北京林业大学学报
JOURNAL OF BEIJING FORESTRY UNIVERSITY

致病性腐皮镰刀菌筛选鉴定及其对‘宁杞1号’和‘宁杞5号’枸杞的致病性差异

张亚亚 吴一凡 温梦媛 张琇 徐春燕

Screening and identification of pathogenic *Fusarium solani* and its differential pathogenicity on *Lycium barbarum* ‘Ningqi-1’ and ‘Ningqi-5’

Zhang Yaya, Wu Yifan, Wen Mengyuan, Zhang Xiu, Xu Chunyan

引用本文:
张亚亚, 吴一凡, 温梦媛, 张琇, 徐春燕. 致病性腐皮镰刀菌筛选鉴定及其对‘宁杞1号’和‘宁杞5号’枸杞的致病性差异[J]. 北京林业大学学报, 2026, 48(1):62–72. doi: 10.12171/j.1000–1522.20250298
Zhang Yaya, Wu Yifan, Wen Mengyuan, Zhang Xiu, Xu Chunyan. Screening and identification of pathogenic *Fusarium solani* and its differential pathogenicity on *Lycium barbarum* ‘Ningqi–1’ and ‘Ningqi–5’[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2026, 48(1):62–72. doi: 10.12171/j.1000–1522.20250298

在线阅读 View online: https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20250298

您可能感兴趣的其他文章

Articles you may be interested in

枸杞 *SnRK*基因家族鉴定及表达分析

Identification and expression analysis of *SnRK* gene family in *Lycium barbarum*

北京林业大学学报, 2025, 47(11): 96–108. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20250274

欧美杨细菌性溃疡病菌双组分基因缺失突变及其生物学表型分析

Deletion mutations and its phenotypic analysis of two–component genes in *Lonsdalea populi*

北京林业大学学报, 2021, 43(9): 25–37. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20210007

基于MaxEnt模型的中华枸杞潜在分布预测及其重要影响因子分析

Prediction of potential distribution of *Lycium chinense* based on MaxEnt model and analysis of its important influencing factors

北京林业大学学报, 2021, 43(6): 23–32. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20200103

果生炭疽菌转录因子CfHac1的BRLZ结构域生物学功能研究

Functional analysis of BRLZ motif of the transcription factor CfHac1 in *Colletotrichum fructicola*

北京林业大学学报, 2021, 43(9): 70–76. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20210087

松材线虫效应因子基因筛选及*Bx–Hh–grl*功能研究

Screening of effector genes of *Bursaphelenchus xylophilus* and the function of *Bx–Hh–grl*

北京林业大学学报, 2021, 43(9): 87–93. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20210002

响应槲皮素诱导的美国白蛾GST基因鉴定及表达分析

Identification and expression analysis of GST genes in response to quercetin induction in *Hyphantria cunea*

北京林业大学学报, 2023, 45(11): 110–118. https://doi.org/10.12171/j.1000–1522.20220181

DOI:10.12171/j.1000−1522.20250298

致病性腐皮镰刀菌筛选鉴定及其对‘宁杞 1 号’和‘宁杞 5 号’枸杞的致病性差异

张亚亚[1] 吴一凡[1] 温梦媛[2] 张 琇[2] 徐春燕[1]

（1. 宁夏大学生命科学学院，西部特色生物资源保护与利用教育部重点实验室，宁夏 银川 750021；2. 北方民族大学生物科学与工程学院，宁夏特殊生境微生物资源开发与利用重点实验室，宁夏 银川 750021）

摘要:【目的】筛选鉴定致病性腐皮镰刀菌，并探究腐皮镰刀菌对抗性品种‘宁杞 1 号’和易感品种‘宁杞 5 号’枸杞侵染能力差异，明确两个栽培品种枸杞在抵御病原菌方面的特点和优势，以期为深入阐明枸杞与腐皮镰刀菌的互作机制提供理论线索，并进一步为抗病枸杞育种及根腐病防控奠定基础。**【方法】**首先通过形态特征对实验室保藏的 22 株腐皮镰刀菌进行了初步分类筛选，之后挑选出 6 株菌株将其回接于枸杞盆栽中，依据枸杞的根部腐烂程度、植株生长状态及根部真菌再分离结果筛选致病性病原菌。基于转录间隔区 ITS 以及 *TEF*、*RPB*1、*CaM* 基因片段构建系统发育树鉴定致病性病原菌的亲缘关系，利用鉴定出的致病性病原菌分别侵染抗性品种‘宁杞 1 号’和易感品种‘宁杞 5 号’枸杞，记录生长表型，计算发病率与病情指数，采用扫描电镜观察病原菌入侵与分布情况，并通过测定枸杞植株光合指标、根系活力和抗逆指标等对比分析病原菌对抗性品种和易感品种的致病性差异。**【结果】**(1)相较于回接至枸杞的其他 5 株真菌，菌株 QT113 的致病性最强，基于多基因片段鉴定其为腐皮镰刀菌。(2)菌株 QT113 侵染后，‘宁杞 1 号’和‘宁杞 5 号’枸杞地上部分植株均表现为叶片发黄，大部分叶片掉落，植株逐渐枯死；植株根部附着白色菌丝，根组织软化变黑甚至腐烂，皮层脱落或易于剥离。(3)与抗性品种‘宁杞 1 号’相比，易感品种‘宁杞 5 号’根部韧皮薄壁细胞内充斥大量菌丝，根皮组织疏松，破碎程度严重，颗粒状沉积物较多，两个枸杞栽培品种接种菌株 QT113 后的发病率均达 100%，病情指数分别为 83% 和 98%，病原菌对‘宁杞 5 号’的侵染程度更深。(4)生理生化水平上，接种 QT113 后，‘宁杞 5 号’的光合参数与根系活力下降更明显，丙二醛积累量较高，而叶片与根部中 SOD、POD、CAT 等抗氧化酶活性升幅均低于‘宁杞 1 号’，说明其抗氧化响应能力较弱，导致膜脂过氧化损伤更为严重。**【结论】**腐皮镰刀菌 QT113 对‘宁杞 1 号’和‘宁杞 5 号’枸杞均有较强致病性，但‘宁杞 5 号’枸杞光合参数之间的协同性、抗氧化能力、生理状态和防御响应能力较差，更容易受到腐皮镰刀菌 QT113 严重侵染而引发根腐病。研究结果将为宁夏枸杞抗病品种选育提供参考，并为腐皮镰刀菌引起的根腐病害精准防控提供理论支撑。

关键词：枸杞；腐皮镰刀菌；多基因鉴定；致病性；根腐病

中图分类号：S567.19 **文献标志码：**A **文章编号：**1000−1522(2026)01−0062−11

引文格式：张亚亚，吴一凡，温梦媛，等. 致病性腐皮镰刀菌筛选鉴定及其对‘宁杞 1 号’和‘宁杞 5 号’枸杞的致病性差异[J]. 北京林业大学学报，2026，48(1)：62−72. Zhang Yaya, Wu Yifan, Wen Mengyuan, et al. Screening and identification of pathogenic *Fusarium solani* and its differential pathogenicity on *Lycium barbarum* ‘Ningqi-1’ and ‘Ningqi-5’[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2026, 48(1): 62−72.

Screening and identification of pathogenic *Fusarium solani* and its differential pathogenicity on *Lycium barbarum* ‘Ningqi-1’ and ‘Ningqi-5’

Zhang Yaya[1] Wu Yifan[1] Wen Mengyuan[2] Zhang Xiu[2] Xu Chunyan[1]

收稿日期: 2025−08−04 **修回日期:** 2025−11−24

基金项目: 宁夏回族自治区教育厅高等学校科学研究项目（NYG2024025），宁夏特殊生境微生物资源开发与利用重点实验室开放课题（NXTSL2507）。

第一作者: 张亚亚，博士生。主要研究方向：微生物资源开发与利用。Email：2147880539@qq.com 地址：750021 宁夏回族自治区银川市西夏区贺兰山西路 539 号宁夏大学生命科学学院。

责任作者: 徐春燕，教授，博士生导师。主要研究方向：微生物资源开发与利用。Email：xcy@nxu.edu.cn 地址：同上。

本刊网址: https://j.bjfu.edu.cn；https://journal.bjfu.edu.cn

(1. School of Life Sciences, Key Laboratory of Ministry of Education for Protection and Utilization of Special Biological Resources in the Western China, Ningxia University, Yinchuan 750021, Ningxia, China;
2. College of Biological Science and Engineering, Ningxia Key Laboratory for the Development and Application of Microbial Resources in Extreme Environments, North Minzu University, Yinchuan 750021, Ningxia, China)

