

3 株哈密瓜致腐病原菌的分离鉴定及碳源代谢分析

王宇滨¹, 冯雨晴², 鲁榕榕^{3,4}, 和朝军², 赵晓燕^{3,4}, 王丹^{3,4}, 马越^{3,4}, 张超^{3,4}

(1.北京市农林科学院蔬菜研究中心, 北京 100097) (2.洛阳师范学院食品与药品学院, 河南洛阳 471000)
(3.农业农村部蔬菜产后处理重点实验室, 北京 100097)
(4.果蔬农产品保鲜与加工北京市重点实验室, 北京 100097)

摘要:哈密瓜在贮藏和运输过程中极易出现腐败, 本研究采用组织分离法从贮藏过程中自然腐烂的哈密瓜分离纯化出致腐病原菌3株, 通过形态学观察、ITS测序分析、表型分析的方法鉴定出菌株CYS为赭曲霉(*Aspergillus ochraceus*, JN942915.1), 菌株CJS为粉红单端孢(*Trichothecium roseum*, KM877467.1), 菌株CWS为娃儿藤内生真菌(*Diaporthe* sp., LT965977.1); 采用Biolog-FF技术对3株致腐病原菌的生长和代谢能力进行分析, 发现菌株CYS代谢的主要碳源有44种, 对羧酸的代谢能力最强, 其次为氨基酸和糖; 菌株CJS代谢的主要碳源有22种, 对氨基酸的代谢能力最强, 其次为羧酸和糖; 菌株CWS代谢的主要碳源有41种, 对糖的代谢能力最强, 其次为羧酸和氨基酸。由此可以分析, 果蔬表面及环境中存在的病原菌会因为有利于其生长的物质(如糖类、氨基酸、羧酸类物质)存在而加快代谢速度, 从而会加速果蔬腐烂变质。通过本研究结论可以进一步揭示致腐病原菌侵染机制, 并为果蔬贮藏技术研究提供理论依据。

关键词:哈密瓜; 病原菌; 鉴定; 碳源代谢分析

文章编号: 1673-9078(2020)11-80-86

DOI: 10.13982/j.mfst.1673-9078.2020.11.0403

Isolation, Identification and Carbon Source Metabolism Analysis of Three Strains of the Hami Melon (*Cucumis melo* var. *saccharinus* L.) Rot Pathogens

WANG Yu-bin¹, FENG Yu-qing², LU Rong-rong^{3,4}, HE Chao-jun², ZHAO Xiao-yan^{3,4}, WANG Dan^{3,4}, MA Yue^{3,4}, ZHANG Chao^{3,4}

(1.Beijing Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Beijing Vegetable Research Center, Beijing 100097, China)
(2.Luoyang Normal University, Luoyang 471000, China) (3.Key Laboratory of Vegetable Postharvest Processing of Ministry of Agriculture and Rural Areas, Beijing 100097, China)
(4.Beijing Key Laboratory of Fruits and Vegetable Storage and Processing, Beijing 100097, China)

Abstract: Hami melon is extremely prone to spoilage during storage and transportation. In this study, 3 strains of pathogens were isolated and purified using the tissue separation method from the Hami melon that decayed naturally during storage. Based on the identification by morphological observation, ITS sequencing analysis and phenotypic analysis, the CYS strain was *Aspergillus ochraceus* (JN942915.1), CJS was *Trichothecium roseum* (KM877467.1), and CWS was *Diaporthe* sp. (LT965977.1). The analysis of growth and metabolism of 3 strains of rot-causing pathogens with the Biolog-FF technique revealed that there were 44 main carbon sources of CYS metabolism, with the strongest

引文格式:

王宇滨,冯雨晴,鲁榕榕,等.3株哈密瓜致腐病原菌的分离鉴定及碳源代谢分析[J].现代食品科技,2020,36(11):80-86

WANG Yu-bin, FENG Yu-qing, LU Rong-rong, et al. Isolation, identification and carbon source metabolism analysis of three strains of the Hami melon (*Cucumis melo* var. *saccharinus* L.) rot pathogens [J]. Modern Food Science and Technology, 2020, 36(11): 80-86

收稿日期: 2020-04-30

基金项目: 北京市农林科学院青年基金项目(QNJ201802); 北京市农林科技协同创新中心(KJCX201915); 现代农业产业技术体系建设专项(CARS-25); 北京市自然科学基金项目(6172013); 果蔬农产品保鲜与加工北京市重点实验室(Z141105004414037)

作者简介: 王宇滨(1984-), 女, 硕士, 助理研究员, 研究方向: 农产品贮藏与加工

通讯作者: 张超(1978-), 男, 博士, 研究员, 研究方向: 农产品贮藏与加工

ability to metabolize carboxylic acid followed by amino acids and sugars. There were 22 main carbon sources of CJS metabolism, with the strongest ability to metabolize amino acids followed by carboxylic acid and sugars. There were 41 main carbon sources of CWS metabolism, with the strongest ability to metabolize sugars followed by carboxylic acid and amino acids. Therefore, the metabolism of the pathogens existing on the surface and in the environment of fruits and vegetables could be accelerated due to the presence of substances conducive to the growth of these pathogens (such as sugars, amino acids and carboxylic acids), causing acceleration of the deterioration of fruits and vegetables. The conclusion of this study can further reveal the infection mechanism of pathogenic bacteria and provide a theoretical basis for the study of storage technology.

