

# 茄子果形的 QTL 定位

乔 军<sup>1,2</sup>, 陈钰辉<sup>1</sup>, 王利英<sup>2</sup>, 刘富中<sup>1</sup>, 张 映<sup>1</sup>, 连 勇<sup>1,\*</sup>

(<sup>1</sup>中国农业科学院蔬菜花卉研究所, 北京 100081; <sup>2</sup>天津科润蔬菜研究所, 天津 300384)

**摘 要:** 以圆茄高代自交系 106 和长茄高代自交系 113 为亲本, 利用其 F<sub>2</sub> 群体构建了一张包括 23 个 SSR 标记和 85 个 AFLP 标记, 共 15 个连锁群的复合遗传图谱。该图谱覆盖基因组长度 1 007.9 cM, 平均图距 9.3 cM, 长度和密度符合定位标准。采用 MapQTL4.0 软件并结合 MQM 作图法对果形 QTL 进行定位分析, 定位到与果形指数相关的两个 QTL, 位于第 1 和第 12 连锁群上, 表型贡献率分别为 20.8% 和 41.5%; 与果长相关的 5 个 QTL, 位于第 1、8、11、12、14 连锁群上, 表型贡献率分别为 16.5%、36.8%、9.8%、45.0% 和 41.9%; 与果径相关的两个 QTL, 位于第 1 和第 5 连锁群上, 表型贡献率分别为 16.2% 和 15.8%。果形指数、果长和果径 QTL 同时定位在第 1 连锁群上, 且与 AFLP 标记 M23E21B 距离 3.5 cM, 表明果形性状与该标记紧密连锁。

**关键词:** 茄子; 果形; 分子遗传图谱; QTL

**中图分类号:** S 641.1

**文献标识码:** A

**文章编号:** 0513-353X (2012) 06-1115-08

## QTL Analysis for Fruit Shape in Eggplant Based on Genetic Linkage Map

QIAO Jun<sup>1,2</sup>, CHEN Yu-hui<sup>1</sup>, WANG Li-ying<sup>2</sup>, LIU Fu-zhong<sup>1</sup>, ZHANG Ying<sup>1</sup>, and LIAN Yong<sup>1,\*</sup>

(<sup>1</sup>Institute of Vegetables and Flowers, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081; <sup>2</sup>Tianjin Kernel Vegetable Research Institute, Tianjin 300384, China)

**Abstract:** An AFLP and SSR genetic linkage map was constructed in eggplant (*Solanum melongena* L.) with an intraspecific F<sub>2</sub> population derived from a cross between the round eggplant inbred line ‘106’ and the long eggplant inbred line ‘113’. The generated map consisted of 15 linkage groups with 85 AFLP markers and 23 SSR markers, a total coverage of 1 007.9 cM and an average interval of 9.3 cM. The markers distributed randomly across the groups and could be done preliminary QTL mapping in MQM using MapQTL4.0. Two QTLs for fruit shape index were in the 1st and 12th linkage group, and explained 20.8% and 41.5% of phenotypic variances; Five QTLs for fruit length were in the 1st, 8th, 11th, 12th and 14th linkage group, and explained 16.5%, 36.8%, 9.8%, 45.0% and 41.9% phenotypic variances; And two QTLs for fruit width were detected in the 1st and 5th linkage group explaining 16.2% and 15.8% of phenotypic variances. QTLs for fruit shape index, fruit length and fruit diameter were located in the 1st linkage group, and their distance was 3.5 cM with the AFLP marker M23E21B which was closely linked to the fruit shape traits.

**Key words:** eggplant; fruit shape; genetic linkage map; QTL

**收稿日期:** 2012-01-11; **修回日期:** 2012-05-14

**基金项目:** 国家科技支撑计划项目 (2009BADB8B01); 科技部国际科技合作项目 (2010DFA32350); 农业部园艺作物生物学与种质创制重点实验室项目

\* 通信作者 Author for correspondence (E-mail: lianyong@mail.caas.net.cn)

消费者对茄子 (*Solanum melongena* L.) 果形的喜好存在极强的地域性 (连勇 等, 2006), 选育符合消费区域喜好的商品果形是茄子育种基本目标之一。茄子果形属于数量遗传性状 (井立军 等, 1998; Nunome et al., 2001; 乔军 等, 2011), 果长和果径性状遗传均符合加性—显性遗传模型, 以加性效应为主 (黄锐明 等, 2006a, 2006b), 果形指数性状遗传存在主基因效应, 表现出多基因遗传特征, 符合一对加性主基因 + 加性—显性多基因遗传模型 (乔军 等, 2011)。

