

# 抗茎腐病转基因小麦新种质的筛选

周森平<sup>1</sup>, 姚金保<sup>1</sup>, 杨学明<sup>1</sup>, 张增艳<sup>2</sup>, 杨 丹<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>江苏省农业科学院生物技术研究所/江苏省农业生物学重点实验室, 南京 210014; <sup>2</sup>中国农业科学院作物科学研究所, 北京 100081)

**摘要:** 为拓宽小麦茎腐病(又称茎基腐病)抗源种类, 筛选抗茎腐病小麦新种质, 对43份转 *TaPIMP1*、*AtNPR1* 和 *Gastrodin* 基因小麦纯合株系, 进行目的基因表达分析, 以及茎腐病、纹枯病和赤霉病抗性鉴定。结果表明, 转基因株系的目的基因均能正常表达; 转基因株系间茎腐病抗性差异明显, 24份转基因株系茎腐病抗性, 比受体对照扬麦12显著提高; 转基因株系茎腐病抗性与纹枯病抗性相关性显著, 与赤霉病相关性不显著。结合农艺性状鉴定, 筛选出5份抗茎腐病转基因株系, 其中2份兼抗纹枯病和赤霉病, 1份兼抗纹枯病, 可作为长江中下游麦区茎腐病备用抗源。

**关键词:** 小麦; 茎腐病; 种质; 转基因

## Screening of Transgenic Wheat Germplasm Resistant to Crown Rot

ZHOU Miao-ping<sup>1</sup>, YAO Jin-bao<sup>1</sup>, YANG Xue-ming<sup>1</sup>, ZHANG Zeng-yan<sup>2</sup>, YANG Dan<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>Institute of Biotechnology, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences/Provincial Key Laboratory of Agrobiotechnology, Nanjing 210014;

<sup>2</sup>Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081)

**Abstract:** To expand the wheat crown rot (CR) resistant resources and screen new tolerant germplasm, we have transferred three genes, *TaPIMP1*, *AtNPR1*, and *Gastrodin* to Yangmai12 using particle bombardment method. Forty-three of the homozygous transgenic lines with three alien genes were obtained, and the mRNA expression levels were analyzed. Meanwhile, we evaluated the transgenic plants resistance for the diseases of wheat crown rot, sharp eyespot (SE), and *Fusarium* head blight (FHB). The results showed that the alien genes could express normally in the transgenic lines. However, the resistance levels were different among 43 transgenic lines. Twenty-four transgenic lines exhibited significant resistance to wheat CR comparing to the recipient variety Yangmai12. The notable correlation was also observed between CR and SE but not CR and FHB. In the study, we had obtained a series of resistant materials, including two lines with resistance to CR, SE, and FHB and one line both resistant to CR and SE, which would play a significant role in disease resistance breeding in the future.

**Key words:** wheat; crown rot; germplasm; transgene

小麦茎腐病 (CR, crown rot) 是由假禾谷镰刀菌 (*Fusarium pseudograminearum*)、禾谷镰刀菌 (*Fusarium graminearum*)、黄色镰刀菌 (*Fusarium culmorum*) 和燕麦镰刀菌 (*Fusarium avenaceum*) 等多个镰刀菌种侵染小麦茎基部引起<sup>[1]</sup>。该病在澳大利亚、美国、阿根廷、南非、埃及、意大利、土耳其和中国等多个国家发生, 尤以澳大利亚昆士兰州和美国西北太平洋沿岸麦区危害严重<sup>[2]</sup>, 造成严重的产量损失,

在美国可达35%<sup>[3]</sup>, 在澳大利亚最高达89%<sup>[4]</sup>。在我国, 由于该病害与小麦纹枯病 (SE, sharp eyespot) 等茎基部病害不易区分, 目前尚未有具体的损失数据报道。该病害不仅造成产量损失, 病原镰刀菌还造成小麦子粒及其他组织器官中残留真菌毒素, 危害人畜健康。种植抗病品种无疑是控制该病危害最经济和有效的手段。但对小麦茎腐病抗病种质资源的筛选, 没有发现对该病免疫的材料, 高抗的种质材