Abstract: [**Objective**] Screening and identification of pathogenic *Fusarium solani*, and investigating its differential infectivity towards the resistant cultivar ‘Ningqi-1’ and the susceptible cultivar ‘Ningqi-5’, aim to clarify the characteristics and advantages of these two *Lycium barbarum* cultivars in resisting pathogen invasion. This study is expected to provide theoretical clues for in-depth elucidation of the interaction mechanism between *L. barbarum* and *F. solani* and further lay a foundation for breeding of disease-resistant *L. barbarum* and the control of root rot. [**Method**] Initially, a preliminary classification and screening of 22 strains of *F. solani* preserved in the laboratory was conducted based on morphological characteristics. Subsequently, 6 strains were selected and inoculated into potted plants. Pathogenic strains were identified based on the severity of root rot, plant growth status, and results of fungal re-isolation from the roots. Based on the internal transcribed spacer (ITS) region and gene fragments of *TEF*, *RPB*1, and *CaM*, phylogenetic trees were constructed to clarify the phylogenetic position of the pathogenic strain. The identified pathogenic strain was used to infect the resistant cultivar ‘Ningqi-1’ and the susceptible cultivar ‘Ningqi-5’. Plant growth phenotypes were recorded, and both the disease incidence and disease index were calculated. Scanning electron microscopy (SEM) was employed to observe pathogen invasion and distribution. Additionally, this study evaluated the differential responses of the resistant and susceptible cultivars to the pathogen by measuring photosynthetic parameters, root activity, and stress resistance indicators of the plants. [**Result**] (1) Compared with the other five strains inoculated into *L. barbarum*, strain QT113 exhibited the strongest pathogenicity and was identified as *F. solani* based on multi-gene sequence analysis. (2) After inoculation with QT113, both the ‘Ningqi-1’ and ‘Ningqi-5’ plants showed yellowing leaves, massive leaf abscission, and progressive wilting. The root systems showed colonization by white hyphae, accompanied by tissue softening, blackening, and decay, as well as cortical sloughing or easy detachment. (3) Compared with the resistant cultivar ‘Ningqi-1’, the susceptible cultivar ‘Ningqi-5’ had a large amount of hyphae proliferating within the phloem parenchyma cells of the roots, loose root cortex tissue, severe structural fragmentation, and abundant granular deposits. Strain QT113 infected two cultivars with 100% disease incidence, with disease indices of 83% and 98%, respectively, indicating a more severe degree of infection by the pathogen in ‘Ningqi-5’. (4) At the physiological and biochemical level, after inoculation with QT113, the photosynthetic parameters and root activity of ‘Ningqi -5’ declined more significantly, accompanied by higher MDA accumulation. Meanwhile, the activities of antioxidant enzymes such as SOD, POD and CAT increased to a lesser extent in both leaves and roots of ‘Ningqi-5’ than in those of ‘Ningqi-1’, indicating a weaker antioxidant response and consequently more severe membrane lipid peroxidation damage. [**Conclusion**] *F. solani* QT113 exhibits strong pathogenicity toward both ‘Ningqi-1’ and ‘Ningqi-5’. However, ‘Ningqi-5’ demonstrates weaker coordination among photosynthetic parameters, lower antioxidant capacity, poorer physiological status, and reduced defensive responsiveness, making it more susceptible to severe infection and root rot. The findings of this study are expected to provide a reference for breeding resistant cultivars of *L. barbarum* in Ningxia and furnish a theoretical basis for the precise management of root rot caused by *F. solani*.

Key words: *Lycium barbarum*; *Fusarium solani*; multi-gene identification; pathogenicity; root rot

枸杞(*Lycium barbarum*)为茄科(Solanaceae)多年生落叶灌木，在全球皆有分布，具有抗衰老、抗氧化、抗肿瘤、降血糖、降血脂、免疫调节、保护神经系统及生殖系统等重要功能，药理活性多样且安全可靠，在中医药中占据重要地位[1]。宁夏作为枸杞的发源地与道地产区，在全国枸杞产业中基础最好，生产

要素最全，品牌优势最突出。宁夏枸杞栽培品种丰富，仅宁杞系列品种已有 10 余种，其中‘宁杞 1 号’‘宁杞 5 号’‘宁杞 7 号’是推广栽培的主栽品种[2]。

‘宁杞 1 号’树势强健，生长快，抗根腐病能力强，适应性广且性状稳定，但因果实小、产量低，难以满足市场需求[3]。‘宁杞 5 号’由‘宁杞 1 号’繁育而成，植株生长旺盛，对土壤要求较低，且耐寒、耐旱、耐盐碱，因果实大而深受欢迎，种植面积迅速扩大[4]。然而，随着枸杞连作年限增加，根腐病发病率可达 53.2%，严重威胁枸杞产量和品质[5]。田间调查发现，‘宁杞 5 号’较其他品种更易感染根腐病[6]。宁夏农户及枸杞种植基地开始改种其他品种，但即便更换品种或复种健康植株，病害仍持续发生，根腐病也成为了限制我国道地枸杞种植业可持续发展的重要问题。

枸杞根腐病主要由镰刀菌属（*Fusarium*）病原菌引起，其中腐皮镰刀菌（*Fusarium solani*）分离频率最高，是宁夏枸杞的关键病原菌[7]。该病原菌具有典型的菌株异质性，可导致多种农作物病害的发生[8]，依据致病力可分为致病性和非致病性菌株[9]。镰刀菌分布广泛，其形态特征和生理特性易变异，单靠形态特征难以区分亲缘关系相近的种类，近年来，多基因联合构建系统发育树被广泛用于真菌鉴定，有效提升了鉴定的准确性与可靠性[10−11]。不同菌株对同一栽培品种的致病性存在差异，同一菌株对不同栽培品种的致病性也不尽相同，主要在于植物与病原菌的长期互作影响了病原菌的致病能力[12−13]。比如：‘宁杞 1 号’主要通过参与植物激素信号转导，丝裂原活化蛋白激酶（MAPK）信号通路和苯丙烷生物合成过程，以及黄酮生物合成等代谢通路响应病原菌入侵；而‘宁杞 5 号’除调控植物激素信号转导途径外，还可通过能量调配及稳定生理节律等进行响应[14]。目前枸杞根腐病的研究多集中在病原菌鉴定、生防菌筛选、土壤微生物多样性和分子层面的通路响应差异等方面[15]，对植株生理指标的动态变化则缺乏系统性研究。

基于此，本文拟首先通过形态特征对实验室保藏的 22 株腐皮镰刀菌进行了初步分类筛选，挑选 6 株代表性菌株基于科赫法则采用盆栽实验回接验证其致病性，并获得致病性菌株，并结合多基因联合构建进化树确定其分类学地位，最后基于植株形态、光合指标和抗逆指标评估致病性菌株对抗性品种‘宁杞 1 号’和易感品种‘宁杞 5 号’的致病性差异。研究结果将为阐明枸杞与腐皮镰刀菌互作机制提供理论参考，为枸杞的生态种植和根腐病的可持续绿色防控策略提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 研究材料

从患根腐病的枸杞腐根中分离纯化出 22 株镰刀菌，保藏于本实验室。本研究所用枸杞植株（‘宁杞 1 号’和‘宁杞 5 号’）分营养钵苗和裸根苗两批种植，前者采集于 2023 年 10 月，用于致病性菌株的筛选；后者采集于 2024 年 5 月，用于病情指数的统计和生理指标的测定。采集地均为宁夏海原县三河镇（36°36′N，106°10′E）。本研究所用培养基为 PDB 和 PDA 培养基，配置方法参考唐秀丽等[16]研究。

1.2 研究方法

1.2.1 菌悬液的制备

将菌种接入到 PDA 培养基，28 ℃ 恒温培养 5 d 后，使用灭菌后的打孔器将其制作成直径为 5 mm 的菌饼，接种于 PDB 培养基中，28 ℃ 150 r/min 震荡培养 5 d 后形成菌悬液。

1.2.2 腐皮镰刀菌的致病性验证

采用伤根法和灌根法相结合的方法检验各镰刀菌对枸杞的致病性。选取表型健壮、叶片饱满、根系旺盛无损伤的 1 年生的‘宁杞 1 号’和‘宁杞 5 号’枸杞营养钵苗，移栽至内口径为 30 cm、高为 23 cm 的花盆中，栽种基质为沙土、营养土、椰糠体积比为 1∶1∶1 的混合土壤，平茬处理后于室外统一管理至枸杞植株叶片茂盛。依据科赫法则对腐皮镰刀菌的致病性进行验证：取长势一致的健康株（共 60 株）进行回接实验，每个待测菌株回接 5 盆，同时设对照组 5 盆。将枸杞植株根部周围土壤剖开，用灭菌后的刀片轻微划伤枸杞根部，每盆浇灌病原菌菌悬液 100 mL，用作对照的枸杞幼苗伤根后每盆浇灌 PDB 液体培养基 100 mL。将处理后的植株置于室外继续培育，每 5 d 浇透水并于次日松土，记录各植株的生长表型，直至植株发病出现明显症状后，再次挖出腐根分离并纯化，根据形态特征及转录间隔区（ITS）序列特征判断再次分离得到的菌株是否与所接种的菌株一致，若结果一致即确定该菌株为枸杞根腐病的致病性病原菌。

