

瓜类作物抗枯萎病育种研究进展

刘思彤¹, 郭宇¹, 袁成志¹, 刘秀杰², 刘继秀², 高越², 赵文², 高美玲^{1,3}

(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. 齐齐哈尔市农业技术推广中心 黑龙江齐齐哈尔 161006; 3. 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)

摘要: 瓜类作物在整个生长发育期均会发生枯萎病, 结果期发病最重, 严重影响果实产量。对瓜类作物抗枯萎病育种研究进展进行综述, 包括抗性鉴定、抗性遗传规律、基因定位及分子标记的开发和抗病品种选育等方面。同时对西瓜、甜瓜、黄瓜3种作物已报道的抗枯萎病区段内的基因进行共线性分析, 旨在为瓜类抗枯萎病基因定位和抗病育种提供参考。

关键词: 瓜类作物; 枯萎病; 基因定位; 共线性分析

中图分类号: S651+S652+S642

文献标志码: A

文章编号: 1673-2871(2025)07-001-09

Research progress on breeding of resistance to *Fusarium* wilt disease in cucurbit crops

LIU Sitong¹, GUO Yu¹, YUAN Chengzhi¹, LIU Xiujie², LIU Jixiu², GAO Yue², ZHAO Wen², GAO Meiling^{1,3}

(1. College of Life Sciences, Agriculture and Forestry, Qiqihar University, Qiqihar 161006, Heilongjiang, China; 2. Qiqihar Agricultural Technology Extension Center, Qiqihar 161006, Heilongjiang, China; 3. Key Laboratory of Resistance Gene Engineering and Preservation of Biodiversity in Cold Areas, Qiqihar 161006, Heilongjiang, China)

Abstract: *Fusarium* wilt is a soil-borne disease that affects cucurbit crops throughout their developmental stages, with the most severe impact during the fruit-bearing period, significantly reducing fruit yield. This article reviews the research progress on breeding for resistance to *Fusarium* wilt in cucurbit crops, including resistance identification, inheritance of resistance to *Fusarium* wilt, gene mapping, molecular marker development, and breeding of resistant varieties. At the same time, a collinearity analysis was conducted on the genes within the reported *Fusarium* wilt resistance regions of watermelon, melon, and cucumber. It will provide useful reference for *Fusarium* wilt resistance gene localization and disease-resistant breeding in cucurbit crops.

Key words: Cucurbit crops; *Fusarium* wilt; Gene mapping; Collinearity analysis

瓜类枯萎病是由尖孢镰刀菌(*Fusarium oxysporum*)引起的一种毁灭性土传病害, 发病症状主要是植株萎蔫、茎基部变褐缢缩, 表皮粗糙、纵裂, 根部须根很少且褐色腐烂, 会造成产量下降, 严重时可能导致绝产。当植株导管受到堵塞时, 会妨碍水分的运输, 使植株无法进行正常的水分吸收, 随着病菌的扩展, 果胶分解酶被进一步激活, 破坏细胞膜中间层, 进一步阻塞导管, 最终导致植株萎蔫死亡。病原菌产生的毒素对质膜的伤害可能是病害发生的主要原因, 毒素可能会影响细胞膜的通透性

及功能, 从而影响植株对水分和养分的正常吸收, 导致植株萎蔫、死亡^[1-3]。国内外学者在瓜类枯萎病抗性鉴定、抗性遗传规律、基因定位及分子标记的开发和抗病品种选育等方面做了大量的研究, 笔者对前人的研究成果进行总结和概括, 旨在为瓜类枯萎病深入研究及防控提供参考。

1 瓜类作物枯萎病抗性鉴定

目前, 国内外对瓜类枯萎病的抗性鉴定主要在苗期采用胚根法、菌土法、浸根法、灌根法、病麦粒

收稿日期: 2024-10-10; 修回日期: 2025-03-05

基金项目: 国家自然科学基金(32272738); 黑龙江省“双一流”学科协同创新成果项目一般培育项目(LJGXCG2023-109); 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)

作者简介: 刘思彤, 女, 在读硕士研究生, 研究方向为西瓜枯萎病抗性育种。E-mail: 1327389334@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

拌土法、伤灌根法及病原菌毒素滤液浸苗法开展^[4-8]。在西瓜上,认为浸根法最好,最适宜孢子浓度为 $1\times 10^5\sim 1\times 10^6$ 个 $\cdot\text{mL}^{-1}$ ^[9-10]。李晓慧等^[11]在浸根接种法的基础上,对西瓜幼苗剪根处理,通过剪根控制伤根的均匀程度,认为伤根蘸孢法是较为理想的接种方法。李超汉等^[12]在传统的孢子悬浮液浸根法的基础上加以改良,对露白5 d后西瓜幼苗的胚根进行接种,认为此方法简单易操作,缩短了接种时间,且发病快,可节省时间和空间成本。在甜瓜上,王登明等^[13]、刘朋义等^[14]和郝芳敏等^[15]均认为,浸根接种法操作简单、精确,最适合甜瓜枯萎病抗性鉴定研究,并成功鉴定出甜瓜抗枯萎病材料,孢子悬浮液浓度均为 10^6 个 $\cdot\text{mL}^{-1}$ 。在黄瓜上,国内采用较多的是胚根接种法、菌土接种法、浸根接种法和毒素接种法等^[16]。翁祖信等^[17-18]的胚根接种法被我国许多学者采用。周凯南等^[19]利用病原菌毒素滤液浸苗法接种黄瓜枯萎病菌,发现该方法可应用于大量杂交后代的初筛工作。近年来,周红梅等^[20]和陈凤春^[21]对胚根接种法、浸根接种法、灌根接种法进行了试验,均认为浸根接种法效果最好。而杨凡等^[22]使用下胚轴注射接种法,比目前国内外多数报道的枯萎病评判时间提早3~8 d。在冬瓜上,谢大森等^[23-24]研究认为,枯萎病菌、FOC(毒素粗滤液)、FA(镰刀菌酸)均可用于冬瓜枯萎病抗性鉴定,病菌适宜的接种孢子浓度为 5×10^6 个 $\cdot\text{mL}^{-1}$,FOC接种浓度以原液的2~4倍稀释液为宜,接种时间为播种后15~20 d,即1~2片真叶时期,FA的鉴定浓度以 $150\text{ mg}\cdot\text{L}^{-1}$ 效果最佳。灌根法、浸根法由于接种菌量较容易控制,在实际操作中比较常见^[25-26]。在苦瓜上,朱天圣等^[27]对4种人工接种方法进行比较,发现胚根法、浸土法发病太轻且接种至发病所需时间竟长达1个月,伤根法虽发病迅速但发病过重,根本无法从发病程度上区分品种抗病性差异,浸根法在发病程度和发病潜育时间上,均较适宜用于不同品种抗病性鉴定。郭堂勋等^[28]和陈振东等^[29]也认为浸根接种法较适用于苦瓜枯萎病的抗性鉴定。凌怡等^[30]的研究也证实了胚根法和伤根法不利于筛选抗性品种,认为在苦瓜2叶1心时采用灌根法接种浓度为 1×10^6 个 $\cdot\text{mL}^{-1}$ 的枯萎病菌孢子悬浮液20 mL,接菌后25 d进行枯萎病抗病性鉴定,是精准高效的苦瓜枯萎病抗性鉴定评价技术体系。赵秀娟等^[31]研究认为,浸根水培接种法更适合于大规模的苦瓜苗期接种鉴定。柴丹等^[8]和康玉妹等^[32]采用伤