收稿日期: 2014-03-05 修回日期: 2014-03-27 网络出版日期: 2014-08-07

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20140807.1021.017.html>

**基金项目:** 国家转基因生物新品种培育重大专项 (2013ZX08002001-004); 江苏省产学研联合创新基金 (BY2012208); 江苏省农业科技自主创新资金 (CX122026)

第一作者研究方向为小麦生物技术育种。E-mail: mpzhou@hotmail.com

料也极其稀少<sup>[5-6]</sup>。对部分抗源的遗传分析和抗病 QTL 定位的结果表明,小麦对该病害的抗性属数量遗传性状,抗病 QTL 分布于 1A、1D、2B、2D、3B、4B、4D、5D 和 7A 染色体<sup>[7-12]</sup>,虽然在 3B 染色体长臂上发现主效 QTL,为标记辅助育种带来希望,但也发现该 QTL 与 4B 染色体的 QTL 存在互作<sup>[10]</sup>,给育种应用带来不便。进一步挖掘和创制新抗源,仍是今后开展抗茎腐病小麦育种的重要研究内容。

引起小麦茎腐病的病原菌,也可侵染小麦穗部,造成小麦穗部赤霉病(FHB, *Fusarium head blight*),其实茎基腐也是赤霉病的表现症状之一。小麦纹枯病主要由禾谷丝核菌(*Rhizoctonia cerealis*)侵染小麦茎基部引起,与小麦茎腐病的发病部位相似。近几年,作者一直致力于采用转基因方法,培育小麦纹枯病和赤霉病抗病新种质,先后将小麦 *TaPIMP1* 基因、拟南芥 *AtNPR1* 基因和天麻 *Gastrodianin* 基因导入大面积种植小麦品种<sup>[13-15]</sup>。*TaPIMP1* 基因是一种 MYB 转录因子,参与小麦抗纹枯病<sup>[13]</sup>和根腐病(wheat common rot)以及耐旱性的调控<sup>[16]</sup>; *AtNPR1* 是拟南芥抗病重要调节基因,参与 SAR(systemic acquired resistance)诱导抗性信号传导<sup>[17]</sup>,在小麦抗纹枯病中发挥重要作用<sup>[15]</sup>; *Gastrodianin* 基因编码天麻抗真菌蛋白,体外可抑制多种病原真菌的生长,转基因研究证实该基因的过量表达可增加棉花对黄萎病<sup>[18]</sup>、烟草对根部疫霉菌和立枯丝核菌<sup>[19]</sup>以及小麦对赤霉病和纹枯病的抗性<sup>[14]</sup>。目前,通过抗病鉴定和筛选,已经获得部分抗性稳定、农艺性状优良的转基因种质材料。

由于茎腐病、赤霉病和纹枯病同属真菌病害,从已有抗赤霉病或抗纹枯病的转基因材料中,极有可能筛选到茎腐病抗病新种质,这将有助于拓宽小麦茎腐病抗源的种类,为今后开展抗小麦茎腐病育种提供帮助。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试材料

转基因小麦材料共 43 份,其中转 *TaPIMP1* 基因小麦材料 22 份,由中国农业科学院作物科学研究所与江苏省农业科学院生物技术研究合作创制;转拟南芥 *AtNPR1* 基因小麦材料 10 份以及转天麻 *Gastrodianin* 基因小麦材料 11 份,由江苏省农业科学院生物技术研究提供。这些转基因小麦材料均通过基因枪转化方法获得,基础质粒为 pACH25,其中 *gus* 基因为目的基因所取代,目的基因与抗除草

剂 *bar* 基因紧密连锁<sup>[13-15]</sup>。转基因材料后代,通过 Basta 除草剂喷施筛选后,再用 PCR 检测的方法连续筛选 3~5 代,目的基因已经全部纯合,不再分离。转基因受体扬麦 12、抗性鉴定对照 CH12633 和扬麦 158,均为江苏省农业科学院生物技术研究保存。CH12633 抗纹枯病、中抗茎腐病、感赤霉病,扬麦 158 中抗赤霉病、高感茎腐病和纹枯病<sup>[6]</sup>。

### 1.2 转基因材料目的基因的表达分析

取转基因小麦材料及其对照的叶片,液氮中磨碎,采用 Promega 公司 AxyPrep RNA 提取试剂盒提取 RNA, TaKaRa 公司的 PrimeScript 反转录试剂盒合成 cDNA。qRT-PCR 采用 TaKaRa 公司 SYBR Green I 在 Roche 公司 LightCycler2.0 荧光定量 PCR 仪上进行,内参采用 *actin* 基因,PCR 反应条件参照 SYBR Green I 推荐条件。目的基因和内参基因扩增引物见表 1。

