生物技术通报
· 研究报告 · BIOTECHNOLOGY BULLETIN 2026, 42(10):188-197

甜瓜*CmPOD*基因家族鉴定及叶组织响应低温胁迫的表达分析

梁智伦 漆思庆 李欣洋 梁健浩 刘骕骝*
（湖州学院生命健康学院，湖州 313000）

摘 要： 【目的】III类过氧化物酶（class III peroxidases, *POD*）基因家族参与植物中多种生物与非生物胁迫。为探究甜瓜*CmPOD*家族基因对低温胁迫的响应，进行基因鉴定并对叶组织进行低温表达分析。【方法】以薄皮甜瓜‘通甜蜜4号’为材料，采用生物信息学方法，鉴定甜瓜*POD*基因家族并对其理化性质、进化树、基因结构、顺式作用元件进行系统分析。对部分*CmPOD*基因进行蛋白结构预测和低温胁迫下的表达分析。【结果】通过鉴定获得77个*CmPOD*基因家族成员，命名为*CmPOD1-1*-*CmPOD12-7*，氨基酸残基数范围为121-416 aa，pI值范围为4.53-9.50；亚细胞定位主要分布在叶绿体和细胞外基质。*CmPOD*基因非均匀分布在12条染色体上，在Chr01和Chr11分布较集中，分别有15个成员；进化树分析*CmPOD*基因家族分为13个亚族；启动子区富含MYB、MYC、ABRE和LTR等胁迫响应元件；RT-qPCR结果表明，低温4 ℃处理24、48 h后，*CmPOD11-13*、*CmPOD12-6*和*CmPOD11-14*等基因在叶片中上调表达，*CmPOD7-3*在叶片中下调表达。【结论】在甜瓜中鉴定得到77个*POD*基因家族成员，在低温胁迫下表达水平不同，推测*CmPOD*基因家族参与甜瓜低温胁迫响应。

关键词： 甜瓜；*POD*基因家族；低温胁迫；表达分析；生物信息学分析
DOI: 10.13560/j.cnki.biotech.bull.1985.2025-0940

Identification of the *CmPOD* Gene Family in Melon and Expression Analysis of Leaf Tissues under Low-temperature Stress

LIANG Zhi-lun QI Si-qing LI Xin-yang LIANG Jian-hao LIU Su-shuang*
（*Institute of Life and Health, Huzhou College, Huzhou* 313000）

Abstract: 【Objective】The class III peroxidase (*POD*) gene family is involved in various biotic and abiotic stresses in plants. This study aimed to identify the *CmPOD* family genes and analyze their expression in leaf tissues under low-temperature stress to explore their response to cold stress. 【Method】The thin-skinned melon variety ‘Tongtianmi 4’ was used as the material. Bioinformatics methods were employed to identify the melon *POD* gene family, and a systematic analysis was conducted on their physicochemical properties, phylogenetic tree, gene structure, and *cis*-acting elements. Protein structure prediction and expression analysis under low-temperature stress were performed for selected *CmPOD* genes. 【Result】A total of 77 members of the *CmPOD* gene family were identified and named *CmPOD1-1* to *CmPOD12-7*. The amino acid residue number ranged from 121 to 416 aa, and the pI value ranged from 4.53 to 9.50. Subcellular localization was mainly predicted in chloroplasts and the extracellular matrix. The *CmPOD* genes were unevenly distributed across 12 chromosomes, with 15 members each on Chr01 and Chr11. Phylogenetic analysis divided the *CmPOD* gene family into 13 subfamilies. The promoter regions were rich in stress-responsive *cis*-elements such as MYB, MYC, ABRE, and LTR. RT-qPCR results showed that after treatment at 4 ℃ for 24 h and 48 h, genes including *CmPOD11-13*, *CmPOD12-6*, and *CmPOD11-14* were upregulated in leaves, while *CmPOD7-3* was downregulated. 【Conclusion】Seventy-seven members of the *POD* gene family were identified in melon, and their expression levels varied under low-temperature stress. It is speculated that the *CmPOD* gene family is involved in the response of melon to low-temperature stress.

收稿日期：2025-09-02
基金项目：湖州学院大学生创新创业训练科研项目（2024CXCY056），浙江省“十四五”第二批本科省级教学改革项目（JGBA2024714）
*通信作者：刘骕骝 liu@zjhzu.edu.cn

Keywords: melon; *POD* gene family; low-temperature stress; expression analysis; bioinformatics analysis

甜瓜（*Cucumis melo* L.）又称香瓜，属葫芦科一年生蔓生草本园艺作物，为世界范围内的主要栽培园艺作物之一[1]，具有较高的经济价值[2-3]。该类植物果实风味独特、含糖量高，富含糖分、维生素、矿物质等多种抗氧化物质[4]。甜瓜具有生长周期较短、单位面积产量大、适宜栽培土壤类型多和适宜栽培气候类型广等特点，在我国各省市地区农业生产中发挥重要作用[5]。甜瓜原产于热带、亚热带地区，因此其耐寒性较差[6]。在实际生产过程中，为满足人们对甜瓜的需求或抵御全球变暖带来的不利影响，会选择在不适宜的时节以及高海拔或高纬度等非适宜区域开展甜瓜生产或育苗，此时易出现低温伤害问题。低温环境会直接影响甜瓜的正常生长发育，导致叶片发黄失绿、细胞膜系统稳定性丧失、光合速率下降、抗氧化能力减弱、过量自由基产生及代谢紊乱等现象，对甜瓜的生长发育、坐果率以及果实品质和产量产生显著影响[7-10]。

