

云贵地区引起小麦赤霉病的镰孢菌鉴定及致病力测定

张意巧^{1,2}, 刘美玲², 龚双军², 曾凡松², 李明菊³,
陈文⁴, 尹军良¹, 杨立军², 袁斌²

(1. 长江大学农学院, 湖北荆州 434025; 2. 湖北省农业科学院植保土肥研究所/农业农村部华中作物有害生物综合治理重点实验室/
农作物重大病虫害防控湖北省重点实验室, 湖北武汉 430064; 3. 云南省农业科学院资源环境研究所, 云南昆明 650000;
4. 贵州省农业科学院植物保护研究所, 贵州贵阳 550001)

摘要: 镰孢菌是引起小麦赤霉病的主要病原。为了解导致云贵地区小麦赤霉病的镰孢菌组成及其致病力, 对2023年9月份从云贵4州9县市夏季种植小麦和自生麦苗上采集的赤霉病穗标样进行了镰孢菌分离, 用特异性引物F16F/R扩增初筛菌株*EF-1 α* 基因并进行测序, 对不同种镰孢菌的代表性菌株进行了室内菌丝生长速率、产孢量和田间致病力测定。结果表明, 在云贵地区小麦赤霉病样品中共分离到95株镰孢菌, 分属于7个种, 其中33株为南方镰孢菌(*Fusarium meridionale*), 占分离菌株总数的34.7%, 为该地区小麦赤霉病的优势种; 其次为22株亚洲镰孢菌(*F. asiaticum*)和22株禾谷镰孢菌(*F. graminearum*), 均占分离菌株总数的23.2%; 再次为9株布氏镰孢菌(*F. boothii*), 占分离菌株总数的9.5%; 检测到6株木贼镰孢菌(*F. equiseti*)、2株燕麦镰孢菌(*F. avenaceum*)和1株为蒲苇镰孢菌(*F. cortaderiae*)。不同种镰孢菌的菌丝生长速率和产孢量存在差异, 燕麦镰孢菌的菌丝生长速率最低, 但产孢量最高; 南方镰孢菌和禾谷镰孢菌的致病性最强, 燕麦镰孢菌的致病性最弱; 同种镰孢菌的不同菌株间的菌丝生长速率、产孢量和致病力亦存在差异。由此说明南方镰孢菌为云贵麦区小麦赤霉病的优势种, 存在高比例的布氏镰孢菌(9.5%), 均属国内首次报道。

关键词: 小麦赤霉病; 优势种; 南方镰孢菌; 致病力

中图分类号: S512.1; S330

文献标识码: A

文章编号: 1009-1041(2025)06-0774-08

Identification and Pathogenicity Analysis of the *Fusarium* Causing Wheat Fusarium Head Blight in Yunnan and Guizhou Regions

ZHANG Yiqiao^{1,2}, LIU Meiling², GONG Shuangjun², ZENG Fansong², LI Mingju³,
CHEN Wen⁴, YIN Junliang¹, YANG Lijun², YUAN Bin²

(1. College of Agriculture, Yangtze University, Jingzhou, Hubei 434025, China; 2. Institute of Plant Protection and Soil Science, Hubei Academy of Agricultural Sciences/Key Laboratory of Integrated Pest Management on Crop in Central China, Ministry of Agriculture and Rural Affairs/Hubei Province Key Laboratory for Control of Crop Diseases, Pest and Weeds, Wuhan, Hubei 430064, China; 3. Institute of Resources and Environment, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming, Yunnan 650000, China; 4. Institute of Plant Protection, Guizhou Academy of Agricultural Sciences, Guiyang, Guizhou 550001, China)

Abstract: *Fusarium* species is the main pathogen causing wheat Fusarium head blight (FHB). To monitor the composition and pathogenicity of wheat FHB species in Yunnan and Guizhou regions, spike samples of FHB were collected as materials from summer wheat and self-growing wheat in 9 counties of 4 cities in Yunnan and Guizhou Regions in September 2023. The FHB strains were isolated using histopathology and identified by the specific primers F16F/R amplification combined with *EF-1 α* gene sequence. Representative strains of different *Fusarium* species were selected for mycelial growth rate,

收稿日期: 2024-06-09 修回日期: 2024-07-04

基金项目: 国家重点研发项目(2022YFD1400105); 湖北省重点研发项目(2022BBA0041); 国家现代农业产业技术体系专项(CARS-03); 湖北省农业科技创新中心项目(2024-620-000-001-011)

第一作者 E-mail: zhangyiqiao160@qq.com (张意巧)

通讯作者 E-mail: yuanbin2000@139.com (袁斌)

spore production and field pathogenicity testing. The identification results of pathogenic species revealed that there were relatively abundant pathogenic species causing FHB in Yunnan and Guizhou Regions. Totally, 95 *Fusarium* strains were isolated, belonging to seven *Fusarium* species, of which 33 strains were identified as *F. meridionale*, accounting for 34.7% of the total number of isolated strains. *F. meridionale* is the dominant species of wheat FHB in the Yunnan and Guizhou Regions, followed by 22 strains of *F. asiaticum* and 22 strains of *F. graminearum*, individually accounting for 23.2% of the total number of isolated strains. Nine strains of *F. boothii* were identified, accounting for 9.5% of the total number of isolated strains. Six strains of *F. equiseti*, two strains of *F. avenaceum* and one strain of *F. cortaderiae* were also detected. The pathogenicity test results showed that there were differences in mycelial growth rate and spore production among different species of FHB. The mycelial growth rate of *F. avenaceum* was the lowest, but the spore production was the highest. *F. meridiane* and *F. graminearum* showed the strongest pathogenicity, while *F. avenaceum* showed the weakest pathogenicity. There was also differentiation in *Fusarium* among different strains of the same disease species. The *F. meridiane* was the dominant pathogenic species of wheat FHB and there was a high proportion of *F. boothii* (9.5%) in the Yunnan and Guizhou wheat regions, which is the first report in China.