1.2.3 致病性腐皮镰刀菌的多基因鉴定

利用天根生化科技有限公司生产的真菌基因组 DNA 提取试剂盒提取腐根菌株总 DNA 作为模板，分别使用转录间隔区 ITS，以及 *TEF*、*RPB*1、*CaM* 这 3 个基因的引物对菌株进行 PCR 扩增，引物信息及扩增程序见表 1。将 PCR 扩增产物用 1% 琼脂糖凝胶在 120 V 电压条件下电泳 30 min，并使用凝胶成像仪进行检测。检测合格的 PCR 产物送至生工生物工程（上海）有限公司进行测序。将最后获得的序

表 1　腐皮镰刀菌多基因片段的 PCR 扩增

Tab. 1　PCR amplification of multiple gene fragments of *Fusarium solani*

引物	碱基序列(5′—3′)	反应程序	反应体系
ITS	F: TCCGTAGGTGAACCTGCGG R: TCCTCCGCTTATTGATATGC	95 ℃预变性5 min；95 ℃变性30 s，55 ℃退火30 s，72 ℃延伸50 s，共35个循环；72 ℃延伸10 min，4 ℃保存	PCR Mix 20 μL，模板DNA 2 μL，上游引物2 μL，下游引物2 μL，ddH_2O 14 μL，共40 μL
TEF	F: ATGGGTAAGGAAGACAAGAC R: GGAAGTACCAGTGATCATGTT	94 ℃预变性5 min；94 ℃变性40 s，53 ℃退火30 s，72 ℃延伸1 min，共35个循环；72 ℃延伸7 min，4 ℃保存	
RPB1	F: CAAGTACGTCATTCGCGCAG R: CAGTAGCCATAGCGGTGAGG	94 ℃预变性5 min；94 ℃变性45 s，60 ℃退火45 s，72 ℃延伸1 min，共35个循环；72 ℃延伸10 min，4 ℃保存	PCR Mix 10 μL，模板DNA 1 μL，上游引物1 μL，下游引物1 μL，ddH_2O 7 μL，共20 μL
CaM	F: GACGAATTACGGCAATATCG R: ATATCCTTGAGCAACTCCTC	94 ℃预变性3 min；94 ℃变性30 s，53 ℃退火30 s，72 ℃延伸30 s，共40个循环；72 ℃延伸10 min，4 ℃保存	PCR Mix 12.5 μL，模板DNA 1 μL，上游引物1 μL，下游引物1 μL，ddH_2O 9.5 μL，共25 μL

列通过 NCBI 网站进行同源性比对，下载参比序列，利用 MEGA 5.1 软件使用最大似然法构建系统发育树，bootstrap 检验次数设为 1 000 次。

1.2.4　植株的根腐病发病率和病情指数

选取长势一致的‘宁杞 1 号’和‘宁杞 5 号’枸杞裸根苗幼苗健康株各 30 株，接入前文鉴定出的腐皮镰刀菌 QT113 后，定期(1 ~ 28 d)记录各植株的生长表型，并通过表型划分等级(表 2)，计算枸杞的发病率(C)和病情指数(DSI)。

$$C = (n/N) \times 100\% \tag{1}$$

$$\mathrm{DSI} = \frac{\sum (n_i v_i)}{(V_{\max} N)} \times 100\% \tag{2}$$

式中：n 为病株数，N 为调查总株数，n_i 为各级发病株数；v_i 为病害分级代表值；$V_{\max}$ 为病情最高级代表值。

1.2.5　根组织的扫描电镜观察

选取对照组(‘宁杞 1 号’和‘宁杞 5 号’)和患病株(‘宁杞 1 号’和‘宁杞 5 号’)各 5 株，采集对照组(1-CK 和 5-CK)和接菌组(1-F 和 5-F)的根组织样品，将其剪成 0.2 ~ 0.5 cm 的组织块。采取的枸杞根部样品经磷酸盐缓冲液(PBS)清洗去除表面附着物，加入 3% 戊二醛预固定后，超纯水清洗 3 次，每次 10 min，再经 1% 锇酸固定 1 ~ 2 h，依次经过超纯水超声清洗 3 次，每次 10 min，随后采用梯度乙醇(30%、50%、70%、90%、100%)进行脱水处理，每次处理 10 min。

表 2　枸杞根腐病病情级数的分类等级

Tab. 2　Classification level of disease severity for root rot of *L. barbarum*

病情级数	表型
0级	健康无病
1级	1/4及其以下叶尖、叶片变黄，无叶片脱落
2级	1/4 ~ 1/2叶尖和叶片变黄、变枯，1/4以下叶片脱落
3级	1/2 ~ 3/4叶尖和叶片变黄、变枯，1/4 ~ 1/2叶片脱落
4级	3/4以上叶尖和叶片变黄、变枯，1/2 ~ 3/4叶片脱落
5级	全部叶片变黄、变枯，3/4以上叶片脱落

脱水完成后，将样本置于临界点干燥仪中进行干燥处理，后用导电胶固定样品，并利用离子溅射仪进行表面镀金。最后在扫描电镜下选取典型区域，不同放大倍数下进行观察。

1.2.6　植株的生理指标测定

1.2.6.1　光合指标和抗逆活性物质

叶片作为光合作用与初级代谢的核心器官，其生理状态能揭示病原菌侵染对植物光合器官氧化应激水平与细胞膜损伤的直接影响。而根部则承担水分养分吸收、次生代谢及土壤互作等重要功能，分析根部抗氧化酶活性与膜脂过氧化产物，能够评估病原侵染对枸杞抗氧化防御系统及细胞膜稳定性的影响。为探究接种菌株 QT113 对枸杞根部和叶片的影响，在接入病原菌后第 14 天，从每个接菌组和对照组中随机选择长势较为一致的 10 株枸杞苗，分别使用便携式植物光合测定仪和相对叶绿素含量测定仪定期测定枸杞植株净光合速率(P_n)、蒸腾速率(T_r)、胞间 CO_2 浓度(C_i)、气孔导度(G_s)、水分利用率(WUE)和相对叶绿素含量(SPAD)等各项指标。测定参数设置为流量时间 30 s，流量 1 000 mL/min，叶片面积 1.1 cm^2，光强 1 500 μmol/(m^2·s)。选择无风晴朗的天气在 08：30—11：30 之间进行测定，每株测定 3 次。同时期，分别采集两个栽培品种枸杞叶片和根部组织，将采集的叶片和根部组织用无菌水冲洗 3 次后测定叶绿素含量、超氧化物歧化酶(SOD)、丙二醛(MDA)、过氧化物酶(POD)、过氧化氢酶(CAT)指标，详细的测定方法参考张志良等的研究[17]。

1.2.6.2　根系活力

配置 0.4% 四氮唑(TTC)溶液，制作标准曲线。取 0.5 g 根尖组织置于 25 mL 刻度试管中，依次加入 5 mL 0.4% TTC 溶液和 5 mL PBS 溶液，混匀后于 37 ℃ 避光孵育 3 h，完成显色反应。反应结束后，加入 2 mL 1 mol/L 硫酸溶液终止反应。取终止反应后的根尖用吸水纸吸干表面溶液，随后转移至 25 mL 带刻度试管中，加入 10 mL 甲醇完全浸没根尖，然后转移至 37 ℃ 保温箱中黑暗浸提，直至根尖完全变

白。取浸提液在 485 nm 波长下测定吸光度值，计算 TTC 还原量（M，μg），以甲醇作空白调 0，计算四氮唑还原强度（T）来表征根系活力。

$$T = \frac{M}{WH} \tag{3}$$

式中：W 为根尖质量（g）；H 为时间（h）。

1.2.7 相关性分析

为系统比较‘宁杞 1 号’和‘宁杞 5 号’两个枸杞栽培品种的生理状态，揭示不同品种内部生理调控网络的整体差异，本研究采用相关性聚类热图法对其生理指标的内在关联性进行了可视化分析。具体工作通过迈维云平台（https://cloud.metware.cn）完成。

1.2.8 数据处理

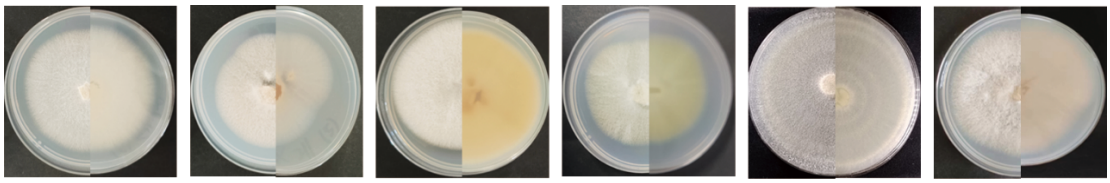
对测定的枸杞植株的各光合指标、根系活力、抗逆活性物质等指标采用 Excel 2016 软件进行数据统计，通过 GraphPad Prism 10.2.3 和 SPSS 2016 等软件进行数据分析，单因素方差分析检验显著性。

