

开放科学（资源服务）标识码（OSID）：



2025 年辽宁省兴城市 4 个梨杂交组合 F₁ 代及 15 个梨品种叶片轮纹病抗性数据集

杨震, 张艳杰, 欧春青, 王斐, 齐力永, 姜淑苓*

中国农业科学院果树研究所, 辽宁兴城 125100

摘要：梨轮纹病是由葡萄座腔菌属（*Botryosphaeria*）真菌引起的梨主要病害之一，主要危害梨叶片、枝干和果实，严重影响梨的产量和品质，给产业造成重大经济损失。本研究通过离体叶片接种法，采用三个不同地区来源的菌株，对 2025 年 4 个梨杂交组合的 519 株 F₁ 代和 15 个梨品种叶片进行接种，采集了接种后 3、5、7、9 天的病斑直径数据，并根据抗性分级标准，评价了各 F₁ 代的抗性水平。结果显示，所有杂交组合后代抗感分离明显。本数据集将为研究梨轮纹病抗性遗传规律、相关分子标记筛选、发掘抗病相关基因等提供基础支撑，并为杂交亲本选配及抗病品种培育奠定基础。

关键词：梨；F₁ 代；轮纹病；抗性

数据摘要：

项目	描述
数据集名称	2025 年辽宁省兴城市 4 个梨杂交组合 F ₁ 代及 15 个梨品种叶片轮纹病抗性数据集
所属学科	农学，园艺
研究主题	梨轮纹病抗性评价
数据时间范围	2025
时间分辨率	一年
数据地理空间覆盖	辽宁省兴城市温泉街道中国农业科学院果树研究所梨育种试验园
数据类型与技术格式	.xlsx
数据库（集）组成	本数据集由 xlsx 文件构成，包含 3 个菌株接种 4 个杂交组合 F ₁ 代的病斑数据。
数据量	4.45 MB
主要数据指标	平均病斑直径、抗感级别
数据可用性	CSTR:17058.11.sciencedb.agriculture.00300; https://cstr.cn/17058.11.sciencedb.agriculture.00300 DOI:10.57760/sciencedb.agriculture.00300; https://doi.org/10.57760/sciencedb.agriculture.00300
经费支持	中国农业科学院农业科技创新计划（CAAS-ASTIP-2021-RIP-01）；国家现代农业产业技术体系（梨）（CARS-28）。

1 引言

梨树轮纹病是我国梨主产区长期且普遍发生的真菌性病害之一，由 *Botryosphaeria* 属病原菌引起，危

害梨树枝干、果实和叶片，会导致树势衰弱、果实腐烂甚至整株死亡^[1]。在辽宁、河北、山东等北方梨产区，轮纹病在多雨年份可造成 30%—50% 的果实产量下降。因此选育具有轮纹病抗性的品种被认为是最经

收稿日期：2026-01-15；录用日期：2026-03-26
基金项目：中国农业科学院农业科技创新计划（CAAS-ASTIP-2021-RIP-01）；国家现代农业产业技术体系（梨）（CARS-28）。
联系方式：杨震，E-mail: 2369478242@qq.com。通信作者姜淑苓，E-mail: jiangshuling@caas.cn。

济、最有效的手段^[2]。

目前, 对梨轮纹病抗性的研究在病原菌特性、抗性评价方法和遗传规律等方面已取得一定进展。大量实验和调查结果表明, 不同品种的梨对轮纹病的抗性差异显著, 砂梨、白梨和秋子梨系统中抗性资源相对丰富, 而西洋梨及部分新疆梨品种普遍感病较重, 同时, 果实对轮纹病的敏感性往往高于枝干^[3]。在 F₁ 代抗性遗传规律研究方面, 普遍认为梨轮纹病抗性表现为多基因控制的数量性状, 在 F₁ 代中抗性呈连续变异, 并倾向于抗性遗传。张艳杰等发现, 梨轮纹病在 F₁ 代中发病率与抗感分离比在不同杂交组合间存在显著差异, 且双亲抗性背景对后代表现具有重要影响^[4]。此外田间多年调查也表明, 不同杂交组合的 F₁ 代往往以高抗植株占比较高^[2]。然而对于“亲本作父本或母本更有利于后代抗性”的结论并不完全一致^[5]。但是以上研究多基于田间调查, 而鲜有通过群体离体抗性评价进行的遗传规律相关研究。