III类过氧化物酶（class III peroxidases, *POD*）基因家族是植物体内重要的抗氧化酶类之一[11]，参与植物抵御病原菌感染[12]、生物胁迫与非生物胁迫的过程[13]，是含金属中心的跨膜蛋白，主要可催化H_2O_2接受酚类及胺类物质的电子，将酚类物质氧化成相应产物[14]。当植物受到低温、干旱、盐碱或者病原侵染等逆境胁迫时，细胞内的活性氧含量会升高，过多的活性氧有较强的氧化性，会导致细胞内的脂质、蛋白质和DNA等生物大分子受损[15]，过氧化物酶能将过量的H_2O_2快速地转化成无害的水分子[16]，氧化酚类物质，减少细胞内活性氧含量，维持细胞内氧化还原平衡，提高植物的抗氧化能力。所以活性氧的消除是植物抵抗逆境的一个重要部分[17-18]。

目前已完成了许多对该家族成员如烟草[19]、小麦[20]和拟南芥[21]等不同作物的全基因组鉴定工作，而关于其对低温胁迫应答的调控网络构建方面鲜有报道。本研究采用生物信息学方法从甜瓜全基因组中系统挖掘与分析过氧化物酶基因家族成员，并进行甜瓜叶片低温胁迫下转录水平分析，为阐明甜瓜抗低温胁迫的分子机制以及利用该基因家族资源奠定基础。

1　材料与方法

1.1　材料

以薄皮甜瓜（*Cucumis melo* L.）品种‘通甜蜜4号’为实验材料，种子经培养皿培养至发芽后转移至育苗钵，采用蛭石与营养土混合基质（体积比1∶5）进行育苗，播种于直径10 cm的育苗钵中，每钵播种2粒，共10钵。幼苗培养于人工气候箱[光照强度200 μmol/(m^2·s)，光周期16 h光照/8 h黑暗，温度（25±1）℃，相对湿度80%±5%]。待幼苗发育至第3片真叶完全展开时，约播种后25 d，将处理组植株转移至低温培养箱（4 ℃恒温，湿度与光周期维持一致），对照组保持原培养条件。分别于低温处理0、24、48 h时，采集植株基部第1片叶，每时间点取3片叶片样本，液氮速冻后保存于-80 ℃超低温冰箱。

1.2　方法

1.2.1　POD家族成员鉴定与理化性质分析　从葫芦科基因组数据库下载甜瓜基因组蛋白序列（版本DHL92 v4.0），以拟南芥III类过氧化物酶家族为参考序列，使用BLASTp（版本2.16.0+，参数E值≤1e-10，序列相似性≥40%）筛选候选基因。通过NCBI保守结构域数据库（CDD）验证候选基因是否包含完整POD结构域（pfam00141），最终鉴定出77个*CmPOD*家族基因，命名为*CmPOD1-1*-*CmPOD12-7*。使用TBtools[22]分析氨基酸长度、不稳定指数、脂溶指数、平均亲水指数等理化性质。通过TMHMM-2.0在线网站分析跨膜域，Expasy在线网站分析等电点和分子质量，WoLF PSORT在线工具分析亚细胞定位。

1.2.2　系统进化树构建　使用MEGA11软件对*CmPOD*基因家族、拟南芥III类过氧化物酶基因家族蛋白序列进行多序列比对，采用ClustalW算法校正序列排列。采用Neighbor-Joining法构建系统进化树，遗传距离计算基于Poisson model模型，缺失数据采用Pairwise deletion，1 000次bootstrap重复评估，设置Bootstrap重复1 000次验证节点支持率。使用SOPMA在线网站预测CmPOD蛋白的二级结构，并

统计5种二级结构的比例。

1.2.3 基因结构及顺式作用元件分析 基于甜瓜基因组GFF3注释文件（版本DHL92 v4.0），使用GSDS 2.0在线网站对基因结构进行可视化分析，使用MEME Suite在线网站（参数：motif数=10，模体宽度6–50 bp）鉴定保守基序。利用TBtools获取基因转录起始位点上游1 000 bp序列，通过PlantCARE数据库对顺式作用元件进行预测[23-24]。

1.2.4 染色体定位与共线性分析 使用TBtools分析*CmPOD*家族基因在染色体的分布情况、基因密度及甜瓜物种内同源基因对。

1.2.5 蛋白结构预测分析 根据已报道的具有响应低温胁迫功能的西葫芦c47620.Graph_c0基因（GenBank登录号：MF988285）[25]，桦树bpev01.c0115.g0033和bpev01.c0127.g0079基因[26]，睡莲*NcPOD17*、*NcPOD21*和*NcPOD25*等基因[27]筛选10个E-value值 < 1e-10的*CmPOD*家族基因进行蛋白结构预测分析。利用Expasy的SWISS-MODEL对部分*CmPOD*家族基因进行三级结构预测和可视化分析。

1.2.6 叶组织低温表达分析 采用Trizol法（Invitrogen，USA）提取叶片总RNA，使用NanoDrop 2000（Thermo Fisher Scientific，USA）检测RNA纯度（A_{260}/A_{280}≥2.0，A_{260}/A_{230}≥1.8），1%琼脂糖凝胶电泳验证RNA完整性。取1 μg总RNA进行逆转录反应，使用PrimeScript™ Reverse Transcriptase（TaKaRa，Japan）和Random Primer（100 μmol/L），反应体系为20 μL，具体包括：1.0 μL Total RNA，1.0 μL Random Primer，4.0 μL 5×M-MLV Buffer，1 μL dNTP Mixture（10 mmol/L），1 μL Reverse Transcriptase，1 μL RNase Inhibitor，并使用RNase-Free Water补至20 μL。反应条件为：42 ℃ 60 min，70 ℃ 15 min，4 ℃保存。

所有RT-qPCR引物序列详见附表1。RT-qPCR采用SYBR Green Pro Taq HS预混试剂（Accurate Biology，China），反应体系为10 μL，具体包括：1.0 μL cDNA模板，5.0 μL 2×SYBR Green Premix，正反向引物各0.4 μL（10 μmol/L），0.2 μL ROX参比染料，并使用ddH_2O补至10 μL。反应程序：95 ℃预变性1 min；40个循环（95 ℃ 10 s，60 ℃ 60 s）；熔解曲线分析（60–95 ℃，升温速率0.2 ℃/s）。以*EF1α*为内参基因，采用$2^{-\Delta\Delta Ct}$法计算相对表达量，显著性差异标准为Fold Change≥2.0（上调）或≤0.5（下调）。