Key words: Hami melon; pathogens; identification; analysis of the metabolic in the carbon source

哈密瓜为葫芦科甜瓜属, 通常指厚皮甜瓜 (*Cucumis melo* var) [1], 以新疆哈密地区最为著名。由于哈密瓜含糖量较高, 上市多为夏季, 且种植区域限制多以公路运输方式为主, 所以在运输、贮藏过程中较易出现病斑和腐烂。有报道指出导致哈密瓜贮藏期品质下降的主要原因是其在生长发育过程中受病原菌潜伏侵染, 并在其网纹其侵染加重所致[2-4]。目前报到的哈密瓜采后病害主要有果腐病、软腐病、褐腐病、黑斑病、白霉病、青霉病等, 发病的主要病原菌有根霉属 (*Rhizopus*)、镰孢属 (*Fusarium*)、链格孢属 (*Alternaria*)、青霉属 (*apenicillium*) [3,5-7]等丝状真菌。

形态学观察法是传统的微生物分离鉴定方法, 通过进行微观和菌落形态的观察, 与《真菌鉴定手册》对照鉴定; ITS 测序是将真菌 DNA 提取后进行部分比对, 根据相似程度构建系统发育树确定亲缘关系[8-10]; Biolog 微生物自动分析系统在真菌鉴定中是以微生物对 95 种碳源利用的特异性 and 利用碳源增殖后产生的浊度变化与系统中真菌库进行比对进一步鉴定[11-13]。本文将这三种方法结合进行哈密瓜致腐病原菌的鉴定, 不仅得到了菌属内的亲缘关系, 还阐明了几种真菌在代谢过程中对碳源的利用情况。研究室前期已经从哈密瓜分离出两种具有致腐作用的真菌, 分别是链格孢和镰孢[14-17], 本研究在原有基础上, 运用以上三种鉴定方法再次确定了赭曲霉 (*Aspergillus ochraceus*)、粉红单端孢 (*Trichothecium roseum*) 和娃儿藤内生真菌 (*Diaporthe* sp.), 同时对链格孢、赭曲霉和粉红单端孢生长代谢情况进行分析, 为进一步研究致腐病原菌的细胞壁降解酶代谢机理研究提供理论基础。

1 材料与方法

1.1 材料与仪器

哈密瓜, 购于北京市果香四溢水果店 (曙光花园店); PDA 培养基, 北京奥博星生物技术有限责任公司; ME 培养基, 美国 Biolog; DNA 提取试剂盒 DP302,

北京天根生化科技有限公司; 琼脂糖凝胶 DNA 回收试剂盒, 北京天根生化科技有限公司; DNA 扩增引物, 北京擎科生物技术有限公司; FF 板, 美国 Biolog; FF 接种液, 美国 Biolog。

Gen III Microstation, 美国 Biolog 公司; G154DW 型高压灭菌锅, 美国致微; MJ-系列霉菌培养箱, 上海一恒科技有限公司; DL-CJ-2N 双人双面超净工作台, 北京东联哈尔仪器制造有限公司; BDS200-FL 倒置荧光显微镜, 郑州南北仪器设备有限公司; 3730XL 测序仪, 美国赛默飞 Applied Biosystems; 2720 thermal cycler PCR 仪, 美国赛默飞 Applied Biosystems; 5810R 5810R 板式离心机, 德国 Eppendorf; JY04S-3C 凝胶成像装置, 北京君意东方电泳设备有限公司; JY300C Power Supply 电泳仪, 北京君意东方电泳设备有限公司。

1.2 病原菌分离和纯化[15,16]

采用组织分离法, 将哈密瓜病患交界处组织按照 5×5×5 mm 切取若干块, 先用 75% 无水乙醇浸泡 5 s, 然后用 10% 次氯酸钠浸泡 4 min 后, 再用无菌水冲洗 3 次, 最后将组织接入 PDA 平板培养基上, 于 26 °C 培养 5~7 d, 挑选有代表性的单一菌落, 继续转接至 PDA 平板培养基进行分离培养, 至形成大小、形态、颜色、表面光滑程度、菌丝生长快慢、菌丝形态、产孢情况、孢子颜色等一致的菌落为止。纯化后进行标记, 留存备用。