Keywords: Fusarium head blight; Dominant species; *Fusarium meridionale*; Pathogenicity

小麦赤霉病(Fusarium head blight, FHB)是威胁小麦安全生产的世界范围的重要病害,其病原菌可导致多种禾本科作物发病,对小麦的危害最严重^[1]。随着全球气候变暖、耕作制度的改变,赤霉病在中国长江中下游、江淮、黄淮海麦区发生频繁,且呈现北移西扩的趋势,已成为制约该区域小麦安全生产的重要限制因素^[2-4]。小麦赤霉病可造成小麦减产、品质下降,其病原菌还能产生多种危害人畜健康的真菌毒素^[3-6]。

据报道,小麦赤霉病由镰孢菌属为主的 17 种病原真菌引起^[7]。20 世纪 80 年代,在中国 21 个省(市、区)小麦赤霉病样品中,共鉴定出 18 种镰孢菌,其中禾谷镰孢菌为优势种^[8]。禾谷镰孢菌(*Fusarium graminearum*)在世界范围内广泛分布^[9]。亚洲镰孢菌(*F. asiaticum*)和禾谷镰孢菌是引起中国小麦赤霉病的主要病原菌;其分布与地域、作物种类和轮作方式密切相关,亚洲镰孢菌主要分布于长江中下游和西南水稻-小麦轮作区,禾谷镰孢菌则主要分布于黄淮和西北玉米-小麦轮作区^[10-13]。研究发现,玉米对禾谷镰孢菌、水稻对亚洲镰孢菌具有选择作用^[14]。

云南和贵州地处中国西南边陲,常年小麦种植面积 4.0×10^4 hm²,有关该区域小麦赤霉病的报道较少。为明确引起云贵麦区小麦赤霉病病原菌组成,本研究于 2023 年 9 月对云南丽江和楚雄市、贵州六盘水和毕节市夏播小麦(反季节种植)和自生麦苗上采集到的小麦赤霉病病穗进行镰孢

菌分离,通过形态学和分子生物学对病原菌进行鉴定,并选择不同种镰孢菌的代表性菌株进行室内菌丝生长速率、产孢量和田间致病力测定,以期对云贵地区小麦赤霉病的防治奠定理论基础。

1 材料与方法

1.1 样品采集和分离

2023 年 9 月在云南的丽江市玉龙纳西族自治县和古城区、楚雄市双柏县和南华县、贵州六盘水市盘州市和水城区、毕节市赫章县和七星关区共 8 个县区 9 个采样点(表 1)采集反季节种植小麦或自生麦苗上的赤霉病病穗 95 株,用信封袋装好编号。

剪取所采病穗病健交接处 1~2 cm,用 3% NaClO 表面消毒 1 min,再用 75% 酒精浸泡 1 min,无菌水冲洗 3 次,于超净工作台用无菌滤纸吸干水分;将剪取的组织置于含 $100 \mu\text{g} \cdot \text{mL}^{-1}$ 硫酸链霉素的 PDA 培养基中,于 25 °C 培养箱培养 3 d;挑单菌落接种于 PDA 进行纯化,纯化菌株于 30% 甘油、-20 °C 保存备用。

1.2 病原菌形态学鉴定

依据菌落颜色和形态对分离到的病原菌进行初步鉴定^[15-16]。取 1.1 中分离的单菌落在 PDA 培养基上培养 5~7 d,产生浅洋红或紫红色色素的菌株初步鉴定为镰孢菌;用直径 1 cm 打孔器在初步鉴定为镰孢菌的菌落边缘取菌饼 5 个,接种于 6% 绿豆汤培养基中,25 °C、180 r·min⁻¹ 培

养 3 d; 用一层无菌纱布加双层无菌滤纸过滤悬浮液, 在显微镜下观察孢子的形态, 有隔膜且呈镰刀状的为疑似镰孢菌; 将孢子浓度稀释到 1.0×10^3 个 \cdot mL⁻¹, 用移液枪在 3% 水琼脂培养基上划线, 置于 25 °C 黑暗培养过夜; 挑取单菌落接种于 PDA 平板上, 25 °C 培养 3 d 后, 取菌块于 30% 甘油中, -80 °C 保存备用。