2 结果

2.1 *CmPOD*基因家族成员鉴定与理化性质分析

本研究共鉴定到77个*CmPOD*基因，理化性质见附表2。根据染色体定位情况，按顺序命名为*CmPOD1-1*–*CmPOD12-7*。77个基因的氨基酸长度为121 aa（*CmPOD1-12*）–416 aa（*CmPOD3-5*），长度相差约295 aa；分子质量为13.3 kD（*CmPOD1-12*）–45.0 kD（*CmPOD3-5*），与长度变化趋势一致；pI介于4.53（*CmPOD9-2*）–9.50（*CmPOD11-12*），涵盖酸性和碱性蛋白，推测该家族成员蛋白可能在不同的细胞微环境中发挥作用；不稳定性指数介于26.05（*CmPOD2-4*）–55.49（*CmPOD3-5*）；亲水性GRAVY值为-0.499（*CmPOD1-13*）–0.324（*CmPOD2-3*），共有68个基因呈负值，其余的为正值，因此整体上呈亲水性；脂溶指数为73.05（*CmPOD3-5*）–114.71（*CmPOD2-3*），其中疏水性成员有9个。家族成员中有33个含有跨膜结构域，另外44个不含跨膜结构域。亚细胞定位为叶绿体32个、细胞外18个、细胞质9个、液泡膜9个、内质网3个、质膜3个、线粒体2个、细胞核1个。叶绿体和细胞外定位频率较高；推测*CmPOD*家族结构多样、稳定性不同及亚细胞定位存在差异性，上述差异化现象或为*CmPOD*成员因抗逆境而发生功能分化的结果。

2.2 系统进化树构建

为研究*CmPOD*基因的进化关系，利用77个甜瓜和73个拟南芥的POD蛋白序列构建了进化树，将其分为13个亚族（图1），V族仅含拟南芥POD，XIII族仅含甜瓜POD。该进化树由大量同源基因构成的小单系群组成，其中*CmPOD4-4*和*CmPOD8-5*为同源序列，与*AT2G37130.1*等聚为一类（XI族）。*CmPOD2-4*和*CmPOD12-7*、*CmPOD4-3*和*CmPOD9-1*为同源序列，与*AT3G28200.1*、*AT5G40150.1*、*AT4G17690.1*和*AT5G47000.1*等聚为一类（VIII族）。*CmPOD1-6*和*CmPOD11-3*为同源序列，与*AT4G11290.1*等聚为一类（IV族）。

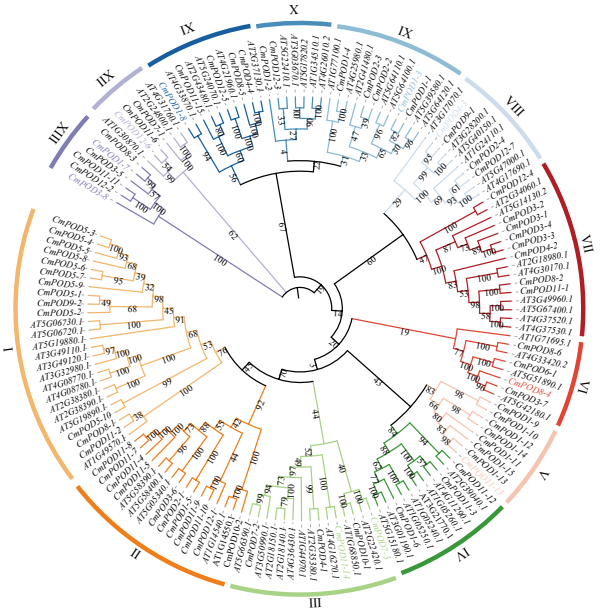
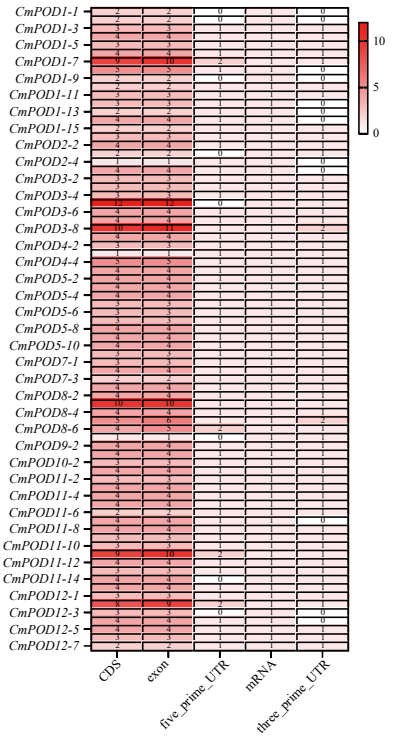


图1　*CmPOD*家族系统进化树构建

Fig. 1　Construction of the phylogenetic tree of the *CmPOD* family



CDS：编码序列；exon：外显子；five prime UTR：5′非翻译区；mRNA：信使RNA；three prime UTR：3′非翻译区

CDS: Coding sequence; exon: exon; five prime UTR: 5′ untranslated region; mRNA: messenger RNA; three prime UTR: 3′ untranslated region