根浸根法接种成功,并对不同丝瓜品种进行了抗性品种筛选。

2 瓜类作物枯萎病病原菌研究

虽然枯萎病病原菌均为尖孢镰刀菌,但由于存在寄主专化性,导致病原菌对不同瓜类作物的侵染力和致病性存在差异^[33],对原来的寄主致病力最强。西瓜专化型尖孢镰刀菌(*Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum*)、甜瓜专化型尖孢镰刀菌(*Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis*)、黄瓜专化型尖孢镰刀菌(*Fusarium oxysporum* f. sp. *cucumerinum*)、冬瓜专化型尖孢镰刀菌(*Fusarium oxysporum* f. sp. *benincasae*)、苦瓜专化型尖孢镰刀菌(*Fusarium oxysporum* f. sp. *momodicae*)、丝瓜专化型尖孢镰刀菌(*Fusarium oxysporum* f. sp. *luffae*)虽然苗期存在交叉感染,但其选择致病性较强。西瓜、甜瓜、黄瓜专化型还存在不同的生理小种。

西瓜专化型现有4个生理小种0、1、2、3。生理小种0和1在意大利首次被报道,只引起易感栽培品种的枯萎,如Sugar Baby、Black Diamond^[34]。1973年,在以色列首次报道2号生理小种^[35]。2010年,Zhou等^[36]首次在马里兰州发现生理小种3,是毒性最强的生理小种。1991年,张兴平等^[37]首次证明了我国存在西瓜枯萎病生理小种0、1和2,段会军等^[38]发现,河北、湖北和安徽存在生理小种0;生理小种1在中国是优势小种,已在多地被报道,包括河北、湖北、新疆、黑龙江、山东和北京;而生理小种2仅在河北被报道,王冠等^[39]在宁夏首次发现生理小种3。

甜瓜专化型尖孢镰刀菌划分为4个生理小种,即0、1、2、1.2号。鉴别寄主分别是不含有任何抗病基因的Charentais T、含有抗病基因*Fom-1*的Doublelon(既抗生理小种0号又抗生理小种2号)、具有抗病基因*Fom-2*的CM17187(抗生理小种0号和1号)和含有抗病基因*Fom-3*的MR-1(抗生理小种0、1、2号)^[40-41]。

引起黄瓜枯萎病的尖孢镰刀菌黄瓜专化型已分化出4个生理小种,其中来自美国、以色列、日本和中国的4个菌株分别为生理小种1、2、3、4^[42]。

3 瓜类作物枯萎病抗性遗传规律

由于遗传群体不同、环境因素等原因会导致瓜类枯萎病遗传规律不同。西瓜枯萎病生理小种1的抗性遗传规律和生理小种2的遗传规律有两种

说法,一部分学者认为西瓜枯萎病的抗性由显性单基因控制^[43-48],另一部分学者认为西瓜枯萎病遗传效应符合“加性-显性”模型,以加性效应为主,且感病对抗病为部分显性,抗病性由隐性多基因控制^[49-50]。

甜瓜枯萎病抗性遗传规律分为单基因显性控制、多基因控制以及两个独立基因控制(一个是显性基因,一个是隐性基因)^[51-53],并被认为是甜瓜抗枯萎病遗传符合“MX2-ADI-ADI”一主基因加性-显性-上位性+多基因加性-显性-上位性遗传效应模型^[54]。

黄瓜枯萎病抗性遗传规律存在不同的观点,一部分研究认为符合单显性基因控制,为质量性状遗传^[55];一部分研究认为抗性表现为部分显性,存在细胞质的影响^[56];还有一部分研究认为黄瓜枯萎病抗性是部分隐性基因控制的^[57];此外,还存在加性-显性遗传模型,抗性遗传组成以加性遗传为主,部分不完全正显性,并且抗病性受到核基因的控制^[58]。

在其他瓜类方面,谢大森等^[59]研究发现,冬瓜枯萎病抗性由隐性多基因控制,符合加性-显性模型,以加性效应为主,感病对抗病表现为部分显性。此外,赵秀娟等^[31]研究认为,苦瓜枯萎病抗性受单一显性核基因控制,但刘子记等^[60]研究认为,苦瓜枯萎病抗性受2对主基因控制。

4 瓜类作物抗性基因定位和分子标记开发

4.1 西瓜枯萎病抗性基因定位及分子标记开发

国内外学者利用不同的遗传群体对生理小种1进行了基因定位。许勇等^[61]利用PI296431-FR和97103杂交获得F₂分离群体,对西瓜枯萎病抗性基因进行定位,开发了1个RAPD标记OPP01/700,

该标记与抗病基因的遗传距离为3.0 cM,然后进行克隆测序并转化为SCAR标记SCPO1/700。张屹等^[62]利用抗病材料Calhoun Gray和感病材料Black Diamond杂交获得F₂分离群体,通过BSA法将西瓜枯萎病菌生理小种1的抗性基因(*Fon-1*)定位于1号染色体15 cM区域内,开发了3个CAPS/dCAPS标记,与*Fon-1*基因的连锁距离分别为0.8、1.0和2.8 cM。焦荻等^[63]利用感病材料NF3和抗病材料JH构建以NF3为轮回亲本的回交群体,开发出与西瓜枯萎病抗病基因遗传距离仅为0.2 cM的高度连锁的dCAPS标记502124_fon。Lambel等^[64]利用QTL技术,发现位点SNPS1_67050与抗性距离最近,并在第3、4、9、10号染色体上均发现次要QTL位点。Ren等^[65]开发了SNP标记Chr1SNP_502124,用于*Fon1*的鉴定。