1.3 病原菌的分子鉴定

取疑似目标菌株新鲜菌丝于液氮中研磨, 用试剂盒 (FastPure[®] Plant DNA Isolation Mini Kit) 参照说明书进行基因组 DNA 提取, 用 1.2% 的琼脂糖凝胶电泳检测后, 放于 -20 °C 冰箱中保存备用。先用特异性引物 Fg16F (5'-CTCCG-GATATGTTGCGTCAA-3') 和 Fg16R (5'-GG-TAGGTATCCGACATGGCAA-3') 进行 PCR 扩增以检测 *F. asiaticum* 和 *F. graminearum*。PCR 反应体系: 2 × Taq Master Mix 12.5 μL, Fg16F、R 各 1 μL, DNA 模板 2 μL, ddH₂O 补至 25 μL。PCR 扩增程序: 94 °C 预变性 3 min; 94 °C 变性 30 s, 57 °C 退火 30 s, 72 °C 延伸 1 min, 共 35 个循环; 72 °C 终延伸 5 min, 4 °C 保存。用 1.5% 琼脂糖凝胶电泳对 PCR 产物进行检测, 可检测出 500 bp 条带的为亚洲镰孢菌, 检出 400 bp 条带的为禾谷镰孢菌^[17-18]。利用 *EF-1α* 基因特异性引物 EF-1T (5'-ATGGGTAAGGAGGACAAGAC-3') 和 EF-2T (5'-GGAAGTACCAGTGATCATGTT-3') 扩增其余菌株, 目标片段 700 bp^[9,19]。PCR 扩增反应体系和反应程序同上。扩增产物送公司测序, 测序结果在 Fusarium ID 数据库 (<http://isolate.fusariumdb.org/index.php>) 进行 BLASTN 比对, 一致性大于 98% 的为同一种。以上所有引物合成和测序均委托擎科生物工程(北京)股份有限公司完成。统计各菌种的分离频率, 分离频率 = 同种菌株数 / 总分离株数 × 100%。

1.4 病原菌菌丝生长速率和产孢量的测定

基于 1.2 和 1.3 的形态学和分子生物学鉴定结果, 从同菌种中选取代表性菌株, 在 25 °C 培养箱暗培养; 3 d 后沿菌落外缘取 6 mm 菌饼, 接种于含 20 mL PDA 的 90 mm 培养皿中, 倒置于 25 °C 培养箱暗培养; 3 d 后用游标卡尺参照交叉法测量菌落直径, 计算菌丝生长速率; 同时将菌饼接种到 50 mL CMC 培养基中, 25 °C、180 r \cdot min⁻¹ 振荡培养, 5 d 后在显微镜下观察孢子形态特征, 并用血球计数板计数, 统计 5 个视野孢子数

量。每个菌株均 3 次重复。

1.5 田间小麦致病力测定

取 1.4 中的代表性菌株接种于 100 mL 绿豆培养基中, 于 25 °C、180 r \cdot min⁻¹ 摇培 5 d; 用显微镜观测各镰孢菌分生孢子数, 将孢子浓度调至为 1.0×10^3 个 \cdot mL⁻¹; 在高感赤霉病小麦品种天民 198 扬花初期, 采用单花滴注方法接种菌液于小麦穗头中部小穗, 每个穗头接种 10 μL, 每个菌株接种 15 个麦穗, 接种后套上袋保湿 3 d; 接种后 21 d, 调查接种小麦的病小穗数。依据 NY/T 2954-2016 进行小麦赤霉病严重度分级, 按 0~5 级分级标准进行: 0 级, 不发病; 1 级, 仅接种小穗发病, 且穗轴不发病; 2 级, 穗轴发病, 病小穗率 < 25%; 3 级, 穗轴发病, 25% ≤ 病小穗率 < 50%; 4 级, 穗轴发病, 病小穗率 ≥ 50%。计算平均病小穗率和发病严重度^[20]。

1.5 数据分析

采用 EXCEL 进行数据整理, 采用邓肯氏新复极差法 (SSR) 进行差异显著性分析。

2 结果与分析

2.1 云贵地区小麦赤霉病镰孢菌种类分布

采集的 95 份小麦赤霉病标样中, 共分离获得 95 株镰孢菌, 其中云南 50 株, 贵州 45 株; 各菌株的菌落和分生孢子形态差异较大, 部分菌株形态见图 1。

用特异性引物 Fg16F 和 Fg16R 检测 95 株初筛镰孢菌, 有 22 株可以扩增出 500 bp 的片段 (图 2A), 通过测序确定其为亚洲镰孢菌 (*F. asiaticum*); 22 株可以扩增出 400 bp 的片段, 通过测序确定其为禾谷镰孢菌 (*F. graminearum*)。其余 51 株菌株用引物 EF1-1T 和 EF1-2T 均可扩增出 680 bp 左右的条带 (图 2B), 通过测序将其分别鉴定为南方镰孢菌 (*F. meridionale*)、木贼镰孢菌 (*F. equiseti*)、燕麦镰孢菌 (*F. avenaceum*)、布氏镰孢菌 (*F. boothii*) 和蒲苇镰孢菌 (*F. cortaderiae*) 共 5 个镰孢菌种。

