

小麦种质资源赤霉病抗性鉴定及抗病材料筛选

杨远远^{1,2}, 胡自满^{1,2}, 邓元凯^{1,2}, 陈冷², 徐锐¹, 刘易科²,
宁强², 陈胜², 丁富功¹, 方正武¹, 张锦鹏³, 朱展望²

(1. 长江大学农学院, 湖北荆州 434025; 2. 湖北省农业科学院粮食作物研究所, 湖北武汉 430064;

3. 中国农业科学院作物科学研究所, 北京 100081)

摘要:为挖掘优异小麦抗赤霉病(Fusarium head blight, FHB)种质资源,加快抗病育种进程,以国内外1 022份小麦品种(系)为材料,在2022—2024年连续两个年度采用单花滴注法和土表撒病麦粒法开展赤霉病抗性鉴定,同时结合*Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb4*和*Fhb5*抗病基因的7个分子标记进行基因型检测,并调查株高、小穗数、千粒重等农艺性状。结果表明,1 022份参试材料中,有4份材料的赤霉病平均病小穗率为15.45%~18.81%,抗性水平接近高抗品种苏麦3号。通过*Fhb1*基因检测,1 022份鉴定材料中有106份含*Fhb1*基因,其平均病小穗率是51.76%,极显著低于不含*Fhb1*材料的病小穗率(61.19%)。试验共筛选出48份平均病小穗率均低于30%的稳定抗病材料,经分子标记检测,其中有13份材料含1个抗病基因,19份材料携带2个及以上抗病基因,以*Fhb2*+*Fhb5*组合最常见;其余16份材料未检测出上述基因亦表现出较强抗性,推测可能存在新的抗原。本研究筛选出本地老千麦、三月黄等8份兼具较强抗病性和优良农艺性状的优异材料。

关键词: 赤霉病; 抗性鉴定; 分子标记; 农艺性状; 种质资源

中图分类号: S512.1; S330

文献标识码: A

文章编号: 1009-1041(2025)12-1664-09

Evaluation the Resistance to Fusarium Head Blight and Screening of Resistant Wheat Germplasm

YANG Yuanyuan^{1,2}, HU Ziman^{1,2}, DENG Yuankai^{1,2}, CHEN Ling², XU Rui¹, LIU Yike², NING Qiang²,
CHEN Sheng², DING Fugong¹, FANG Zhengwu¹, ZHANG Jinpeng³, ZHU Zhanwang²

(1. College of Agriculture, Yangtze University, Jingzhou, Hubei 434025, China; 2. Hubei Academy of Agricultural Sciences

Institute of Food Crops, Wuhan, Hubei 430064, China; 3. Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural

Sciences(CAAS), Beijing 100081, China)

Abstract: To identify elite wheat germplasm resistant to Fusarium head blight(FHB) and accelerate resistance breeding, 1 022 wheat accessions from domestic and international sources were evaluated. Single floret injection and grain spawn inoculation were employed across four field environments over two consecutive growing seasons (2022—2024) to assess FHB resistance. Genotype was conducted using seven molecular markers associated with the resistance genes *Fhb1*, *Fhb2*, *Fhb4*, and *Fhb5*, while agronomic traits such as plant height, spikelet number, and thousand-kernel weight were also investigated. Among the 1 022 accessions, four lines with percentage of scabbed spikelets ranging from 15.45% to 18.81% showed resistance comparable to the highly resistant cultivar Sumai 3. Genotyping results revealed that 106 accessions carried *Fhb1*, with a mean diseased spikelets rate of 51.76%, which was significantly lower than that of *Fhb1*-absent accessions(61.19%). In total 48 accessions exhibited stable and

收稿日期:2025-02-16 修回日期:2025-10-09

基金项目:湖北省重点研发项目(2024BBB004);湖北省农业科技创新中心创新团队项目(2024-620-000-001-04);国家小麦产业技术体系武汉综合试验站(CARS-03)

第一作者 E-mail:1010499107@qq.com(杨远远)

通讯作者 E-mail:zhangjinpeng@caas.cn(张锦鹏);zhuzhanwang@163.com(朱展望)

high levels of resistance, with percentage of scabbed spikelets below 30%; Molecular marker analysis indicated that among these, 13 carried one resistance gene, 19 possessed two or more gene combinations—most frequently *Fhb2*+*Fhb5*, and 16 lacked known resistance genes, suggesting the presence of novel resistance sources. From these 48 accessions, eight lines combining strong FHB resistance with favorable agronomic traits were identified, such as Laoqianmai and Sanyuehuang and other landraces.

Keywords: Fusarium head blight; Resistance evaluation; Molecular markers; Agronomic traits; Germplasm resources

小麦赤霉病(Fusarium head blight, FHB)是由禾谷镰刀菌(*Fusarium graminearum*)等引起的一种真菌病害,常发生在湿润多雨的地区^[1]。当温度和湿度适宜时,禾谷镰刀菌产生的子囊孢子会在小麦扬花期侵染穗部颖壳,并逐步扩展至整个穗部,严重时导致小穗枯死^[2]。赤霉病的发生不仅会降低小麦产量和品质,还会促使脱氧雪腐镰刀菌烯醇(deoxynivalen, DON)及其衍生物等真菌毒素在籽粒中积累。DON 毒素是一种蛋白质合成抑制剂,能够对真核细胞产生多种毒性作用,如抑制蛋白质合成和诱导细胞凋亡。人和动物摄入受污染的粮食会引发中毒,因此赤霉病的流行严重威胁食品安全和人类健康^[3]。