2 结果与分析

2.1 致病性腐皮镰刀菌的筛选

依据 PDA 培养基上形态特征，对实验室前期分离保藏的 22 株腐皮镰刀菌进行分类，包括菌落呈现的白色、黄色、灰色等不同颜色，菌丝毡状稀疏或密集，或呈卷羊毛状，菌落色素分泌等表型特征，筛选出 6 株代表性菌株（QT113、QX211、QX214、QT106、QT130、QT204）用于致病性测定（图 1）。

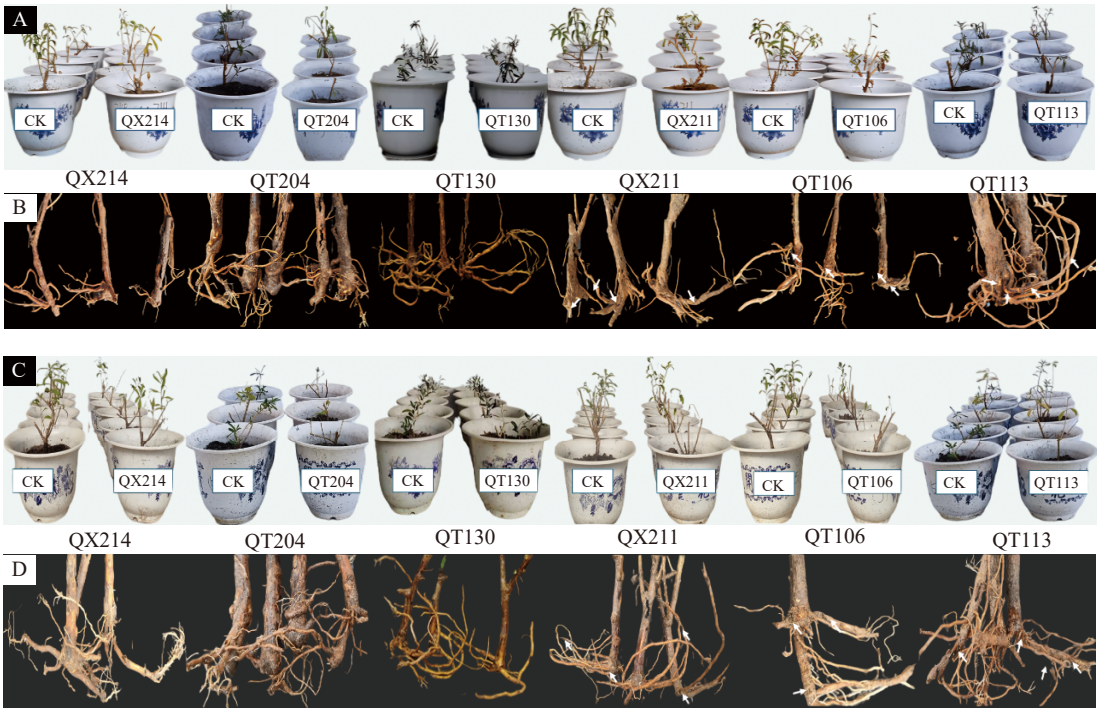
回接实验结果显示（图 2）：菌株 QT113、QT106、QX211 对‘宁杞 1 号’和‘宁杞 5 号’两个栽培品种都具有致病能力；QT204 和 QX214 的致病作用较弱，而 QT130 对两个品种枸杞完全不致病。具体来说，菌株 QT113 对两个栽培品种枸杞都有强致病性，短时间内使枸杞叶尖变黄，卷曲，随后叶片逐渐枯萎并



每个图片左边为菌落正面形态，右边为菌落背面形态。

图 1 筛选出的腐皮镰刀菌形态

Fig. 1 Morphology of selected *F. solani*



A和B分别是‘宁杞1号’接入6株代表性菌株的植株形态和根部形态；C和D分别是‘宁杞5号’接入6株代表性菌株的植株形态和根部形态。白色箭头表示根部腐烂部位。

图 2 接入腐皮镰刀菌后枸杞的植株表型和根部形态

Fig. 2 Plant morphology and root morphology of *L. barbarum* after inoculation with *F. solani*

大量脱落，植株根部局部腐烂成褐色，根部皮层脱落且附着有少量菌丝，最终导致植株干枯死亡，符合根腐病发病症状。菌株 QT106 和 QX211 分别接种 14 d 后，植株大量叶片枯萎变黄，根部发黑腐烂，但患病程度相对 QT113 较轻。菌株 QT204 和 QX214 对两栽培品种枸杞的致病力微乎其微，表现为植株地上表型出现叶片脱落和枯萎症状，但是根部组织未出现软化和腐烂的情况。接种菌株 QT130 后，两栽培品种枸杞植株的地上形态和根部形态都没有表现出根腐病的症状，与对照组生长状况无异。取具有明显根腐病症状的枸杞腐根采用组织分离法进行病原菌再分离，形态学和分子生物学鉴定显示与所接入的菌株一致，表明菌株 QT113、QT106、QX211 均为宁夏枸杞根腐病病原菌，其中 QT113 的致病性最强，后续将进一步深入研究。

2.2　菌株 QT113 的多基因鉴定

使用 NCBI 的 BLAST 工具对菌株 QT113 的特征序列进行比对，下载相似性高的序列进行系统发育树的构建。基于转录间隔区 ITS 构建的系统发育树（图 3A）显示，菌株 QT113 与 G2（ON314805.1）和 FsPk01（MW131114.1）等腐皮镰刀菌聚在一支，且同源性达到 96%；基于 *TEF* 基因片段构建的系统发育树（图 3B）显示，菌株 QT113 与 F137（OQ511062.1）和 Hg-1（OR420659.1）等腐皮镰刀菌聚在一支，同源性可达 99%；基于 *RPB*1 基因片段构建的系统发育树（图 3C）中，菌株 QT113 与 GR_FS73（MT305114.1）和 GR_FS229（MT305122.1）等腐皮镰刀菌聚在一支，同源性可达到 85%；基于 *CaM* 基因片段构建的系统发育树（图 3D）中，菌株 QT113 与腐皮镰刀菌 MRS44_012654（XM_046269404.1）同源性达到 96%。基于上述 ITS 转录间隔区和 3 个基因片段的鉴定结果，将致病性菌株 QT113 归为腐皮镰刀菌。

2.3　2 个栽培品种枸杞接种病原菌 QT113 后的发病情况

2.3.1　表型特征

将致病性腐皮镰刀菌 QT113 接入‘宁杞 1 号’和‘宁杞 5 号’两个栽培品种植株根部，观察植株表型，并在植株表现出发病症状的不同时期，拍照记录植株状态和根部形态。与健康的‘宁杞 1 号’（图 4A，图 4C）相比：接种腐皮镰刀菌 QT113 后，患病枸杞地上部分叶片明显黄化，大量脱落，整体呈现枯死状态（图 4B）；根部有白色菌丝附着，部分根组织软化变黑并出现腐烂现象（图 4D）。与健康的‘宁杞 5 号’（图 4E，图 4G）相比，患病枸杞地上部分同样出现叶片黄化脱落及植株枯死（图 4F）；但根部受害程度明显加深，不仅附着大量白色菌丝，根组织软化变黑现象更为普遍，且根部皮层易剥离、脱落，组织结构腐烂程度也明显重于‘宁杞 1 号’（图 4H）。

2.3.2　根组织的扫描电镜观察

接种 14 d 后，采集健康植株和患病植株的根，固定后在扫描电镜下观察其解剖结构及病原菌入侵与分布情况，并拍照。结果（图 5）表明：‘宁杞 1 号’和‘宁杞 5 号’两个栽培品种对照组的植株根系表面光滑，细胞排列整齐紧密完整（图 5A，图 5B，图 5E，图 5F）。与对照组相比，在‘宁杞 1 号’腐根上观察到少量菌丝已经附着在根的外表皮，细胞内观察到部分菌丝缠