分子标记连锁遗传图谱的构建是重要农艺数量性状基因座 QTL (quantitative trait locus) 定位的基础。Nunome 等 (2001) 基于 RAPD 和 AFLP 标记构建了第一张茄子分子标记连锁遗传图谱, Doganlar 等 (2002) 用 RFLP 标记, 曹必好等 (2006) 以 RAPD 标记, Wu 等 (2009) 通过 COSII 标记, 先后构建了茄子分子标记连锁遗传图谱, 这些遗传图谱均标记数少, 覆盖基因组长度有限。Nunome (2009) 应用 SSR 标记构建了一张覆盖基因组长度 959.1 cM 的分子标记连锁遗传图谱, 是目前仅有的茄子分子标记连锁遗传高密图谱。

基于分子遗传图谱的果形 QTL 定位, 在番茄、辣椒等茄果类蔬菜上已有许多报道 (Zygier et al., 2005; Ben et al., 2006)。Nunome 等 (2001) 基于构建的分子遗传图谱, 将茄子果形 QTL 定位在 AFLP 标记 wAEM53a 和 RAPD 标记 eUBC242 之间, 跨度 43 cM, 由于果形侧翼标记不是同一种类型, 且距离甚远, 实际利用价值不高。本试验中借助 AFLP 和 SSR 多态性标记构建栽培茄子种内分子遗传图谱, 进行果形 QTL 定位分析, 探索茄子果形性状遗传的分子生物学机理, 为茄子分子标记辅助果形育种提供理论参考和实践借鉴。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

试验材料于 2009—2010 年在中国农业科学院蔬菜花卉研究所廊坊试验基地种植获得。2009 年以中国农业科学院蔬菜花卉研究所茄子课题组提供的茄子栽培种 (*Solanum melongena* L.) 圆茄高代自交系 106 (图 1, 左) 为母本, 长茄高代自交系 113 (图 1, 中) 为父本, 于春大棚杂交, 获得  $F_1$ ; 秋温室  $F_1$  自交获得  $F_2$  种子。2010 年 2 月 20 日各世代材料同时播种于日光温室, 4 月 30 日定植到露地栽培, 亲本和  $F_1$  各定植 2 行 (24 株),  $F_2$  定植 18 行 (216 株), 株行距 0.5 m × 0.35 m, 高畦地膜覆盖, 常规栽培管理。4 月 20 日于春温室采集亲本、 $F_1$  及  $F_2$  单株各两片幼嫩心叶, 液氮速冻备用; 茄子达到商品成熟 (李锡香和朱德蔚, 2006) 时, 每株采收两个发育正常的商品成熟对茄, 进行果形性状数据测定。

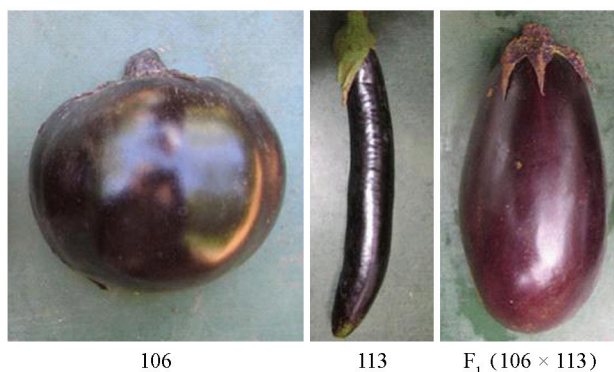


图 1 杂交亲本及  $F_1$  果形

Fig. 1 Cross parents and  $F_1$  fruit shape

## 1.2 DNA 提取和分子标记

采用改良的 CTAB 植物基因组小量提取法 (Zeng et al., 2002), 应用酚、氯仿、异戊醇 (25:24:1) 和氯仿、异戊醇 (24:1) 抽提两次, 以保证 DNA 的纯度。提取亲本及  $F_1$  的 DNA 用于多态性标记筛选,  $F_2$  单株 DNA 用于连锁分析。