不足的是, 现有的梨轮纹病抗性研究多以枝干或果实抗性为主^[6], 而相对更易获取并能够快速进行评价的叶片却鲜有报道, 且离体叶片人工接种法因材料易得、操作可控、重复性好, 已逐渐成为果树病害抗性评价的重要手段。而叶片抗性与枝条和果实抗性的相关性也已在苹果轮纹病^[7]、梨黑星病^[8]和腐烂病^[9]等多种果树病害抗性评价中报道验证。因此, 对梨 F₁ 代群体进行离体叶片轮纹病抗性评价, 既可以实现快速、可重复的鉴定, 有利于对抗性遗传规律的揭示, 又可以获得大量基础数据, 为智能育种奠定基础。

本数据集基于 2025 年在辽宁省兴城市开展的离体叶片接种试验, 系统记录了 4 个梨杂交组合 F₁ 代群体在 3 株不同来源 *B. kuwatsukai* 菌株胁迫下的叶片轮纹病抗性表型。数据涵盖不同遗传背景、正反交组合、多菌株、多时间点病斑测量结果, 能够较全面地反映梨轮纹病抗性在群体内抗感分离特征和病情发展动态。该数据集不仅可用于遗传规律分析, 还可为后续遗传模型验证以及抗性相关分子标记开发、智能育种模型构建等提供表型支撑。

2 数据采集与处理方法

数据采集地位于辽宁省兴城市中国农业科学院果树研究所, 叶片采集地为果树所温泉试验基地, 共有

‘早酥’×‘库尔勒香梨’杂交 F₁ 代 169 株、‘早红考密斯’×‘黄冠’杂交 F₁ 代 169 株、‘中矮 1 号’×‘早酥’杂交 F₁ 代 75 株、‘早酥’×‘中矮 1 号’杂交 F₁ 代 106 株及包含亲本在内的 15 个梨品种。接种用梨轮纹病菌菌株为 LN-SDGZ(分离自辽宁省葫芦岛市梨叶片)、HZ-SZ2162(分离自梨枝干, 华中农业大学惠赠)和 HB-ZX(分离自河北省石家庄市梨枝干)。

于 2025 年 5—8 月, 采集上述 F₁ 代单株及品种 15 片健康叶片, 经 75%酒精表面消毒, 后用无菌水冲洗干净, 叶片的主叶脉两侧各设置两个接种点, 每个接种点进行 3 次针刺, 单个菌株接种 4 片叶片, 共计 16 个接种点, 确保病菌能够有效侵染。采用离体叶片针刺接种法, 分别将 PDA 培养基上 28℃恒温避光培养 5 天的菌株, 打取 5 mm 菌饼, 倒置接种于叶片接种点, 空白对照接种空白 PDA 培养基。接种后, 所有叶片均置于湿润培养箱中恒温 28℃避光培养。在接种后 3、5、7、9 天, 使用十字交叉法对每个病斑的大小进行测量, 获得病斑直径数据, 并计算各 F₁ 代平均病斑直径。

根据平均病斑直径将抗性水平分为五个等级: 0 级, 高抗, $0\text{ cm} \leq \text{ADL} < 0.29\text{ cm}$; 1 级, 抗, $0.29\text{ cm} \leq \text{ADL} < 0.70\text{ cm}$; 2 级, 中抗, $0.70\text{ cm} \leq \text{ADL} < 1.22\text{ cm}$; 3 级, 感, $1.22\text{ cm} \leq \text{ADL} < 1.62\text{ cm}$; 4 级, 高感, $1.62\text{ cm} \leq \text{ADL}$ 。之后将高抗、抗和中抗三个等级合并为抗病组, 将中感和高感两个等级合并定义为感病组, 计算抗感分离比。

