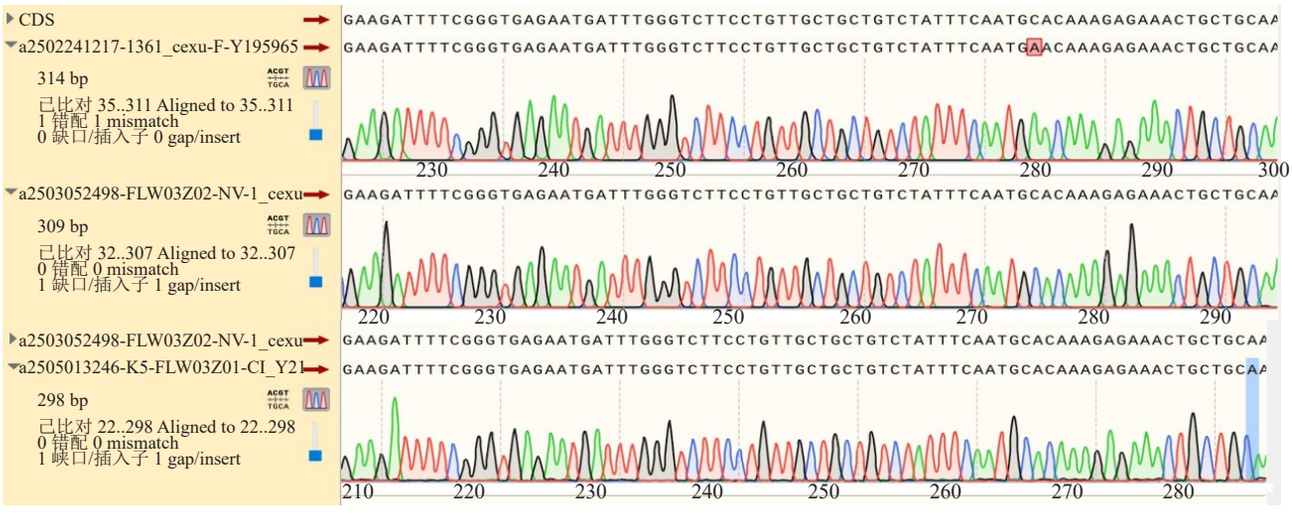


图 2　*Clbl* 基因第 1334 位碱基的测序对比

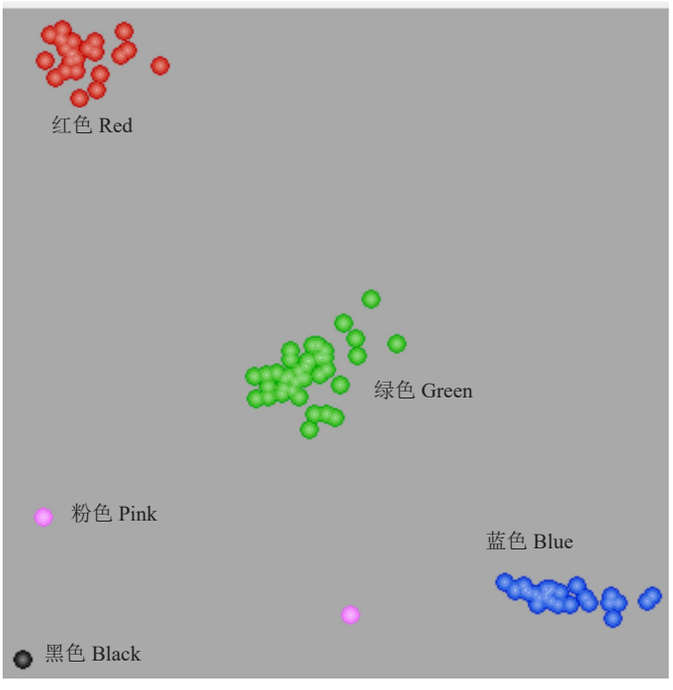
Fig. 2　Sequencing alignment of the 1334th nucleotide of *Clbl* gene

满足大规模育种需求。

2.3　分子辅助育种创制优良纯合材料

依托 FLB-K1 标记在 F_2 群体中实现 1 叶期精准筛选纯合 AA 基因型（隐性）单株的优势，将其应用于 F_2~F_4 多世代育种。在 F_2~F_4 世代中，AA 基因型纯合率维持在 100%，侧枝数从 F_2 代≤7 条稳定至 2~5 条；中心可溶性固形物含量逐步提升，F_4 家系达 10.5%~13.0%，显著高于供体亲本 ZXG1361（8%~9%），实现“少侧枝+优品质”的性状聚合（表 2）。