Mesterházy^[4]将小麦赤霉病抗性分为五类:Type I(抗侵染)、Type II(抗扩展)、Type III(抗毒素积累)、Type IV(籽粒抗性)和 Type V(耐病性或耐产量损失)。常用的抗性鉴定方法包括单花滴注、土表撒病麦粒和孢子液喷雾。其中,单花滴注法用于鉴定抗扩展型;土表撒病麦粒及孢子液喷雾用于鉴定抗侵染型,适合于大规模筛选抗病材料。由于赤霉病的发生机制复杂,且易受环境等多因素影响,表型评价表现出不稳定性和不一致性,从而制约了相关研究进程^[5]。目前,在小麦 21 条染色体上均已鉴定到抗赤霉病的数量性状位点(QTL),并正式命名了 9 个抗性基因即 *Fhb1*~*Fhb9*,其中仅*Fhb1*、*Fhb7*已完成克隆^[6-8]。

分子标记辅助选择可快速聚合多个抗性基因/QTL,显著缩短育种周期,加快进程并提高效率^[9]。

本研究采用单花滴注法和土表撒病麦粒法对供试小麦材料进行赤霉病抗性鉴定,并调查其相关农艺性状。同时,利用*Fhb1*的诊断性标记 *His-Indel* 及与*Fhb2*、*Fhb4* 和*Fhb5* 紧密连锁的 6 个分子标记对抗病材料进行鉴定,旨在筛选具有稳定抗性的种质,为小麦赤霉病抗性育种提供重要抗源。

1 材料与amp;方法

1.1 材料与amp;试验设计

供试小麦品种(系)共 1 022 份,均由中国农业科学院作物科学研究所提供。其中,国外材料有 201 份,主要来自墨西哥、美国、德国等;国内材料 821 份,来源于中国主要麦区,以地方品种为主。苏麦 3 号、扬麦 158、郑麦 9023、安农 8455 分别作为赤霉病抗、中抗、中感和高感对照。

试验于 2022—2023 和 2023—2024 两个年度在湖北省农业科学院鄂州基地开展,采用完全随机区组设计,设置土表撒病麦粒和单花滴注两种接种方式,共计 4 个试验环境,记为 E1~E4(表 1)。E1、E2、E3 使用定时弥雾装置增湿,每日 9:00—19:00 每小时喷雾 2 min。设置行长 1 m,行距 25 cm,每行播种约 30 粒。

表 1 小麦赤霉病接种鉴定环境条件

Table 1 Four environments for wheat Fusarium head blight resistance phenotyping

鉴定环境 Environment	年份 Year	种植条件 Experimental conditions	接种方式 Inoculation method	弥雾增湿 Increased humidity with misting system
E1	2022—2023	大田 Field	土表撒病麦粒 Grain-spawn	是 Yes
E2	2023—2024	大田 Field	土表撒病麦粒 Grain-spawn	是 Yes
E3	2023—2024	大棚 Greenhouse	单花滴注 Single-floretinjection	是 Yes
E4	2022—2023	大田 Field	单花滴注 Single-floretinjection	无 No

1.2 赤霉病抗性鉴定

根据 Yu 等^[10]的方法,制备禾谷镰刀菌分生孢子悬浮液,并在 E3、E4 条件下进行单花滴注接种,浓度为每毫升悬浮液含孢子 5×10^5 个。由于试验材料数量较多,第一年每份材料选取发育基本一致的 8 个穗子,第二年增加至 20 个穗。在扬花前 1~2 d,选取穗中部一个小花,用微量移液器注入 10 μ L 孢子悬浮液,接种后套袋保湿 72 h,并用彩色胶带标记。赤霉病田间抗性调查于接种后 21 d 进行,统计总小穗数和病小穗数,以平均病小穗率(percentage of scabbed spikelets, PSS)表示发病程度,用于评估抗病性。

在 E1、E2 条件下,利用禾谷镰刀菌分生孢子悬浮液培养病麦粒,并采用撒病麦粒法接种。在小麦扬花前 1 个月均匀撒播,10~15 d 进行第二次撒播,每次用量 45 kg \cdot hm⁻²。于扬花后 28 d 统计 PSS。

1.3 赤霉病抗性基因检测

取小麦幼嫩叶片,采用高盐低 pH 法提取 DNA^[11],并用 NanoDrop 2000 微量分光光度计检测 DNA 浓度。选取与抗赤霉病基因 *Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb4* 和 *Fhb5* 紧密连锁的 7 个分子标记进行检测,分别为 *His-Indel* (*Fhb1*)、*Wmc398* 和 *Wgrb969* (*Fhb2*)、*Gwm149* 和 *Gwm513* (*Fhb4*)、*Wmc752* 和 *Mag9482* (*Fhb5*) (表 2)。苏麦 3 号为 *Fhb1* 的阳性对照,望水白作为 *Fhb2*、*Fhb4* 和 *Fhb5* 的阳性对照。PCR 反应体系总体积为 20 μ L,包含 2 \times Rapid Taq Master Mix 10 μ L、上下游引物各 0.5 μ L、DNA 模板 2.0 μ L (50 ng \cdot μ L⁻¹) 及 ddH₂O 7 μ L。扩增程序:94 $^{\circ}$ C 预变性 3 min;随后进行 36 个循环,每循环包括 94 $^{\circ}$ C 变性 30 s,50~65 $^{\circ}$ C 退火 30 s(退火温度依引物而定)、