SSR 标记: 参考相关文献报道的 SSR 标记引物序列 (Nunome et al., 2003, 2009; Anikò et al., 2008), 由上海生工生物工程技术有限公司北京分公司合成 SSR 标记引物 545 对。PCR 反应体系在李进波等 (2005) 报道方法的基础上调整为 10  $\mu$ L, 包括 5  $\mu$ L Mix, 2  $\mu$ L ddH<sub>2</sub>O, 2  $\mu$ L 模板 DNA, 前后引物各 0.5  $\mu$ L; SSR 程序优化后为 94  $^{\circ}$ C 预变性 5 min, 循环 (94  $^{\circ}$ C 变性 1 min, 55  $^{\circ}$ C 退火 30 s, 72  $^{\circ}$ C 延伸 1.5 min) 35 次, 最后 72  $^{\circ}$ C 延伸 10 min。参照田筑萍等 (2008) 的方法, 采用 8% 聚丙烯酰胺凝胶电泳分离后银染检测谱带。

AFLP 标记: 由上海生工生物工程技术有限公司北京分公司合成 E-M 组合 AFLP 标记引物 512 对。采用万翔等 (2005) 优化的茄子 AFLP 反应体系, 只将选扩体系改为 10  $\mu$ L, 包括 5  $\mu$ L Mix (2 $\times$ ), 2  $\mu$ L ddH<sub>2</sub>O, 2  $\mu$ L 稀释 40 倍后的预扩产物, E-M 引物各 0.5  $\mu$ L。采用 6% 变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离后银染检测谱带。

## 1.3 连锁图谱构建

用筛选获得的 SSR 和 AFLP 多态性标记, 在  $F_2$  群体中随机挑选 154 个单株进行分析。对于共线性标记, 根据多态性标记电泳图像谱带, 用 a、b 分别表示母本 106、113 的带型, 用 h 表示杂合带型, 用 u 表示数据缺失。对于显性标记, 若母本有带, 父本无带, 则有带记为 d, 无带记为 b; 若父本有带, 母本无带, 则有带记为 c, 无带记为 a, 用 u 表示数据缺失。采用 JoinMap4.0 软件作图, 数据输入后构建 LOD 值大于 3.0 的连锁群。

## 1.4 果形 QTL 定位

应用 MapQTL4.0 软件对果形 QTL 进行定位。通过置换测验确定 QTL 存在的 LOD 阈值, 区间作图 (IM) 进行 QTL 分析; 将高于 LOD 阈值的标记与其紧密连锁的标记作为协同因子, 对区间作图法检测到的 QTL 进行 MQM 检测, 把峰值 LOD 对应的标记区间作为 QTL 的位置。

## 1.5 果形性状测定

采用乔军等 (2011) 报道的方法, 通过电子游标卡尺测量果长和果径, 应用 Tomato Analyzer (Brewer et al., 2006) 软件获得果形指数。

# 2 结果与分析

## 2.1 亲本及 $F_2$ 群体果形分布

由表 1 可以看出, 亲本 106 和 113 果形指数差异极显著, 106 平均果形指数为 0.8, 113 平均果形指数为 5.43;  $F_2$  分离群体果形指数范围是 1.02 ~ 4.92, 介于亲本之间, 果形指数在 1.1 ~ 2.5 之间分布最多, 无超亲现象, 但峰度较高, 存在集中分布的现象, 偏度大于 2 (表 1, 图 2, A)。亲本 106 平均果长 106.34 mm, 113 为 231.16 mm, 亲本间平均果长相差一倍以上;  $F_2$  分离群体果长均值 168.62 mm 介于亲本之间, 集中在 130 ~ 210 mm, 有部分超亲现象, 峰度和偏度都小于 2, 是典型的正态分布 (图 2, B); 亲本间果径平均相差两倍以上,  $F_2$  分离群体平均果径为 98.31 mm, 主要分布在 80 ~ 120 mm 区域, 有部分超亲现象, 峰度和偏度小于 1 (图 2, C)。说明茄子果长、果径和

果形指数在 F<sub>2</sub> 群体均基本符合正态分布，属于数量性状，可以进行 QTL 定位。

表 1 亲本及 F<sub>2</sub> 群体果形性状的表现

Table 1 Fruit shape traits measured from two parents and their F<sub>2</sub> population

性状 Trait		亲本均值 Parents mean		F <sub>2</sub>				
		106	113	均值 Mean	标准差 SD	范围 Range	峰度 Kurtosis	偏度 Skewness
果形指数	Fruit shape index	0.80	5.43	1.78	0.51	1.02 ~ 4.92	9.82	2.16
果长/mm	Fruit length	106.34	231.16	168.62	30.04	113.005 ~ 295.88	1.42	0.89
果径/mm	Fruit width	134.11	42.96	98.31	16.02	60.395 ~ 156.61	0.64	0.48