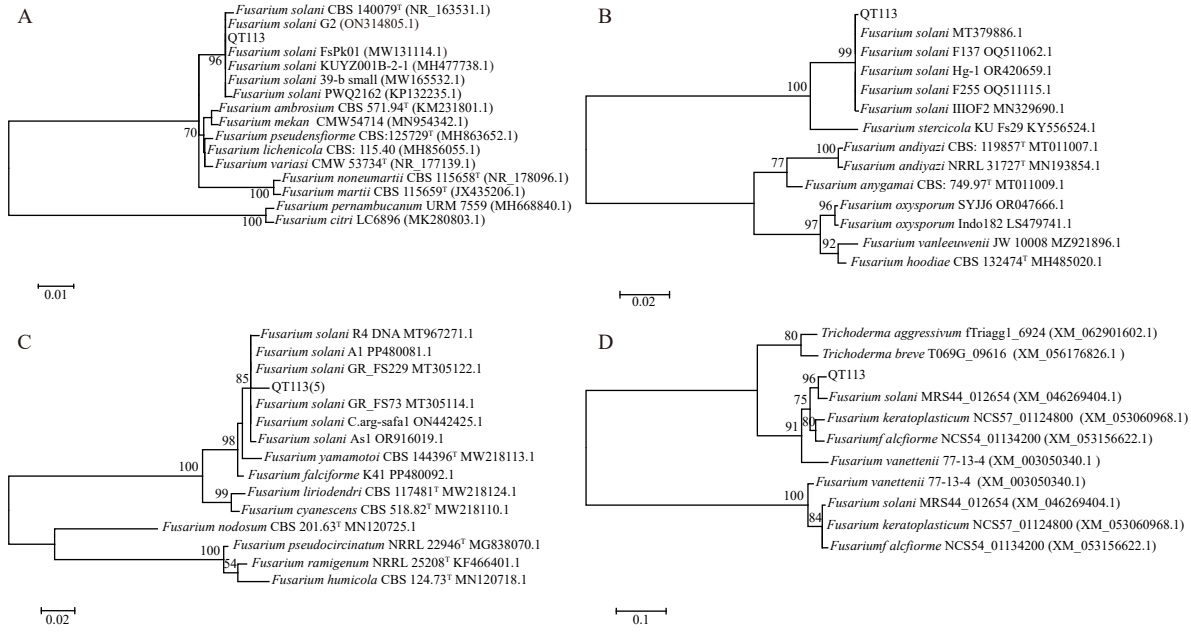
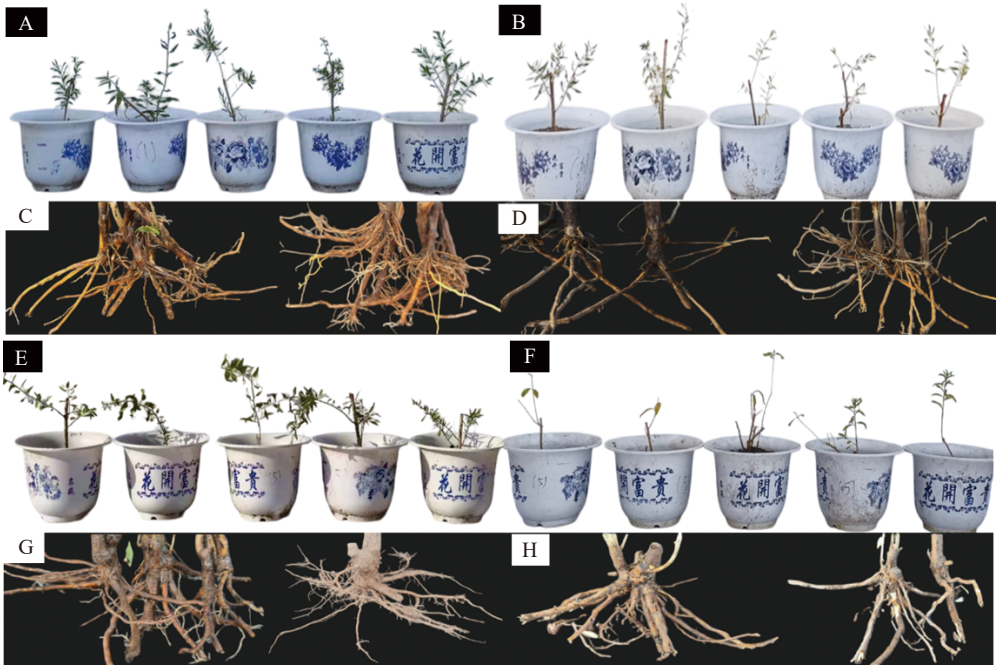


图 3　基于 ITS 序列（A）、*TEF*（B）、*RPB*1（C）、*CaM*（D）多基因片段构建的系统发育树

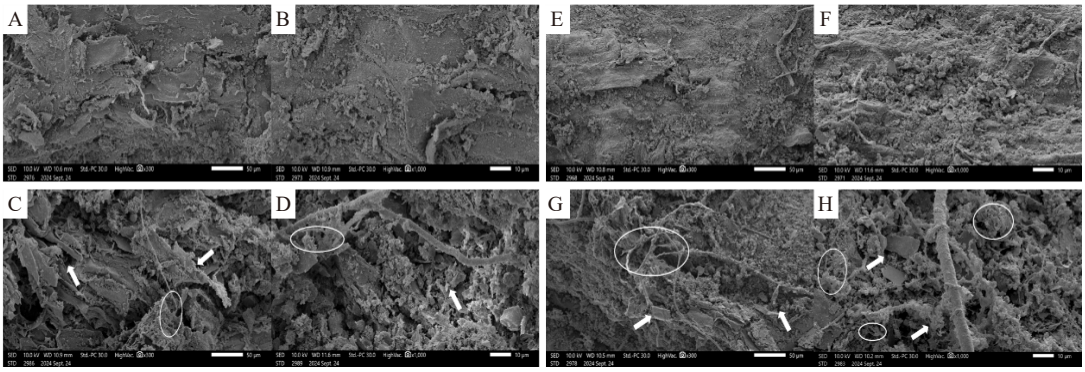
Fig. 3　Phylogenetic trees constructed from ITS sequence (A) and multiple gene fragments of *TEF* (B), *RPB*1 (C) and *CaM* (D)



A和C是‘宁杞1号’健康枸杞植株形态和根部形态；B和D是‘宁杞1号’患病枸杞植株形态和根部形态；E和G是‘宁杞5号’健康枸杞植株形态和根部形态；F和H为‘宁杞5号’患病枸杞植株形态和根部形态。

图 4 接入菌株 QT113‘宁杞 1 号’和‘宁杞 5 号’植株形态变化

Fig. 4 Morphological changes of ‘Ningqi-1’and‘Ningqi-5’ plants after inoculation with strain QT113



A和B是‘宁杞1号’健康株×300倍和×1 000倍；C和D是‘宁杞1号’患病株×300倍和×1 000倍；E和F是‘宁杞5号’健康株×300倍和×1 000倍；G和H是‘宁杞5号’患病株×300倍和×1 000倍。图中箭头表示根皮组织腐烂的地方，椭圆表示菌丝呈现结状。

图 5 接入菌株 QT113‘宁杞 1 号’和‘宁杞 5 号’根部电镜观察

Fig. 5 Electron microscopy observations on the roots of ‘Ningqi-1’and‘Ningqi-5’ after inoculation with strain QT113

绕形成网织状，呈现出典型的菌丝圈结构或变为零碎的菌丝段，根皮组织出现不完全破碎现象(图 5C，图 5D)；‘宁杞 5 号’患病植株枸杞腐根的周皮组织、韧皮部组织都被 QT113 侵染，韧皮薄壁细胞内充满了大量菌丝，菌丝呈形状不规则的致密团块状或结状结构，侵染程度较深，整个根皮组织疏松破碎；且菌丝在整个面上的分布并不均匀，而是集中在一定的区域(图 5G，图 5H)。这是由于定殖在一个细胞内的菌丝体会穿透细胞壁，进而侵染周围相邻的细胞，导致细胞壁结构被破坏，细胞解体，出现大量沉积物。由此可见，在相同的时间节点，‘宁杞 1 号’‘宁杞 5 号’两个栽培品种植株受到 QT113 侵染时，根系都会出现腐烂、组织软化等现象，相较之下，病原菌 QT113 对‘宁杞 5 号’根组织的侵染程度比‘宁杞 1 号’更深。

2.3.3 发病率和病情指数

统计接种 QT113 不同时期植株的发病率和病情指数(表 3)发现：在第 7～28 d 时间段内‘宁杞 1 号’‘宁杞 5 号’两个栽培品种枸杞植株的根腐病症状逐渐显现，第 7 天开始出现明显的发病症状，‘宁杞 1 号’发病率达到 73%，但病情指数仅到 27%，‘宁杞 5 号’发病率达 77%，病情指数为 29%；第 14 天时，‘宁杞 1 号’枸杞的发病率和病情指数分别达到 90% 和 66%，而‘宁杞 5 号’枸杞的发病率和病情指数分别达到了 97% 和 73%。随着时间的推移，两个品种的发病率和病情指数继续增大，在第 28 天时，二者

表 3　接入菌株 QT113 后枸杞的发病率和病情指数

Tab. 3　Incidence rates and disease index of *L. barbarum* after inoculation with strain QT113