表 1 目的基因表达分析引物

Table 1 The primers for expression analysis of target genes

基因名称 Gene	引物 Primer
<i>TaPIMP1</i>	F:5'-ACGGACAACGAGGTCAAGAAC-3' R:5'-GAAATGGCCTCCGTCCC-3'
<i>AtNPR1</i>	F:5'-GAAGGTAGAACCCTCACTC-3' R:5'-GTCGAATCTGTCTCAGGGAC-3'
<i>Gastrodianin</i>	F:5'-CTAGCACAAGCGGCTACCTATTTC-3' R:5'-GCAGTGATTTTCAGCATTTCCAACG-3'
<i>Actin</i>	F:5'-CACTGGAATGGTCAAGGCTG-3' R:5'-CTCCATGTCATCCCAGTGG-3'

### 1.3 转基因材料的病害抗性鉴定方法

**1.3.1 茎腐病抗性鉴定方法** 茎腐病的抗性鉴定参照 Y. X. Liu<sup>[20]</sup>的方法略作修改,小麦种子经 70% 乙醇消毒 2 min,无菌水冲洗 3 次,在垫有湿滤纸的培养皿中于 22 ℃ 下催芽,芽长达 5 mm 时,在  $1 \times 10^6$  个/mL 禾谷镰刀菌孢子悬浮液中接种 1 min,然后每 10 粒接种的种子,呈直线均匀置于灭菌的湿润纸巾(24 cm × 24 cm)上,芽的生长方向一致指向纸巾边缘,将纸巾沿种子排列方向,从一端向另一端卷起,置于泡沫盒中,22 ℃、90% 湿度培养 14 d 后,按下列标准调查茎腐病发病情况,每份材料重复 3 次。

根据病害严重程度将茎腐病病级分为 0~5 级:0 级为叶鞘无病症;1 级为第 1 叶鞘病斑长度小于 1.0 cm;2 级为第 1 叶鞘病斑长度在 1.0~2.0 cm 之间;3 级为第 1 叶鞘病斑长度大于 2.0 cm,幼苗未萎焉;4 级为幼苗出现萎焉病症;5 级为幼苗死亡。

根据病害评价等级计算病情指数。

**1.3.2 纹枯病抗性鉴定方法** 采用病麦粒接种法鉴定纹枯病抗性。于拔节期将带有纹枯病菌的病麦粒均匀撒播于小麦植株基部,保湿 7 d。乳熟期调查纹枯病病害,每份材料随机调查 15 个发病茎秆,重复 2 次,按照周森平等<sup>[14]</sup>方法调查发病病级,计算平均病情指数。

**1.3.3 赤霉病抗性鉴定方法** 采用单花滴注方法进行赤霉病抗性鉴定。选取刚开花的麦穗,于中部小花滴加 10  $\mu$ L 含  $5 \times 10^4$  个/mL 禾谷镰刀菌分生孢子的悬浮液,套袋保湿 3 d,接种后 21 d 调查病小穗率。每份材料调查 15 穗,重复 2 次。