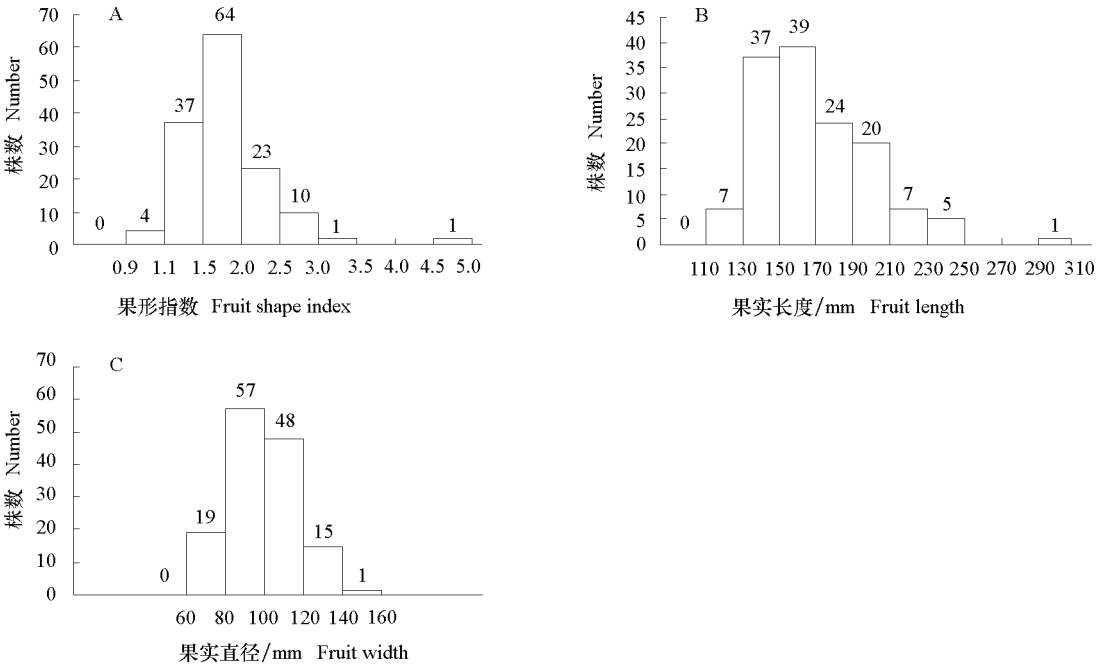


图 2 F<sub>2</sub> 果形指数 (A)、果实长度 (B) 和果实直径 (C) 分布图

Fig. 2 Distribution map of fruit shape index (A), fruit length (B) and fruit width (C) in F<sub>2</sub> in cross

2.2 遗传图谱构建与果形 QTL 分析

通过 545 对 SSR 标记引物筛选出在亲本间表现多态性的 SSR 标记 40 个，512 对 E-M 引物筛选出 99 个 AFLP 多态性标记，共计获得亲本间表现多态性标记 139 个。

用筛选获得的 SSR 和 AFLP 多态性标记，对 F<sub>2</sub> 群体中 154 个单株进行分析，排除条带不清晰的标记以及表现偏分离的标记进行作图，其中 LOD 值大于 3 的图上标记为 108 个，包括 23 个 SSR 标记和 85 个 AFLP 标记，建成含 15 个连锁群，覆盖基因组长度 1 007.9 cM，标记间平均图距 9.3 cM 的茄子分子遗传图谱（图 3，表 2）。

用 MapQTL4.0 复合区间作图法对 F<sub>2</sub> 代群体的果长、果径和果形指数进行 QTL 分析。如表 3 所示，获得 5 个果长性状 QTL，根据连锁群不同分别命名为 *fl1*、*fl8*、*fl11*、*fl12* 和 *fl14*；两个果径性状 QTL，命名为 *fw1* 和 *fw5*；两个果形指数性状 QTL，命名为 *fs1* 和 *fs12*。

5 个果长 QTL 中 *fl1* 位于第 1 连锁群（图 3）的 M20E16 和 M23E21B 之间，距离 8.5 cM，表型贡献率达到 16.5%，加性效应均为负，表现为减效，显性势为 0.29，表现为部分显性。*fl8*、*fl11*、*fl12*、*fl14* 所在连锁群标记数较少，需进一步验证。