72 $^{\circ}$ C 延伸 60 s;最后 72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min,产物于 4 $^{\circ}$ C 保存。*Fhb1* 扩增产物采用 1% 琼脂糖凝胶电泳检测,其余产物则使用 8% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳检测。

1.4 农艺性状调查

对开花期、株高、籽粒性状等农艺性状进行调查。各试验材料中,当穗行 50% 的穗子开花时记为开花期。小麦灌浆后期测量株高(自地面至主茎穗顶,不含芒长)。收获脱粒后,使用考种仪测定千粒重、粒长、粒宽等性状。

2 结果分析

2.1 供试材料赤霉病抗性评价

调查结果显示,对照品种苏麦 3 号、扬麦 158、郑麦 9023 和安农 8455 的 PSS 分别为 18.09%、37.16%、48.44% 和 67.66%。在 E1、E2、E3、E4 环境下 1 022 份供试材料中,153 份材料的 PSS 低于中抗品种扬麦 158,其中 4 份材料的 PSS 范围为 15.45%~18.81%,抗性水平接近高抗品种苏麦 3 号;有 304 份材料的 PSS 介于扬麦 158 与郑麦 9023 之间(37.16%~48.44%)。有 426 份材料的 PSS 介于郑麦 9023 与安农 8455 之间(48.44%~67.66%);其余 139 份材料的 PSS 均高于高感品种安农 8455(67.66%)。

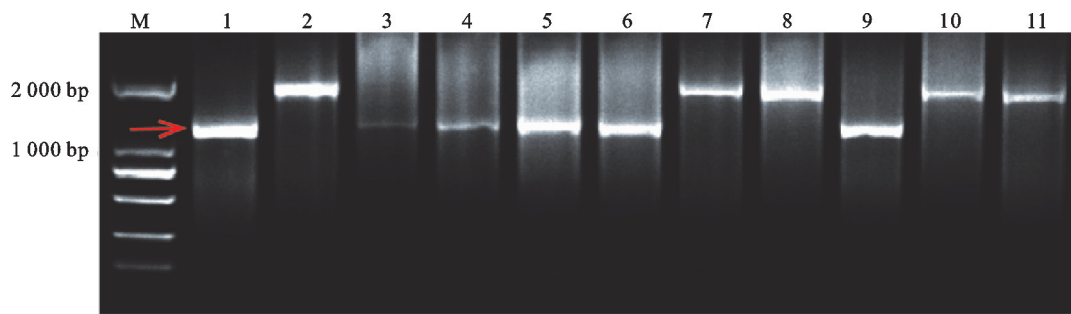
2.2 供试材料 *Fhb1* 基因的分子标记检测

利用 *Fhb1* 的 *His-Indel* 标记对 1 022 份材料进行检测(图 1)。结果显示,106 份材料含有 *Fhb1*(记为 *Fhb1*⁺);其余 908 份小麦材料不含 *Fhb1*(记为 *Fhb1*⁻)。在 106 份 *Fhb1*⁺ 材料中,10 份材料的 PSS 低于扬麦 158。总体来看,*Fhb1*⁺ 材料的 PSS 为 51.76%,而 *Fhb1*⁻ 材料为 61.19%,两者差异极显著(图 2)。

表 2 抗赤霉病相关的分子标记

Table 2 Molecular markers linked to FHB resistance genes

基因 Gene	分子标记 Marker	引物序列 Primer sequence(5'-3')		片段大小 Fragment size/bp	退火温度 T _m / $^{\circ}$ C
		F	R		
<i>Fhb1</i>	<i>His-Indel</i> ^[12]	ATGCGTGCCTGTACTTG	CGTCACAGAGTCCAGTGAAA	1 309	65
<i>Fhb2</i>	<i>Wmc398</i> ^[13]	GGAGATTGACCGAGTGGAT	CGTGAGAGCGGTTCTTTG	160	60
	<i>Wgrb969</i> ^[14]	ATGCCTGCTTGCTCACTG	TCCTATGCGTTCGGTTGG	173	61
<i>Fhb4</i>	<i>Gwm149</i> ^[15]	CATTGTTTTCTGCCTCTAGCC	CTAGCATCGAACCTGAACAAG	160	55
	<i>Gwm513</i> ^[15]	ATCCGTAGCACCTACTGGTCA	GGTCTGTTTCATGCCACATTG	160	60
<i>Fhb5</i>	<i>Wmc752</i> ^[16]	CCGATTGTAGATCAAAAAGCC	TCTAGAGAGTCTTTTTCCCGAGC	170	61
	<i>Mag9482</i> ^[17]	CATGATTGATTGATGACTATAATATCTT	TCTTTCTCCCGTTGCAATGT	250	52

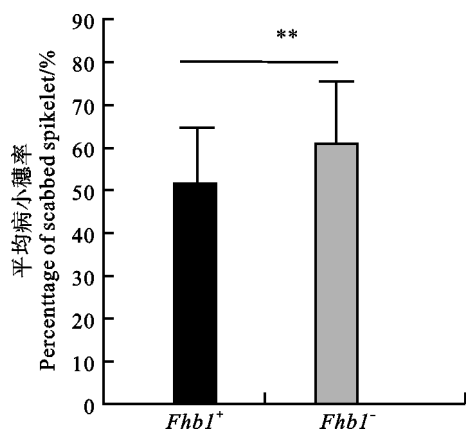


M:DL2000;1:苏麦 3 号;2:安农 8455;3:黄皮;4:蜈蚣麦;5:老蜈蚣小麦;6:和尚麦;7:短头白和尚;8:槽板麦;9:无芒小麦;10:剑子麦;11:三月黄。

M: DL2000; 1: Sumai 3; 2: Annong 8455; 3: Huangpi; 4: Wugongmai; 5: Laowugongxiaomai; 6: Heshangmai; 7: Duantou-baiheshang; 8: Lubanmai; 9: Wumangxiaomai; 10: Jianzimai; 11: Sanyuehuang.