1.3 病原菌鉴定

1.3.1 形态学观察与分析

首先观察纯化后菌株在培养基的表观形态、颜色, 然后从菌落边缘部分挑取菌丝, 在显微镜下观察其微观形态、孢子形态等特征, 参照《真菌鉴定手册》进行综合比对。

1.3.2 ITS rDNA 测序和同源性鉴定

用试剂盒提取 3 株真菌的 DNA, 以 16S 通用 27-F 和 1492-R 为引物; 反应体系: 病原菌 DNA 1 μL, 2×TsingKE Master Mix 25 μL, 27F Primer (10 μM) 1

μL, 1492R Primer (10 μM) 1 μL, dH₂O 22 μL, 同时以 dH₂O 做负对照; 扩增条件: 94 °C 预变性 5 min, 94 °C 变性 30 s, 55 °C 退火 30 s, 72 °C 延伸 1.5 min, 共 30 个循环, 72 °C 最后延伸 10 min。PCR 产物用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测目的条带回收纯化, 北京擎科新业生物技术有限公司测序, 获得 ITS 测序结果在 NCBI 数据库中提交, 在 GenBank 中通过 BLAST 进行序列比对, 根据同源性进行聚类, 使用 MEGA 7.0 软件构建系统发育树, 进行同源性分析。

1.3.3 Biolog 鉴定及碳源代谢分析

将 3 种待测菌株在 ME 培养基、温度为 26 °C 培养, 5 d 后按照 Biolog 微生物鉴定真菌处理的方法: 制备菌体浓度为 (75±2) % T 的菌悬液, 然后接种 100 μL 至 FF 微孔板于 26 °C 条件下培养, 分别在第 24、48、72、96、120、144、168 和 192 小时用 Biolog MicroStation 读数仪在 490 nm (95 种碳源代谢过程中产生的氧化还原酶与显色物质发生反应导致的显色反应的吸光度) 和 750 nm (微生物生长造成的浊度) 波长下读取的数据与系统中结合碳源代谢情况和菌落表观、微观数据库进行相似性比对。Biolog FF 板共计 95 种碳源可分为糖类、氨基酸、羧酸、多聚物、胺类和其他六大类, 分别有碳源 44、12、18、5、10 和 6 种。将读取数据结果进行平均吸光值法 (AWCD) (见公式), 分别计算出每种碳源的平均吸光值, 作图分析菌株的碳源利用和菌株的生长趋势统计。

$$AWCD = \frac{\sum(C_i - R)}{n}$$

式中: C_i 是除对照孔外各孔吸光度值, R 是对照孔吸光度值, n 为 95。

1.4 数据处理与统计

各菌株生长情况和碳源利用分析采用 Origin 9.1 和 HemI 软件进行制图。

2 结果与分析

2.1 病原菌筛选和形态学观察^[17-19]

经过分离纯化, 在腐烂的哈密瓜表面筛选出 3 种病原菌, 分别标记为 CYS、CJS、CWS。各菌株在 PDA 培养基上生长正常, 根据《真菌鉴定手册》对 5 种病原菌菌落表观、微观菌丝和分生孢子等特征进行比对, 具体情况见表 1 和图 1, 初步确定菌株 CYS (图 1a) 为赭曲霉 (*Aspergillus ochraceus*), 菌株 CJS (图 1b) 为粉红单端孢 (*Trichothecium roseum*), 菌株 CWS (图 1c) 为娃儿藤内生真菌 (*Diaporthe* sp.)。

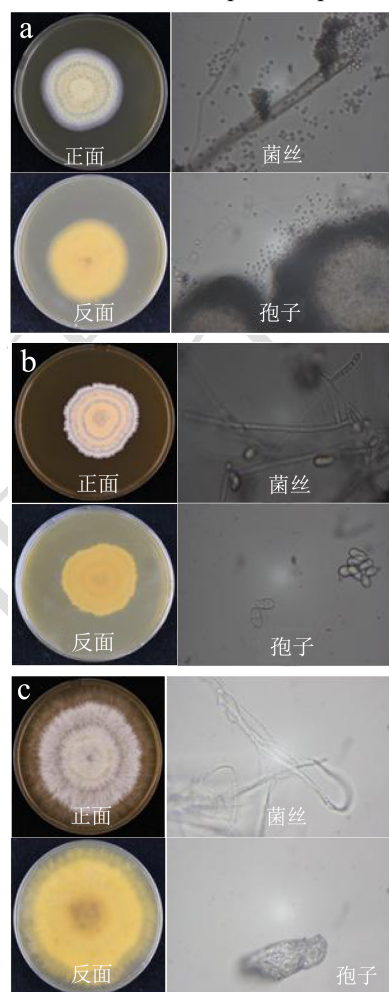


图 1 菌株 CYS、CJS、CWS 在 PDA 培养基上第 6 d 的菌落形态、菌丝和孢子显微结构

Fig.1 Colonial morphology, hypha and spore microstructure of the CYS, CJS, CWS strains for 6 days