果径 QTL *fw1* 和 *fw5*, 分别位于第 1 连锁群的 M20E16 和 M23E21B 之间及第 5 连锁群 (图 3) 的 SSR130 和 M58E31B 之间, 距离分别为 8.5 cM 和 18.1 cM, 表型贡献率分别达到 16.2%和 15.8%, 加性效应均为正, 表现为增效, *fw1* 显性势为 0.21, 表现为负向不完全显性, *fw2* 显性势为 0.43, 表现为正向部分显性。

果形指数 QTL *fs1* 和 *fs12*, 分别位于第 1 连锁群的 M20E16 和 M23E21B 之间和第 12 连锁群的 M15E16 和 M59E33A 之间, 距离分别为 8.5 cM 和 26.5 cM。表型贡献率分别达到 20.8%和 41.5%, 加性效应均为负, 表现为减效, 显性势分别为 0.33 和 0.77, 表现为部分显性。

表 2 AFLP 和 SSR 标记在茄子遗传图谱上的分布  
Table 2 Distribution of AFLP and SSR markers on eggplant linkage map

连锁群 Linkage group	长度/cM Length	标记数 Number of markers	平均图距/cM Average distance	连锁群 Linkage group	长度/cM Length	标记数 Number of markers	平均图距/cM Average distance
1	203.6	41	5.0	10	33.3	2	16.7
2	89.4	9	9.9	11	19.1	2	9.6
3	73.8	11	6.7	12	26.5	2	13.3
4	104.9	10	10.5	13	29.8	2	14.9
5	54.3	6	9.1	14	18.5	2	9.3
6	98.9	6	16.5	15	70.9	2	35.5
7	55.2	5	11.0	合计 Total	1 007.9	108	-
8	82.4	4	20.6	平均 Average	-	-	9.3
9	47.3	4	11.8				

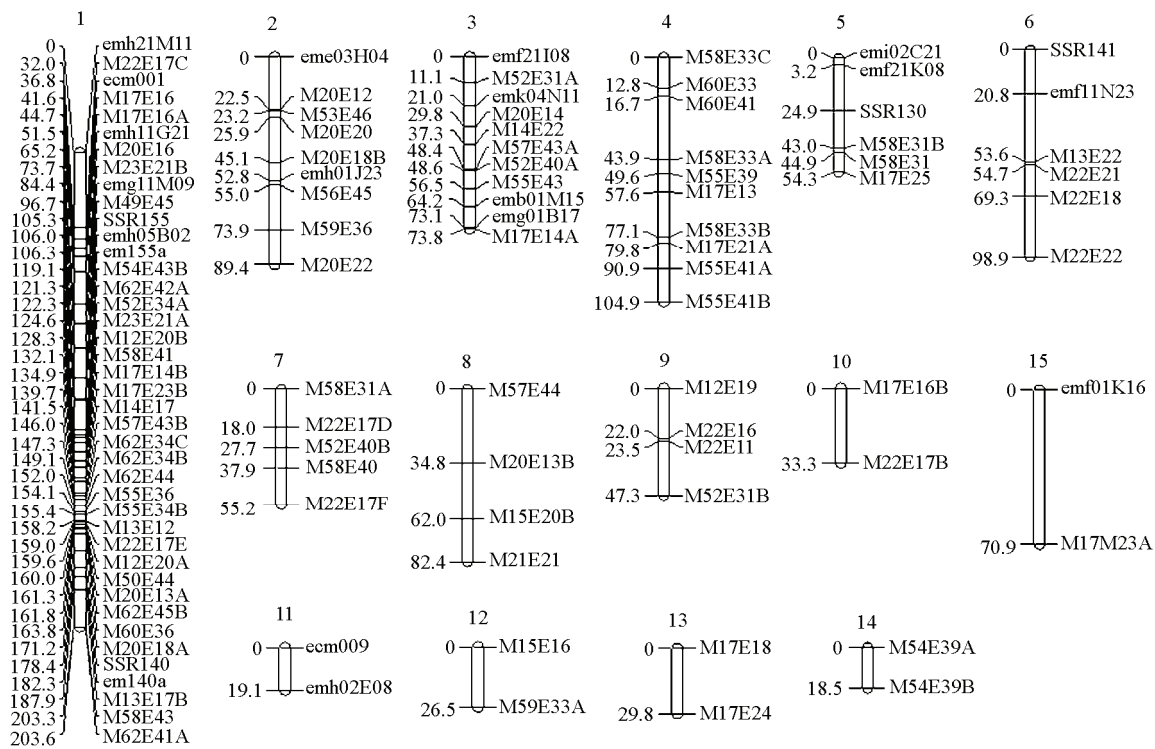


图 3 茄子栽培种内 AFLP 和 SSR 复合遗传图谱  
图谱左侧为绝对图距 (cM), 右侧为分子标记。

Fig. 3 The AFLP & SSR genetic linkage map constructed with intraspecific F<sub>2</sub> population in eggplant  
Absolute distances in cM were shown on the left side of linkage groups and locus names and QTL on the right.