图2　*CmPOD*家族基因结构数量分析

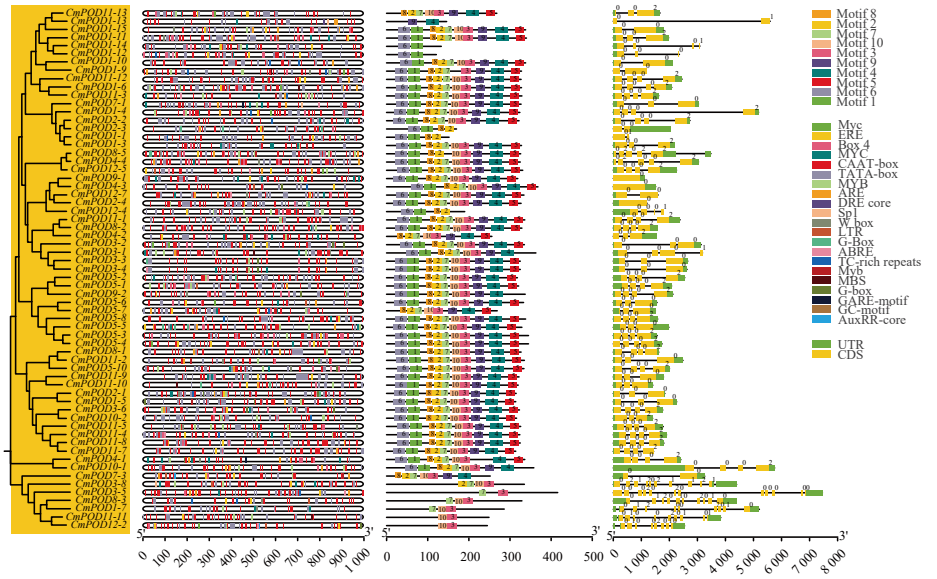
Fig. 2　Quantitative analysis of gene structure in the *CmPOD* family

2.3　*CmPOD*基因结构及顺式作用元件分析

*CmPOD*基因家族CDS结构含1–12个（图2、图3）。5′ UTR结构含1–2个，存在于69个基因中，缺失于8个基因中。3′ UTR结构含1–2个，存在于65个基因中，缺失于12个基因中。所有基因均为单转录本。基因长度：544 bp（*CmPOD1-1*）–7 457 bp（*CmPOD3-5*）。外显子长度：26 bp（*CmPOD12-3*）–2 878 bp（*CmPOD10-1*）。218个内含子相位0占比74.1%，符合真核生物完整密码子边界偏好。20个相位1占比6.8%，56个相位2占比19.0%。相位1、相位2分布均匀，无显著进化偏向。综合分析，多数基因外显子数等于CDS数，表明UTR未嵌入外显子。特殊地，重叠基因如*CmPOD11-7*、*CmPOD11-8*共享CDS区，这种序列结构提示可能存在可变剪接机制。

*CmPOD*基因家族每个成员包含的motif数量3–10个不等，而每个motif的出现频率也差异显著（图3、图4）。其中，motif 3最为保守，存在于71个成员中。这个motif序列“GLSVTDMVALSGAHTIGMARCEN”长度适中，约20–25个氨基酸，offset值分布广（110–207）。其余motif出现于58–67个基因，在offset值106–142常见。*CmPOD1-1*、*CmPOD1-2*、*CmPOD1-7*、*CmPOD1-12*、*CmPOD1-13*、*CmPOD1-14*、*CmPOD2-3*、*CmPOD3-5*、*CmPOD3-8*、*CmPOD8-3*、*CmPOD11-11*、*CmPOD12-2*和*CmPOD12-4*的motif缺失较多（6–8个）。这些基因可能具有特化功能或表达于特定环境。*CmPOD*家族motif与基因的关系显示高度保守与特化并存。

由表1和图5可知，在元件数量上，基础转录>胁迫响应>光调控>激素信号>防御反应。所有的基因都存在TATA-box和CAAT-box元件。都含有2–4种胁迫响应元件，其中MYC存在于65个基因中，MYB存在于58个基因中，ARE存在于50个基因中，ABRE存在于27个基因中，LTR存在于14个基因中，DRE-core存在于3个基因中。*CmPOD*家族转录起始位点前1 000 bp的结构是由基础转录元件TATA-box、CAAT-box以及多种类型的调控元件构成。



数字0、1、2表示内含子相位

0, 1, and 2 indicate intron phases

图3 *CmPOD*家族基因结构及调控元件分析

Fig. 3 Analysis of the gene structure and regulatory elements in the *CmPOD* family



图4 *CmPOD*家族motif组成分析

Fig. 4 Motif composition of the *CmPOD* family

2.4 染色体定位与共线性分析

*CmPOD*基因在12条染色体上表现出不均匀分布，其中数量最多的为Chr01和Chr11，分别为15个基因，占比41.1%，数量最少的为Chr06、Chr09、Chr10，只各有1个、2个和2个基因；其余分布在Chr02-Chr05、Chr07-Chr08、Chr12上的染色体，则有3-10个*CmPOD*基因（图6）。由此推断Chr01和Chr11是*CmPOD*家族的核心分布区。

表1 *CmPOD*家族顺式作用元件功能

Table 1 *Cis*-acting element functions in the *CmPOD* family

顺式作用元件 *Cis*-acting element	功能 Function
ABRE	脱落酸响应元件，参与ABA信号通路和胁迫响应
DRE core	脱水响应元件，响应低温与干旱
MYB	转录因子结合位点，参与发育、代谢和胁迫响应
MYC	转录因子结合位点，参与JA信号通路和胁迫响应
ARE	抗氧化响应元件，参与活性氧清除和氧化胁迫防御
LTR	低温响应元件，参与冷胁迫基因调控
ERE	乙烯响应元件，调控果实成熟和胁迫响应
GARE-motif	赤霉素响应元件，介导GA信号通路
AuxRR-core	生长素响应元件，调控生长素依赖基因表达
Box	光响应元件，调控光诱导基因表达
Box 4	光响应元件，参与光调控基因表达
Sp1	通用转录因子结合位点，增强基础转录
W box	WRKY转录因子结合位点，调控病原菌防御反应和SA信号通路
TC-rich repeats	防御和胁迫响应元件，参与病原体应答及机械损伤响应
MBS	MYB结合位点，参与干旱诱导基因表达
TATA-box	核心启动子元件，介导RNA聚合酶II的转录起始定位
CAAT-box	增强子元件，提高基础转录效率
GC-motif	增强子元件，参与光诱导和胁迫响应