注: a: 菌株 CYS; b: 菌株 CJS; c: 菌株 CWS。

表 1 菌株 CYS、CJS、CWS 的菌落特征及比对结果

Table 1 Characteristics and the comparison of the CYS, CJS, CWS strains

| 菌株编号 | 病原菌特征 | | | | | | 比对结果 |
|------|-------|------|---------|-----|------|------|-----------------------------------|
| | 菌丝颜色 | 菌丝状态 | 培养基背面颜色 | 分泌物 | 孢子颜色 | 孢子隔膜 | |
| CYS | 白色 | 绒毛状 | 白色 | 有 | 绿色 | 无 | 赭曲霉 <i>Aspergillus ochraceus</i> |
| CJS | 白色 | 絮状 | 黄色 | 无 | 绿色 | 0-1 | 粉红单端孢 <i>Trichothecium roseum</i> |
| CWS | 白色 | 絮状 | 白色 | 无 | 无色 | 无 | 娃儿藤内生真菌 <i>Diaporthe</i> sp. |

2.2 病原菌 ITS rDNA 序列同源性鉴定

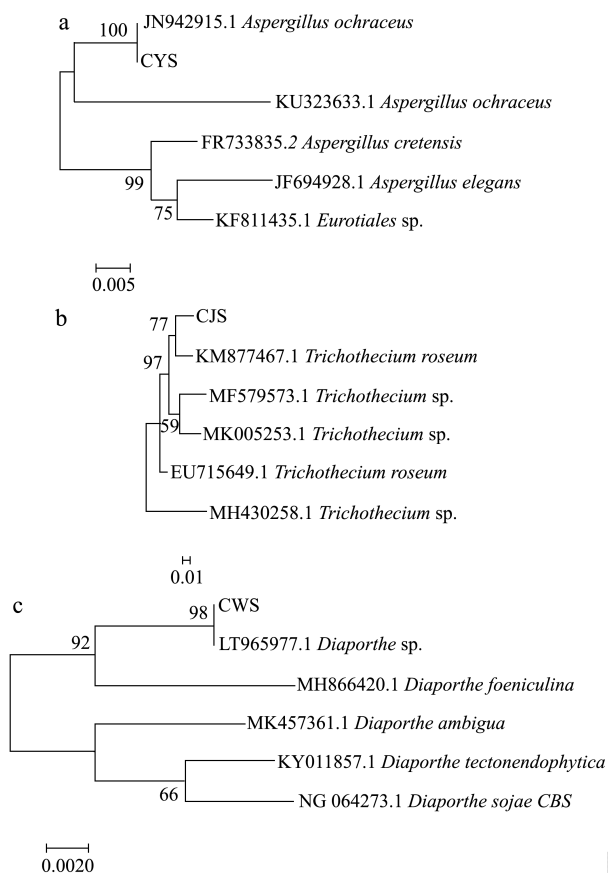


图2 基于菌株 CYS、CJS、CWS 的系统进化树

Fig.2 The phylogenetic tree of the sequence of strain ITS r DNA gene of the CYS, CJS, CWS strains

注: a: 菌株 CYS; b: 菌株 CJS; c: 菌株 CWS。

将 5 株病原菌的 DNA 提取后进行 PCR 扩增, 将得到的序列在 NCBI 中进行同源性比对, 并构建系统发育树。从系统发育树的结果 (图 2) 可以看出, 菌株 CYS 与赭曲霉 (*Aspergillus ochraceus*) 在同一分支, Bootstraps 置信度达 100%, 对比形态学特征与赭曲霉基本一致, 可确定 CYS 为赭曲霉 (图 2a); 菌株 CJS 与粉红单端孢 (*Trichothecium roseum*) 在同一分支, Bootstraps 置信度达 77%, 对比形态学特征与粉红单端孢基本一致, 可确定 CJS 为粉红单端孢 (图 2b); 菌株 CWS 与娃儿藤内生真菌 (*Diaporthe* sp.) 在同一分支, Bootstraps 置信度达 98%, 对比形态学特征与娃儿

藤内生真菌基本一致, 可确定 CWS 为娃儿藤内生真菌 (图 2c)。

2.3 病原菌 Biolog 鉴定及代谢分析^[11-13,18,20,21]

通过各株真菌分别对 95 种碳源的利用情况读取的吸光值和 Microlog 系统中与真菌库对比的结果可以确定发现菌株 CYS 为赭曲霉, 相似度为 0.34, 在培养 72 小时可检出; 菌株 CJS 为粉红单端孢, 相似度为 0.44, 培养 72 小时可检出; 菌株 CWS 为娃儿藤内生真菌, 相似度为 0.25, 在培养 48 小时可检出 (见表 2)。