李娜等^[66]利用QTL方法将抗*Fon1*基因的定位区间缩减至1号染色体246 kb的物理区间内,并开发出Indel标记Indel1_fon1。Branham等^[67]结合全基因组重测序(QTL-SEQ分析)和KASP标记的QTL定位,成功地将*Fo-1.1*的遗传距离从1.56 Mb缩小到315 kb。刘广等^[68]通过BSA法,发现indel04、indel05、indel06这3个分子标记位于*Fon1*的一侧,连锁距离分别为7.5、10.7、13.7 cM。以上开发的分子标记引物信息如表1所示。李玉林^[69]通过VIGS干涉指出,*CIPHD23*基因可能对西瓜抗病性起正调控作用,在西瓜抗病调控中可能发挥转录因子的功能。

丁群英^[49]利用抗病材料PI296341和感病材料M17成功获得与生理小种2抗性基因相连锁的RAPD标记,命名为OPG13/530。Meru等^[70]利用感病材料UGA147和抗病材料Charleston Gray构建分离群体,通过QTL将西瓜枯萎病菌生理小种2的

表1 西瓜枯萎病生理小种1现已开发的标记
Table 1 Marker developed for watermelon *Fusarium* wilt race 1

标记名称 Marker name	正向引物 Forward primer	反向引物 Reverse primer	引物起始位置 Primer initial position	参考文献 Reference
SCPO1/700	GTAGCACTCCAACATTATTCTAATTC	GTAGCACTCCCAACTCATACAAAT	Cla97Chr11:17 954 164	[61]
4451fon	AAATGGGTACTGGTGGTCGCTC	TTCCTCTTCTCTGTTTCTCCACAA	Cla97Chr01:287 949	[62]
7419_fon	TTAAGTTTCTAACCTTTAAAATTGATCTCT	CCTACCTTGAAAACTTGAGGGATA	Cla97Chr01:519 004	[62]
7716_fon	TTAAAAATCATCTCTCTTTAAAACTATT	ATATATTGGTCTCCGAGTGTTCAA	Cla97Chr01:520 304	[62]
Chr1SNP_502124	AACACCACCCACTTTGGAGCTTCG	TTTtagggTGAAAATGGGTATTGTA	Cla97Chr01:562 641	[65]
Indel1_fon1	TTCCAAAAGTGCAGATTTC	CACATGGGGATTGACTAAG	Cla97Chr01:524 996	[66]
indel04	TAAGCATGGTGGAATGGAAG	CCAATAGTCCGTCATTGTG	Cla97Chr01:2 535 375	[68]
indel05	CAGAGGTCGTGTTCTTCAGG	TACTCAGTCAGTAATCCCAC	Cla97Chr01:2 709 892	[68]
indel06	TATGTTCTTTCTTCCACCC	ACCTCCGACTACAACCACTC	Cla97Chr01:2 724 551	[68]

抗性基因定位于 11 号染色体上,在其附近有 3 个激酶相关基因 Cla016650、Cla016557 和 Cla016488,可能是 *FON 2* 抗性分子机制的潜在候选基因。Ren 等^[65]通过 QTLs 将西瓜枯萎病菌生理小种 2 的抗性基因定位于 9、10 号染色体上,找到 2 个 QTLs,分别为 *Qfon2.1*、*Qfon2.2*,其中在 *Qfon2.1* 区域发现一种脂氧合酶基因(Cla014845),5 种受体样激酶基因(Cla014853、Cla014955、Cla014972、Cla014725 和 Cla014728)和 4 种谷胱甘肽 S-转移酶基因(Cla014674、Cla014675、Cla014676 和 Cla014677);在 *Qfon2.2* 区域存在 1 种精氨酸生物合成双功能蛋白基因(Cla017879)、2 种受体激酶基因(Cla017918 和 Cla017919)和 1 种脂质转移蛋白基因(Cla018045),通过查找资料发现,这些基因均与植物

防御相关,推断可用于今后对西瓜枯萎病抗性的研究。

4.2 甜瓜枯萎病抗性基因定位及分子标记开发

目前已报道的甜瓜抗病基因有 *Fom-1*、*Fom-2*、*Fom-3*,其中 *Fom-2* LRR 区已克隆成功,并开发了相关的功能性标记^[71]。Oumouloud 等^[53]利用含有 *Fom-1* 基因的 Tortuga 材料发现还携带隐性基因 *Fom-4*,邵元健等^[72]通过试验发现,抗枯萎病 *Fom-2* 的两侧连锁标记 SSR430 和 STS296 可以有效地预测品种是否带 *Fom-2* 基因,Deol 等^[73]研究发现,SSR 标记 DM0096 和 CSWCTT02 与 5 号染色体上 *Fom-5* 基因紧密连锁;赵玉龙^[41]开发甜瓜抗枯萎病 CAPS 分子标记 *Fom-2-3*,能够鉴定植株是否抗病。以上 3 个标记的引物信息如表 2 所示。杨梦飞等^[74]利用抗性品种 YN 和感病品种 CG,采用

表 2 甜瓜枯萎病现已开发的标记
Table 2 Marker developed for melon *Fusarium* wilt

标记名称 Marker name	正向引物 Forward primer	反向引物 Reverse primer	引物起始位置 Primer initial position	参考文献 Reference
DM0096	GAAAGATTCATTCACGTCG	AAAGGTCAAAATATTGGATTG	chr05:22 362 925	[73]
CSWCTT02	CCTAAACCCATAGCCCTTCA	AAAGAAGGGTTGGAGAAACCA	chr05:20 726 843	[73]
Fom-2-3	GCAAGCTACGCACGATTGAT	TGGACATTCGCAAGCATACAA	chr11:6 912 856	[41]

BSA-seq 方法将抗病基因定位在 9 号染色体上,在 1~1 370 000 bp 区间,共发现 22 个与甜瓜枯萎病抗病性相关的基因。

4.3 黄瓜枯萎病抗性基因定位及分子标记开发

张海霞^[75]以抗枯萎病材料 WIS2757 和感枯萎病材料津研 2 号,利用 RAPD、AFLP 标记获得了与抗黄瓜枯萎病基因相连锁的标记并成功转化成 SCAR 标记,遗传距离为 10 cM。Zhang 等^[76]以黄瓜品种 9110Gt 和 9930 为材料,根据 3 a(年)数据筛选出 1 个位于 2 号染色体物理位置 2 526 888~3 262 528 区间的主效 QTL*Foc2.1*,两侧标记为 SSR17631 和 SSR03084。周红梅等^[77]通过试验同样发现了 1 个位于 2 号染色体上的抗病位点 *Foc4*,并将其定位在 SSR17631 和 SSR00684 两个标记之间,遗传距离分