通过 FLB-K1 标记辅助多世代筛选，成功创制 5 份“少侧枝+优品质”稳定材料。SC-3711-③定植 45 d 侧枝数 2~4 条，无需人工整枝，单果质量 5.4~6.5 kg，果皮厚度 0.6~0.8 cm，瓤色红，果肉脆、纤维少，中心可溶性固形物含量最高可达 13%；SC-5352-①定植



蓝色 . CC 基因型；红色 . AA 基因型；绿色 . CA 基因型；黑色 . 空白对照；粉色 . 未分型样本。

Blue. CC genotype; Red. AA genotype; Green. CA genotype; Black. Blank control; Pink. Untyped sample.

图 3 FLB-K1 标记在 BF_2 群体中的分型结果

Fig. 3 Genotyping result of FLB-K1 marker in BF_2 population

表 1 FLB-K1 标记在 F_2 群体中的表型-基因型吻合率

Table 1 Phenotype-genotype concordance rate of FLB-K1 marker in F_2 populations

杂交组合 Hybrid combination	群体数 Population size	吻合单株数 Number of concordant plant	不吻合单株数 Number of discordant plant	吻合率 Concordancerate/%
AF_2	693	681	12	98.28
BF_2	390	386	4	98.97

表 2 F_2~F_4 世代的关键农艺性状统计

Table 2 Statistical of key agronomic traits in F_2-F_4 generations

世代 Generation	群体 Population	种植家系数 Number of planted families	保留家系数 Number of retained families	单株侧枝数 Lateral branch number per plant	w（中心可溶性固形物）Central soluble solids content/%
F_2	AF_2	14	10	≤7	≥10
F_2	BF_2	14	10	≤7	≥10
F_3	AF_3	10	6	≤5	≥11
F_3	BF_3	10	5	≤5	≥11
F_4	AF_4	6	3	2~5	11.5~13.0
F_4	BF_4	5	2	2~5	10.5~12.0

45 d侧枝数2~5条，单果质量5.3~5.9 kg，果皮厚度0.8~1.0 cm，瓤色大红，果肉酥脆、纤维中等，中心可溶性固形物含量达11%~12%。SC-53441-①中心可溶性固形物含量可达12%，但果皮较厚（1.2~1.5 cm）；SC-3721-③平均中心可溶性固形物含量为11.8%，果皮厚度0.6~1.0 cm；SC-3751-②果肉相对其他材料偏软。5份材料农艺性状各具优势，其中SC-3711-③和SC-5352-①综合性状较优，为后续新品种配组提供核心亲本（图4）。