$$\text{抗感分离比} = \frac{\text{抗病单株数量}}{\text{感病单株数量}}$$

3 数据内容

2025 年, 采用 3 个不同来源的梨轮纹病菌接种 4 个梨杂交组合的 519 个 F₁ 代单株及 15 个梨品种叶片, 采集记录了接种后 3、5、7、9 天的病斑直径数据, 并计算平均病斑直径, 通过聚类进行了抗病性分级, 评价了各 F₁ 代相应的抗性水平。结果显示, 单株平均病斑直径 0—3.31 cm, 连续分布, 其中‘早酥’×‘库尔勒香梨’F₁ 代平均病斑直径 0—2.46 cm, ‘早红考密斯’×‘黄冠’F₁ 代平均病斑直径 0.04—3.10 cm, ‘中矮 1 号’×‘早酥’F₁ 代平均病斑直径在 0.073—1.98 cm, ‘早酥’×‘中矮 1 号’F₁ 代平均病斑直径在 0.052—2.39 cm。单株平均病斑直径为 0 的仅在

‘早酥’×‘库尔勒香梨’群体中存在 2 株。

抗性评价结果如表 1 所示，‘早酥’×‘库尔勒香梨’组合 F₁ 代对 LN-SDGZ 菌株的抗性水平分布与对另外两个菌株的抗性水平分布有所不同，以中抗单株数量最多，中感单株数量次之，但是该组合 F₁ 代对 3 个菌株的抗感分离比无明显差异，分离比为 1.37:1—1.56:1。‘早红考密斯’×‘黄冠’F₁ 代对 HB-ZX 菌株的抗性单株数量为 73 个，低于感病单株数量（93

个），抗感分离比为 0.78:1，而对另外两个菌株的抗性单株数量均多于感病单株数量，抗感分离比分别为 1.34:1 和 1.56:1，与‘早酥’×‘库尔勒香梨’组合无明显差异。‘中矮 1 号’做母本与‘早酥’杂交，后代抗病单株比例占 90.67%以上，抗感分离比为 9.71:1—11.50:1，而‘早酥’做母本与‘中矮 1 号’杂交，后代抗病单株比例下降到 79.24%—81.13%，抗感分离比为 3.82:1—4.05:1。

表 1 不同杂交组合在不同菌株处理下不同抗性植株数量及分离比

Table 1 Number of resistant plants and isolation ratio of different hybrid combinations under different strain treatments

杂交组合	接种菌株	总株数	高抗单株	抗单株	中抗单株	中感单株	高感单株	抗感分离比
‘早酥’×‘库尔勒香梨’	LN-SDGZ	168	11	32	58	39	28	1.51:1
‘早酥’×‘库尔勒香梨’	HZ-SZ2162	169	24	30	49	26	40	1.56:1
‘早酥’×‘库尔勒香梨’	HB-ZX	167	16	32	48	34	36	1.37:1
‘早红考密斯’×‘黄冠’	LN-SDGZ	169	20	31	52	29	37	1.56:1
‘早红考密斯’×‘黄冠’	HZ-SZ2162	166	27	31	37	34	37	1.34:1
‘早红考密斯’×‘黄冠’	HB-ZX	166	13	25	35	31	62	0.78:1
‘中矮 1 号’×‘早酥’	LN-SDGZ	73	27	25	15	5	1	11.17:1
‘中矮 1 号’×‘早酥’	HZ-SZ2162	75	23	31	14	5	2	9.71:1
‘中矮 1 号’×‘早酥’	HB-ZX	75	24	29	16	5	1	11.50:1
‘早酥’×‘中矮 1 号’	LN-SDGZ	106	18	36	32	16	4	4.30:1
‘早酥’×‘中矮 1 号’	HZ-SZ2162	106	23	37	25	15	6	4.05:1
‘早酥’×‘中矮 1 号’	HB-ZX	106	13	40	31	15	7	3.82:1