别为 1.0 cM 与 0.9 cM。Dong 等^[78]使用 5 个标记将主效位点 QTL*fw2.1* 精确定位到 2 号染色体标记 InDel1248093 和 InDel1817308 之间,结合转录组技术发掘到了 5 个候选基因(Csa2G007990、Csa2G009430、Csa2G009440、Csa2G008780 和 Csa2G009330)。Jaber 等^[79]利用 BSA 和 AFLP 测序相结合的方法,在 2 号染色体上开发出 2 个与黄瓜枯萎病抗性位点连锁的 SCAR 标记 SCE12M50A 和 SCE12M50B(表 3)。和婷婷^[80]利用 BSA-seq 在 5 号染色体 3.51~6.79 Mb 区间发现 1 个黄瓜抗镰刀菌基因位点 *CsFAR1*。

4.4 其他瓜类枯萎病抗性基因定位及分子标记开发

赵芹等^[81]和刘文睿等^[82]通过同源克隆法分离冬

表 3 黄瓜枯萎病现已开发的标记
Table 3 Marker developed for cucumber *Fusarium* wilt

标记名称 Marker name	正向引物 Forward primer	反向引物 Reverse primer	引物起始位置 Primer initial position	参考文献 Reference
SCAR-282	GTACATGCAGGTGGTGTTATT	TGTTGGACGGATTGTAAT	Chr2:2 034 850	[75]
SSR17631	TTCCCTAAGTAGTGACGGATTTTT	TTGATTCCAATTTCACTACTTTTCA	Chr2:3 262 413	[76]
SSR03084	CAGACCCTGAAGCGGATAAAA	GACAAGGGATTTCATCCGAGA	Chr2:2 526 888	[76]
SCE12M50A	TAACATTGAAGTATACCCATT	ACCAATTCACCTTGCATCTT	Chr2:4 146 214	[79]
SCE12M50B	TAACATTGAAGTATACCCATT	CCAATTCACCTTGCATCTTG	Chr2:4 165 136	[79]

瓜 NBS-LRR 类抗病同源序列,发现这些抗病基因同源序列可能存在功能性的 *R* 基因,包含 P-loop, Kinase-2 和 GLPL 等保守结构域。关峰等^[83]发现枯萎病菌侵染高感冬瓜后,叶片会出现黄化褪绿的现象,通过试验发现,抗病品种光合效率降低是由气孔限制导致的,而感病品种是由非气孔限制因素引起的。Zhu 等^[84]通过研究发现,嫁接后的冬瓜抗病性较强,发病指数较低,对生长影响较小,其中丝裂原活化蛋白激酶(MAPK)信号途径增强了嫁接冬瓜的早期防御反应,角质、木栓质和蜡质生物合成信号途径增强了嫁接冬瓜的表面抗性。

王艳茹^[85]以 192 份苦瓜种质资源为研究对象,进行全基因组关联分析,发现苦瓜 LOC111013191 基因可能为抗苦瓜枯萎病的候选基因,其功能还需要进一步鉴定。Guan 等^[86]通过研究发现,木质素的合成和钙离子介导的 MAPK 途径可能与苦瓜的抗病性密切相关,苦瓜受枯萎病菌侵染后抗性品种的超氧化物歧化酶、过氧化物酶、苯丙氨酸解氨酶和过氧化氢酶活性以及超氧阴离子和丙二醛含量均高于感病品种。Guan 等^[87]首次对苦瓜 *SCPL* 基因家族进行了分析,发现 *McSCPL22* 可能具有增强苦瓜对 *FOM* 抗性的潜力,其功能还有待于进一步研究。

吴波等^[88]利用不同 LED 光质对丝瓜枯萎病进行研究,结果表明,经过光照预处理 72 h,370、380 和 425 nm 处理显著延缓了丝瓜枯萎病病害的发展。Li^[89]等筛选到 1 个与 LOC111009722 同源的候选基因,该基因编码过氧化物酶 40,与丝瓜抗病性相关,并开发了 1 个与感枯萎病连锁的 SNP 标记。

4.5 西瓜、甜瓜、黄瓜抗枯萎病位点共线性分析

基因共线性能够反映出共同祖先的基因顺序,尤其是针对复杂基因组的进化进行解析具有重要意义。研究表明,不同葫芦科基因组之间存在高度的序列保守性和共线性,并且建立了不同染色体区域之间的共线关系^[90]。高美玲等^[91]对西瓜、甜瓜、黄瓜和南瓜果皮覆纹基因进行了共线性分析,发现果皮覆纹基因在上述瓜类作物中存在一定保守性。目前,国内外有关瓜类枯萎病抗性基因定位的研究主要集中在黄瓜、甜瓜及西瓜上。因此对黄瓜、甜瓜及西瓜抗枯萎病基因所在的染色体利用 TBtools 软件进行了共线性分析,旨在为其他瓜类枯萎病基因定位提供参考。

通过比对 3 个基因组的同源染色体片段来研究抗枯萎病基因所在的同源片段,由于在前人的研究中分别针对瓜类不同作物抗枯萎病基因进行定

位,因此笔者在共线性分析中找到了多个不同的共线性区段(西瓜, Cla97Chr01: 145 320~149 060; Cla97Chr01: 287 969~288 192; Cla97Chr01: 520 332~520 473; Cla97Chr01: 519 033~519 202; Cla97Chr01: 525 014~525 351; Cla97Chr01: 562 662~562 756; Cla97Chr01: 2 535 394~2 535 617; Cla97Chr01: 2 709 911~2 710 105; Cla97Chr01: 2 724 551~2 724 571; Cla97Chr01: 34 859 163~34 861 116; Cla97Chr03: 11 117 698~11 117 761; Cla97Chr04: 13 547 512~13 547 565; Cla97Chr09: 14 659 707~14 738 814; Cla97Chr10: 20 659 164~20 659 195; Cla97Chr11: 21 779 189~21 921 856; Cla97Chr11: 21 983 692~22 709 058; Cla97Chr11: 22 738 360~23 492 959。甜瓜, Chr05: 22 362 925~22 363 018; Chr05: 20 726 843~20 726 928; Chr09: 438 869~438 887; Chr11: 6 912 856~6 914 319。黄瓜, Chr2: 3 262 413~3 262 528; Chr2: 2 526 888~2 526 907; Chr2: 4 146 214~4 146 234; Chr5: 3 510 000~6 790 000)。

从图 1 的共线性分析结果来看,西瓜 1 号、10 号染色体抗枯萎病区段均与黄瓜 5 号染色体以及甜瓜 9 号、11 号染色体上具有共线性关系,同时西瓜 11 号染色体上抗病区段与黄瓜 2 号染色体、甜瓜 5 号染色体定位区段具有共线性关系;黄瓜 2 号染色体与甜瓜 11 号染色体具有共线性关系。根据共线性结果分析,笔者推测以上共线区段内的基因可能与调控枯萎病抗性相关。