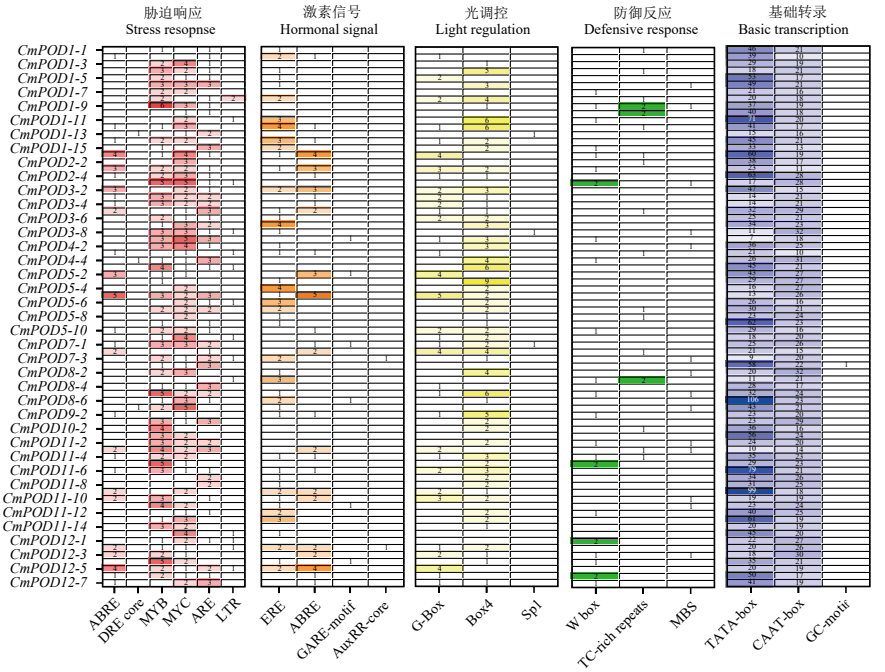


图5　*CmPOD*家族顺式作用元件统计

Fig. 5　*Cis*-acting element statistics in the *CmPOD* family

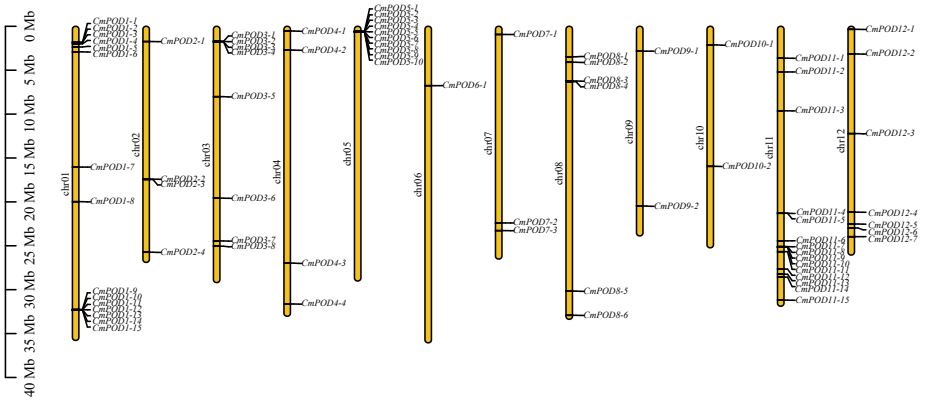


图6　*CmPOD*家族在染色体上的定位

Fig. 6　Chromosomal localization of the *CmPOD* family

*CmPOD*家族共有7个同源基因对，全部为高基因密度区；在每一基因对上，存在至少1个基因被标记为高基因密度区域；Chr04上的基因出现了最多次，共出现了4次，在4对同源基因中都出现，所以Chr04可能是同源关系热点；同时，*CmPOD2-4*、*CmPOD4-3*和*CmPOD12-7*都有多个同源伙伴，例如*CmPOD4-3*还与*CmPOD9-1*以及*CmPOD12-7*为同源（图7）。

2.5　蛋白结构预测分析

部分CmPOD蛋白结构预测结果显示（附表3，附图1），α-螺旋占整个蛋白序列长度的32.84%–43.36%。β-折叠结构占比为0%。延伸链占比为8.96%–17.91%。β-转角结构占比为0%，无规则卷曲占比最大，分别为45.43%、50.79%。推测在这类蛋