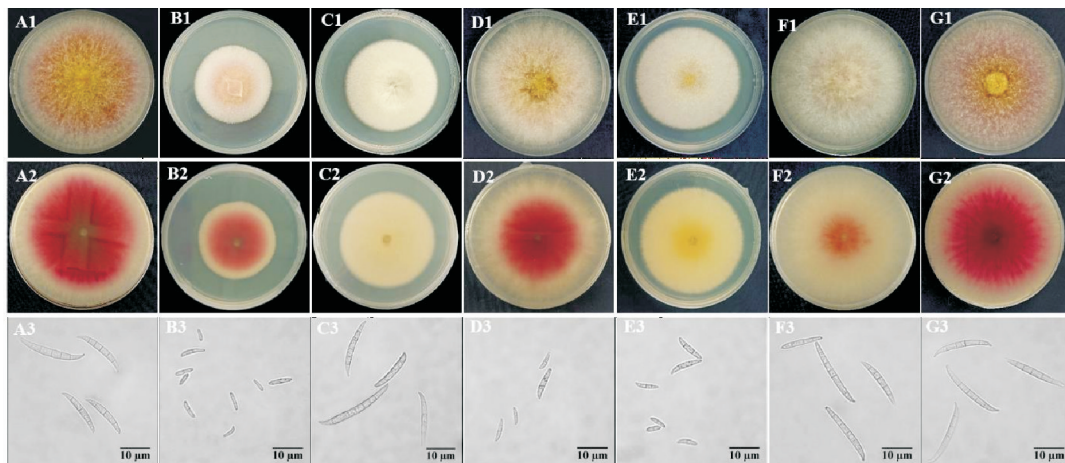
鉴定出的 7 种镰孢菌中, 南方镰孢为优势病原菌, 占分离总菌株数的 34.7% (33/95), 其次为亚洲镰孢和禾谷镰孢菌, 均占总菌株数的 23.2% (22/95), 还鉴定到 9 株布氏镰孢菌、6 株木贼镰孢菌、2 株燕麦镰孢菌、蒲苇镰孢菌 1 株 (表 1)。云南以南方镰孢和亚洲镰孢占多数; 贵州以南方镰孢和禾谷镰孢菌占多数; 燕麦镰孢菌仅在云南丽

江发现,蒲苇镰孢菌仅在毕节赫章县发现(表 1)。夏种麦和自生麦上的病原菌种类无明显差别。

2.2 7 种镰孢菌的菌丝生产速率、产孢量和致病力分析

从鉴定菌株中随机选取 3 株南方镰孢菌、3 株亚洲镰孢菌、3 株禾谷镰孢菌、3 株布氏镰孢菌、3 株木贼镰孢菌、2 株燕麦镰孢菌和 1 株蒲苇镰孢

菌作为代表性菌株进行致病力测定。由表 2 可知,不同镰孢菌之间生长速率存在显著差异($P < 0.05$)。整体而言,南方镰孢菌、亚洲镰孢菌和禾谷镰孢菌的菌丝生长速率较快,分别为 $75.98 \sim 82.53 \text{ mm} \cdot \text{d}^{-1}$ 、 $74.83 \sim 77.07 \text{ mm} \cdot \text{d}^{-1}$ 、 $73.35 \sim 76.82 \text{ mm} \cdot \text{d}^{-1}$,其次为布氏镰孢菌和木贼镰孢菌,分别为 $54.67 \sim 78.31 \text{ mm} \cdot \text{d}^{-1}$ 、 $57.64 \sim 60.96 \text{ mm} \cdot$

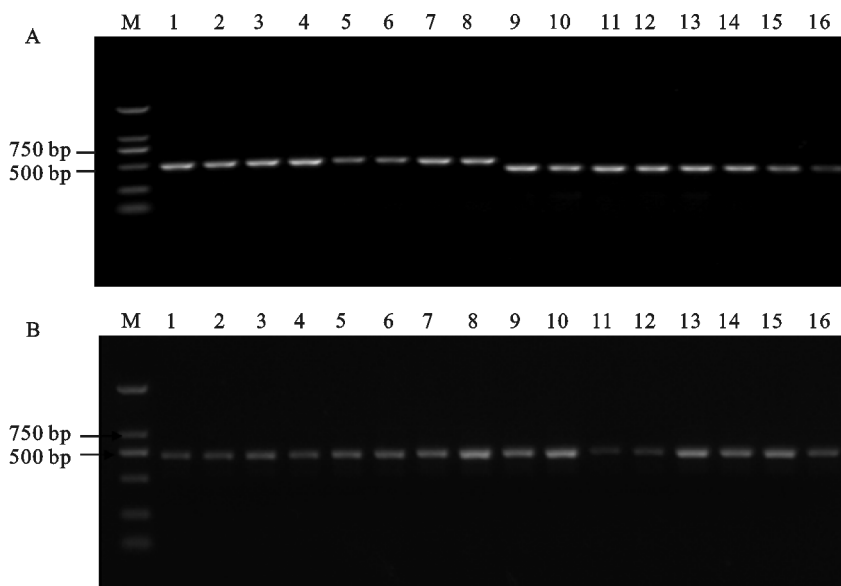


A1、A2、A3:亚洲镰孢;B1、B2、B3:燕麦镰孢;C1、C2、C3:布氏镰孢;D1、D2、D3:蒲苇镰孢;E1、E2、E3:木贼镰孢;F1、F2、F3:禾谷镰孢;G1、G2、G3:南方镰孢;A1~G1:正面;A2~G2:反面。

A1, A2 and A3: *F. asiaticum*; B1, B2 and B3: *F. avenaceum*; C1, C2 and C3: *F. boothii*; D1, D2 and D3: *F. cortaderiae*; E1, E2 and E3: *F. equiseti*; F1, F2 and F3: *F. graminearum*; G1, G2 and G3: *F. meridionale*. A1—G1: Obverse side; A2—G2: Reverse side.

图 1 小麦赤霉病原菌的菌落形态(A1~G1, A2~G2)和分生孢子形态(A3~G3)

Fig. 1 Colony morphology of wheat head blight pathogens (A1—G1, A2—G2) and conidial morphology (A3—G3)



A 和 B:引物分别为 Fg16F/R 和 EF1-1T/EF1-2T 的扩增产物;M:DL2000。图 A 中,1~8 为 500 bp,9~16 为 400 bp。

A and B: Production of Fg16F/R and EF1-1T/EF1-2T; M: DL2000. In figure A, the fragment size of lanes 1—8 is 500 bp, that of lanes 9—16 is 400 bp.