#### 1.4 转基因材料部分农艺性状鉴定

调查转基因株系与其受体亲本的生育期、株高、穗长、每穗小穗数、每穗粒数、千粒重等主要农艺性状,采用 Perten DA7200 近红外仪测定子粒的

蛋白质含量,每个株系随机调查 10 个植株,重复 3 次。

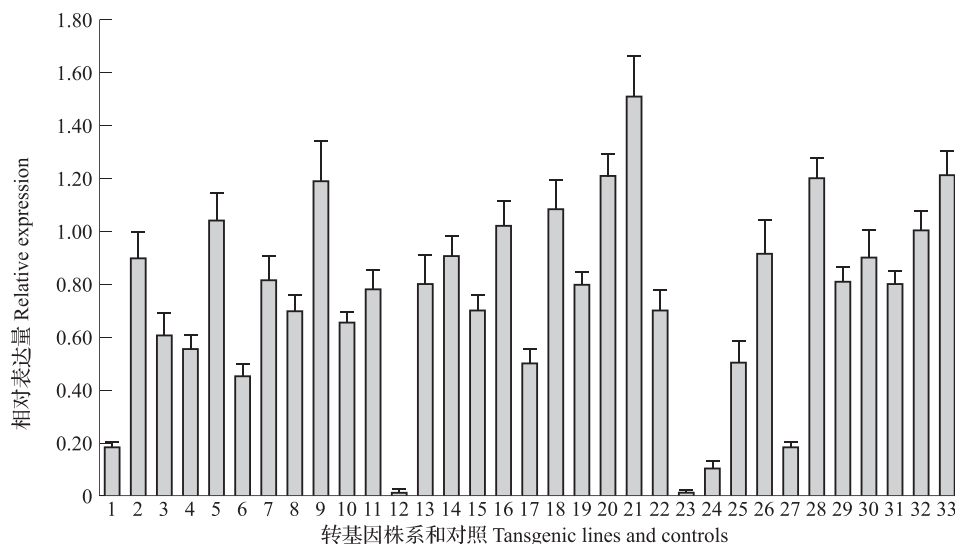
#### 1.5 数据处理

采用 SAS 9.0 统计分析软件进行方差分析和相关性分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 转基因材料中目的基因的表达

提取转基因株系及其受体亲本扬麦 12 的 5 叶期幼嫩叶片总 RNA,反转录成 cDNA,对相应目的基因进行荧光定量 PCR 表达分析,结果表明,所有转基因株系相对应的目的基因都已经正常表达,且表达量比供体对照扬麦 12 均有明显提高(图 1)。*AtNPR1* 基因和 *Gastrodianin* 基因在受体亲本扬麦 12 中几乎未检测到, *TaPIMP1* 基因在扬麦 12 中有一定的本底表达,但远远低于转基因株系。



1-11: *TaPIMP1* 基因的表达;12-22: *AtNPR1* 基因的表达;23-33: *Gastrodianin* 基因的表达;1,12,23 为受体对照扬麦 12  
1-11: Expression of *TaPIMP1*, 12-22: Expression of *AtNPR1*, 23-33: Expression of *Gastrodianin*. 1,12,23 were recipient control Yangmai 12  
2: M-230, 3: M-233, 4: M-254, 5: M-275, 6: M-289, 7: M-297, 8: M-298, 9: M-307, 10: M324, 11: M326, 13: N-57, 14: N-112, 15: N-128, 16: N-1269, 17: N-12231, 18: N-12232, 19: N-1, 20: N-10, 21: N-20, 22: N-54, 24: G-1169, 25: G-1170, 26: G-1171, 27: G-67, 28: G-12273, 29: G-12275, 30: G-850, 31: G-12276, 32: G-12277, 33: G-12278

图 1 部分转基因株系目的基因的表达分析

Fig. 1 Expression analysis of target genes in some transgenic lines

### 2.2 转基因材料茎腐病抗性鉴定

采用室内控温控湿条件,对转基因株系及其对照鉴定茎腐病抗性,结果表明,由于导入的 *TaPIMP1*、*AtNPR1* 和 *Gastrodianin* 等基因的过表达,对转基因材料中茎腐病病症发展起到一定的抑制作用,转基因株系比受体亲本扬麦 12 的茎腐病病情指数均有所降低(表 2)。方差分析显示,株系间的茎腐病抗性差异显著 ( $F = 3.80$ ,  $DF = 45$ ,  $P <$

0.0001),多重比较分析(LSD)表明,病情指数小于 42.7(受体亲本扬麦 12 茎腐病病情指数为 75.3)的 24 份转基因株系与受体亲本茎腐病抗性差异达到极显著水平 ( $P < 0.01$ );转 *TaPIMP1*、*AtNPR1* 和 *Gastrodianin* 等不同目的基因株系间的茎腐病平均病情指数差异不大,分别为 45.9、43.9 和 42.9,但转 *Gastrodianin* 基因株系的茎腐病抗性更强,11 个转基因株系中有 8 个株系的茎腐病抗性强于受体亲本,且