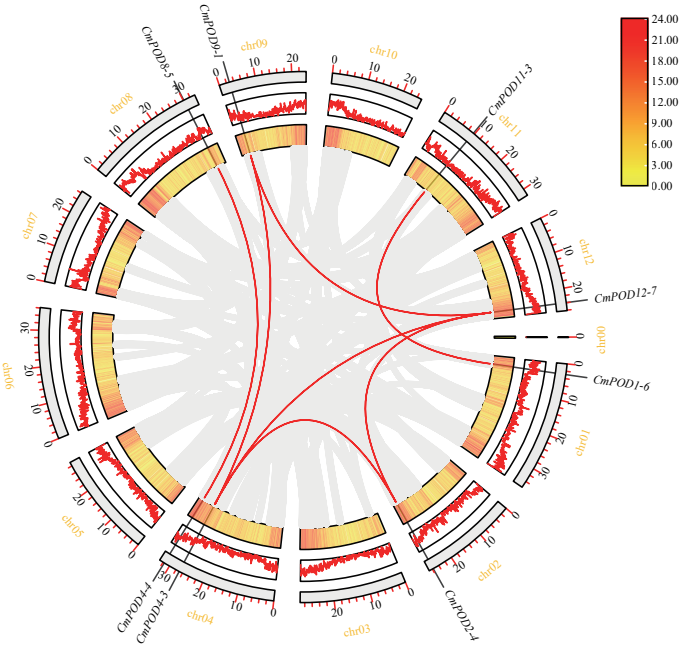


图7 *CmPOD*家族物种内共线性分析

Fig. 7 Intraspecific collinearity analysis of the *CmPOD* family

白中，结构的方向转变主要是通过较长的、柔性的、属于无规则卷曲范畴的环区来实现的，而不是紧致的β-转角。蛋白结构较柔性，有很多非刚性的结构区。

2.6 叶组织低温表达分析

利用RT-qPCR方法检测低温胁迫处理24 h、48 h后上述部分*CmPOD*基因的相对表达量变化（图8），采用*t*检验对处理后的差异进行检验（图9），并计算相对表达量倍数变化。结果表明，*CmPOD11-13*、*CmPOD12-6*、*CmPOD11-14*、*CmPOD1-8*及*CmPOD7-3*响应较强。其中*CmPOD11-13*的上调最显著，在处理24 h和48 h时上调幅度分别达到1 734倍和619倍左右；*CmPOD12-6*、*CmPOD11-14*随时间递增上调的趋势明显，48 h时均有65倍以上的变化；*CmPOD1-8*在48 h时上调至131.6倍；*CmPOD7-3*的表达在低温条件下显著下调（$P<0.05$），下调幅度在24 h和48 h时均小于1倍。除此之外，在48 h时*CmPOD1-3*和*CmPOD8-4*表现出了显著上调，但在24 h时未作出响应，故推测存在响应时间上的延迟；同时在24 h内没有被诱导表达的*CmPOD3-8*、*CmPOD1-7*，可认为其不是低温胁迫响应的主要响应基因。综上所述，通过差异表达分析得到5个低温胁迫响应基因*CmPOD11-13*、*CmPOD12-6*、*CmPOD11-14*、*CmPOD1-8*和*CmPOD7-3*。

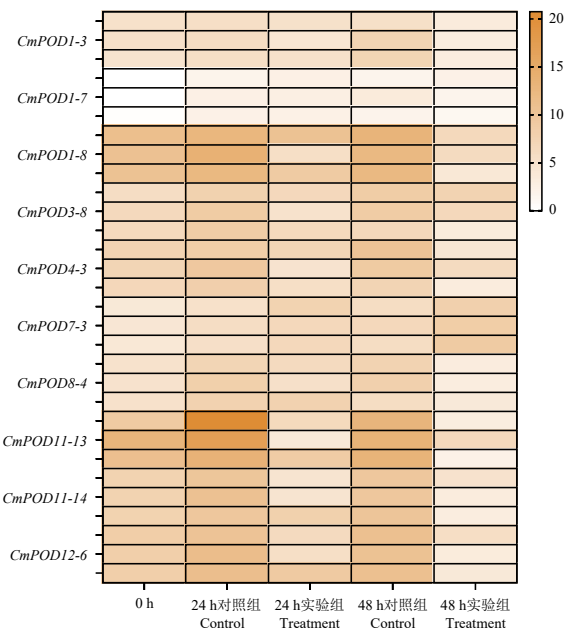
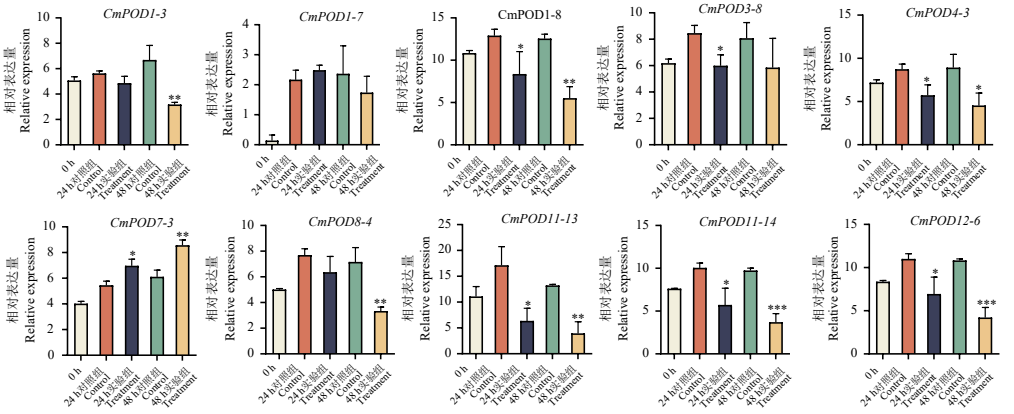


图8 *CmPOD*家族叶组织表达热图

Fig. 8 Heatmap of *CmPOD* family leaf expression



* P<0.05, ** P<0.01, *** P<0.001. t-test, n=3

图9　部分*CmPOD*家族成员叶组织表达差异

Fig. 9　Expression differences of selected *CmPOD* family members in leaves

3　讨论

本研究首次在甜瓜中完成全基因组范围内*CmPOD*基因家族成员鉴定并获得77个成员，对*CmPOD*家族基因进行理化性质、系统进化、基因结构和顺式作用元件分析，通过已报道的低温响应基因筛选出部分*CmPOD*基因，进行蛋白结构预测和叶组织低温胁迫下的表达分析。研究结果显示，*CmPOD*基因在染色体上分布极不均匀。其中，Chr01和Chr11是*POD*基因富集区域，各有15个成员。*CmPOD*家族氨基酸长度变化近4倍，亚细胞定位广泛分布于8个位置。这种广泛分布暗示了其多功能性和重要性。共线性分析发现*CmPOD4-4*和*CmPOD8-5*，*CmPOD4-3*和*CmPOD9-1*，*CmPOD4-3*和*CmPOD2-4*，*CmPOD4-3*和*CmPOD12-7*，*CmPOD2-4*和*CmPOD12-7*，*CmPOD1-6*和*CmPOD11-3*，*CmPOD12-7*和*CmPOD9-1*共7对同源基因对。蛋白结构预测分析显示，部分CmPOD成员蛋白的二级结构中无规则卷曲约占50%，α-螺旋约占30%，且完全缺失β-折叠和β-转角。该类蛋白可能具有较高的结构柔性和动态性，这使其能参与更多互作过程或作为信号传导的分子，以特定构象感知或应答低温胁迫。启动子分析发现，77个*CmPOD*家族基因含有3−10个motif，普遍含有LTR、MYB、ABRE和ARE等非生物胁迫响应相关顺式作用元件，表明*CmPOD*家族基因参与冷胁迫、干旱胁迫、氧化应激等逆境应答；不同基因启动子区元件的组合不同也体现了功能上的调控差异性与特异性。差异表达分析发现，4个低温胁迫响应基因*CmPOD11-13*、*CmPOD12-6*、*CmPOD11-14*、*CmPOD1-8*在24 h或48 h处理后表达量迅速升高，推测该类基因具有清除低温造成的活性氧损伤和维持膜系统完整性的功能；特别地，*CmPOD11-13*在48 h就有极其显著的上调，说明其很可能是甜瓜低温胁迫响应的关键基因。*CmPOD7-3*的表达在24 h、48 h均受低温抑制，说明*CmPOD7-3*可能负向调控抗性或参与其他通路[24]。