2.4 少侧枝新品种少权1号的培育与性状评价

以F_4代优质纯合材料SC-3711-③（母本）和SC-5352-①（父本）作为亲本，组配少侧枝杂交新品种

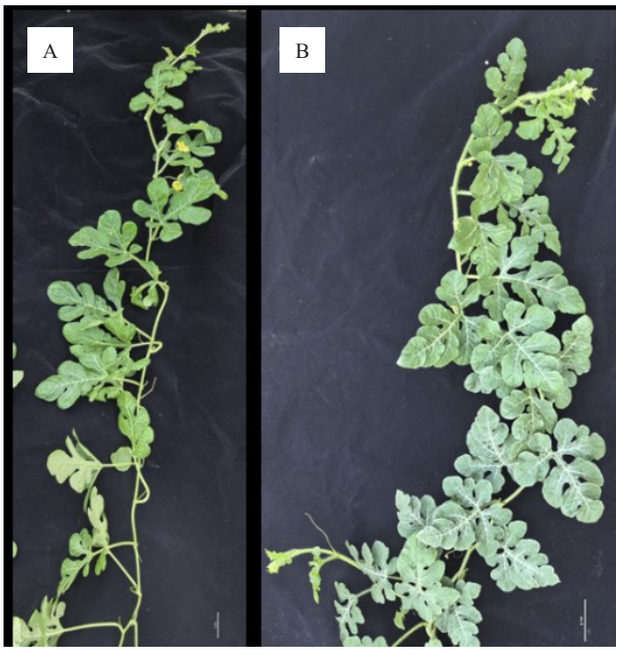


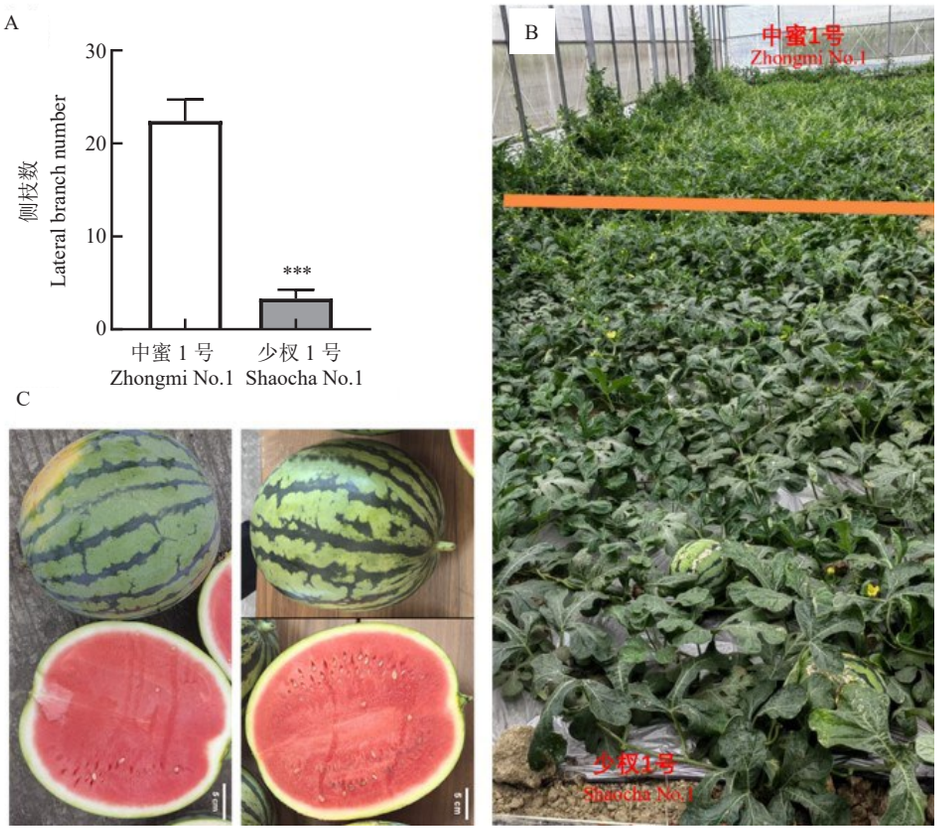
图 4　SC-3711-③（A）和 SC-5352-①（B）株型图

Fig. 4　Plant type diagrams of SC-3711-③ (A) and SC-5352-① (B)

少权 1 号。在株型方面，少权 1 号定植 45 d 的侧枝数为 2~5 条，极显著低于对照品种中蜜 1 号（19~25 条），可完全省去整枝环节（图 5）；在品质方面，少权 1 号的中心可溶性固形物含量≥12%，单果质量 4.0~6.5 kg，果皮厚度 0.8~1.0 cm，瓤色大红，果肉脆，纤维中少；中蜜 1 号的中心可溶性固形物含量≥13.5%，单果质量 5.5~6.5 kg，果皮厚度 0.9~1.0 cm，瓤色大红，果肉脆硬，纤维中少；两者综合农艺性状接近，少权 1 号兼具优良商品性与简化栽培优势。

3　讨　论

笔者开发的 FLB-K1 标记较传统 dCAPS 标记优势明显，无需酶切、电泳步骤，操作简便，避免因酶切不完全导致基因型误判[15]；采用 384 孔板检测，满足大规模育种材料筛选，检测效率较 96 孔板 dCAPS 标记明显提升；可在苗期（1 叶期）完成基因型筛选，将少侧枝性状筛选周期从定植后 30 d 以上



A. 侧枝数统计；B. 田间生长对照；C. 少权 1 号（左）和中蜜 1 号（右）果实对照。标尺均为 5 cm。

A. Statistics of lateral branch number; B. Comparison of field growth performance; C. Fruit comparison of Shaocha No.1 (left) and Zhongmi No.1 (right). The scale bars are 5 cm.