品种	时间	0级株数	1级株数	2级株数	3级株数	4级株数	5级株数	发病率/%	病情指数/%
‘宁杞1号’	第7天	8	9	7	6	0	0	73	27
	第14天	3	5	3	4	8	7	90	66
	第28天	0	1	3	4	5	17	100	83
‘宁杞5号’	第7天	7	7	12	4	0	0	77	29
	第14天	1	1	2	5	10	10	97	73
	第28天	0	0	0	1	1	28	100	98

的发病率均达到 100%，‘宁杞 1 号’和‘宁杞 5 号’病情指数分别达到 83% 和 98%。综上，腐皮镰刀菌 QT113 对两个栽培品种均具有高度致病性，且对‘宁杞 5 号’植株的致病作用显著高于‘宁杞 1 号’，盆栽实验结果与田间调查结果一致。这再一次证明了‘宁杞 1 号’和‘宁杞 5 号’枸杞对于腐皮镰刀菌 QT113 的侵染分别属于抗性品种和易感品种。

2.4　2 个栽培品种枸杞对腐皮镰刀菌侵染的生理响应

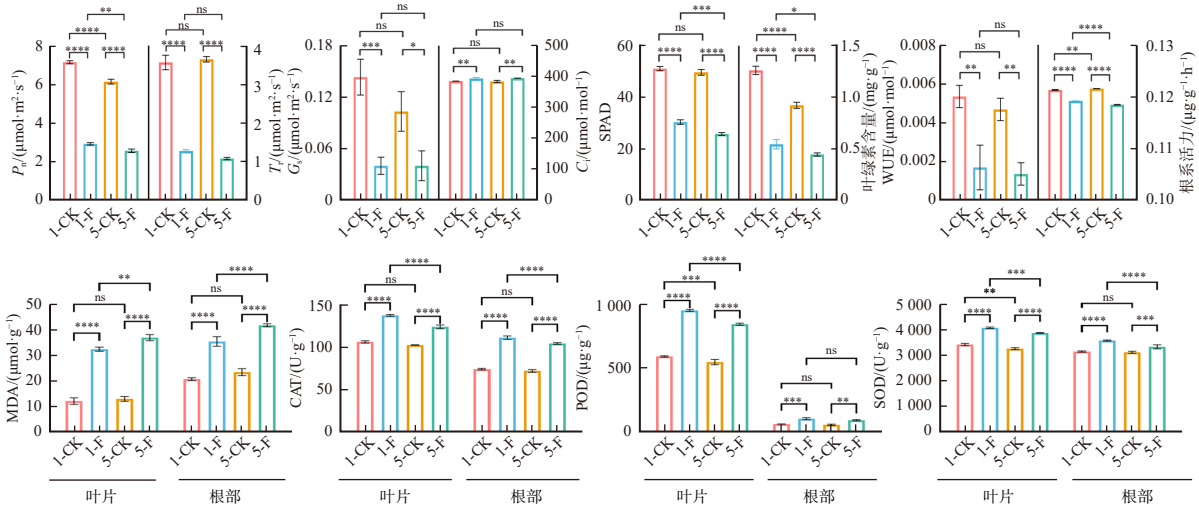
2.4.1　光合特性与叶片生理的响应

根据接种病原菌后植株的病情指数和形态特征，选择第 14 天的样品测定‘宁杞 1 号’‘宁杞 5 号’两个栽培品种的生理指标。图 6 显示，病原菌 QT113 的侵染抑制了‘宁杞 1 号’与‘宁杞 5 号’的光合作用。具体而言，与各自对照组相比，‘宁杞 1 号’接菌组植株的净光合速率、蒸腾速率及水分利用效率分别显著下降了 59%、65% 与 68%；‘宁杞 5 号’接菌组植株亦呈现相似趋势，其净光合速率、蒸腾速率与水分利用效率分别下降了 59%、71% 与 71%。值得注意的是，‘宁杞 5 号’在接菌后叶绿素降低更为明显，其 SPAD 值与绝对叶绿素含量均都低于‘宁杞 1 号’接菌植株，表明其叶片黄化与衰老进程更快。此外，健康状态下‘宁杞 5 号’对照组植株的净光合速率也低于‘宁杞 1 号’对照组，暗示其基础光合能力较弱，可能在生物胁迫下叶片更易黄化掉落。

2.4.2　氧化胁迫的响应

接种病原菌 QT113 后，‘宁杞 1 号’和‘宁杞 5 号’植株叶部及根部 MDA、CAT、POD、SOD 和根系活力等抗逆活性指标也发生显著变化。接菌后两个栽培品种叶片和根中的 MDA 含量均显著上升（$P < 0.01$），但‘宁杞 5 号’在叶片和根中的 MDA 积累量均高于‘宁杞 1 号’，表明‘宁杞 5 号’的细胞膜系统受到了更为严重的氧化损伤。

作为对胁迫的响应，两个栽培品种枸杞的抗氧化酶系统均被激活。在叶片中，‘宁杞 1 号’的 SOD、POD 和 CAT 活性分别较对照提升了 30%、19% 和 196%。相比之下，‘宁杞 5 号’叶片中 SOD 活性的提升幅度（21%）显著低于‘宁杞 1 号’。在根部，‘宁杞



P_n. 净光合速率；T_r. 蒸腾速率；G_s. 气孔导度；C_i. 胞间CO_2浓度；WUE. 水分利用率；SPAD. 相对叶绿素含量；MDA. 丙二醛；CAT. 过氧化氢酶；POD. 过氧化物酶；SOD. 超氧化物歧化酶。*表示$P < 0.05$；**表示$P < 0.01$；***表示$0.001 \leqslant P \leqslant 0.01$；****表示$P < 0.001$；ns表示$P > 0.05$。下同。

图 6　接入菌株 QT113 第 14 天‘宁杞 1 号’和‘宁杞 5 号’生理指标变化

Fig. 6　Changes in physiological indexes of ‘Ningqi-1’and‘Ningqi-5’ on the 14th day of inoculation with strain QT113

1 号’的 SOD、POD 和 CAT 活性分别较对照组提升了 14%、50% 和 71%，高于‘宁杞 5 号’这 3 种酶的提升幅度。另外，接菌处理导致两个栽培品种枸杞的根系活力均有所下降，且‘宁杞 5 号’接菌组植株也略低于‘宁杞 1 号’接菌组植株。结合上述形态学观察，患病‘宁杞 5 号’根部出现皮层易剥离、组织软化腐烂的程度相较于‘宁杞 1 号’更严重，这与其在根部积累更高水平的 MDA 以及相对较弱的根系抗氧化酶活性响应相一致。

综上，‘宁杞 5 号’在受到病原菌侵染后，其整体抗氧化防御能力，特别是清除超氧阴离子的能力，无论在叶片还是根部，均弱于‘宁杞 1 号’。胁迫早期关键防御酶活性的响应不足可能导致了‘宁杞 5 号’体内活性氧的过量积累，进而造成其更严重的膜脂过氧化损伤，这可能是‘宁杞 5 号’易感根腐病的关键生理机制之一。

2.4.3 2 个栽培品种枸杞生理指标间的相关性分析

为进一步揭示不同栽培品种枸杞对病原菌胁迫的响应差异，对所有测定指标进行了相关性分析。图 7 显示：‘宁杞 1 号’中净光合速率、蒸腾速率、气孔导度、水分利用率及叶绿素含量之间呈正相关，形成一个协同变化的光合核心模块。但是胞间 CO_2 浓度与上述该模块呈负相关。叶片与根系中的丙二醛含量与抗氧化酶活性（SOD，POD，CAT）也呈正相关，这表明‘宁杞 1 号’光合生理指标之间高度协同，能够对病原菌侵染作出迅速而协调的防御响应。‘宁杞 5 号’的净光合速率等核心光合参数之间虽然也保持正相关，但相较于‘宁杞 1 号’，这些光合参数间的相关性减弱，表明在‘宁杞 5 号’中光合参数之间的协同性较差。在氧化胁迫响应方面，尽管膜损伤指标（MDA 叶，MDA 根）与抗氧化酶之间呈正相关，但根部 SOD 的活性与叶部 MDA 含量及其他抗氧化酶活性呈中度相关。这表明‘宁杞 5 号’在遭受胁迫时，其 SOD 酶的激活程度与其他防御酶并不同步，响应可能滞后。综上，相较于‘宁杞 5 号’，‘宁杞 1 号’具备更协调的光合生理能力和更高效的植株抗氧化防御体系，特别是其 SOD 酶的迅速响应，推测这可能是其抵御腐皮镰刀菌 QT113 侵染能力更强的关键内在机制。该结果较好地解释了病原菌对‘宁杞 1 号’和‘宁杞 5 号’两个栽培品种枸杞致病能力的差异。