本文的结果与其他作物*POD*家族基因在低温胁迫下的表达特性是一致的。如杨广东等[28]发现抗冷力较强的青椒品种在被低温处理时，其POD活性大幅度增加；Zhang等[29]在紫檀中发现一些*Ms-PODs*在不同时间表现出不同的表达模式；刘荣梅等[30]通过转录烟草结果发现在低温（4 ℃、15 ℃）胁迫条件下，POD含量会上升；高山等[31]发现苦瓜过氧化物酶相关基因*McAPX2*和*McPrx*在低温下显著诱导表达。由此表明，*POD*基因家族是植物抗寒不可或缺的重要组分。后续将围绕已鉴定基因进行功能验证，调控网络解析及育种应用。

4　结论

在甜瓜基因组中鉴定出77个*CmPOD*基因，并分为13个亚族。基因结构、保守基序与顺式作用元件分析显示，其功能具有保守性与协同调控特性。低温胁迫下，*CmPOD11-13*、*CmPOD12-6*和*CmPOD11-14*等基因在叶片中显著上调表达，推测它们通过增强

活性氧清除能力正向调控甜瓜的低温胁迫响应；而 *CmPOD7-3* 表达量显著下调，可能参与负向调控网络。

文章所有附表数据请到本刊官网下载（https://biotech.aiijournal.com/fileup/1002-5464/NEWS/20260427093134_NewsFile_33.pdf）。

参考文献

[1] 林德佩. 中国栽培甜瓜植物的起源、分类及进化 [J]. 中国瓜菜, 2010, 23(4): 34-36.
Lin DP. Origin classification and evolution for cultivated plants of Chinese melon [J]. China Cucurbits Veg, 2010, 23(4): 34-36.

[2] 王琛, 吴敬学, 杨艳涛. 世界甜瓜生产贸易分析及对中国的启示 [J]. 中国食物与营养, 2016, 22(2): 18-22.
Wang C, Wu JX, Yang YT. Production and trade of world muskmelon and its enlightenment to China [J]. Food Nutr China, 2016, 22(2): 18-22.

[3] 谢奇君, 夏咏. 中国农产品出口贸易潜力研究——以甜瓜为例 [J]. 北方经贸, 2024(12): 38-42.
Xie QJ, Xia Y. Potential of China's cantaloupe export trade [J]. North Econ Trade, 2024(12): 38-42.

[4] 闫巧俐, 张雁鸣, 陶永霞, 等. 甜瓜营养品质分析及其代表性指标探究 [J]. 食品与机械, 2019, 35(9): 15-19, 25.
Yan QL, Zhang YM, Tao YX, et al. Nutritional quality analysis and representative indexes of melon [J]. Food Mach, 2019, 35(9): 15-19, 25.

[5] 王志丹. 中国甜瓜产业经济发展研究 [D]. 北京: 中国农业科学院, 2014.
Wang ZD. Study on the development of muskmelon industry economy in China [D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2014.

[6] 姚雪. 甜瓜种质资源耐冷性的鉴定评价及其关联分析研究 [D]. 哈尔滨: 东北农业大学, 2016.
Yao X. Studies on identification and evaluation of chilling-tolerance and association analysis in melon germplasm [D]. Harbin: Northeast Agricultural University, 2016.

[7] 王兴虎. 低温对厚皮甜瓜幼苗生长及生理生化特性的影响 [D]. 兰州: 甘肃农业大学, 2005.
Wang XH. Effects of low temperature on seedling growth and physiological & biochemical properties of muskmelon (*Cucumis melo* L.) seedlings [D]. Lanzhou: Gansu Agricultural University, 2005.

[8] 郝敬虹, 李天来, 孟思达, 等. 夜间低温对薄皮甜瓜果实糖积累及代谢相关酶活性的影响 [J]. 中国农业科学, 2009, 42(10): 3592-3599.
Hao JH, Li TL, Meng SD, et al. Effects of night low temperature on sugar accumulation and sugar-metabolizing enzyme activities in melon fruit [J]. Sci Agric Sin, 2009, 42(10): 3592-3599.

[9] 吕星光, 周梦迪, 李敏. 低温胁迫对甜瓜嫁接苗和自根苗生长及生理特性的影响 [J]. 中国蔬菜, 2016(5): 53-57.
Lyu XG, Zhou MD, Li M. Effects of low temperature stress on growth and physiological characteristics of grafted and own root melon seedlings [J]. China Veg, 2016(5): 53-57.

[10] 和红云. 低温胁迫对甜瓜幼苗生长及生理生化的影响 [D]. 石河子: 石河子大学, 2008.
He HY. Effects of low temperature injure on seedling growth and physiological & biochemical of muskmelon (*Cucumis melo* L.) [D]. Shihezi: Shihezi University, 2008.