根据平均吸光值法将六类碳源的利用情况进行真菌代谢分析。图 3a 表达的是菌株 CYS 的生长趋势, 由图可以看出, 菌株 CYS 在 96 h 以后生长速率达到平衡; 图 3b 表达的是菌株 CYS 在生长过程中 95 种碳源的利用情况, 可以看出菌株 CYS 在 96 h 开始快速代谢, 主要代谢对象为羧酸、氨基酸和糖类等 44 种碳源, 碳源利用率为 46.31%。其中羧酸以 D-葡萄糖酸、2-酮-D-葡萄糖酸、反丁烯二酸、 α -酮戊二酸等 12 种为主; 氨基酸以 L-丙氨酸、L-丙氨酸-甘氨酸、L-天冬酰胺、L-天冬氨酸等 11 种为主; 糖以 N-乙酰-D-葡萄糖胺、核糖醇、D-纤维二糖、赤藓糖醇等 10 种为主; 代谢过程中还会消耗部分 5 种多聚物, 琥珀酰胺酸、L-丙氨酸、2-氨基乙醇、腐胺 4 种胺类, 还有丙三醇和琥珀酸甲基酯。根据菌株 CYS 的代谢情况可以推断其在生长过程中优先消耗羧酸类, 其次消耗氨基酸类和糖类。

图 4a 表达的是菌株 CJS 的生长趋势, 在 96 h 以后生长速率达到平衡; 图 4b 表达的是菌株 CHS 在生长过程碳源的利用情况, 可以看出菌株 CJS 在 72 h 开始快速代谢, 主要代谢对象为氨基酸、羧酸和糖类等 22 种碳源, 碳源利用率为 23.16%。其中氨基酸以 L-丙氨酸、L-丙氨酸-甘氨酸、L-天冬酰胺、L-天冬氨酸等 10 种为主; 羧酸以 D-半乳糖醛酸、 γ -氨基丁酸、反丁烯二酸、L-苹果酸等 7 种为主; 糖类有 N-乙酰-D-葡萄糖胺、D-核糖、D 海藻糖、松二糖、D-木糖。根据菌株 CJS 的代谢情况可以推断其在生长过程中优先消耗氨基酸类, 其次消耗羧酸和糖类。

表 2 Microstation 系统真菌鉴定对比信息

| Table 2 The information of the fungi to identify comparison with the Microstation system | | | | |
|--|------|--------|------------------------------|----------|
| 菌株名称 | SIM | DIST | Species | 首次检出时间/h |
| CYS | 0.34 | 11.214 | <i>Aspergillus ochraceus</i> | 72 |
| CJS | 0.44 | 9.110 | <i>Trichothecium roseum</i> | 72 |
| CWS | 0.25 | 22.21 | <i>Diaporthe</i> sp. | 48 |

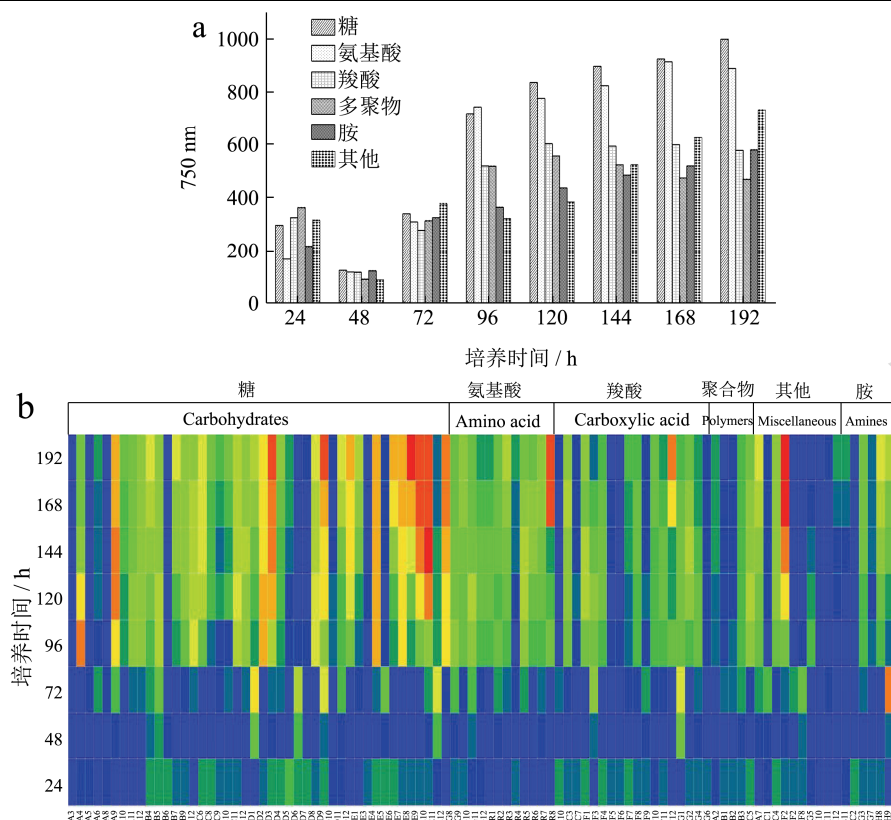


图3 菌株 CYS 在不同时间的生长情况 (a) 和碳源代谢情况 (b)

Fig.3 Growth and carbon source metabolic situation of the CYS strains at the different time