图 2 部分镰孢菌菌株目标基因扩增结果

Fig. 2 Results of target amplicons from part of *Fusarium* strains

表1 云贵小麦赤霉病原菌分离情况

Table 1 Isolation of *Fusarium* head blight pathogens in Yunnan and Guizhou regions

省份 Province	市 City	县/区 County/district	来源 Source	总计 Total	<i>F. mer</i>	<i>F. a</i>	<i>F. g</i>	<i>F. b</i>	<i>F. equ</i>	<i>F. av</i>	<i>F. cor</i>
云南 Yunnan	丽江 Lijiang	纳西族自治县 Naxi autonomous	A	5		1	1	1		2	
	丽江 Lijiang	古城区 Old town	B	18		16	1	1			
	楚雄 Chuxiong	双柏县 Shuangbai	A	4	3				1		
	楚雄 Chuxiong	南华县 Nanhua	B	23	13	1	6	3			
	小计 Subtotal				50	16	18	8	5	1	2
贵州 Guizhou	六盘水 Liupanshui	盘州市 Panzhou	A	1			1				
	六盘水 Liupanshui	水城区 Shuicheng	A	16	10	3	1		2		
	毕节 Bijie	赫章县 Hezhang	B	20	4	1	9	2	3		1
	毕节 Bijie	七星关区 Qixingguan	B	1	1						
	毕节 Bijie	七星关区 Qixingguan	A	7	2		3	2			
小计 Subtotal				45	17	4	14	4	5		1
总计 Total				95	33	22	22	9	6	2	1
比率 Ratio/%					34.7	23.2	23.2	9.5	6.3	2.1	1.0

A: 自生麦; B: 夏繁麦。 *F. mer*: 南方镰孢菌; *F. a*: 亚洲镰孢菌; *F. g*: 禾谷镰孢菌; *F. b*: 布式镰孢菌; *F. equ*: 木贼镰孢菌; *F. av*: 燕麦镰孢菌; *F. cor*: 蒲苇镰孢菌。下同。

A: Self-growing wheat; B: Summer sowing wheat; *F. mer*: *F. meridionale*; *F. a*: *F. asiaticum*; *F. g*: *F. graminearum*; *F. b*: *F. boothii*; *F. equ*: *F. equiseti*; *F. av*: *F. avenaceum*; *F. cor*: *F. cortaderiae*. The same in tables 2-4.

表2 云贵小麦赤霉病原菌菌丝生长速率、产孢量和扬花期致病力测定结果

Table 2 Results of mycelium growth rate, sporulation and virulence of *Fusarium* head blight pathogens at anthesis stage in Yunnan and Guizhou regions

病原菌种类 Type of pathogen	菌株 Isolate	生长速率 Growth rate/ (mm · d ⁻¹)	产孢量 Spore production/ (×10 ⁴ · mL ⁻¹)	病小穗率 PDS/%	严重度 Severity
<i>F. meridionale</i>	4-1	78.24±1.47b	310.00±77.94d	26.14±11.32cd	2.4±0.5b
	6-6	75.98±1.34bc	33.33±7.64e	11.18±5.22de	1.6±0.5cd
	8-1	82.53±0.86a	45.00±10.00e	52.18±41.55a	3.0±1.1a
<i>F. asiaticum</i>	2-1	76.83±3.46b	36.67±14.43e	7.10±3.43e	1.3±0.5cd
	4-14	74.83±0.82bc	73.33±17.56e	5.51±1.85e	1.1±0.3c
	6-11	77.07±1.14b	28.33±7.64e	12.04±7.77de	1.7±0.7cd
<i>F. graminearum</i>	1-2	76.82±0.82b	78.33±2.89e	37.30±26.00abc	2.9±0.7ab
	4-2	73.35±0.30c	86.67±18.93e	5.09±1.46e	1.0±0.0d
	6-13	76.37±0.28bc	125.00±18.03e	35.29±18.00bc	2.9±0.6ab
<i>F. boothii</i>	1-4	56.89±1.11ef	53.33±7.64e	6.56±2.81e	1.1±0.3cd
	2-17	54.67±1.00f	35.00±0.00e	8.28±2.81e	1.3±0.5cd
	9-6	78.31±1.05b	50.00±21.79e	50.86±43.78ab	2.8±1.2ab
<i>F. equiseti</i>	7-15	60.96±1.21d	603.33±93.85c	5.85±2.21e	1.1±0.3cd
	3-1	58.3±3.67de	31.67±7.64e	6.32±2.02e	1.1±0.3cd
	6-3B	57.64±1.14ef	46.67±16.07e	5.33±1.51e	1.0±0.0d
<i>F. avenaceum</i>	1-3	41.14±4.63g	1 735.00±130.77b	5.37±1.65e	1.1±0.3cd
	1-5	36.56±0.47h	1 828.33±146.32a	6.54±3.49e	1.1±0.3cd
<i>F. cortaderiae</i>	7-11	77.81±1.31b	48.33±12.58e	26.43±14.55cd	2.5±0.9ab

表中数据为平均值±标准误。同列数据后不同字母表示不同镰孢菌间在0.05水平差异显著。

Data are mean±SE. Different letters following data in the same column indicate significant differences among different *Fusarium* species at 0.05 level.