5 瓜类抗枯萎病品种选育

目前,选育抗病品种是防治枯萎病最有效、最根本的办法。美国选育的抗枯萎病西瓜品种 Charleston Gray 在生产中被广泛应用。除西农 8 号、郑抗 1 号、郑抗 2 号、抗病苏蜜(苏蜜 1 号×Smokely)、皖杂 1 号、红优 2 号、京抗 2 号、京抗 3 号、抗病 948 等以美国引进的抗病西瓜品种为亲本之一育成的杂交一代抗病西瓜品种外^[92-95],还有王喜庆等^[96]培育出的龙盛 9 号、龙盛佳力等高抗枯萎病品种,梁燕平等^[97]通过对 428 份材料进行抗性评价,选育并登记了 3 个西瓜新品种:晋西瓜 6 号抗枯萎病等同京欣一号;晋西瓜 8 号抗枯萎病等同西农 8 号,抗性级别为中抗;晋抗 7 号抗枯萎病等同西农 8 号,抗性级别为中抗。

甜瓜抗枯萎病品种如 Doublon 和 Vedrantaïs 在欧洲和北美市场表现优异,还有较抗甜瓜枯萎病的

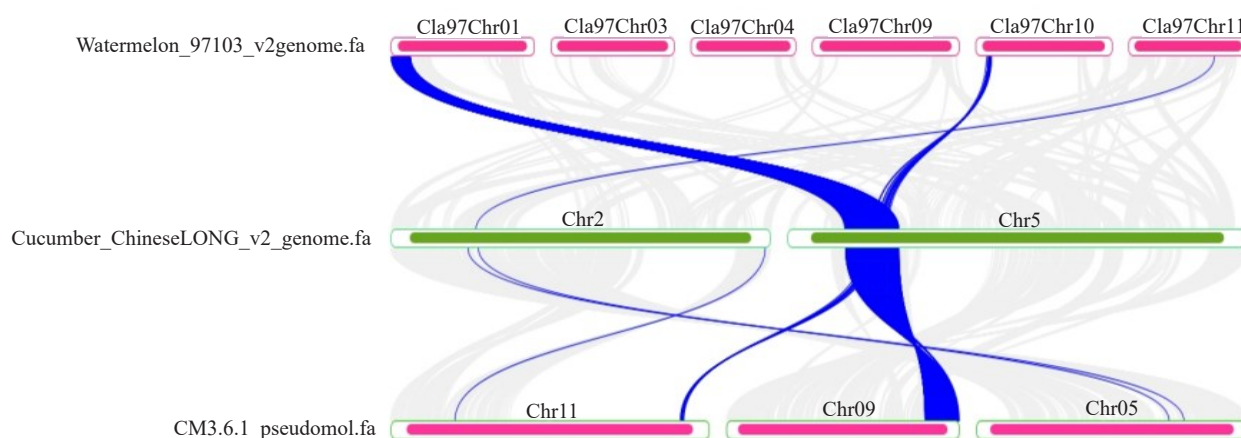


图1 西瓜、甜瓜、黄瓜抗枯萎病基因的共线性关系分析

Fig. 1 Collinear relationship analysis of *Fusarium* wilt resistance genes in watermelon, melon and cucumber

密甜瓜和 M327-1 自交系^[98-99]。

近年来,我国先后育成了具有抗枯萎病、耐热性的黄瓜露地品种津春 4 号、中农 38 号、津优 40 号、津优 406、津优 409、京研夏美等;还有耐低温及弱光的抗枯萎病温室品种津优 35 号、中农 32 号、唐杂 8 号、济优 12 号等^[100];东北农业大学研发的东农系列(东农 812、东农 807、东农 808 等)^[101-103]和天津科润黄瓜研究所培育的津优 48 号和津优 49 号^[104-105],周胜军等^[106]以 H225-1-1-2-1-1-1 为母本和 B11-1-2-2-1-1-1 为父本配制而成的黄瓜一代杂种浙秀 35。

康德贤等^[107]对东莞市的 16 个冬瓜品种进行枯萎病抗性苗期接种鉴定,发现南城粉皮冬瓜对枯萎病表现为高抗,麻涌青皮冬瓜、莞研 1 号小冬瓜和麻涌青皮大冬瓜 3 个冬瓜品种对枯萎病表现为抗病,中抗品种较多,与前人的研究结果一致。梁少丽等^[108]研究发现,冬瓜枯萎病田间抗病性与皮色相关,其中黑皮冬瓜资源最抗病,其次为粉皮冬瓜资源,而青皮冬瓜对枯萎病的抗性较差。地方古老苦瓜品种含有丰富的抗病基因^[109],目前选育的丝瓜新品种(系)大多数对枯萎病表现为抗或中抗^[110]。

6 展 望

目前,防治瓜类枯萎病的主要方法包括化学防治和嫁接。然而,这些方法存在一定的局限性和潜在的环境风险。化学防治可能导致环境污染和土壤板结,而嫁接虽然是一种有效的防治手段,但也会影响果实品质。

尽管国内外关于瓜类枯萎病的抗性遗传研究

已有许多报道,但由于瓜类枯萎病遗传规律的复杂性以及致病菌不断分化且强致病力导致瓜类枯萎病泛滥,严重影响瓜类作物生产,在一定程度上致使抗病品种的培育受到严重影响。但利用生物技术手段可以在较短时间内完成瓜类作物抗枯萎病分子标记开发及基因定位,为抗病育种奠定基础。因此,明确瓜类作物枯萎病的抗病机制并培育抗病品种成为解决枯萎病问题的一种更为有效和可持续的方法。

参考文献

- [1] DAVIS D. Fusaric acid in selective pathogenicity of *Fusarium oxysporum*[J]. Phytopathology, 1969, 59(10): 1391-1395.
- [2] BARNA B, SARHAN A R T, KIRALY Z. The influence of nitrogen on the sensitivity of tomato plants to culture filtrates of *Fusarium* to fusaric acid[J]. Physiology Plant Pathology, 1983, 23(2): 257-263.
- [3] 于天祥, 张明方. 西瓜枯萎病研究进展[J]. 中国瓜菜, 2004, 17(1): 17-19.
- [4] 吉加兵. 西瓜枯萎病苗期抗性鉴定方法的探讨[J]. 中国西瓜甜瓜, 1992, 5(1): 35-39.
- [5] 石博, 关峰, 张景云, 等. 冬瓜枯萎病研究进展[J]. 中国瓜菜, 2022, 35(11): 11-14.
- [6] 马双武, 刘君璞, 王吉明, 等. 甜瓜种质资源描述规范和数据标准[M]. 北京: 中国农业出版社, 2006.
- [7] 关峰, 万新建, 张景云, 等. 苦瓜枯萎病研究进展[J]. 中国瓜菜, 2018, 31(5): 1-4.
- [8] 柴丹, 韩帅, 郭江洪, 等. 不同丝瓜种质资源对枯萎病的抗性鉴定与评价[J]. 长江蔬菜, 2021(22): 71-73.
- [9] 张学炜, 钱笑丽, 古勤生. 西瓜抗枯萎病鉴定方法研究[J]. 果树科学, 1991, 8(4): 219-224.
- [10] 王喜庆, 贾云鹤, 尤海波. 黑龙江省西瓜枯萎病菌生理小种鉴定及抗病鉴定方法筛选[J]. 北方园艺, 2013(2): 103-107.