cM, 平均图距 9.3 cM, 长度和密度符合 QTL 定位标准, 在此基础上对果形这一重要农艺性状进行了初步定位分析。

茄子染色体  $2n = 24$ , 应该有 12 个连锁群与之对应。本试验中构建了 15 个连锁群, 位于 10~15 连锁群各仅有两个标记(图 6), 还不能称为严格意义上的连锁群体, 可能是有些连锁群相互之间连锁, 由于缺少多态性标记, 造成了一些连锁群的断裂形成。因此, 本研究中基本未对位于 8~15 连锁群上的果长 QTL 进行详细分析。

Lorenzo 等(2009)报道, 控制果实性状 QTL 簇在茄科蔬菜作物(番茄、辣椒及茄子)中存在线性关系。*sun*、*ovate*、*fs8.1* 和 *tri2.1/dblk2.1* 的 QTL 组合控制番茄长果形(Gonzalo & van der Knaap, 2008), 辣椒果实大小、直径、长度和果形间的 QTL 簇紧密连锁或是表现一因多效(Ben et al., 2001, 2006; Rao et al., 2003; Zygier et al., 2005)。本试验中对果形指数、果长和果径进行 QTL 定位, 结果显示在第 1 连锁群 M20E16 和 M23E21B 标记之间果长、果径、果形指数 QTL 发生重合, 在第 12 连锁群 M15E16 和 M59E33A 标记之间果长和果形指数 QTL 也存在同一定位, 表明果长、果径和果形指数之间确实存在极显著的相关关系。控制果形的许多 QTL 都在同一条染色体上聚集, 可能是基因连锁或多效基因的结果, 控制果长和果径的基因必定会影响果形。

茄子果形遗传虽然受到环境的影响, 受到主基因间、多基因间, 甚至主基因和多基因间上位性互作的综合影响, 但果形主基因仍然发挥主导作用(乔军 等, 2011)。番茄中 *sun* 和 *ovate* 这两个主基因控制果形指数, 并都已实现了精细定位, 基因克隆和功能验证(van der Knaap et al., 2004; Gonzalo & van der Knaap, 2008)。茄子中的果形 QTL *fs-1* 和 *fs-12* 是否与 *sun* 和 *ovate* 存在共线关系还有待验证, 通过 *fs-1* 和 *fs-12* 的侧翼标记可以进行果形分子标记辅助选择和进一步分子标记加密研究, 进而实现茄子果形 QTL 精细定位和基因克隆。