图 1 部分材料的 His-Indel 标记扩增结果

Fig. 1 Amplification profiles of marker His-Indel in partial wheat materials



$Fhb1^+$ 表示含有*Fhb1*, $Fhb1^-$ 表示不含*Fhb1*; ** : $P < 0.01$.

$Fhb1^+$ indicates the presence of *Fhb1*, and $Fhb1^-$ indicates the absence of *Fhb1*; ** : $P < 0.001$.

图 2 含有*Fhb1*不同等位基因种质的赤霉病抗性差异
Fig. 2 Variation in Fusarium head blight resistance among wheat germplasms harboring different *Fhb1* alleles

2.3 优异抗病种质材料的基因检测

在 E1、E2、E3、E4 环境下, PSS 低于 30% 的材料共 48 份(表 3), 其中包含 16 份国外材料和 32 份国内材料。国内材料中, 浙江 11 份, 陕西 3 份, 江苏和江西各 5 份, 西藏和黑龙江各 2 份, 内蒙古、湖南、湖北和广东各 1 份。

利用*Fhb1*的 His-Indel 标记、*Fhb2*的紧密连锁标记 *Wmc398*(160 bp)和 *Wgrb969*(173 bp)、*Fhb4*的紧密连锁标记 *Gwm149*(160 bp)和 *Gwm513*(160 bp)、*Fhb5*的紧密连锁标记 *Wmc752*(170 bp)和 *Mag9482*(250 bp)分别检测目标基因(图 3~5)。结果显示, 在 48 份材料中, 16 份未检测到上述 4 个抗病基因, 其余 32 份均携带至少 1 个抗病基因。其中, 13 份仅含 1 个抗

病基因, 13 份含 2 个基因, 6 份含 3 个基因。

在两基因组合中, *Fhb2*+*Fhb5* 最为常见, 共 5 份材料; 其次为 *Fhb1*+*Fhb2*, 共有 3 份材料, 均来自长江中下游麦区。三基因组合中, 5 份材料为 *Fhb1*+*Fhb2*+*Fhb5*, 全部为国内地方品种, 其中江苏 1 份, 浙江 4 份; 另外 1 份材料为 *Fhb2*+*Fhb4*+*Fhb5*, 来源于江西省。

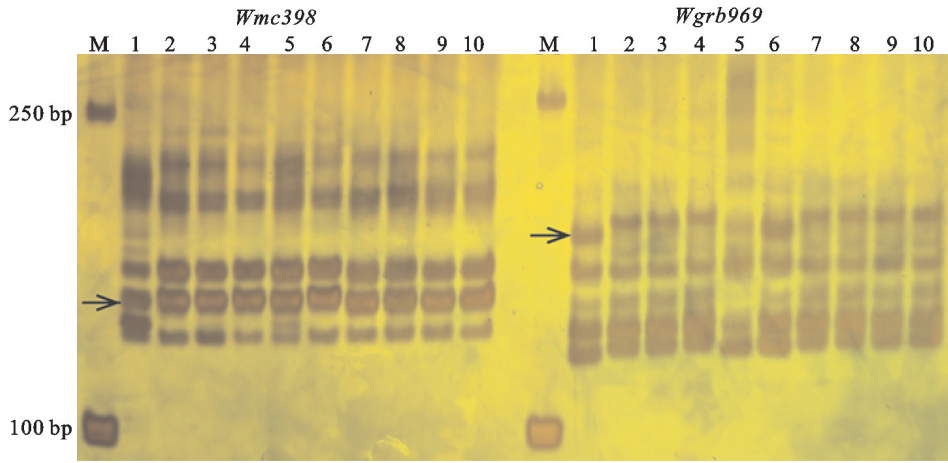
2.4 抗赤霉病小麦品种的农艺性状

对 PSS 低于 30% 的 48 份材料的株高、小穗数、千粒重和穗粒数进行调查分析。结果显示, 株高 89~159 cm, 小穗数 14~27 个, 千粒重 19.92~45.87 g, 穗粒数 28~73 粒。综合考虑农艺性状、赤霉病抗性和丰产潜力, 设定优选标准: 株高低于 120 cm、千粒重大于 30 g、小穗数不少于 17 个、穗粒数不少于 35 粒。最终筛选出本地老千麦、三月黄等 8 份兼具高抗赤霉病和优良农艺性状的小麦种质资源(表 4)。

3 讨论

小麦赤霉病抗性受多基因控制, 由主效和微效基因共同调控^[15,18-22]。*Fhb1* 是目前育种中应用最广的主效抗病基因。除少数主效基因外, 赤霉病抗性也依赖多种微效基因, 因此在育种实践中必须通过基因聚合策略, 才能在后代中选育出高抗材料。利用分子标记辅助选择聚合不同类型的抗赤霉病 QTL, 高效筛选和追踪抗性基因, 可显著提高育种效率。