如表 2 所示，不同梨品种在三种病原菌株（LN-SDGZ、HZ-SZ2162 和 HB-ZX）接种条件下的病斑直径存在显著差异，各品种对不同菌株的抗性存在明显的差异。在 LN-SDGZ 菌株接种下，中矮 1 号表现为抗，病斑直径最低，为 0.4859 cm，而早生黄金、黄冠和华酥等品种病斑直径较大，均表现为高感；在 HZ-SZ2162 菌株接种下，仅中矮 1 号表现为抗，其余多数品种为中抗至高感；在 HB-ZX 菌株接种下，考密斯表现为高抗，病斑直径仅为 0.1484 cm，而红香酥、华酥和黄冠等品种表现为高感。

4 质量控制与技术验证

进行轮纹病离体叶片抗性评价前，首先确定抗性评价方法并对参与评价和数据记录的人员进行培

训，保证实验人员的固定性，尽可能减少人为误差。采集的梨树叶片长势均一健康，接种前均对所有叶片进行 75%酒精表面消毒，冲洗干净并晾干后，于超净工作台中接种。接种后叶片均置于湿润培养箱中 28℃恒温培养。在第 3 天去除菌丝块时，菌丝块未附着则不计入重复中，组内重复数据之间差异明显或有效接种点数量低于 10 则对单株重新进行接种评价。

5 数据价值与使用建议

本研究公开发表了 2025 年检测评价的‘早酥’×‘库尔勒香梨’、‘早红考密斯’×‘黄冠’、‘中矮 1 号’×‘早酥’和‘早酥’×‘中矮 1 号’四个梨杂交组合 F₁ 代和 15 个梨品种离体叶片对 3 个不同来源轮纹病菌株的抗性数据集，主要包括 F₁ 代单株的

表 2 不同梨品种在不同菌株处理下抗感级别
Tab. 2 Resistance levels of different pear varieties under different strain treatments

梨品种	LN-SDGZ D9-ADL	抗感级别	HZ-SZ2162 D9-ADL	抗感级别	HB-ZX D9-ADL	抗感级别
中矮 1 号	0.4859	抗	0.4000	抗	0.4000	抗
中矮 3 号	1.8250	高感	0.7000	中抗	1.0433	中抗
早红考密斯	0.8719	中抗	0.7875	中抗	0.1484	高抗
红香酥	1.1406	中抗	2.1781	高感	3.0438	高感
新水	1.1547	中抗	1.0203	中抗	0.6594	抗
华金	1.2357	感	0.7953	中抗	1.0320	中抗
锦丰	1.2732	感	1.6531	高感	1.2434	感
南果梨	1.3656	感	2.1141	高感	2.1906	高感
金花	1.4094	感	1.8797	高感	1.5141	感
库尔勒香梨	1.9828	高感	2.6567	高感	2.2269	高感
火把梨	2.0578	高感	2.2453	高感	1.9406	高感
早酥	2.3000	高感	2.5250	高感	2.2688	高感
华酥	2.6750	高感	2.0733	高感	2.9813	高感
黄冠	2.9563	高感	2.6250	高感	2.7156	高感
早生黄金	2.9641	高感	1.8875	高感	2.6094	高感

注：ADL 为平均病斑直径，D9 表示接种后 9 天；接种用梨轮纹病菌菌株为 LN-SDGZ（分离自辽宁省葫芦岛市梨叶片）、HZ-SZ2162（分离自梨枝干，华中农业大学惠赠）和 HB-ZX（分离自河北省石家庄市梨枝干）。
Note: ADL refers to Average Lesion Diameter, and D9 represents 9 days post-inoculation (9 dpi). The isolates of *Botryosphaeria dothidea* (Pear Ring Rot pathogen) used for inoculation were LN-SDGZ (isolated from pear leaves in Huludao City, Liaoning Province), HZ-SZ2162 (isolated from pear branches and kindly provided by Huazhong Agricultural University), and HB-ZX (isolated from pear branches in Shijiazhuang City, Hebei Province).