- [11] 李晓慧,梁慎,常高正,等.西瓜枯萎病苗期抗性鉴定及抗源筛选[J].江苏农业科学,2018,46(17):91-94.
- [12] 李超汉,朱丽华,杨红娟,等.西瓜种质资源的枯萎病抗性鉴定[J].上海农业学报,2020,36(4):37-42.
- [13] 王登明,张学军,冯炯鑫,等.甜瓜枯萎病接种方法比较试验初报[J].中国瓜菜,2009,22(5):38-39.
- [14] 刘朋义,别之龙,彭斌,等.甜瓜品种抗枯萎病的苗期鉴定[J].中国瓜菜,2011,24(2):11-13.
- [15] 郝芳敏,臧全宇,丁伟红,等.浙江省甜瓜枯萎病生理小种鉴定及部分甜瓜品种抗性鉴定[J].浙江农业科学,2023,64(5):1273-1276.
- [16] 李亚莉,侯栋,岳宏忠,等.黄瓜抗枯萎病研究进展[J].甘肃农业科技,2018(5):77-80.
- [17] 翁祖信,蒋兴祥,肖小文.黄瓜枯萎病抗病性鉴定方法研究:胚根接种法[J].中国蔬菜,1985(2):30-33.
- [18] 翁祖信,蒋兴祥,冯东昕.病原及抗病性鉴定[M].北京:科学出版社,1995.
- [19] 周凯南,张立修,吕士恩,等.植物致病镰刀菌毒素滤液浸苗鉴定作物苗期抗病性[J].山东农业大学学报,1989,20(4):45-49.
- [20] 周红梅,毛爱军,张丽蓉,等.黄瓜枯萎病接种方法及抗性遗传的研究[J].华北农学报,2010,25(4):186-190.
- [21] 陈凤春.黄瓜枯萎病接种方法及抗性遗传规律研究[J].现代农业科技,2014(18):142-146.
- [22] 杨凡,唐艳领,牛莉莉,等.黄瓜穴盘苗期枯萎病抗性鉴定方法及枯萎病胁迫下的生理响应[J].中国瓜菜,2022,35(3):81-85.
- [23] 谢大森,何晓明,彭庆务,等.培养条件对瓜类枯萎病菌镰刀菌酸产率的影响[J].华北农学报,2003,18(增刊):71-73.
- [24] 谢大森,何晓明,何素娟.冬瓜与节瓜枯萎病菌人工接种技术研究[J].广西农业生物科学,2003,22(2):92-95.
- [25] 曾文青.砧用冬瓜枯萎病抗性鉴定转录组分析及嫁接适应性研究[D].南宁:广西大学,2021.
- [26] 曾莉莎,陈康丽,杜彩娴,等.冬瓜枯萎病菌的分离、鉴定及冬瓜种质抗性鉴定[J].中国瓜菜,2024,37(1):64-75.
- [27] 朱天圣,戚佩坤.苦瓜枯萎病病原菌研究[J].华南农业大学学报,1998,18(4):17-21.
- [28] 郭勋勋,莫贱友.几个苦瓜品种对枯萎病的抗性测定[J].广西农业科学,2007,38(4):408-410.
- [29] 陈振东,黄如葵,黎起秦,等.苦瓜种质资源苗期枯萎病抗性鉴定[J].南方农业学报,2014,45(10):1776-1780.
- [30] 凌怡,杨衍,牛玉,等.苦瓜枯萎病抗性生理研究及鉴定评价体系构建[J].中国瓜菜,2024,37(6):69-78.
- [31] 赵秀娟,唐鑫,胡开林.苦瓜枯萎病抗性鉴定与抗性遗传规律研究[J].园艺学报,2013,40(4):685-692.
- [32] 康玉妹,薛珠政,李永平,等.丝瓜新品种(系)对枯萎病抗性的鉴定与评价[J].农业科技通讯,2022(8):126-130.
- [33] 余小漫,何自福,罗芳芳,等.瓜类枯萎病及其综合防治技术[J].广东农业科学,2011,38(2):84-87.
- [34] WALLER J M. Screening for resistance and physiological specialization of *Fusarium oxysporum* in watermelon and muskmelon[C]. Second International Congress of Plant Pathology, Pest Articles & News Summaries, 1974,20(1):107-110.
- [35] CIRULLI M. Variation of pathogenicity in *Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum* and resistance in Union Fitopatol[J]. Mediter Oeiras, 1972,197(3):491-500.
- [36] ZHOU X G, EVERTS K L, BRUTON B D. Race 3, a new and highly virulent race of *Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum* causing *Fusarium* wilt in watermelon[J]. Plant Disease, 2010, 94(1):92-98.
- [37] 张兴平,王鸣.我国西瓜枯萎病生理小种分化研究初报[J].中国西瓜甜瓜,1991,4(1):39-43.
- [38] 段会军,张彩英,李喜焕,等.河北省西瓜枯萎病菌生理小种鉴定与 AFLP 分析[J].中国农业科学,2007,40(5):925-931.
- [39] 王冠,李小妮,杨万邦,等.西瓜枯萎病尖孢镰孢菌生理小种 3 初报[J].中国瓜菜,2022,35(7):13-18.
- [40] 王迪,刘泰,徐慧春,等.甜瓜枯萎病研究进展及抗性机制研究现状[J].黑龙江农业科学,2023(1):112-117.
- [41] 赵玉龙.甜瓜橙色果肉、全雌系及主要抗病性状 MAS 的建立与评价[D].东北农业大学,2018.
- [42] 杨丽文.黄瓜的主要病害类型及防治技术研究[J].种子科技,2022,40(14):91-93.
- [43] NETZER D, WEINTALL C H, ORGANIZATION A R, et al. Inheritance of resistance in watermelon to race 1 of *Fusarium oxysporum*[J]. Plant Disease, 1980, 64(9):853-854.
- [44] ZHANG X P, RHODES B. Inheritance of resistance to Race 0, 1 and 2 of *Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum* in watermelon (*Citrullus* sp. PI296341)[R]. Cucurbit Genetic Cooperative Report, 1993, 16:77-78.
- [45] 周凤珍,康国斌.西瓜部分抗枯萎病材料的抗性遗传研究[J].中国西瓜甜瓜,1996,9(2):17-18.
- [46] 张国良,王春生,杨坤,等.西瓜枯萎病抗性材料的转育及其遗传规律的研究[J].安徽农业科学,1999,27(6):616-618.
- [47] 于利,徐润芳,赵有为.西瓜品种抗枯萎病遗传研究[J].江苏农业学报,1995,11(1):45-48.
- [48] 羊杏平,姚怀莲,刘广,等.西瓜品种枯萎病抗性的遗传研究[J].江苏农业学报,2008,24(6):882-887.
- [49] 丁群英.西瓜枯萎病生理小种 2 抗性基因的分子标记研究[D].陕西杨凌:西北农林科技大学,2005.
- [50] 邹小花,张海英,李胜,等.野生西瓜种质 PI296341-FR 抗枯萎病菌生理小种 2 的遗传规律[J].园艺学报,2011,38(9):1699-1706.
- [51] PERCHEPIED L, DOGIMONT C, PITRAT M. Strain-specific and recessive QTLs involved in the control of partial resistance to *Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis* race 1.2 in a recombinant inbred line population of melon[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2005, 111(1):65-74.
- [52] CHIKH-ROUHO H, GONZÁLEZ-TORRES R, OUMOULOUD A, et al. Inheritance of race 1.2 *Fusarium* wilt resistance in four melon cultivars[J]. Euphytica, 2011, 182(2):177-186.
- [53] OUMOULOUD A, ARNEDO-ANDRÉS M S, GONZÁLEZ-TORRES R, et al. Inheritance of resistance to *Fusarium oxysporum* f. sp. *melonis* races 0 and 2 in melon accession Tortuga[J]. Euphytica, 2010, 176(2):183-189.
- [54] 陈渝文,赵荣荣,沈慕洁,等.甜瓜抗枯萎病的遗传分析[J].分子植物育种,2022,20(12):4044-4050.