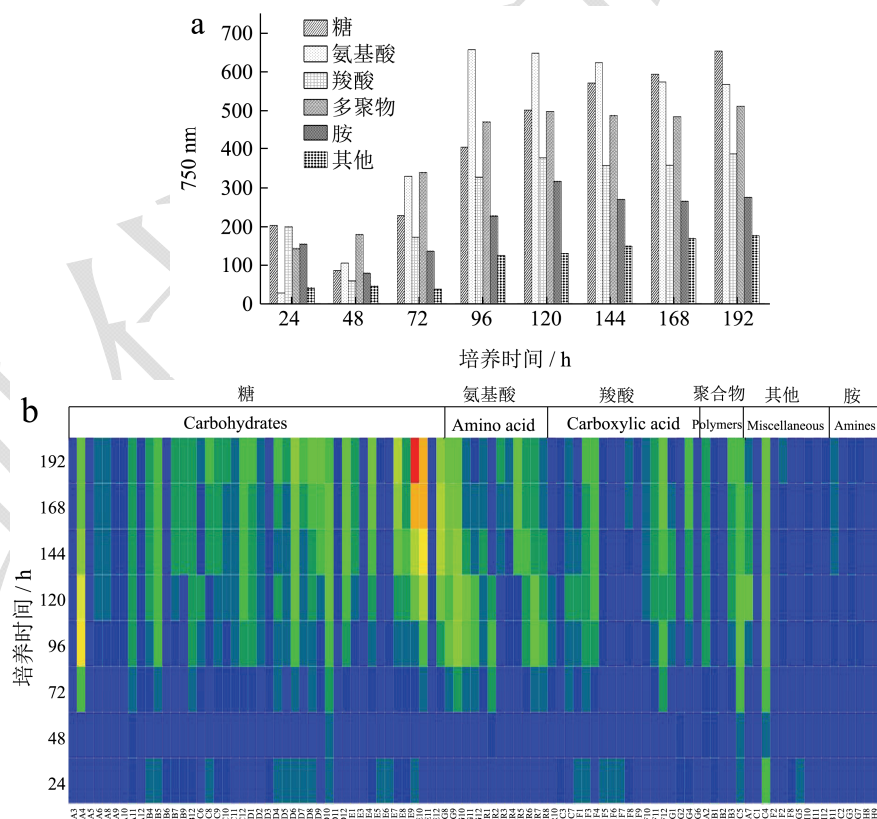


图4 菌株 CJS 在不同时间的生长情况 (a) 和碳源代谢情况 (b)

Fig.4 Growth and carbon source metabolic situation of the CJS strains at the different time

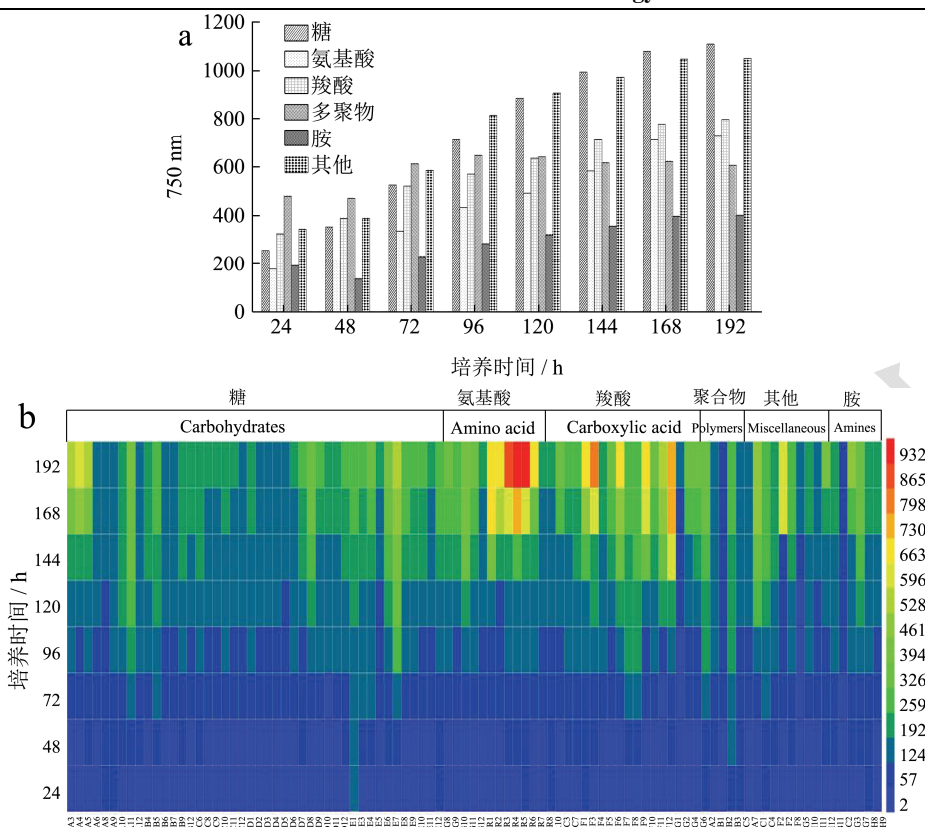


图5 菌株 CWS 在不同时间的生长情况 (a) 和碳源代谢情况 (b)