平均病斑直径和抗性水平，该数据可结合亲本抗性水平，进行叶片轮纹病抗性遗传规律的分析，可结合各单株基因组重测序以及 BSA 分析进行抗性相关基因挖掘和抗性相关分子标记开发，也可结合 F₁ 代果实性状数据，筛选优质、抗病的单株，进而培育出优质、抗病新品种。本数据集原始数据可通过国家农业科学数据中心获取，登录首页后点“资源服务”下的“数据服务”，进入相应页面。

6 数据可用性

开放访问，遵从 CC BY-ND 4.0 协议。
<https://cstr.cn/17058.11.sciencedb.agriculture.00300>;
<https://doi.org/10.57760/sciencedb.agriculture.00300>。

数据作者分工职责

杨震，采样、接种，数据测量、数据汇总及论文撰写。
张艳杰，方案设计、采样、数据处理、质量控制

等。
王斐，数据检测、论文修改、质量控制等。
欧春青，数据处理、论文修改、质量控制等。
齐力永，采样、数据测量等。
姜淑苓，方案设计、组织实施、论文修改及质量控制。

伦理声明

本文所涵盖的数据及内容未涉及伦理声明相关部分。

利益冲突声明

作者声明，所有作者均无可能影响研究公正性的财务利益冲突或个人利益冲突。

参考文献

[1] 王晨,张艳杰,欧春青,等. 梨轮纹病研究进展. 中国果树, 2024 (12): 8-19+54.

- Wang C, Zhang Y J, Ou C Q, et al. Research progress on pear ring rot disease. *China Fruits*, 2024(12): 8-19+54.
- [2] 姜淑苓,张艳杰,王斐,等. 2017—2021年辽宁省兴城市3个梨杂交组合 F₁ 代枝干轮纹病抗性数据集. *农业大数据学报*, 2022, 4(3): 30-34.
- Jiang S L, Zhang Y J, Wang F, et al. Dataset of branch ring rot resistance in F₁ generations of three pear hybrid combinations in Xingcheng City, Liaoning Province(2017-2021). *Journal of Agricultural Big Data*, 2022, 4(3): 30-34.
- [3] 曹玉芬,李美娜,周宗山,等. 梨品种果实对轮纹病的抗性鉴定. *现代农业*, 1999(12): 10-11.
- Cao Y F, Li M N, Zhou Z S, et al. Resistance identification of pear cultivars' fruits to ring rot disease. *Modern Agriculture*, 1999(12): 10-11.
- [4] 张艳杰,欧春青,王斐,等. 梨 F₁ 代枝干轮纹病抗性分析. *西北农业学报*, 2022, 31(3): 355-362.
- Zhang Y J, Ou C Q, Wang F, et al. Resistance analysis of branch ring rot disease in pear F₁ generation. *Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica*, 2022, 31(3): 355-362.
- [5] 李晓刚,杨青松,蔺经,等. 梨品种对枝干轮纹病的抗性及其遗传规律研究. *江西农业学报*, 2009, 21(11): 59-60.
- Li X G, Yang Q S, Lin J, et al. Study on resistance and genetic regularity of pear cultivars to branch ring rot disease. *Acta Agriculturae Jiangxi*, 2009, 21(11): 59-60.
- [6] 田路明,董星光,曹玉芬,等. 梨品种资源果实轮纹病抗性的评价. *植物遗传资源学报*, 2011, 12(5): 796-800.
- Tian L M, Dong X G, Cao Y F, et al. Evaluation of fruit ring rot resistance in pear germplasm resources. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2011, 12(5): 796-800.
- [7] 孙天骅,李佳,王涛,等. 抗病与感病苹果叶片应答轮纹病菌侵染的蛋白质表达差异分析. *园艺学报*, 2018, 45(3): 409-420.
- Sun T H, Li J, Wang T, et al. Difference in protein expression of apple leaves with different resistance response to *Botryosphaeria berengeriana* f. sp. *piricola* infection. *Acta Horticulturae Sinica*, 2018, 45(3): 409-420.
- [8] Won K, Choi E D, Kim K, et al. An alternative method to evaluate resistance to pear scab (*Venturia nashicola*). *The Plant Pathology Journal*, 2023, 39(2): 228-233.
- [9] Takeuchi Y, Nishio S, Terakami S, et al. Genetic mapping of the pear scab resistance gene Vnlf using a pseudo-BC3 population derived from Japanese pear cultivars and European pear 'La France'. *Scientia Horticulturae*, 2023, 321: 112260.
- 引用本文: 杨震,张艳杰,欧春青,王斐,齐力永,姜淑苓. 2025年辽宁省兴城市4个梨杂交组合 F₁ 代及15个梨品种叶片轮纹病抗性数据集[J]. *农业大数据学报*, 2026, 8(3): 408-413. DOI: 10.19788/j.issn.2096-6369.100071.
- CITE: YANG Zhen, ZHANG YanJie, OU ChunQing, WANG Fei, QI liYong, JIANG ShuLing. Dataset of the Resistance to Pear Leaf Ring Rot of 4 Pear Hybrid Combinations F₁ Generation and 15 Pear Varieties in Xingcheng City, Liaoning Province in 2025[J]. *Journal of Agricultural Big Data*, 2026, 8(3): 408-413. DOI: 10.19788/j.issn.2096-6369.100071.