- [55] 刘殿林,杨瑞环,哈玉洁. 黄瓜抗枯萎病遗传特性的研究[J]. 天津农业科学, 2003, 9(2): 33-35.
- [56] 李新,司龙亨. 黄瓜抗枯萎病遗传特性的研究[J]. 农业科技与装备, 2008(2): 10-13.
- [57] 韩旭,菅野绍雄. 部分隐性基因控制黄瓜枯萎病抗性的试例[J]. 北方园艺, 1996(2): 7-9.
- [58] 乐素菊,陈珉,吴定华,等. 黄瓜枯萎病抗性遗传规律研究[J]. 安徽农业大学学报, 2014, 41(2): 270-272.
- [59] 谢大森,何晓明,彭庆务,等. 冬瓜枯萎病的抗性遗传规律[J]. 热带作物学报, 2009, 30(7): 1005-1008.
- [60] 刘子记,朱婕,牛玉,等. 苦瓜枯萎病抗性材料 Thai4-6 的遗传模型分析[J]. 热带作物学报, 2018, 39(8): 1501-1506.
- [61] 许勇,张海英,康国斌,等. 西瓜抗枯萎病育种分子标记辅助选择的研究[J]. 遗传学报, 2000, 27(2): 151-157.
- [62] 张屹,张海英,郭绍贵,等. 西瓜枯萎病菌生理小种 1 抗性基因连锁标记开发[J]. 中国农业科学, 2013, 46(10): 2085-2093.
- [63] 焦荻,任毅,宫国义,等. 四倍体西瓜抗枯萎病生理小种 1 分子标记辅助选择技术研究[J]. 园艺学报, 2015, 42(6): 1112-1120.
- [64] LAMBEL S, LANINI B, VIVODA E, et al. A major QTL associated with *Fusarium oxysporum* race 1 resistance identified in genetic populations derived from closely related watermelon lines using selective genotyping and genotyping-by-sequencing for SNP discovery[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2014, 127(10): 2105-2115.
- [65] REN Y, JIAO D, GONG G Y, et al. Genetic analysis and chromosome mapping of resistance to *Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum* (FON) race 1 and race 2 in watermelon (*Citrullus lanatus* L.) [J]. Molecular Breeding, 2015, 35(9): 183.
- [66] 李娜,王吉明,尚建立,等. 西瓜枯萎病生理小种 1 抗性 QTL 精细定位与 InDel 标记开发[J]. 中国农业科学, 2017, 50(1): 131-141.
- [67] BRANHAM S E, PATRICK W P, LAMBEL S, et al. QTL-seq and marker development for resistance to *Fusarium oxysporum* f. sp. *niveum* race 1 in cultivated watermelon[J]. Molecular Breeding, 2018, 38(11): 139.
- [68] 刘广,黄晓云,徐锦华,等. 西瓜枯萎病抗性分子标记筛选与应用[J]. 江苏农业科学, 2022, 50(18): 279-283.
- [69] 李玉林. 西瓜 *CIPHD23* 基因在枯萎病抗病响应中的功能研究[D]. 乌鲁木齐: 新疆农业大学, 2022.
- [70] MERU G, MCGREGOR C. Genotyping by sequencing for SNP discovery and genetic mapping of resistance to race 1 of *Fusarium oxysporum* in watermelon[J]. Science Horticulture, 2016, 209: 31-40.
- [71] 王士伟. 基于单核苷酸多态性的甜瓜枯萎病抗性基因 *Fom-2* 功能性分子标记开发与利用[D]. 杭州: 浙江大学, 2011.
- [72] 邵元健,周小林,包卫红,等. 甜瓜抗枯萎病基因 *Fom-2* 分子标记及南通市枯萎病生理小种鉴定[J]. 扬州大学学报(农业与生命科学版), 2013, 34(3): 90-94.
- [73] DEOL J K, SHARMA S P, RANI R, et al. Inheritance analysis and identification of SSR markers associated with *Fusarium* wilt resistance in melon[J]. Journal of Horticultural Science and Biotechnology, 2021, 97(1): 66-74.
- [74] 杨梦飞,夏玲,梁昕景,等. 基于 BSA-seq 的甜瓜抗枯萎病相关基因的定位与候选基因的注释[J]. 分子植物育种, 2024, 22(10): 3156-3165.
- [75] 张海霞. 黄瓜抗枯萎病基因连锁分子标记的研究[D]. 哈尔滨: 东北农业大学, 2007.
- [76] ZHANG S P, MIAO H, YANG Y H, et al. A major quantitative trait locus conferring resistance to *Fusarium* wilt was detected in cucumber by using recombinant inbred lines[J]. Molecular Breeding, 2014, 34(4): 1805-1815.
- [77] 周红梅,董从娟,张海英,等. 黄瓜抗枯萎病基因连锁分析和定位[J]. 分子植物育种, 2015, 13(9): 1980-1986.
- [78] DONG J P, XU J, XU X W, et al. Inheritance and quantitative trait locus mapping of *Fusarium* wilt resistance in cucumber[J]. Frontiers in Plant Science, 2019, 10: 1425.
- [79] JABER E H A, SROUR A Y, ZAMBOUNIS A G, et al. Identification of SCAR markers linked to the *Foc* gene governing resistance to *Fusarium oxysporum* f. sp. *cucumerinum* in cucumber cv. SMR-18[J]. European Journal of Plant Pathology, 2020, 157(4): 845-855.
- [80] 和婷婷. 基于镰刀菌酸的黄瓜枯萎病抗性鉴定方法及其应用研究[D]. 武汉: 华中农业大学, 2023.
- [81] 赵芹,谢大森,何晓明,等. 黑皮冬瓜 NBS 类抗病基因同源序列克隆与分析[J]. 热带作物学报, 2014, 35(10): 2071-2077.
- [82] 刘文睿,江彪,彭庆务,等. 冬瓜抗病基因同源序列的克隆及分析[J]. 分子植物育种, 2016, 14(7): 1678-1683.
- [83] 关峰,石博,杨雪桐,等. 冬瓜枯萎病抗性鉴定及枯萎病菌胁迫下生理响应差异分析[J]. 上海农业学报, 2024, 40(5): 47-54.
- [84] ZHU B B, LI C Q, WANG M, et al. Comparative transcriptome provides insights into gene regulation network associated with the resistance to *Fusarium* wilt in grafted wax gourd *Benincasa hispida* [J]. Frontiers in Plant Science, 2023, 14: 1277500.
- [85] 王艳茹. 苦瓜种质枯萎病抗性全基因组关联分析[D]. 海口: 海南大学, 2022.
- [86] GUAN F, SHI B, ZHANG J Y, et al. Transcriptome analysis provides insights into lignin synthesis and MAPK signaling pathway that strengthen the resistance of bitter melon (*Momordica charantia*) to *Fusarium* wilt[J]. Genomics, 2023, 115(1): 110538.
- [87] GUAN F, YANG X T, SHI B, et al. Genome-wide analysis of the serine carboxypeptidase-like (SCPL) protein family of bitter melon and functional validation of McSCPL22 in *Fusarium oxysporum* f. sp. *momordicae* (FOM) resistance[J]. International Journal of Molecular Sciences, 2024, 25(21): 11816.
- [88] 吴波,胡广齐,王聪,等. 不同 LED 光质对丝瓜枯萎病菌及枯萎病发生的影响[J]. 照明工程学报, 2017, 28(6): 87-91.
- [89] LI Y D, LIU Y C, JIANG Y X, et al. Analyzing genetic diversity in luffa and developing a *Fusarium* wilt-susceptible linked SNP marker through a single plant genome-wide association (sp-GWAS) study[J]. BMC Plant Biology, 2024, 24(1): 307.
- [90] ZHU H Y, SONG P Y, KOO D H, et al. Genome wide characterization of simple sequence repeats in watermelon genome and their application in comparative mapping and genetic diversity