达到极显著水平( $t = 2.63, P < 0.01$ ),而其他两个目的基因的转基因材料只有 50% 株系达到这一水平。

表 2 转基因小麦的抗病性

Table 2 The disease resistance of transgenic wheat lines

品系 Lines	茎腐病病情指数 CR	纹枯病病情指数 SE	赤霉病病小穗率(%) FHB	品系 Lines	茎腐病病情指数 CR	纹枯病病情指数 SE	赤霉病病小穗率(%) FHB
扬麦 158	100.0	69.3	17.1	M-380	24.7DE	—	—
扬麦 12	75.3	43.5	12.5	M-307	23.8E	25.3	7.1
CH2633	42.7	20.0	38.8	N-12231	62.1A	—	—
M-12257	73.3A *	—	—	N-1269	57.7A	—	—
M-346	65.7AB	32.0	19.3	N-128	54.6A	—	—
M-338	63.2AB	—	—	N-54	53.3A	—	—
M-275	61.6ABC	20.0	17.1	N-10	44.5AB	45.3	7.1
M-233	59.9ABCD	25.3	15.9	N-112	41.6AB	—	—
M-254	57.6ABCDE	24.0	7.1	N-57	39.6AB	—	—
M-230	56.5ABCDE	—	—	N-20	35.6AB	—	—
M-289	55.3ABCDE	25.3	18.3	N-12232	32.2AB	—	—
M-369	51.7ABCDE	—	—	N-1	18.2B	33.3	10.2
M-335	46.9ABCDE	—	—	G-848	73.6A	—	—
M-298	46.3ABCDE	—	—	G-1169	70.4AB	—	—
M-1237	41.3ABCDE	—	—	G-12276	53.3ABC	25.3	6.1
M-297	39.7ABCDE	—	—	G-1170	42.4ABC	—	—
M-1216	37.7BCDE	26.7	7.1	G-12273	38.7BC	—	—
M-345	37.3BCDE	25.3	6.1	G-1171	36.6C	—	—
M-1218	36.1BCDE	—	—	G-12277	34.0C	20.0	10.2
M-12259	35.4BCDE	—	—	G-12275	32.3C	—	—
M-324	35.3BCDE	—	—	G-67	31.1C	20.0	6.1
M-12256	34.1BCDE	—	—	G-850	30.4C	21.3	11.2
M-326	27.33CDE	—	—	G-12278	29.3C	21.3	12.2

\* 不同大写字母表示差异达极显著水平 ( $P < 0.01$ ); — : 未鉴定  
\* Different capital letter indicates significant difference at  $P < 0.01$ , — : Data are not available

2.3 转基因材料病害抗性之间的关系

除对转基因材料进行茎腐病抗性鉴定外,还对其中的 15 份转基因株系以及 3 份对照材料进行了小麦纹枯病和赤霉病的抗性鉴定(表 2)。纹枯病抗性鉴定中,受体亲本扬麦 12 为中感纹枯病品种,转基因株系除 N-10 也为中感外,其余 14 个株系都达到中抗水平。赤霉病抗性鉴定也发现 7 个转基因株系的病小穗率明显低于受体亲本扬麦 12。株系 M-307 和 N-1 兼抗 3 种病害,株系 G-12278 兼抗茎腐病与纹枯病。

采用 18 份材料对 3 种病害抗性资料进行初步相关性分析,发现茎腐病与纹枯病之间的相关性极显著,相关系数达到 0.66,表明小麦对植株相同部位的不同病害可能存在部分相同的抗性机制;茎腐病与赤霉病之间的相关性不显著(表 3),表明两种病害虽由相同的病原菌引起,但这两种不同部位的抗性机制可能不同。

表 3 3 种病害之间的相关性分析

Table 3 The correlation analysis among three diseases

项目 Items	茎腐病病情指数 CR	纹枯病病情指数 SE
纹枯病病情指数 SE	0.660 **	
赤霉病病小穗率(%) FHB	0.280	-0.004

\*\* 相关极显著 ( $P < 0.01$ )    \*\* Significant correlation at  $P < 0.01$

2.4 转基因材料农艺性状表现

对茎腐病病情指数小于 30 的 5 个转基因株系及其受体亲本扬麦 12 的主要农艺性状进行调查和比较,转基因株系的生育期均与扬麦 12 相仿,株高、穗部和子粒性状也与扬麦 12 相似(表 4),统计分析未发现转基因株系与扬麦 12 的这些主要性状存在显著差异。扬麦 12 是 2001 年国审品种,农艺性状较好,因此这 5 个株系可作为长江中下游麦区茎腐病抗源备用材料。