Fig.5 Growth and carbon source metabolic situation of the CHS strains at the different time

图 5a 是表达的是菌株 CWS 的生长趋势, 可以看出在 120 h 以后生长速率基本达到平衡; 图 5b 表达的是菌株 CWS 的碳源的利用情况, 可以看出菌株 CWS 在 120 h 以后开始快速代谢, 主要代谢对象为糖、羧酸和氨基酸 41 种碳源, 碳源利用率为 43.16%。其中糖类以 N-乙酰 D-半乳糖胺、N-乙酰-D-葡萄糖胺、N-乙酰胺-β-D-甘露糖胺、水苏糖、蔗糖等 12 种为主; 羧酸以 P-羟基苯乙酸、γ-氨基丁酸、D-苹果酸、D-葡萄糖二酸等 11 种为主; 氨基酸类以甘氨酸-L-谷氨酸、L-鸟氨酸、L-苯基丙氨酸、L-脯氨酸等 10 种为主。根据菌株 CJS 的代谢情况可以推断其在生长过程中优先消耗糖类, 其次消耗羧酸和氨基酸类。

3 结论

3.1 本研究同时运用形态学观察、ITS 测序分析和 Biolog 表型分析三种方法, 不仅可以将分离的致病病原菌进行准确鉴定, 还可以通过真菌在生长代谢过程中对碳源的利用情况观察出不同真菌的代谢特点。本研究共鉴定 3 株真菌, 真菌 CYS 呈白色绒状, 菌丝末端有大量黄色分泌物, 镜下分生孢子呈球状, 为赭曲霉 (*Aspergillus ochraceus*, JN942915.1); 真菌 CJS 呈粉红色, 菌丝白色, 镜下孢子有有 1~2 个隔膜, 为粉红单端孢 (*Trichothecium roseum*, KM877467.1); 真

菌 CWS 呈白色絮状, 菌丝白色, 无分生孢子, 为娃娃藤内生真菌 (*Diaporthe* sp., LT965977.1)。

3.2 通过菌株 CYS、CJS 和 CWS 在生长过程中对 95 种碳源的利用和代谢情况可以观察到: 赭曲霉在生长过程中的主要利用碳源有 44 种, 分别为氨基酸、羧酸和糖类, 碳源利用率为 46.31%; 粉红单端孢生长代谢利用的主要碳源有 22 种, 分别为羧酸、氨基酸和糖类, 碳源利用率为 23.16%; 娃娃藤内生真菌的主要碳源有 41 种, 分别为糖、羧酸和氨基酸, 碳源利用率为 43.16%。本研究对自然分离的 3 株哈密瓜腐败菌进行碳源利用分析, 掌握了其代谢和碳源利用规律, 可以为进一步研究哈密瓜在贮藏过程中致病病原菌的侵染机制提供基础。

参考文献

[1] 杨渡. 浅谈新疆甜瓜产业发展[J]. 新疆农业科学, 2002, 39(1): 1-5
 YANG Du. Elementary introduction to development of muskmelon industry of Xinjiang [J]. Xinjiang Agricultural Sciences, 2002, 39(1): 1-5
 [2] 张辉, 李学文. 新疆哈密瓜果实潜伏侵染真菌种类研究[J]. 新疆农科院园艺所, 2002, 3: 127-130
 ZHANG Hui, LI Xue-wen. Study on the species of latent