d^{-1} , 燕麦镰孢菌丝生长速率为 $36.56 \sim 41.14 \text{ mm} \cdot d^{-1}$, 显著低于其他 6 种镰孢菌 ($P < 0.05$)。同种镰孢菌的不同菌株之间菌丝生长速率亦存在一定差异, 如布氏镰孢菌株 9-6 ($78.31 \text{ mm} \cdot d^{-1}$) 的菌丝生长速率显著高于菌株 1-4 ($56.89 \text{ mm} \cdot d^{-1}$) 和 2-17 ($54.67 \text{ mm} \cdot d^{-1}$) (表 2)。

产孢量测定结果 (表 2) 表明, 不同镰孢菌间产孢量存在显著差异。整体而言, 燕麦镰孢菌产孢量最多, 菌株 1-5 产孢量达到 $1\ 828.33 \times 10^4 \text{ 个} \cdot \text{mL}^{-1}$, 显著高于其他 6 种镰孢菌 ($P < 0.05$); 禾谷镰孢菌和木贼镰孢菌次之, 其余菌株产孢量相对较低。同种镰孢菌不同菌株间产孢量也存在差异, 如南方镰孢的菌株 4-1 和菌株 6-6, 产孢量分别为 $310.00 \times 10^4 \text{ 个} \cdot \text{mL}^{-1}$ 和 $33.33 \times 10^4 \text{ 个} \cdot \text{mL}^{-1}$, 前者产孢量显著高于后者。

致病力测定结果 (表 2) 表明, 接菌后小麦穗部均出现不同程度变褐症状, 病小穗率在 $5.09\% \sim 52.18\%$ 之间, 平均严重度级别在 $1.0 \sim 3.0$ 之间。不同种之间致病力存在显著差异 ($P < 0.05$), 整体而言, 南方镰孢菌、亚洲镰孢菌和禾谷镰孢菌的致病力较强, 木贼镰孢菌和燕麦镰孢菌致病力较弱。同种镰孢菌的不同菌株之间致病力亦存在显著差异, 如南方镰孢菌的菌株 8-1 病小穗率为 52.18% , 平均严重度等级为 3.0 级, 而菌株 6-6 病小穗率为 11.18% , 平均严重度等级为 1.6 级, 前者致病力显著高于后者; 禾谷镰孢菌的菌株 1-2 的病小穗率为 37.30% , 平均严重度等级为 2.9 级, 而菌株 4-2 病小穗率为 5.09% , 平均严重度等级为 1.0 级, 前者致病力显著高于后者。

3 讨论

本研究对云贵地区 2023 年 4 州 8 县市小麦反季节种植 (夏播小麦) 和自生麦苗上的赤霉病样进行了镰孢菌的分离、鉴定, 共鉴定到 7 种镰孢菌, 其中南方镰孢菌 (*F. meridionale*) 为云贵地区小麦赤霉病的优势种, 占 34.7% , 其次为亚洲镰孢菌 (*F. asiaticum*, 23.2%) 和禾谷镰孢菌 (*F. graminearum*, 23.2%)。不同种的镰孢菌菌丝生长速率和产孢量存在差异, 南方镰孢菌、亚洲镰孢菌和禾谷镰孢菌的菌丝生长速率较快, 产孢量较高, 而燕麦镰孢菌的菌丝生长速率最慢, 但产孢量最大。南方镰孢菌和禾谷镰孢菌的致病性最强, 燕麦镰孢菌致病性最弱, 且同种镰孢菌的不同

菌株间致病力存在显著差异。南方镰孢菌 (*F. meridionale*) 为云贵麦区小麦赤霉病的优势种, 云贵麦区存在高比例的布氏镰孢菌 (*F. boothii*, 9.5%), 均属国内首次报道。

史文琦等^[12]在四川都江堰小麦赤霉病穗上分离到 1 株南方镰孢菌; 张昊等^[21]在云南和四川小麦上各分离到南方镰孢菌 1 株; 杨美欣^[22]在四川分离到南方镰孢菌 9 株, 其中 1 株来自小麦, 8 株来自水稻; Yang 等^[23]在四川、重庆、湖北的大麦赤霉病穗上分离到 29 株南方镰孢菌 (1.36%)。本研究中, 采样的 8 个县市中, 在 6 个县市分离到南方镰孢菌, 且在云南楚雄南华县夏种小麦以及贵州六盘水市水城区自生麦上分离到的比例较高。研究表明, 南方镰孢菌是尼泊尔 (56.0%)^[24] 和阿根廷 (84.8%)^[25] 玉米穗腐病的优势病原菌; 是引起中国云南、贵州以及陕西南部 (25.0%) 等地区玉米穗腐病的主要病原菌^[26-27]。由于云南、贵州地处云贵高原, 是中国南方玉米主要种植区, 水稻亦有广泛种植, 其独特的高温环境和耕作种植模式更利于南方镰孢菌的侵染和繁殖, 此外玉米对禾谷镰孢菌、水稻对亚洲镰孢菌具有选择偏好^[14, 22]。推测以上因素决定了南方镰孢菌 (34.7%)、亚洲镰孢菌 (23.2%) 和禾谷镰孢菌 (23.2%) 是引起云贵地区小麦赤霉病的主要致病菌种。本研究还鉴定出布氏镰孢菌 9 株、木贼镰孢菌 6 株、燕麦镰孢菌 2 株和蒲苇镰孢菌 1 株。有研究证实布氏镰孢菌、木贼镰孢菌和燕麦镰孢菌均是引起玉米穗腐病和小麦赤霉病的病原菌^[21-22, 26-27], 但这些病原菌所占比例较低, 本研究同样分离到这些种的菌株较少。