- analysis[J]. BMC Genomics, 2016, 17: 557.
- [91] 高美玲,梁晓雪,刘小松,等.葫芦科作物果皮覆纹基因研究进展[J].分子植物育种,2021,19(9):2922-2932.
- [92] 宋荣浩,顾卫红,戴富明,等.国外西瓜抗病种质在我国西瓜抗病育种中的应用[J].上海农业学报,2009,25(11):124-128.
- [93] 周凤珍.抗枯萎病、炭疽病西瓜新品种京抗2号、京抗3号的选育[J].中国西瓜甜瓜,1993(4):4-8.
- [94] 顾卫红,杨红娟,马坤,等.西瓜新品种抗病948[J].园艺学报,2006,33(4):932.
- [95] 赵纪龙,霍治邦.西瓜抗枯萎病育种的现状与展望[J].农业科技通讯,2017(1):32-34.
- [96] 王喜庆,贾云鹤,闫闻,等.高抗枯萎病西瓜新品种龙盛佳力[J].园艺学报,2023,50(2):455-456.
- [97] 梁燕平,王和平,彭志英,等.西瓜优质抗病新品种选育[Z].山西太谷:山西农业大学,2021.
- [98] 魏文麟,林碧英.甜瓜新品系“密甜瓜”的选育[J].福建省农科院学报,1994,9(3):7-10.
- [99] 孙玉宏,张国桥,杜念华,等.甜瓜抗枯萎病的遗传与育种[J].长江蔬菜,2000(2):1-3.
- [100] 徐彦刚,贺振,李瑞,等.黄瓜枯萎病研究进展[J].中国瓜菜,2018,31(6):1-6.
- [101] 秦智伟,辛明,刘东,等.黄瓜新品种东农812的选育[J].中国蔬菜,2018(5):71-73.
- [102] 周秀艳,秦智伟,张艳菊,等.少刺型黄瓜新品种东农807的选育[J].中国蔬菜,2010(20):79-81.
- [103] 秦智伟,周秀艳,辛明,等.水果型黄瓜新品种东农808的选育[J].中国蔬菜,2014(10):40-42.
- [104] 杨瑞环,李淑菊,王惠哲,等.露地黄瓜新品种津优48号的选育[J].中国蔬菜,2011(6):104-106.
- [105] 杨瑞环,李淑菊,王惠哲,等.黄瓜新品种津优49号的选育[J].中国蔬菜,2012(10):83-85.
- [106] 周胜军,朱育强,张鹏,等.黄瓜新品种浙秀35的选育[J].中国蔬菜,2024(10):129-131.
- [107] 康德贤,陈振东,吴永官,等.冬瓜枯萎病病原鉴定及种质资源田间抗性评价[J].西南农业学报,2012,25(5):1698-1702.
- [108] 梁少丽,刘丽琴,任晓雯,等.东莞市冬瓜品种对枯萎病的抗性鉴定[J].现代农业科技,2018(24):110-111.
- [109] 关峰,万新建,张景云,等.苦瓜种质资源遗传多样性分析及抗枯萎病种质筛选[J].南方农业学报,2022,53(3):585-595.
- [110] 罗方芳,何自福,虞皓,等.广东丝瓜主要品种对枯萎病抗性的鉴定与评价[J].广东农业科学,2009(12):49-50.