3 讨 论

镰刀菌属是全球范围内重要的植物病原真菌，目前已报道的物种超过 400 种，其寄主范围广，环境适应性强，常给农业生产造成严重损失[18]。其中，腐皮镰刀菌作为该属中的优势致病种，因其广泛的遗传变异，在不同菌株间表现出致病力分化[13]。现有研究[7]表明，腐皮镰刀菌在‘宁杞 1 号’（54.29%）、‘宁杞 5 号’（49.23%）、‘宁杞 7 号’（41.67%）等主栽品种根部的分离频率显著高于其他镰刀菌，且对多个枸杞品种均表现出广谱致病性。然而，关于不同枸杞栽培品种如何从生理层面响应并抵抗腐皮镰刀菌的侵染，以及抗性差异的内在机制尚未阐明。特别是对于在田间表现出高感病性的‘宁杞 5 号’品种，目前仍缺乏明确的实验证据来解释其易感原因，这一理论缺口也阻碍了对枸杞根腐病的精准防控。

本研究证实了 6 株腐皮镰刀菌中，仅有菌株 QT113 对枸杞具有强致病性，这与陈博[19]在腐皮镰刀菌对苜蓿（*Medicago sativa*）致病性的研究结果相似。菌株 QT113 在实验室条件下能成功侵染两个栽培品种，且发病率均达到 100%，该结果与‘宁杞 5 号’在田间对根腐病更易感的结果存在出入，推测这种

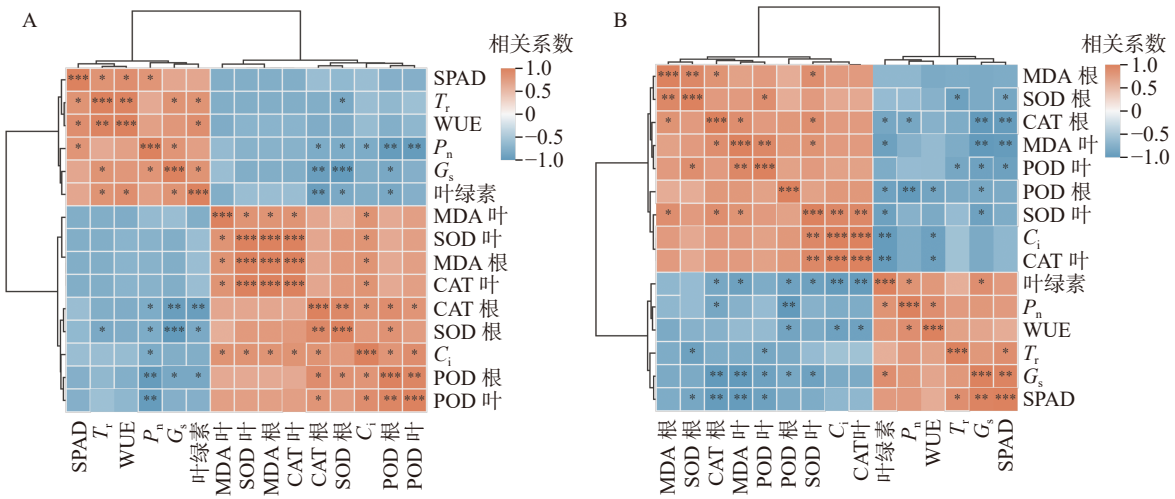


图 7 ‘宁杞 1 号’（A）和‘宁杞 5 号’（B）生理指标间的相关性分析

Fig. 7 Correlation analysis among physiological indicators for ‘Ningqi-1’(A) and ‘Ningqi-5’ (B)

差异主要源于田间与实验室条件下根腐病发生条件不同。田间种植中，枸杞根腐病的发生与土壤中病原菌的积累以及根际微生物群落失衡相关，抗性品种拥有结构更复杂、多样性更高的根际微生物群落，而感病品种“宁杞 5 号”的根际微生态则较易失调，因此在田间表现出更高的感染率[20]。而在实验室条件下，采用伤根法直接接种病原菌，病原菌能够迅速入侵枸杞根部并完成定殖，导致根腐病的发生更为直接和普遍，因此，伤根法接种病原菌 QT113 后 2 个栽培品种的发病率均达到 100%。

枸杞栽培品种的抗病性差异本质上是其自身防御能力与胁迫响应效率的综合体现。本研究首次从光合系统及抗氧化防效揭示了不同栽培品种枸杞对腐皮镰刀菌 QT113 的抗性差异。首先，在光合特性方面，‘宁杞 1 号’的光合参数间保持高度协同性，而‘宁杞 5 号’光合参数之间的内在协调性不足，基础光合能力较弱，在胁迫下光合系统更易瓦解，导致其萎蔫黄化症状更为严重。另外，‘宁杞 1 号’枸杞植株叶片面积较小，结构紧凑；而‘宁杞 5 号’叶面积大，海绵组织较厚，接收光照较多，不利于水分保持。根腐病会破坏植株的根系结构，使其吸收水分和养分的能力减弱，这可能也是导致‘宁杞 5 号’枸杞叶片在发病过程中萎蔫黄化现象更为严重的原因之一[21]。其次，两个栽培品种枸杞在抗氧化防御响应上存在效率差异。植物受病原菌感染时，会爆发活性氧（ROS）以启动防御，但这个过程需要被精确调控，以防过量 ROS 对自身细胞造成损伤[22−23]。本研究中显示，‘宁杞 1 号’在接入病原菌后，其 SOD、POD、CAT 活性呈现出快速、同步且大幅度的提升，形成了一个高效的 ROS 清除体系。特别是 SOD，作为将超氧阴自由基转化为 H_2O_2 的关键酶[24]，其活性的显著提升为后续的 POD 和 CAT 酶提供了适宜的底物环境。反之，‘宁杞 5 号’的 SOD 活性响应明显低于‘宁杞 1 号’，这可能导致‘宁杞 5 号’中积累的超氧阴离子无法被有效清除，紊乱的 ROS 代谢信号无法有效激活下游的抗性防御通路[25]。尽管‘宁杞 5 号’POD 和 CAT 也有一定程度的响应，但由于源头 SOD 的“短板”，整个防御体系效率低下，导致了‘宁杞 5 号’中 MDA 的积累，标志着更严重的氧化损伤。‘宁杞 5 号’膜损伤与根系腐烂更严重、根系活力下降的结果相互印证，共同说明了其在田间表现出更高感病性的内在原因。

本研究从多株腐皮镰刀菌中筛选出强致病性菌株 QT113，以抗性品种‘宁杞 1 号’和易感品种‘宁杞 5 号’为材料，从光合生理与氧化胁迫防御的角度揭示了腐皮镰刀菌对两个栽培品种枸杞的致病性差异，这为解析植物与腐皮镰刀菌互作提供了新的思路，并为抗病枸杞的育种与病害防控奠定了理论基础。本研究也有局限性：首先，盆栽伤根法虽然能有效控制变量，但无法模拟田间复杂的土壤微生物群落和环境对病害发生的影响；其次，本研究在生理层面研究了两个栽培品种的响应差异，但缺乏上游信号调控机制的研究，后续可通过多组学相结合的方法，在分子层面深入解析枸杞抵御病原菌的机制。

4　结　　论

本研究围绕致病性腐皮镰刀菌 QT113 对不同栽培品种枸杞的侵染差异这一关键科学问题，通过盆栽实验、植株形态学观察并结合生理指标分析，系统地比较了抗性品种‘宁杞 1 号’与易感品种‘宁杞 5 号’在接种病原菌后的生理响应机制。研究得到以下结论。

（1）病原菌 QT113 对‘宁杞 5 号’具有更强的侵染能力，其病情指数显著高于‘宁杞 1 号’，且病害表型更为严重，表现为地上部叶片黄化、萎蔫与脱落程度更高，地下部根部褐变范围更广，根部组织腐烂程度更为严重。

（2）从光合与抗氧化协同调控角度揭示了‘宁杞 5 号’高感病性的生理本质：‘宁杞 5 号’在侵染后光合系统更快崩溃，抗氧化防御响应整体迟缓，这导致活性氧清除能力下降，膜脂过氧化加剧，最终引发更严重的细胞结构与功能损伤。

本研究结果为枸杞抗根腐病品种的定向选育与病害精准防控提供了理论支撑。未来可利用组学与分子等手段，挖掘枸杞响应病原菌胁迫的关键基因，实现从生理机制解析到分子设计育种的跨越。

参　考　文　献

[1] 韩磊, 常娟. 药食同源枸杞的生物活性及其在食品中应用的研究 [J]. 粮食与食品工业, 2025, 32(4): 50−53.
Han L, Chang J. Study on the biological activity of medicinal and edible lycii fructus and its application in food[J]. Cereal & Food Industry, 2025, 32(4): 50−53.