朱展望等^[12]的研究表明, 通过标记检测和系谱分析, 中国含有*Fhb1*的小麦材料可追溯至中国江苏、浙江或福建等地, 之后传播至中国台湾、韩

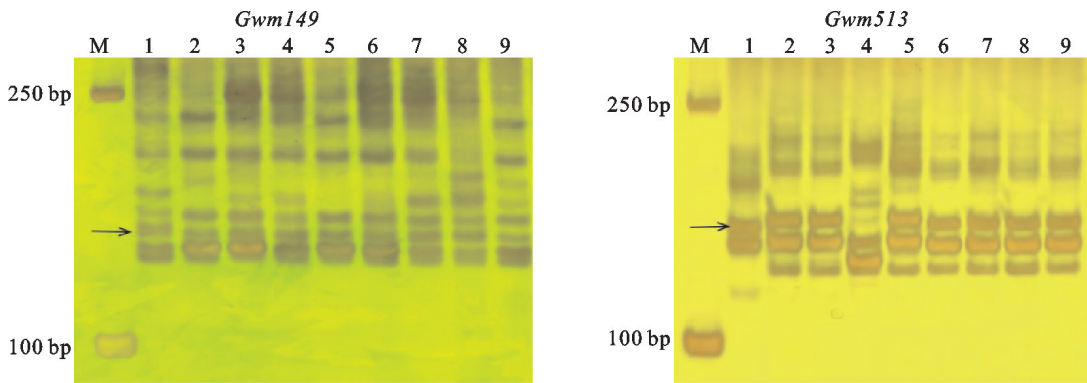


M:DL2000;1:望水白;2:苏麦 3 号;3:黄皮;4:蜈蚣麦;5:老蜈蚣小麦;6:和尚麦;7:短头白和尚;8:槽板麦;9:无芒小麦;10:剑子麦。同图 5。

M: DL2000; 1: Wangshuibai; 2: Sumai 3; 3: Huangpi; 4: Wugongmai; 5: Laowugongxiaomai; 6: Heshangmai; 7: Duantoubaiheshang; 8: Lubanmai; 9: Wumangmai; 10: Jianzimai. The same in Fig. 5.

图 3 *Fhb2* 基因的分子标记 *Wmc398* 和 *Wgrb969* 对部分材料的扩增结果

Fig. 3 Amplification profiles of marker *Wmc398* and *Wgrb969* of *Fhb2* gene in partial wheat materials



M:DL2000;1:望水白;2:黄皮;3:蜈蚣麦;4:老蜈蚣小麦;5:和尚麦;6:短头白和尚;7:槽板麦;8:无芒小麦;9:剑子麦。

M: DL2000; 1: Wangshuibai; 2: Huangpi; 3: Wugongmai; 4: Laowugongxiaomai; 5: Heshangmai; 6: Duantoubaiheshang; 7: Lubanmai; 8: Wumangxiaomai; 9: Jianzimai.

图 4 *Fhb4* 基因的分子标记 *Gwm149* 和 *Gwm513* 对部分材料的扩增结果

Fig. 4 Amplification profiles of marker *Gwm149* and *Gwm513* of *Fhb4* gene in partial wheat materials

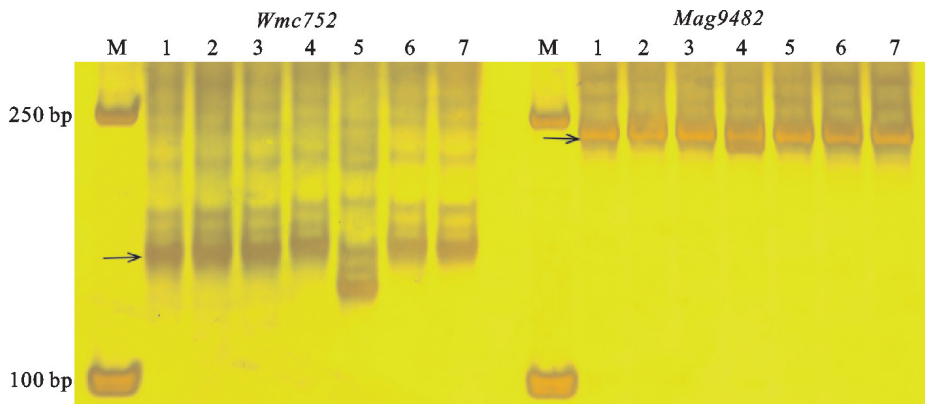


图 5 *Fhb5* 基因的分子标记 *Wmc752* 和 *Mag9482* 对部分材料的扩增结果

Fig. 5 Amplification profiles of marker *Wmc752* and *Mag9482* of *Fhb5* gene in partial wheat materials

表 3 48 份抗病材料的平均病小穗率及可能含有的抗病基因

Table 3 Percentage of scabbed spikelet of the 48 resistant wheat lines and the postulated disease resistance genes