表 4 抗茎腐病转基因小麦株系的主要农艺性状  
Table 4 The major agronomic traits of transgenic lines resistant to crown rot

品系 Lines	株高 (cm) PH	穗长 (cm) SL	小穗数 NS	每穗 粒数 NKPS	千粒重 (g) TKW	子粒蛋白 含量(%) KPC
扬麦 12	84.2	8.8	18.3	49.8	42.2	12.7
M-326	82.4	8.4	18.0	47.0	41.4	12.8
M-380	87.0	9.1	18.8	53.5	40.5	12.5
M-307	84.1	8.6	18.4	48.7	41.0	13.0
N-1	83.8	8.8	18.6	51.1	40.4	12.8
G-12278	83.5	8.6	18.2	53.6	40.2	12.6

PH: Plant height, SL: Spike length, NS: No. of spikelets, NKPS: No. of kernels per spike, TKW: Thousand kernels weight, KPC: Kernel protein content

### 3 讨论

在我国,由于小麦茎腐病与小麦纹枯病和小麦根腐病的早期症状相似,其危害未引起足够重视。该病在澳大利亚和美国危害严重,澳大利亚每年由于茎腐病造成的小麦平均损失为 7900 万澳元<sup>[21]</sup>,美国每年损失小麦 1000 万 t<sup>[22]</sup>。澳大利亚对该病害非常重视,建立了室内和田间的抗性鉴定方法,发现两者的相关性极高,在室内已经对 1400 余份种质材料进行了茎腐病抗性鉴定,但只筛选到 14 份抗性材料<sup>[15]</sup>,作者对收集的 82 份小麦种质材料进行抗性筛选,只获得 13 份中抗种质<sup>[6]</sup>。对部分茎腐病抗源的抗性 QTL 定位表明,小麦茎腐病抗性为数量性状,涉及多条染色体,将这些 QTL 聚合、培育农艺性优良的新种质较难,并且配制杂交组合后,育种筛选还必须考虑不同染色体的 QTL 聚合问题。转基因方法可以为小麦茎腐病抗源的创制开辟新的途径,单个或多个对茎腐病有效的抗病基因,导入大面积推广小麦品种,可以筛选到单一插入位点纯合的转基因植株,遗传相对简单且农艺性状也能满足育种亲本要求。本研究通过对已有抗真菌病害纯合转基因株系的茎腐病抗性鉴定,筛选到抗茎腐病或兼抗茎腐病与纹枯病和赤霉病的新种质 5 份,并且这些新种质的农艺性状也与受体亲本扬麦 12 相仿,可以作为长江中下游麦区茎腐病抗源使用。

本研究采用的转基因目的基因 *TaPIMP1* 和 *AtNPR1* 都是抗病调控基因,研究表明, *TaPIMP1* 基因主要通过 SA 信号传导途径,调控下游的 *PR1a*、*PR2*、*TLP4* 和 *PAL5* 等抗病相关基因的表达,进而达

到抗病目的<sup>[16]</sup>。 *NPR1* 基因编码的蛋白在细胞质中通常通过分子间二硫键形成寡聚体而存在,在 SAR 反应中,SA 的累积增加了细胞内的还原势,破坏了 *NPR1* 寡聚体中的二硫键,寡聚体解离为单体,单体在 C 末端的核定位序列引导下,在细胞核内积累,与 TGA 等转录因子发生互作,激活下游防卫基因表达而产生抗病性<sup>[23]</sup>。 *Gastrodianin* 基因的产物直接作用于病原菌,抑制病原菌的生长。过表达这 3 个基因都能提高小麦对茎腐病的抗性,但转基因株系目的基因表达量与其茎腐病病情指数的相关性在这两种目的基因间存在差异,转 *Gastrodianin* 基因株系目的基因表达量与茎腐病病情指数相关性显著,相关系数为  $r = -0.91$ ;而转 *TaPIMP1* 或 *AtNPR1* 基因株系目的基因表达量与茎腐病病情指数的相关性不显著,也没有明显的规律可循,这也与转基因株系纹枯病抗性鉴定的结果相似<sup>[13]</sup>,表明对抗病调控基因,过量表达可能不一定使抗病性成正比增加。