[2] 祁伟, 郭玉琴, 乔彩云, 等. 枸杞新品种‘宁杞 10 号’的选育 [J]. 果树资源学报, 2021, 2(1): 83−86.
Qi W, Guo Y Q, Qiao C Y, et al. Breeding of new wolfberry cultivar ‘Ningqi 10’[J]. Journal of Fruit Resources, 2021, 2(1): 83−86.

[3] 陈彦珍, 张丽华, 王亚军, 等. 不同枸杞品种的区域差异性研究 [J]. 宁夏农林科技, 2024, 65(7): 46−52.
Chen Y Z, Zhang L H, Wang Y J, et al. Study on regional differences of different *Lycium barbarum* varieties[J]. Journal of Ningxia Agriculture and Forestry Science and Technology, 2024, 65(7): 46−52.

[4] 秦垦, 戴国礼, 刘元恒, 等. 鲜干两用枸杞新品种‘宁杞 5 号’[J]. 园艺学报, 2012, 39(10): 2099−2100.
Qin K, Dai G L, Liu Y H, et al. A new wolfberry cultivar ‘Ningqi

5’[J]. Acta Horticulturae Sinica, 2012, 39(10): 2099−2100.

[5] 朱杰, 程亮, 姚强, 等. 枸杞根腐致病菌及拮抗菌的分离鉴定 [J]. 西北农业学报, 2023, 32(7): 1120−1130.
Zhu J, Cheng L, Yao Q, et al. Isolation and identification of pathogenic fungi and antagonistic bacteria from *Lycium barbarum* root rot[J]. Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica, 2023, 32(7): 1120−1130.

[6] Jia C, An Y, Du Z, et al. Differences in soil microbial communities between healthy and diseased *Lycium barbarum* cv. Ningqi-5 plants with root rot[J]. Microorganisms, 2023, 11(3): 694.

[7] 高惠惠. 宁夏枸杞根腐病病原菌鉴定及优势病原菌 *Fusarium solani* 的侵染过程研究 [D]. 银川: 宁夏大学, 2023.
Gao H H. Identification of the pathogens of *Lycium barbarum* root rot in Ningxia and study on the infection process of the dominant pathogen *Fusarium solani*[D]. Yinchuan: Ningxia University, 2023.

[8] 陈玉涵, 马心瑶, 田夏夏, 等. 陕西榆林山药根腐病病原菌的分离与鉴定 [J]. 西北农业学报, 2022, 31(11): 1521−1533.
Chen Y H, Ma X Y, Tian X X, et al. Isolation and identification of yam root rot in Yulin of Shaanxi[J]. Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica, 2022, 31(11): 1521−1533.

[9] Coleman J J. The *Fusarium solani* species complex: ubiquitous pathogens of agricultural importance[J]. Molecular Plant Pathology, 2016, 17(2): 146−158.

[10] Chandra N S, Wulff E G, Udayashankar A C, et al. Prospects of molecular markers in *Fusarium* species diversity[J]. Applied Microbiology and Biotechnology, 2011, 90(5): 1625−1639.

[11] Suwannarach N, Khuna S, Thitla T, et al. Morpho-phylogenetic identification and characterization of new causal agents of *Fusarium* species for postharvest fruit rot disease of muskmelon in northern Thailand and their sensitivity to fungicides[J]. Frontiers in Plant Science, 2024, 15: 1459759.

[12] Martínez-Soto D, Yu H, Allen K S, et al. Differential colonization of the plant vasculature between endophytic versus pathogenic *Fusarium oxysporum* strains[J]. Molecular Plant-Microbe Interactions: MPMI, 2023, 36(1): 4−13.

[13] 牛景萍, 燕翔, 石志勇, 等. 黄芪根腐病病原菌的分离鉴定及对其抑制作用分析 [J]. 山西农业科学, 2023, 51(6): 690−695.
Niu J P, Yan X, Shi Z Y, et al. Isolation and identification of pathogens causing *Astragalus membranaceus* root rot and analysis of its inhibition effects[J]. Journal of Shanxi Agricultural Sciences, 2023, 51(6): 690−695.

[14] 池礼鑫, 谢志鹏, 冯睿, 等. 宁夏枸杞响应腐皮镰刀菌胁迫的比较转录组分析 [J/OL]. 分子植物育种, 2024: 1−33. [2025−01−01]. https://link.cnki.net/urlid/46.1068.S.20240523.1945.006.
Chi L X, Xie Z P, Feng R, et al. Comparative transcriptome analysis of *Lycium barbarum* response to *Fusarium solani* stress [J/OL]. Molecular Plant Breeding, 2024: 1−33. [2025−01−01]. https://link.cnki.net/urlid/46.1068.S.20240523.1945.006.

[15] 陈晓霞, 于红豆, 李梦玮, 等. 基于文献计量分析的根腐病研究现状及趋势 [J]. 应用与环境生物学报, 2024, 30(3): 623−632.
Chen X X, Yu H D, Li M W, et al. Research status and trends on root rot based on bibliometric analysis[J]. Chinese Journal of Applied and Environmental Biology, 2024, 30(3): 623−632.

[16] 唐秀丽, 杨建敏, 冯军, 等. 杨棒盘孢菌对不同杀菌剂及其复配剂的敏感性 [J]. 北京林业大学学报, 2025, 47(2): 66−78.
Tang X L, Yang J M, Feng J, et al. Susceptibility of *Coryneum populinum* to different fungicides and their compounds[J]. Journal of Beijing Forestry University, 2025, 47(2): 66−78.

[17] 张志良, 瞿伟菁, 李小方. 植物生理学实验指导 [M].北京: 高等教育出版社, 2009.
Zhang Z L, Qu W Q, Li X F. Plant physiology experiments[M]. Beijing: Higher Education Press, 2009.

[18] Zhang M, Peng C, Li S, et al. Morphological and phylogenetic analyses reveal two new species of the *Fusarium fujikuroi* (Hypocreales, Nectriaceae) species complex in China[J]. MycoKeys, 2025, 112: 127−163.

[19] 陈博, 牛艺帆, 刘晓宇, 等. 腐皮镰刀菌病原致病性及苜蓿品种抗病性研究 [J]. 草业学报, 2023, 32(10): 115−128.
Chen B, Niu Y F, Liu X Y, et al. An evaluation of the pathogenicity of *Fusarium solani* and disease resistance of alfalfa varieties[J]. Acta Prataculturae Sinica, 2023, 32(10): 115−128.

[20] 张亚亚, 李盼盼, 高惠惠, 等. 基于根表真菌群落与病原菌鉴定探究‘宁杞 5 号’枸杞根腐病的发生机制 [J]. 生物技术通报, 2024, 40(9): 238−248.
Zhang Y Y, Li P P, Gao H H, et al. Exploring on the pathogenesis of root rot of *Lycium barbarum* cv. Ningqi-5 based on the rhizoplane fungal community and pathogens identification[J]. Biotechnology Bulletin, 2024, 40(9): 238−248.

[21] 段淋渊, 华楠, 何昕孺, 等. 枸杞光合作用的研究进展 [J]. 宁夏农林科技, 2018, 59(6): 19−21.
Duan L Y, Hua N, He X R, et al. Research progress in photosynthesis of wolfberry[J]. Journal of Ningxia Agriculture and Forestry Science and Technology, 2018, 59(6): 19−21.

[22] 李宗迪, 王亚琴, 吴建祥, 等. 叶绿体介导的植物抗病毒防卫反应及病毒的反防御机制研究进展 [J]. 植物保护, 2023, 49(5): 111−117, 269.
Li Z D, Wang Y Q, Wu J X, et al. A review of chloroplast-mediated plant antiviral defense response and viral anti-defense mechanism[J]. Plant Protection, 2023, 49(5): 111−117, 269.

[23] 蔡金术, 卜范文, 徐海, 等. 外源 ALA 对猕猴桃叶片生理特性与果实品质的影响 [J]. 果树学报, 2025, 42(5): 1003−1009.
Cai J S, Bu F W, Xu H, et al. Effects of exogenous 5-aminolevulinic acid on leaf physiological characteristics and fruit quality of kiwifruit[J]. Journal of Fruit Science, 2025, 42(5): 1003−1009.

[24] 冯琳, 孙茹, 赵贵佳, 等. 腐皮镰刀菌对人参根部生理变化的响应机制 [J]. 吉林大学学报 (理学版), 2022, 60(5): 1209−1216.
Feng L, Sun R, Zhao G J, et al. Response mechanism of physiological changes in root of *Panax ginseng* infected by *Fusarium solani*[J]. Journal of Jilin University (Science Edition), 2022, 60(5): 1209−1216.

[25] Dvořák P, Krasylenko Y, Zeiner A, et al. Signaling toward reactive oxygen species-scavenging enzymes in plants[J]. Frontiers in Plant Science, 2020, 11: 618835.

（责任编辑 赵田芸
责任编委 戴玉成）