[11] Almagro L, Gómez Ros LV, Belchi-Navarro S, et al. Class III peroxidases in plant defence reactions [J]. J Exp Bot, 2009, 60(2): 377-390.

[12] Kidwai M, Ahmad IZ, Chakrabarty D. Class III peroxidase: an indispensable enzyme for biotic/abiotic stress tolerance and a potent candidate for crop improvement [J]. Plant Cell Rep, 2020, 39(11): 1381-1393.

[13] 牛红军, 岳鹃, 滕文华, 等. 过氧化物酶和PeroxiBase过氧化物酶数据库 [J]. 生命科学研究, 2012, 16(6): 539-544.
Niu HJ, Yue K, Teng WH, et al. Peroxidases and the database of peroxidases: PeroxiBase [J]. Life Sci Res, 2012, 16(6): 539-544.

[14] 田国忠, 李怀方, 裘维蕃. 植物过氧化物酶研究进展 [J]. 武汉植物学研究, 2001, 19(4): 332-344.
Tian GZ, Li HF, Qiu WF. Advances on research of plant peroxidases [J]. J Wuhan Bot Res, 2001, 19(4): 332-344.

[15] Lee TT. Role of phenolic inhibitors in peroxidase-mediated degradation of indole-3-acetic acid [J]. Plant Physiol, 1977, 59(3): 372-375.

[16] 杜秀敏, 殷文璇, 赵彦修, 等. 植物中活性氧的产生及清除机制 [J]. 生物工程学报, 2001, 17(2): 121-125.
Du XM, Yin WX, Zhao YX, et al. The production and scavenging of reactive oxygen species in plants [J]. Chin J Biotechnol, 2001, 17(2): 121-125.

[17] 梁艳荣, 胡晓红, 张颖力, 等. 植物过氧化物酶生理功能研究进展 [J]. 内蒙古农业大学学报: 自然科学版, 2003, 24(2): 110-113.
Liang YR, Hu XH, Zhang YL, et al. Prdgress on physiological function research of plant peroxidase [J]. J Inn Mong Agric Univ Nat Sci Ed, 2003, 24(2): 110-113.

[18] Shigeto J, Tsutsumi Y. Diverse functions and reactions of class III peroxidases [J]. New Phytol, 2016, 209(4): 1395-1402.

[19] Cheng LT, Ma LX, Meng LJ, et al. Genome-wide identification and analysis of the class III peroxidase gene family in tobacco (*Nicotiana tabacum*) [J]. Front Genet, 2022, 13: 916867.

[20] Yan J, Su PS, Li W, et al. Genome-wide and evolutionary analysis of the class III peroxidase gene family in wheat and *Aegilops tauschii* reveals that some members are involved in stress responses [J]. BMC Genom, 2019, 20: 666.

[21] Tognolli M, Penel C, Greppin H, et al. Analysis and expression of the class III peroxidase large gene family in *Arabidopsis thaliana* [J]. Gene, 2002, 288(1/2): 129-138.

[22] Chen CJ, Wu Y, Li JW, et al. TBtools-II: a "one for all, all for one" bioinformatics platform for biological big-data mining [J]. Mol Plant, 2023, 16(11): 1733-1742.

[23] 郭安源, 朱其慧, 陈新, 等. GSDS: 基因结构显示系统 [J]. 遗传, 2007, 29(8): 1023-1026.
Guo AY, Zhu QH, Chen X, et al. GSDS a gene structure display server [J]. Hereditas, 2007, 29(8): 1023-1026.

[24] Hu B, Jin JP, Guo AY, et al. GSDS 2.0: an upgraded gene feature visualization server [J]. Bioinformatics, 2015, 31(8): 1296-1297.

[25] 黄丽芳, 刘建汀, 王彬, 等. 西葫芦过氧化物酶*POD1*基因的分离及表达分析 [J]. 福建农业学报, 2018, 33(9): 943-949.
Huang LF, Liu JT, Wang B, et al. Isolation and expression of peroxidase *POD1* gene from *Cucurbita pepo* [J]. Fujian J Agric Sci, 2018, 33(9): 943-949.

[26] Cai KW, Liu HX, Chen S, et al. Genome-wide identification and analysis of class III peroxidases in *Betula pendula* [J]. BMC Genom, 2021, 22: 314.

[27] Khan WU, Khan LU, Khan NM, et al. Comprehensive identification, characterization and expression analyses of the class III POD gene family in water lily (*Nymphaea colorata*) [J]. Front Plant Sci, 2025, 15: 1524657.

[28] 杨广东, 郭瑜敏. 低温胁迫对青椒苗期和花期脱落酸含量的影响 [J]. 山西农业科学, 1998, 26(2): 45-48.
Yang GD, Guo YM. Effect of low temperature stress on ABA contents of sweet pepper during seedling and florescence [J]. J Shanxi Agric Sci, 1998, 26(2): 45-48.

[29] Zhang YQ, Liu H, Ma XY, et al. Genome-wide identification and expression analysis of the class III peroxidase gene (*PRXIII*) family in *Medicago sativa* L. and its function in the abiotic stress response [J]. BMC Plant Biol, 2025, 25: 443.

[30] 刘荣梅, 李凤兰, 徐永清, 等. 低温胁迫对转基因烟草生理生化的影响 [J]. 湖北农业科学, 2010, 49(11): 2819-2821.
Liu RM, Li FL, Xu YQ, et al. Effects of low temperature stress on physiological and biochemical changes of the transgenic tobacco [J]. Hubei Agric Sci, 2010, 49(11): 2819-2821.

[31] 高山, 许端祥, 陈中钐, 等. 苦瓜*McAPX2*基因及其启动子的克隆与表达分析 [J]. 热带作物学报, 2016, 37(12): 2384-2391.
Gao S, Xu DX, Chen ZS, et al. Cloning and expression analysis of the *McAPX2* gene and its promotor in *Momordica charantia* L [J]. Chin J Trop Crops, 2016, 37(12): 2384-2391.

（责任编辑　李楠）