图 5　少权 1 号和中蜜 1 号田间生长和果实性状对比

Fig. 5　Comparison of field growth performance and fruit traits between Shaocha No.1 and Zhongmi No.1

缩短至苗期，大幅缩短育种周期，降低表型鉴定成本，解决传统表型选择受环境影响大的难题。该标记在不同F_2群体中吻合率均≥98.28%，稳定性与特异性优异，可直接应用于西瓜少侧枝性状的分子辅助育种实践。

通过FLB-K1标记辅助多世代筛选，成功创制5份“少侧枝+优品质”纯合材料，中心可溶性固形物含量较供体亲本提升2.5%~4.0%，解决了少侧枝材料品质不佳的问题，为西瓜理想株型育种提供了优质的亲本资源。新品种少权1号可完全省去整枝环节，减少人工成本，契合西瓜产业化简化栽培的发展需求；其综合商品性与对照品种相当，易被市场接受，具备广阔的推广应用前景。本研究实现了“已知基因-实用标记-材料创制-品种培育”的完整科研转化链条，实现了分子标记技术到育种实用成果的落地。

当前FLB-K1标记仅针对侧枝性状，分子标记辅助抗病基因聚合可有效提升品种抗性和果实品质[16-17]，未来可进一步整合已报道的品质基因（如调控西瓜糖积累的*ClAGA2*基因[18]）、抗病基因（如抗白粉病*ClLOX*基因[19]）的KASP标记，构建“株型-品质-抗病”多基因聚合的高通量筛选体系，进一步提高育种效率与品种综合竞争力。同时，开展基因型×环境互作试验，明确不同种植密度和水肥条件下的最优栽培方案，充分发挥其简化栽培优势，为西瓜产业提质增效提供更全面的技术支撑。

4 结 论

笔者成功开发针对西瓜少侧枝性状*Clbl*基因关键C/A SNP的KASP标记FLB-K1，该标记在2个F_2群体中表型-基因型吻合率达98.28%~98.97%，分型清晰、稳定性强，满足高通量苗期筛选，检测效率明显优于传统的dCAPS标记，可高效应用于少侧枝性状分子辅助育种。利用FLB-K1标记建立多世代分子辅助育种体系，成功创制5份少侧枝且品质优良的纯合育种材料，实现“少侧枝+优品质”性状聚合，为西瓜理想株型育种提供优质亲本资源。培育的少侧枝杂交新品种少权1号可完全省去整枝环节，简化栽培流程，并保持优良的商品品质，实现了从实用型分子标记到育种材料、新品种的全链条应用落地，为西瓜简化栽培与产业化发展提供了重要的品种支撑与技术保障。

参考文献 References：

[1] Drummond R S M，Janssen B J，Luo Z W，Oplaat C，Ledger S E，Wohlers M W，Snowden K C. Environmental control of branching in petunia[J]. Plant Physiology，2015，168(2)：735-751.

[2] Zhang L，Yu H，Ma B，Liu G F，Wang J J，Wang J M，Gao R C，Li J J，Liu J Y，Xu J，Zhang Y Y，Li Q，Huang X H，Xu J L，Li J M，Qian Q，Han B，He Z H，Li J Y. A natural tandem array alleviates epigenetic repression of IPA1 and leads to superior yielding rice[J]. Nature Communications，2017，8：14789.

[3] Zhao T C，Wang J B，Li R Y，Zhang P F，Guo X Y，Qi Y C，Li Y S，Cheng S H，Ji J C，He A B，Ai Z Y. Effects of nitrogen fertilizer types and planting density on the yield and nitrogen use efficiency of salt-tolerant rice under salt stress conditions[J]. Plants，2025，14(4)：501.

[4] Schmitz G，Theres K. Shoot and inflorescence branching[J]. Current Opinion in Plant Biology，2005，8(5)：506-511.

[5] Van Es S W，Muñoz-Gasca A，Romero-Campero F J，González-Grandío E，De Los Reyes P，Tarancón C，Van Dijk A D J，Van Esse W，Pascual-García A，Angenent G C，Immink R G H，Cubas P. A gene regulatory network critical for axillary bud dormancy directly controlled by Arabidopsis BRANCHED1[J]. New Phytologist，2024，241(3)：1193-1209.

[6] Ai L，Qiu J，Wang J G，Qian M Y，Liu T T，Cao W，Xing F Y，Gul H，Zhang Y Y，Gong X L，Li J，Duan H，Xiao Q L，Liu Z Z. A naturally occurring 31 bp deletion in TEOSINTE BRANCHED1 causes branched ears in maize[J]. Journal of Integrative Agriculture，2025，24(9)：3322-3333.