Dataset of the Resistance to Pear Leaf Ring Rot of 4 Pear Hybrid Combinations F₁ Generation and 15 Pear Varieties in Xingcheng City, Liaoning Province in 2025

YANG Zhen, ZHANG YanJie, OU ChunQing, WANG Fei, QI liYong, JIANG ShuLing

Institute of Pomology, CAAS, Xingcheng 125100, Liaoning, China

Abstract: Pear ring rot is one of the main pear diseases caused by *Botryosphaeria* fungi, which mainly harms pear leaves, branches, and fruits, seriously affecting pear yield and quality, and causing significant economic losses to the industry. This study used an in vitro leaf inoculation method to inoculate 519 F₁ generation and 15 pear varieties of 4 pear hybrid combinations in 2025 with strains from three different regions. Data on lesion diameter were collected at 3, 5, 7, and 9 days after inoculation, and the resistance level of each F₁ generation was evaluated according to the resistance grading standard. The results showed that the offspring of all hybrid combinations exhibited significant separation of resistance and susceptibility. This dataset will provide basic support for studying the genetic laws of pear ring rot disease resistance, screening related molecular markers, discovering disease-resistant genes, and laying

the foundation for hybrid parent selection and disease-resistant variety cultivation.

Keywords: pear (*Pyrus*); F₁ progeny; pear ring rot; resistance

Item	Description
Dataset name	Dataset of the Resistance to Pear Leaf Ring Rot of 4 Pear Hybrid Combinations F ₁ Generation and 15 Pear Varieties in Xingcheng City, Liaoning Province in 2025
Specific subject area	Agronomy, Horticulture
Research topic	Resistance evaluation of pear ring rot disease
Time range	2025
Temporal resolution	One year
Geographical scope	Pear Breeding Experimental Garden, Research Institute of Pomology, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Wenquan Sub-district, Xingcheng City, Liaoning Province
Data types and technical formats	.xlsx
Dataset structure	This dataset consists of xlsx files, including lesion data of F ₁ generations from 4 hybrid combinations inoculated with 3 strains.
Volume of dataset	4.45 MB
Key index in dataset	Average lesion diameter, Resistance-susceptibility level
Data accessibility	CSTR:17058.11.sciencedb.agriculture.00300; https://cstr.cn/17058.11.sciencedb.agriculture.00300 DOI:10.57760/sciencedb.agriculture.00300; https://doi.org/10.57760/sciencedb.agriculture.00300
Financial support	China Agricultural Science and Technology Innovation Program (CAAS-ASTIP-2021-RIP-01); National Modern Agricultural Industry Technology System (Pear) (CARS-28).