小麦茎腐病和赤霉病都是由镰刀菌引起的小麦不同部位的病害,本研究发现小麦对这两种病害抗性的相关性不显著( $P = 0.26$ ),相关系数  $r = 0.28$ ,这也与本课题之前对 82 份种质材料的研究结果一致<sup>[6]</sup>。H. B. Li 等<sup>[24]</sup>采用 32 份种质材料以及 153 个家系的 DH 群体进行茎腐病与赤霉病抗性鉴定,也得到类似结果,表明两种病害的抗性机制可能不同。小麦对这两种病害抗性 QTL 的定位也进一步证实了作者的判断,小麦赤霉病的抗性主效 QTL 主要位于 3BS、5A 和 3A<sup>[25]</sup>,而茎腐病的抗性主效 QTL 主要位于 3BL 和 4B<sup>[10,24]</sup>。小麦纹枯病与茎腐病发病部位相同,纹枯病早期症状与茎腐病很难区分,本研究发现两者具有显著的相关性,部分抗性机制可能相同,这也给今后筛选小麦茎腐病抗病新种质提供了启示,从小麦纹枯病抗源中筛选获得茎腐病抗病新种质的可能性更大。

参考文献

- [1] Backhouse D, Abubakar A A, Burgess L W, et al. Survey of *Fusarium* species associated with crown rot of wheat and barley in eastern Australia[J]. Australas Plant Pathol, 2004, 33: 255-261
- [2] Chakraborty S, Liu C J, Mitter V, et al. Pathogen population structure and epidemiology are a key to wheat crown rot and *Fusarium* head blight management [J]. Plant Pathol, 2006, 35: 1-13
- [3] Smiley R W, Gourlie J A, Easley S A, et al. Crop damage estimates for crown rot of wheat and barley in the Pacific Northwest [J]. Plant Dis, 2005, 85: 595-604
- [4] Klein T A, Burgess L W, Ellison F W. The incidence and spatial patterns of wheat plants infected by *Fusarium graminearum* Group 1 and the effect of crown rot on yield [J]. Aust J Agric Res, 1991, 42: 399-407
- [5] Mitter V, Zhang M C, Liu C J, et al. A high-throughput glasshouse bioassay to detect crown rot resistance in wheat germplasm [J].