[7] Liu Y T，Gao X，Liu H J，Yang X R，Liu X，Xu F，Zhu Y Z，Li Q Y，Huang L L，Yang F，Lai J S，Shi J P. Constraint of accessible chromatins maps regulatory loci involved in maize speciation and domestication[J]. Nature Communications，2025，16：2477.

[8] Song X G，Lu Z F，Yu H，Shao G N，Xiong J S，Meng X B，Jing Y H，Liu G F，Xiong G S，Duan J B，Yao X F，Liu C M，Li H Q，Wang Y H，Li J Y. IPA1 functions as a downstream transcription factor repressed by D53 in strigolactone signaling in rice[J]. Cell Research，2017，27(9)：1128-1141.

[9] Ikeda K，Nagasawa N，Nagato Y. ABERRANT PANICLE ORGANIZATION 1 temporally regulates meristem identity in rice[J]. Developmental Biology，2005，282(2)：349-360.

[10] Ikeda-Kawakatsu K，Yasuno N，Oikawa T，Iida S，Nagato Y，Maekawa M，Kyozuka J. Expression level of *ABERRANT PANICLE ORGANIZATION1* determines rice inflorescence form through control of cell proliferation in the meristem[J]. Plant Physiology，2009，150(2)：736-747.

[11] Dou J L，Yang H H，Sun D L，Yang S，Sun S R，Zhao S J，Lu X Q，Zhu H Y，Liu D M，Ma C S，Liu W G，Yang L M. The branchless gene Clbl in watermelon encoding a TERMINAL FLOWER 1 protein regulates the number of lateral branches[J]. Theoretical

and Applied Genetics，2022，135(1)：65-79.

[12] Kalendar R，Shustov A V，Akhmetollayev I，Kairov U. Designing allele-specific competitive-extension *PCR*-based assays for high-throughput genotyping and gene characterization[J]. Frontiers in Molecular Biosciences，2022，9：773956.

[13] Potts J，Michael V N，Meru G，Wu X B，Blair M W. Dissecting the genetic diversity of USDA cowpea germplasm collection using kompetitive allele specific PCR-single nucleotide polymorphism markers[J]. Genes，2024，15(3)：362.

[14] Suo W，Shi X J，Xu S，Li X，Lin Y. Towards low cost，multiplex clinical genotyping：4-fluorescent Kompetitive Allele-Specific PCR and its application on pharmacogenetics[J]. PLoS One，2020，15(3)：e0230445.

[15] Rehman S U，Ali Sher M，Saddique M A B，Ali Z，Khan M A，Mao X G，Irshad A，Sajjad M，Ikram R M，Naeem M，Jing R L. Development and exploitation of KASP assays for genes underpinning drought tolerance among wheat cultivars from Pakistan[J]. Frontiers in Genetics，2021，12：684702.

[16] Kaur R，Dhillon G S，Kaur A，Kaur S，Toor P I，Kaur D，Kumar A，Mavi G S，Grewal S K，Sharma A，Srivastava P，Chhuneja P，Kaur S. Marker-assisted introgression of genes into rye translocation leads to the improvement in bread making quality of wheat (*Triticum aestivum* L.)[J]. Heredity，2022，128(6)：531-541.

[17] Miedaner T，Korzun V. Marker-assisted selection for disease resistance in wheat and barley breeding[J]. Phytopathology®，2012，102(6)：560-566.

[18] Ren Y，Li M Y，Guo S G，Sun H H，Zhao J Y，Zhang J，Liu G M，He H J，Tian S W，Yu Y T，Gong G Y，Zhang H Y，Zhang X L，Alseekh S，Fernie A R，Scheller H V，Xu Y. Evolutionary gain of oligosaccharide hydrolysis and sugar transport enhanced carbohydrate partitioning in sweet watermelon fruits[J]. The Plant Cell，2021，33(5)：1554-1573.

[19] Deng Y，Liu X，Liu S C，Li X N，Xue L F，Bai T，Xu B H，Li G Q，Sun Y D，Zhang X P. Fine mapping of ClLOX，a QTL for powdery mildew resistance in watermelon (*Citrullus lanatus* L.)[J]. Theoretical and Applied Genetics，2024，137(3)：51.