来源 Source	编号 Code	名称 Name	原产地 Place of origin	平均病小穗率 Percentage of scabbed spikelet/%	可能含有的 抗病基因 Postulated gene
国内 China	ZM011500	红须仔 Hongxuzai	广东饶平 Raoping, Guangdong	15.48	<i>Fhb5</i>
	ZM023139	肯波-54 Kenbo-54	湖南省农业科学院 Hunan Provincial Academy of Agricultural Sciences	24.65	<i>Fhb1 + Fhb2</i>
	ZM020105	三月黄 Sanyuehuang	湖北神农架 Hubei Shennongjia	28.66	<i>Fhb2</i>
	ZM010674	小红麦 Xiaohongmai	内蒙古原萨县 Yuansa County, Inner Mongolia	26.48	<i>Fhb2</i>
	ZM014773	黑辐 84S1378 Heifu 84S1378	黑龙江黑河地区农科所 Heihe Regional Agricultural Science Institute, Heilongjiang	24.09	—
	ZM022119	龙辐 86-40043 Longfu 86-40043	黑龙江省农科院育种所 Breeding Institute Heilongjiang Provincial Agricultural Science Institute	24.70	—
	ZM019086	曲卓木贡卓-7 Quzhuomugongzhuo-7	西藏错那 Cuona, Tibet	29.70	<i>Fhb2 + Fhb4</i>
	ZM019960	仁青岗白麦 Renqinggangbaimai	西藏亚东 Yadong, Tibet	23.60	<i>Fhb2</i>
	ZM012246	本地老千麦 Bendilaoqianmai	陕西镇坪 Zhenping, Shaanxi	29.43	—
	ZM024773	陕 757 早 Shaan 757 zao	陕西省农科院小麦中心 Wheat Center, Shaanxi Provincial Academy of Agricultural Sciences	28.40	—
	ZM024747	汉中 85 加 63-5-2 Hanzhong 85 jia 63-5-2	陕西省汉中地区农科所 Hanzhong Regional Agricultural Institute, Shaanxi	23.04	—
	ZM015154	加麦 95 Jiamai 95	浙江嘉兴市农科所 Jiaxing Agricultural Science Institute, Zhejiang	18.68	—
	ZM010888	无芒小麦 Wumangxiaomai	浙江原镇海 Yuanzhenhai, Zhejiang	25.24	<i>Fhb1 + Fhb2</i>
	ZM010924	老蜈蚣小麦 Laowugongxiaomai	浙江淳安 Chun'an, Zhejiang	29.57	<i>Fhb1 + Fhb2 + Fhb5</i>
	ZM010965	和尚麦 Heshangmai	浙江长兴 Changxing, Zhejiang	25.26	<i>Fhb1 + Fhb2</i>
	ZM010971	剑子麦 Jianzimai	浙江平湖 Pinghu, Zhejiang	29.71	<i>Fhb2 + Fhb5</i>
	ZM010972	洋大胡 Yangdahu	浙江上虞 Shangyu, Zhejiang	18.81	<i>Fhb1 + Fhb2 + Fhb5</i>
	ZM010973	洋小麦 Yangxiaomai	浙江上虞 Shangyu, Zhejiang	21.66	<i>Fhb1 + Fhb2 + Fhb5</i>
	ZM010981	黄皮 Huangpi	浙江余姚 Yuyao, Zhejiang	28.95	<i>Fhb1 + Fhb2 + Fhb5</i>
	ZM010987	短头白和尚 Duantoubaiheshang	浙江永嘉 Yongjia, Zhejiang	26.12	<i>Fhb4 + Fhb5</i>
	ZM010989	蜈蚣麦 Wugongmai	浙江永吉 Yongji, Zhejiang	29.77	<i>Fhb1 + Fhb5</i>
	ZM010999	槽板麦 Lubanmai	浙江桐乡 Tongxiang, Zhejiang	28.22	<i>Fhb2 + Fhb5</i>
	ZM011044	小麦 Xiaomai	江西高安 Gao'an, Jiangxi	27.69	<i>Fhb4 + Fhb5</i>
	ZM011059	红须麦 Hongxumai	江西东乡 Dongxiang, Jiangxi	20.04	<i>Fhb2 + Fhb5</i>
	ZM011070	和尚麦 Heshangmai	江西高安 Gao'an, Jiangxi	26.68	<i>Fhb2 + Fhb4 + Fhb5</i>
	ZM011085	莲花塘小麦 Lianhuatangxiaomao	江西德兴 Dexing, Jiangxi	25.10	<i>Fhb2 + Fhb5</i>
	ZM011092	红须麦 Hongxumai	江西德兴 Dexing, Jiangxi	26.75	<i>Fhb2 + Fhb5</i>
	ZM010810	长四红 Changsihong	江苏昆山 Kunshan, Jiangsu	27.16	<i>Fhb1 + Fhb4</i>
	ZM010834	尧化门 14-532 Yaohuamen 14-532	江苏南京 Nanjing, Jiangsu	28.30	<i>Fhb1</i>
	ZM010835	尧化门 14-603 Yaohuamen 14-603	江苏南京 Nanjing, Jiangsu	27.77	<i>Fhb4</i>
	ZM010837	尧化门 14-725 Yaohuamen 14-725	江苏南京 Nanjing, Jiangsu	26.28	<i>Fhb1 + Fhb2 + Fhb5</i>
	ZM020077	刚麦 Gangmai	江苏盐城 Yancheng, Jiangsu	29.87	<i>Fhb4</i>

(续表 3 Continued table 3)