## References

- Anikò Stägel, Ezio Portis, Laura Toppino, Giuseppe Leonardo Rotino, Sergio Lanteri. 2008. Gene-based microsatellite development for mapping and phylogeny studies in eggplant. *BMC Genomics* 2008, 9: 357 - 370.
- Ben Chaim A, Borovsky J, Rao G, Gur A, Zamir D, Paran I. 2006. Comparative QTL mapping of fruit size and shape in tomato and pepper. *Isr J Plant Sci*, 54: 191 - 203.
- Ben Chaim A, Paran I, Grube R-C, Jahn M, van Wijk R, Peleman J. 2001. QTL mapping of fruit-related traits in pepper (*Capsicum annuum*). *Theor Appl Genet*, 102: 1016 - 1028.
- Brewer M T, Lang L, Fujimura K, Dujmovic N, Gray S, van der Knaap E. 2006. Development of a controlled vocabulary and software application to analyze fruit shape variation in tomato and other plant species. *Plant Physiology*, 141 (1): 15 - 25.
- Cao Bi-hao, Lei Jian-jun, Sun Xiu-dong, Chen Guo-ju, Meng Cheng-min. 2006. Construction of RAPD markers linkage map for eggplant. *Acta Horticulturae Sinica*, 33 (5): 1092. (in Chinese)
- 曹必好, 雷建军, 孙秀东, 陈国菊, 孟成民. 2006. 茄子 RAPD 分子标记图谱的构建. *园艺学报*, 33 (5): 1092.
- Doganlar S, Frary A, Daunay M C, Lester R N, Tanksley S D. 2002. A comparative genetic linkage map of eggplant (*Solanum melongena*) and its implications for genome evolution in the Solanaceae. *Genetics*, 161 (4): 1697 - 1711.
- Gai Jun-yi, Zhang Yuan-ming, Wang Jian-kang. 2003. Genetic system of quantitative traits in plants. Beijing: Science Press; 224 - 226. (in Chinese)
- 盖均镒, 章元明, 王建康. 2003. 植物数量性状遗传体系. 北京: 科学出版社: 224 - 226.
- Gonzalo M J, van der Knaap E. 2008. A comparative analysis into the genetic bases of morphology in tomato varieties exhibiting elongated fruit shape. *Theoretical and Applied Genetics*, 116 (5): 647 - 656.
- Gousset C, Collonnier C, Mulya K, Mariska I, Rotino G L, Besse P, Servaes A, Sihachakr D. 2005. *Solanum torvum*, as a useful source of resistance against bacterial and fungal diseases for improvement of eggplant (*S. melongena* L.). *Plant Science*, 168 (2): 319 - 327.
- Huang Rui-ming, Xie Xiao-kai, Lu Yong-fen, Lu Hai-qiang, Liu Jiang-hai. 2006a. Preliminary study on the genetic effect of the fruit length in eggplant. *Guangdong Agricultural Sciences*, (7): 25 - 26. (in Chinese)
- 黄锐明, 谢晓凯, 卢永奋, 卢海强, 柳江海. 2006a. 茄子果长遗传效应的初步研究. *广东农业科学*, (7): 25 - 26.