- fungi of Xinjiang Hami melon fruit [J]. Xinjiang Agricultural Academy of Sciences, 2002, 3: 127-130
- [3] 赵劫. 厚皮甜瓜主要采后病害的潜伏侵染及生物学控制 [D]. 兰州: 甘肃农业大学, 2003
- ZHAO Jie. Thick skin melon latent infection and biological control of postharvest diseases of major [D]. Lanzhou: Gansu Agricultural University, 2003
- [4] 柳涛, 童军茂, 马伟, 等. 哈密瓜采后冷藏中主要病原菌的分离鉴定 [J]. 现代食品科技, 2013, 29(8): 2030-2034
- LIU Tao, TONG Jun-mao, MA Wei, et al. Separation and identification of pathogen in Hami melon during cold storage [J]. Modern Food Science and Technology, 2013, 29(8): 2030-2034
- [5] 毛晓英, 吴庆智, 刘晓航, 等. 新疆哈密瓜采后主要致病病原真菌的分离与鉴定 [J]. 安徽农学通报, 2006, 12(12): 120-121
- MAO Xiao-ying, WU Qing-zhi, LIU Xiao-hang, et al. Separation and identification of pathogenic fungi from the postharvest Hami melon [J]. Anhui Agri Sci Bull, 2006, 12(12): 120-121
- [6] 邓志斌, 郭图强, 侯建华, 等. 新疆哈密瓜生产存在的问题与对策 [J]. 新疆农垦科技, 2003, 6: 15-16
- DENG Zhi-bin, GUO Tu-qiang, HOU Jian-hua, et al. Xinjiang Hami melon production problems and counter measures [J]. Xinjiang Agricultural Reclamation Technology, 2003, 6: 15-16
- [7] 张辉, 李学文. 新疆哈密瓜果实潜伏侵染真菌种类研究 [J]. 新疆农业科学, 2002, 3: 127-130
- ZHANG Hui, LI Xue-wen. Xinjiang hami melon fruit latent infection of fungi species research [J]. Xinjiang Agricultural Sciences, 2002, 3: 127-130
- [8] 赵海霞, 马岩涛, 李涛. 红提葡萄灰霉病病原菌分离及拮抗真菌的筛选鉴定 [J]. 贵州农业科学, 2019, 47(2): 45-48
- ZHAO Hai-xia, MA Yan-tao, LI Tao. Isolation of botrytis cinera pathogenic fungus and screening and identification of antagonistic fungi against gray mold in red globe grape [J]. Guizhou Agricultural Sciences, 2019, 47(2): 45-48
- [9] 娄恺, 金湘, 欧提库尔·玛合木提, 等. 哈密瓜采后优势致病病原菌及其拮抗菌的分离与鉴定 [J]. 新疆农业科学, 1999(3), 123-124
- LOU Kia, JIN Xiang, OTKUR Mahmut, et al. Isolation and identification of dominant and causing-spoilage pathogenic fungi from the postharvest Hami melon [J]. Xinjiang Agricultural Sciences, 1999 (3), 123-124
- [10] 许玲, 李学文, 腾康宁. 果蔬采后致病真菌的检测及其控制 [J]. 食品科学, 2003, 24(7), 155-158
- XU Ling, LI Xue-wen, TENG Kang-ning. Detection and control of causing-spoilage fungi from the postharvest fruits and vegetables [J]. Food Science, 2003, 24(7), 155-158
- [11] 姚婷, 陈其葳, 张燕, 等. 3 株果实采后葡萄孢属真菌 ITS 区 rDNA 序列与碳源代谢指纹图谱分析 [J]. 食品科学技术学报, 2017, 35(4): 49-55
- YAO Ting, CHEN Qi-wei, ZHANG Yan, et al. Analysis of rDNA ITS and carbon metabolic fingerprinting of four *Botrytis Nees* isolated from three fruits [J]. Journal of Food Science and Technology, 2017, 35(4): 49-55
- [12] 王友升, 张燕, 何欣萌, 等. 1 株树莓果实采后病原真菌的 rDNA ITS 序列及碳源代谢指纹图谱分析 [J]. 中国食品学报, 2015, 15(8): 224-230
- WANG You-sheng, ZHANG Yan, HE Xin-meng, et al. Analysis of a fungi strain isolated from postharvest raspberry fruit based on rDNA ITS sequence and carbon metabolic fingerprinting [J]. Journal of Chinese Institute of Food Science and Technology, 2015, 15(8): 224-230
- [13] 沙月霞. 红枣贮藏期果面微生物对碳源的利用及主成分分析 [J]. 微生物学通报, 2011, 38(1): 35-44
- SHA Yue-xia. Principal component analysis of carbon source utilized by microorganism on the surface of stored jujube fruit [J]. Microbiology China, 2011, 38(1): 35-44
- [14] 乔言平, 吴朝霞, 王宇滨, 等. 哈密瓜 (*Cucumis melo* L.) 致病真菌的鉴定 [J]. 食品工业科技, 2018, 39(23): 123-133
- QIAO Yan-ping, WU Zhao-xia, WANG Yu-bin, et al. Identification of spoilage fungi of cantaloupe (*Cucumis melo* L.) [J]. Science and Technology of Food Industry, 2018, 39(23): 123-133
- [15] 王坚. 哈密瓜采后病原菌的分离及其生物防治技术的研究 [D]. 石河子: 石河子大学, 2013
- WANG Jian. Study on the separation of Hami melon postharvest pathogen and its biological control technology [D]. Shihezi: Shihezi University, 2013
- [16] 柳涛. 哈密瓜采后病原菌的生长特性及致病机理初步研究 [D]. 石河子: 石河子大学, 2014
- LIU Tao, Study on the growth characteristic of Hami melon postharvest pathogen and its Preliminary study pathogenesis [D]. Shihezi: Shihezi University, 2014
- [17] 柳涛, 童军茂, 马伟荣, 等. 哈密瓜采后冷藏中主要病原菌的分离鉴定 [J]. 现代食品科技, 2013, 29(8), 2030-2034
- LIU Tao, TONG Jun-mao, MA Wei-rong, et al. Separation and identification of main pathogen in Hami Melon during cold storage [J]. Modern Food Science and Technology, 2013, 29(8), 2030-2034