- Plant Pathol, 2006, 55: 433-442
- [6] 张鹏, 霍燕, 周森平, 等. 小麦禾谷镰孢菌茎基腐病抗源的筛选与评价[J]. 植物遗传资源学报, 2009, 10(3): 431-435
- [7] Wallwork H, Butt M, Cheong J P E, et al. Resistance to crown rot in wheat identified through an improved method for screening adult plants [J]. Australas Plant Pathol, 2004, 33: 1-7
- [8] Collard B C Y, Grams R A, Bovill W D, et al. Development of molecular markers for crown rot resistance in wheat: mapping of QTL for seedling resistance in a '2-49' x 'Janz' population [J]. Plant Breeding, 2005, 124: 532-537
- [9] Bovill W D, Ma W, Ritter K, et al. Identification of novel QTL for resistance to crown rot in the doubled haploid wheat population 'W21MMT70' x 'Mendos' [J]. Plant Breeding, 2006, 25: 538-543
- [10] Ma J, Li H, Zhang C, et al. Identification and validation of a major QTL conferring crown rot resistance in hexaploid wheat [J]. Theor Appl Genet, 2010, 120: 1119-1128
- [11] Bovill W D, Horne M, Herde D, et al. Pyramiding QTL increases seedling resistance to crown rot (*Fusarium pseudograminearum*) of wheat (*Triticum aestivum*) [J]. Theor Appl Genet, 2010, 121: 127-136
- [12] Poole G J, Smiley R W, Paulitz T C, et al. Identification of quantitative trait loci (QTL) for resistance to *Fusarium* crown rot (*Fusarium pseudograminearum*) in multiple assay environments in the Pacific Northwestern US [J]. Theor Appl Genet, 2012, 125: 91-107
- [13] 周森平, 周小青, 张增艳, 等. *TaPIMP1* 过量表达提高转基因小麦纹枯病抗性的研究[J]. 核农学报, 2011, 25(3): 421-426
- [14] 周森平, 杨学明, 姚金保, 等. 转 *Gastrodin* 基因提高小麦赤霉病和纹枯病的抗性[J]. 作物学报, 2012, 38(9): 1617-1624
- [15] 周森平, 杨学明, 姚金保, 等. 过量表达拟南芥 *NPR1* 基因提高小麦纹枯病的抗性[J]. 分子植物育种, 2012, 10(6): 655-661
- [16] Zhang Z Y, Liu X, Wang X D, et al. An R2R3 MYB transcription factor in wheat, *TaPIMP1*, mediates host resistance to *Bipolaris sorokiniana* and drought stresses through regulation of defense- and stress-related genes [J]. New Phytol, 2012, 196: 1155-1170
- [17] Cao H, Glazebrook J, Clarke J D, et al. The *Arabidopsis* *NPR1* gene that controls systemic acquired resistance encodes a novel protein containing ankyrin repeats [J]. Cell, 1997, 88(1): 57-63
- [18] Wang Y Q, Chen D J, Wang D M, et al. Over-expression of *Gastrodia* anti-fungal protein enhances *Verticillium* wilt resistance in coloured cotton [J]. Plant Breeding, 2004, 123: 454-459
- [19] Cox K D, Layne D R, Scorza R, et al. *Gastrodia* anti-fungal protein from the orchid *Gastrodia elata* confers disease resistance to root pathogens in transgenic tobacco [J]. Planta, 2006, 224: 1373-1383
- [20] Liu Y X, Yang X M, Ma J, et al. Plant height affects *Fusarium* Crown Rot severity in wheat [J]. Phytopathology, 2010, 100(12): 1276-1281
- [21] Murray G M, Brennan J P. Current and potential costs from diseases of wheat in Australia [C]// GRDC Report, Melbourne: Core-text, 2009: 5
- [22] Cook R J. Management of wheat and barley root diseases in modern farming systems [J]. Australas Plant Path, 2001, 30: 119-126
- [23] 张红志, 蔡新忠. 病程相关基因非表达子 1 (NPR1): 植物抗病信号网络中的关键节点 [J]. 生物工程学报, 2005, 21(4): 511-515
- [24] Li H B, Xie G Q, Ma J, et al. Genetic relationships between resistances to *Fusarium* head blight and crown rot in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. Theor Appl Genet, 2010, 121: 941-950
- [25] Buerstmayr H, Ban T, Anderson J A. QTL mapping and marker-assisted selection for *Fusarium* head blight resistance in wheat: a review [J]. Plant Breeding, 2009, 128: 1-26

## 欢迎订阅 2015 年《草地学报》

《草地学报》是中国科协主管、中国草学会主办、中国农业大学承办的学术刊物。主要刊登国内外草地科学研究及相关领域的新成果、新理论、新进展,以研究论文为主,兼发少量专稿、综述、简报和硕博论文精要,面向从事草地科学、草地生态、草地畜牧业和草坪业及相关领域的高校师生和科研院、所、站的科研人员。本刊从 2012 年 6 月 20 正式开始在线投稿、审稿和查阅。

本刊为中文核心期刊、中国科技核心期刊、中国农业核心期刊、RCCSE 中国权威学术期刊,并被美国 CA 及 Thomson Reuters Master Journal List、英国 CABI 及 ZR、波兰 IC 等检索机构收录。同时为《中国科学引文数据库 (CSCD)》、《中国学术期刊综合评价数据库 (CAJCED)》、《中国学术期刊文摘》及其英文版源期刊,并被《中国核心期刊 (遴选) 数据库》、《万方数据 - 数字化期刊群》、《中国期刊全文数据库 (CJFD)》、《中国生物学文摘》、《中国生物学文献数据库》、台湾《CEPS 中文电子期刊》收录,并荣获首届《CAJ-CD 规范》执行优秀期刊奖。2012 年《草地学报》进入中国科协精品科技期刊项目。

双月刊,全铜版印刷,彩色四封,逢单月月末出版,国内外公开发行 (国内邮发代号: 80-135; 国外代号: Q1949), 从 2014 年起每期定价将调整至 25 元, 全年 150 元。若错过邮订时间, 可直接向本刊编辑部订购 (中国草学会会员订阅可优惠 30%)。

地址: (100193) 北京市海淀区圆明园西路 2 号中国农业大学动科大楼 152 室

电话: 010-62733894

网址: <http://www.cdxb.org>

E-mail: [cdxb@cau.edu.cn](mailto:cdxb@cau.edu.cn)