徐雍皋等^[28]认为, 镰孢菌孢子产量及菌落生长速度等都与致病力相关; 赵纯森等^[29]对来自中国 12 省市具有代表性的 101 株禾谷镰孢菌株的生长速率、在羟甲基纤维液 (CMS) 内的产孢量以及田间不同品种上的致病力进行测定, 认为小麦赤霉病病菌菌丝生长速率与致病力之间呈正相关, 而基质颜色和产孢量与致病力没有相关性。本研究结果显示, 菌丝生长速率和致病力呈正相关, 而产孢量和致病力无显著相关关系, 如南方镰孢菌、亚洲镰孢菌和禾谷镰孢菌的菌丝生长速率较快, 这 3 个种的菌株对小麦的致病性亦较强 (表 2); 又如 *F. avenaceum* 菌株 1-5 和 *F. graminearum* 菌株 1-2, 产孢量分别为 $1\ 828.33 \times 10^4 \text{ 个} \cdot \text{mL}^{-1}$ 和 $78.33 \times 10^4 \text{ 个} \cdot \text{mL}^{-1}$, 而其病小穗率

分别为6.54%和37.3%，本研究支持产孢量与致病力无关的结论。国内外的许多研究均发现，同种镰孢菌不同菌株对小麦的致病力存在差异，并将菌株区分为强、中和弱三个致病类型^[11,28]。本研究同样表明，同种镰孢菌的不同菌株间的菌丝生长速率、产孢量和致病性存在显著差异，该结论与上述研究结果一致。

本研究通过形态学和分子生物学鉴定，明确了云贵地区小麦赤霉病的优势种，并发现不同种镰孢菌间致病力存在显著差异。该研究结果对指导云贵地区小麦品种抗赤霉病鉴定和赤霉病的防治具有一定的指导意义。

参考文献:

- [1] GOSWAMI R S, KISTLER H C. Heading for disaster: *Fusarium graminearum* on cereal crops [J]. *Molecular Plant Pathology*, 2004, 5(6): 515.
- [2] 曾娟, 姜玉英. 2012年我国小麦赤霉病暴发原因分析及持续监控与治理对策[J]. 中国植保导刊, 2013, 33(4): 38.
- ZENG J, JIANG Y. Cause analysis of wheat scab outbreak in China in 2012 and its continuous monitoring and control countermeasures [J]. *China Plant Protection*, 2013, 33(4): 38.
- [3] 黄冲, 姜玉英, 吴佳文, 等. 2018年我国小麦赤霉病重发特点及原因分析[J]. 植物保护, 2019, 45(2): 160.
- HUANG C, JIANG Y Y, WU J W, et al. Occurrence characteristics and reason analysis of wheat head blight in 2018 in China [J]. *Plant Protection*, 2019, 45(2): 160.
- [4] 张昊, 陈万权. 小麦赤霉菌群体结构和病害监控技术研究进展[J]. 植物保护学报, 2022, 49(1): 250.
- ZHANG H, CHEN W Q. Research progresses on population structure of pathogen and monitoring and controlling technology of *Fusarium* head blight in wheat [J]. *Journal of Plant Protection*, 2022, 49(1): 250.
- [5] MERHEJ J, RICHARD-FORGET F, BARREAU C. Regulation of trichothecene biosynthesis in *Fusarium*: Recent advances and new insights [J]. *Applied Microbiology and Biotechnology*, 2011, 91(3): 519.
- [6] CHEN Y, KISTLER H C, MA Z. *Fusarium graminearum* trichothecene mycotoxins: Biosynthesis, regulation, and management [J]. *Annual Review of Phytopathology*, 2019, 57: 15.
- [7] PARRY D W, JENKINSON P, MCLEOD L. *Fusarium* ear blight (scab) in small grain cereals—A review [J]. *Plant Pathology*, 1995, 44(2): 207.
- [8] 全国小麦赤霉病研究协作组. 我国小麦赤霉病穗部镰孢菌种类、分布及致病性[J]. 上海师范学院学报(自然科学版), 1984(3): 69.
- National Wheat head blight Research Collaboration Group. Species, distribution, and pathogenicity of *Fusarium* species in wheat head blight in China [J]. *Journal of Shanghai Normal University* (Natural Science Edition), 1984(3): 69.
- [9] O'DONNELL K, WARD T J, GEISER D M, et al. Genealogical concordance between the mating type locus and seven other nuclear genes supports formal recognition of nine phylogenetically distinct species within the *Fusarium graminearum* clade [J]. *Fungal Genetics and Biology*, 2004, 41(6): 600.
- [10] ZHANG J B, LI H P, DANG F J, et al. Determination of the trichothecene mycotoxin chemotypes and associated geographical distribution and phylogenetic species of the *Fusarium graminearum* clade from China [J]. *Mycological Research*, 2007, 111(Pt 8): 967.
- [11] 李伟, 胡迎春, 陈莹, 等. 长江流域禾谷镰孢菌群部分菌株系统发育学、产毒素化学型及致病力研究[J]. 菌物学报, 2010, 29(1): 51.
- LI W, HU Y C, CHEN Y, et al. Phylogenetic analysis, chemotype diversity, and pathogenicity of the *Fusarium graminearum* clade in the Yangtze Basin [J]. *Mycosystema*, 2010, 29(1): 51.
- [12] 史文琦, 杨立军, 冯洁, 等. 小麦赤霉病流行区镰孢菌致病种及毒素化学型分析[J]. 植物病理学报, 2011, 41(5): 486.
- SHI W Q, YANG L J, FENG J, et al. Analysis on the population structure of *Fusarium* pathogenic spp. and its mycotoxin chemotypes in *Fusarium* head blight epidemic region [J]. *Acta Phytopathologica Sinica*, 2011, 41(5): 486.
- [13] ZHANG H, VAN DER LEE T, WAALWIJK C, et al. Population analysis of the *Fusarium graminearum* species complex from wheat in China show a shift to more aggressive isolates [J]. *PLoS One*, 2012, 7(2): e31722.
- [14] YANG M X, ZHANG H, KONG X J, et al. Host and cropping system shape the *Fusarium* population: 3ADON-producers are ubiquitous in wheat whereas NIV-producers are more prevalent in rice [J]. *Toxins*, 2018, 10(3): 115.
- [15] LESLIE J F, SUMMERELL B A. The *Fusarium* laboratory manual [M]. USA: Blacking Publishing, 2008.
- [16] 王拱辰, 郑重, 叶琪明, 等. 常见镰孢菌鉴定指南[M]. 北京: 中国农业科技出版社, 1996.
- WANG G C, ZHENG Z, YE Q M, et al. Guidelines for identification of common *Fusarium* fungi [M]. Beijing: China Agricultural Science and Technology Press, 1996.
- [17] NICHOLSON P, SIMPSON D R, WESTON G, et al. Detection and quantification of *Fusarium culmorum* and *Fusarium graminearum* in cereals using PCR assays [J]. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 1998, 53(1): 17.
- [18] ABEDI-TIZAKI M, ZAFARI D. Nucleotide polymorphisms and protein structure changes in the *Fg16* gene of *Fusarium graminearum* sensu stricto [J]. *Meta Gene*, 2016, 9: 62.
- [19] O'DONNELL K, KISTLER H C, TACKE B K, et al. Gene genealogies reveal global phylogeographic structure and reproductive isolation among lineages of *Fusarium graminearum*, the fungus causing wheat scab [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of A-*