- Huang Rui-ming, Chen Guo-liang, Xie Xiao-kai, Lu Yong-fen, Lu Hai-qiang. 2006b. Preliminary study on the genetic effect of the fruit width in eggplant. *Journal of Changjiang Vegetables*, (9): 45 - 46. (in Chinese)
- 黄锐明, 陈国良, 谢晓凯, 卢永奋, 卢海强. 2006b. 茄子果径遗传效应初探. *长江蔬菜*, (9): 45 - 46.
- Jing Li-jun, Cui Hong-wen, Zhang Bing-kui. 1998. Study on the genetic law of quality characters in eggplant. *Acta Agriculturae Boreali-Occidentalis Sinica*, 7 (1): 45 - 48. (in Chinese)
- 井立军, 崔鸿文, 张秉奎. 1998. 茄子品质性状遗传研究. *西北农业学报*, 7 (1): 45 - 48.
- Li Jin-bo, Fang Xuan-jun, Yang Guo-cai, Fei Zhen-jiang, Qi Hua-xiong. 2005. SSR fingerprinting the parents of two line hybrid rice and its application in purity identification of hybrid seeds. *Hybrid Rice*, 20 (2): 50 - 53. (in Chinese)
- 李进波, 方宣钧, 杨国才, 费震江, 戚华雄. 2005. 两系杂交稻亲本 SSR 指纹图谱的建立及其在种子纯度鉴定中的应用. *杂交水稻*, 20 (2): 50 - 53.
- Li Xi-xiang, Zhu De-wei. 2006. Descriptors and data standard for eggplant (*Solanum melongena* L.). Beijing: China Agricultural Press: 17 - 18. (in Chinese)
- 李锡香, 朱德蔚. 2006. 茄子种质资源描述规范和数据标准. 北京: 中国农业出版社: 17 - 18.
- Lian Yong, Liu Fu-zhong, Chen Yu-hui. 2006. Chinese eggplant cultivars (*Solanum melongena* L.) distribution and germplasm resources research advancement. *China Vegetables*, (supplement): 9 - 14. (in Chinese)
- 连 勇, 刘富中, 陈钰辉. 2006. 我国茄子地方品种类型 + 分布及种质资源研究进展. *中国蔬菜*, (增刊): 9 - 14.
- Lorenzo Barchi, Véronique Lefebvre, Anne-Marie Sage-Palloix, Sergio Lanteri, Alain Palloix. 2009. QTL analysis of plant development and fruit traits in pepper and performance of selective phenotyping. *Theor Appl Genet*, 118: 1157 - 1171.
- Lu Ting, Wang Guo-ping, Lin Ming-bao, Fang Shi-ren. 2008. Assessment of genetic diversity and genetic relationship in eggplant germplasm resources by using SSR markers. *China Vegetables*, (supplement): 5 - 9. (in Chinese)
- 卢 婷, 汪国平, 林明宝, 方士壬. 2008. 应用 SSR 标记分析茄子种质资源的遗传多样性. *中国蔬菜*, (增刊): 5 - 9.
- Nunome T, Ishiguro K, Yoshida T, Hirai M. 2001. Mapping of fruit shape and color development traits in eggplant (*Solanum melongena* L.) based on RAPD and AFLP markers. *Breeding Science*, 51: 19 - 26.
- Nunome T, Negoro S, Kono I, Kanamori H, Miyatake K, Yamaguchi H, Ohya A, Fukuoka H. 2009. Development of SSR markers derived from SSR-enriched genomic library of eggplant (*Solanum melongena* L.). *Theor Appl Genet*, 119: 1143 - 1153.
- Nunome T, Suwabe K, Iketani H, Hirai M, Wricke G. 2003. Identification and characterization of microsatellites in eggplant. *Plant Breeding*, 122 (3): 256 - 262.
- Qiao Jun, Liu Fu-zhong, Chen Yu-hui, Lian Yong. 2011. Study on inheritance of eggplant fruit shape. *Acta Horticulturae Sinica*, 38 (11): 2121 - 2130. (in Chinese)
- 乔 军, 刘富中, 陈钰辉, 连 勇. 2011. 茄子果形遗传研究. *园艺学报*, 38 (11): 2121 - 2130.
- Rao G U, Ben Chaim A, Borovsky Y, Paran I. 2003. Mapping of yield-related QTL in pepper in an interspecific cross of *Capsicum annuum* and *C. frutescens*. *Theor Appl Genet*, 106: 1457 - 1466.
- Tian Zhu-ping, Tang Rong, Wu You-xiang, Wang Tong-qiang. 2008. SSR utilization in yellow-seeded *Brassica napus* L. Guiyou 519 hybrid purity test. *Seed*, (6): 69 - 71. (in Chinese)
- 田筑萍, 唐 容, 吴有祥, 王通强. 2008. 利用 SSR 指纹图谱技术对杂交油菜种质鉴定的研究. *种子*, (6): 69 - 71.
- van der Knaap E, Sanyal A, Jackson S A, Tanksley S D. 2004. High-resolution fine mapping and fluorescence in situ hybridization analysis of sun, a locus controlling tomato fruit shape, reveals a region of the tomato genome prone to DNA rearrangements. *Genetics*, 168: 2127 - 2140.
- Wan Xiang, Liu Fu-zhong, Song Ming, Chen Yu-hui, Lian Yong. 2005. Optimization and establishment of the AFLP technological system for eggplant. *Journal of Southwest Agricultural University: Natural Science*, 27 (2): 226 - 229. (in Chinese)
- 万 翔, 刘富中, 宋 明, 陈钰辉, 连 勇. 2005. 茄子 AFLP 技术体系的优化与建立. *西南农业大学学报: 自然科学版*, 27 (2): 226 - 229.
- Wu F, Eannetta N T, Xu Y, Tanksley S D. 2009. A detailed synteny map of the eggplant genome based on conserved ortholog set II (COSII) markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 118 (5): 927 - 935.
- Zeng Jie, Zou Yu-ping, Bai Jia-yu, Zheng Hai-shui. 2002. Preparation of total DNA from "Recalcitrant Plant Taxa". *Acta Bot Sin*, 44 (6): 694 - 697.
- Zhang Wei-chun, He Ming. 1998. Combining ability analysis of eggplant fruit characteristics. *Liaoning Agricultural Sciences*, (4): 45 - 46. (in Chinese)
- 张伟春, 何 明. 1998. 茄子果实性状配合力分析. *辽宁农业科学*, (4): 45 - 46.
- Zhang Yuan-yuan, Shu Ai-ping, Cao Gui-lan, Han Long-zhi. 2010. Fingerprinting analysis of indica rice landraces from different provinces of China. *Scientia Agricultura Sinica*, 43 (11): 2189 - 2196. (in Chinese)
- 张媛媛, 束爱萍, 曹桂兰, 韩龙植. 2010. 中国不同省份籼稻地方品种的指纹图谱分析. *中国农业科学*, 43 (11): 2189 - 2196.
- Zygier S, Chaim A-B, Efrati A, Kaluzky G, Borovsky Y, Paran I. 2005. QTL mapping for fruit size and shape in chromosomes 2 and 4 in pepper

---

and a comparison of the pepper QTL map with that of tomato. Theor Appl Genet, 111: 437 - 445.