- merica*, 2000, 97(14): 7905.
- [20] 张晓军, 肖进, 王海燕, 等. 小偃麦衍生品系的赤霉病抗性评价[J]. 作物学报, 2020, 46(1): 62.
ZHANG X J, XIAO J, WANG H Y, *et al.* Evaluation of resistance to *Fusarium* head blight in *Thinopyrum* - derived wheat lines [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2020, 46(1): 62.
- [21] 张昊. 中国麦类赤霉菌群体遗传多样性及生态适应性研究[D]. 北京: 中国农业科学院, 2011.
ZHANG H. Population genetic diversity and ecological adaptation of *Fusarium graminearum* species complex from wheat and barley in China [D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2011.
- [22] 杨美欣. 中国南方小麦赤霉菌群体遗传结构与初侵染源分析[D]. 北京: 中国农业科学院, 2019.
YANG M X. Population structure and primary inoculum of pathogen of *Fusarium* head blight on wheat in Southern China [D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2019.
- [23] YANG L J, VANDERLEE T, YANG X J, *et al.* *Fusarium* populations on Chinese barley show a dramatic gradient in mycotoxin profiles [J]. *Phytopathology*, 2008, 98(6): 719.
- [24] DESJARDINS A E, PROCTOR R H. Genetic diversity and trichothecene chemotypes of the *Fusarium graminearum* clade isolated from maize in Nepal and identification of a putative new lineage [J]. *Fungal Biology*, 2011, 115(1): 38.
- [25] SAMPIETRO D A, FICOSECO M E A, JIMENEZ C M, *et al.* Trichothecene genotypes and chemotypes in *Fusarium graminearum* complex strains isolated from maize fields of northwest Argentina [J]. *International Journal of Food Microbiology*, 2012, 153(1-2): 229.
- [26] 秦子惠, 任旭, 江凯, 等. 我国玉米穗腐病致病镰孢种群及禾谷镰孢复合种的鉴定[J]. 植物保护学报, 2014, 41(5): 589.
QIN Z H, REN X, JIANG K, *et al.* Identification of *Fusarium* species and *Fusarium graminearum* species complex causing maize ear rot in China [J]. *Journal of Plant Protection*, 2014, 41(5): 589.
- [27] 魏荐郦. 四川省小麦赤霉病与玉米茎腐病相互关系的研究[D]. 雅安: 四川农业大学, 2015.
WEI J L. Study on the relationship between wheat scab and corn stalk rot in Sichuan Province [D]. Yaan: Sichuan Agricultural University, 2015.
- [28] 徐雍皋, 陈利锋, 方中达. 玉蜀黍赤霉致病力分化的研究[J]. 南京农业大学学报, 1986, 9(3): 41.
XU Y G, CHEN L F, FANG Z D. Specialization in virulence of the wheat scab organism [J]. *Journal of Nanjing Agricultural University*, 1986, 9(3): 41.
- [29] 赵纯森, 马星霞, 武爱波, 等. 禾谷镰刀菌培养性状与致病力的相关性分析[J]. 华中农业大学学报, 2005, 24(3): 254.
ZHAOC S, MA X X, WU A B, *et al.* Correlation analysis between culture phenotypes of *Fusarium graminearum* schwa-be isolates and their pathogenicity [J]. *Journal of Huazhong Agricultural*, 2005, 24(3): 254.