来源 Source	编号 Code	名称 Name	原产地 Place of origin	平均病小穗率 Percentage of scabbed spikelet/%	可能含有的 抗病基因 Postulated gene
国外 Foreign	MY010032	C. I. 15798	美国 United States	27.00	<i>Fhb5</i>
	MY005002	C. I. 12316	美国 United States	27.08	<i>Fhb4</i>
	MY005587	Framce	美国 United States	18.68	<i>Fhb4</i>
	MY006765	Minn 2764	美国 United States	29.83	—
	MY008977	II -39-17	美国 United States	28.88	—
	MY010371	Fan 1	墨西哥 Mexico	25.52	<i>Fhb2</i>
	MY013172	F3IND. WA 33199	墨西哥 Mexico	29.52	<i>Fhb1</i>
	MY013267	Hege-196-89	德国 Germany	24.81	<i>Fhb4</i>
	MY013274	Hege-280-89	德国 Germany	29.30	—
	MY004690	Buck Atlantico	阿根廷 Argentina	29.61	—
	MY004768	Caereu/Man-Bapet×Rap-Bapet 22	阿根廷 Argentina	24.20	—
	MY008150	Sparrow“S”-Grajo	阿根廷 Argentina	29.75	—
	MY004730	BW 90 RL 4476	加拿大 Canada	24.43	—
	MY011965	T 8020	挪威 Norway	27.96	—
	MY013152	Enroy	埃塞俄比亚 Ethiopia	23.87	—
	MY005647	Ghenhea(Utility)	未知 Unknown	20.50	—

表 4 抗病材料中农艺性状相对优异的品种

Table 4 Varieties with relatively excellent agronomic traits in disease-resistant materials

编号 Code	种质名称 Germplasm name	小穗数 Spikelets per spike	穗粒数 Kernels per spike	千粒重 Thousand- grain weight/g	株高 Plant height/cm	可能含有的基因 Postulated gene
MY010371	Fan 1	17	42	34.36	91	<i>Fhb2</i>
MY013172	F3IND. WA 33199	20	43	34.07	107	<i>Fhb1</i>
ZM012246	本地老千麦 Bendilaoqianmai	20	37	34.50	113	—
ZM014773	黑辐 84S1378 Heifu 84S1378	18	41	36.04	119	—
ZM015154	加麦 95 Jiamai 95	17	—	42.24	106	—
ZM020105	三月黄 Sanyuehuang	17	46	34.28	114	<i>Fhb2</i>
ZM024747	汉中 85 加 63-5-2 Hanzhong 85 jia 63-5-2	23	73	36.86	89	—
ZM024773	陕 757 早 Shaan 757 zao	20	—	45.87	91	—

国和日本,并在当地抗赤霉病育种中发挥了关键作用。目前,通过导入*Fhb1*基因已育成部分抗病品种^[29],但携带该基因的材料总体仍然稀缺。本研究对 1 022 份供试材料进行*Fhb1*检测,仅有 106 份携带该基因,其中 65 份来自长江中下游麦区,含有*Fhb1*的材料抗性整体优于不含该基因的材料。这一结果与张一铎等^[16]研究结论一致。陈婧等^[8]采用单花滴注法对 454 份材料进行抗性评价,发现单一抗病基因中以*Fhb1*效果最佳,而聚合多个抗性基因可进一步增强抗性。张琪琪

等^[5]利用孢子喷雾法鉴定 81 份抗性品系,并结合标记检测发现,携带抗性基因的品系病小穗率显著低于不含抗性基因的品系,再次验证了基因聚合的效果。在本研究中,对 48 份抗病材料进行分子检测,有 19 份材料含有 2 个及以上抗性基因,揭示基因聚合在提升抗性方面的潜力。赤霉病抗性属于多基因数量性状,单一基因难以实现高水平抗性,未来研究应聚焦于挖掘并整合更多微效或新的抗性 QTL,优化分子标记体系,提升基因聚合效率,加快抗赤霉病小麦的选育进程。

在农艺性状方面,小麦的芒长、小穗密度和株高与赤霉病抗性相关^[24]。其中,株高与病小穗率呈显著负相关^[25-27],高秆品种的发病程度通常低于矮秆品种。本研究中,大多数材料株高超过 110 cm,具备一定抗性潜力。供试材料多为地方品种,主要来源于长江中下游麦区。该地区温暖潮湿,赤霉病高发,经自然选择,一些地方品种表现出较强抗性^[28]。然而,这些地方品种普遍存在植株过高、茎秆细弱、易倒伏等问题,并且这些缺陷易在杂交后代中遗传,限制了其在育种中的广泛应用^[29]。因此,深入了解种质资源遗传背景,筛选优良稳定的抗性材料,仍是抗病改良的关键。同时,提高抗性鉴定的准确性和分辨率,是加快育种进程的重要保障^[30]。本研究结合表型鉴定与分子标记,筛选出本地老千麦、三月黄等 8 份兼具抗性和优良农艺性状的品种资源。其中,5 份材料未检测到上述已知抗病基因位点,但在表型鉴定中具有较强抗性,表明其可能含有新的抗性 QTL。这些资源具有重要利用价值,可作为进一步挖掘新型抗性基因或 QTL 的遗传材料。

参考文献:

- [1] CHAMPEIL A, DORE T, FOURBET J F. Fusarium head blight: Epidemiological origin of the effects of cultural practices on head blight attacks and the production of mycotoxins by *Fusarium* in wheat grains [J]. *Plant Science*, 2004, 166(6): 1389.
- [2] 朱展望. 利用全基因组连锁分析和关联分析定位小麦赤霉病抗性基因及分子标记开发 [D]. 北京: 中国农业科学院, 2020
ZHU Z W. Genome-wide linkage and association mapping of resistance genes to Fusarium head blight and development of molecular markers in wheat [D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2020
- [3] PESTKA J J. Deoxynivalenol: Mechanisms of action, human exposure, and toxicological relevance [J]. *Archives of Toxicology*, 2010, 84(9): 663.
- [4] MESTERHAZY A. Types and components of resistance to Fusarium head blight of wheat [J]. *Plant Breeding*, 1995, 114(5): 377.
- [5] 张琪琪, 刘方方, 万映秀, 等. 小麦新品系赤霉病抗性鉴定及基因效应分析 [J]. 麦类作物学报, 2024, 44(5): 571.
ZHANG Q Q, LIU F F, WAN Y X, et al. Identification of resistance to Fusarium head blight and gene effect analysis of new wheat lines [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2024, 44(5): 571.
- [6] WANG H W, SUN S L, GE W Y, et al. Horizontal gene transfer of *Fhb7* from fungus underlies Fusarium head blight resistance in wheat [J]. *Science*, 2020, 368(6493): 5435.
- [7] LAGUDAH E S, KRATTINGER S G. A new player contributing to durable Fusarium resistance [J]. *Nature Genetics*, 2019, 51(7): 1070.
- [8] 陈婧, 贾宝森, 丁富功, 等. 454 份小麦品种(系)赤霉病抗性鉴定及优异种质筛选 [J]. 麦类作物学报, 2024, 44(9): 1137.
CHEN J, JIA B S, DING F G, et al. Identification of resistance to Fusarium head blight and screening of superior germplasm of 454 wheat varieties (lines) [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2024, 44(9): 1137.
- [9] JIANG Y, SCHULTHESS A W, RODEMANN B, et al. Validating the prediction accuracies of marker-assisted and genomic selection of Fusarium head blight resistance in wheat using an independent sample [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2017, 130(3): 471.
- [10] YU J B, BAI G H, CAI S B, et al. Marker-assisted characterization of Asian wheat lines for resistance to Fusarium head blight [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2006, 113(2): 308.
- [11] 罗立明, 欧阳叶新, 胡鸿钧. 海洋单细胞四角藻基因组 DNA 的微量提取 [J]. 武汉植物学研究, 2003, 21(4): 295.
LUO L M, OUYANG Y X, HU H J. Minipreparation of genomic DNA of a marine unicellular green algae *Tetraselmis* [J]. *Journal of Wuhan Botanical Research*, 2003, 21(4): 295.
- [12] 朱展望, 徐登安, 程顺和, 等. 中国小麦品种抗赤霉病基因 *Fhb1* 的鉴定与溯源 [J]. 作物学报, 2018, 44(4): 473.
ZHU Z W, XU D A, CHENG S H, et al. Characterization of Fusarium head blight resistance gene *Fhb1* and its putative ancestor in Chinese wheat germplasm [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2018, 44(4): 473.
- [13] CUTHBERT P A, SOMERS D J, BRULE-BABEL A. Mapping of *Fhb2* on chromosome 6BS: A gene controlling Fusarium head blight field resistance in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2007, 114(3): 429.
- [14] ANDERSON J A, STACK R W, LIU S, et al. DNA markers for Fusarium head blight resistance QTLs in two wheat populations [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2001, 102(8): 1164.
- [15] XUE S L, LI G Q, JIA H Y, et al. Fine mapping *Fhb4*, a major QTL conditioning resistance to Fusarium infection in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2010, 121(1): 147.
- [16] 张一铎, 李国强, 孔忠新, 等. 基因聚合选育抗赤霉病小麦新品系百农 4299 [J]. 作物学报, 2022, 48(9): 2221.
ZHANG Y D, LI G Q, KONG Z X, et al. Breeding of FHB resistant wheat line Bainong 4299 by gene pyramiding [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2022, 48(9): 2221.
- [17] HU W J, GAO D R, LIAO S, et al. Identification of a pleiotropic QTL cluster for Fusarium head blight resistance, spikelet compactness, grain number per spike and thousand grain weight in common wheat [J]. *The Crop Journal*, 2023, 11(2): 672.
- [18] KUMAR S, STACK R W, FRIESEN T L, et al. Identifica-

- tion of a novel Fusarium head blight resistance quantitative trait locus on chromosome 7A in tetraploid wheat [J]. *Phytopathology*, 2007, 97(5):592.
- [19] SU Z Q, JIN S J, ZHANG D D, *et al.* Development and validation of diagnostic markers for *Fhb1* region, a major QTL for Fusarium head blight resistance in wheat [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2018, 131(11):2371.
- [20] SOMERS D J, FEDAK G, SAVARD M. Molecular mapping of novel genes controlling Fusarium head blight resistance and deoxynivalenol accumulation in spring wheat [J]. *Genome*, 2003, 46(4):555.
- [21] SOMERS D J, FEDAK G, CLARKE J, *et al.* Mapping of FHB resistance QTLs in tetraploid wheat [J]. *Genome*, 2006, 49(12):1586.
- [22] XUE S L, XU F, TANG M Z, *et al.* Precise mapping *Fhb5*, a major QTL conditioning resistance to *Fusarium* infection in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2011, 123(6):1055.
- [23] 张宏军, 宿振起, 柏贵华, 等. 利用 *Fhb1* 基因功能标记选择提高黄淮冬麦区小麦品种对赤霉病的抗性[J]. 作物学报, 2018, 44(4):505.
- ZHANG H J, SU Z Q, BAI G H, *et al.* Improvement of resistance of wheat cultivars to Fusarium head blight in the Huang-Huai rivers valley winter wheat zone with functional marker selection of *Fhb1* gene [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2018, 44(4):505.
- [24] MIEDANER T, MOLDOVAN M, ITTU M. Comparison of spray and point inoculation to assess resistance to Fusarium head blight in a multi-environment wheat trial [J]. *Phytopathology*, 2003, 93(9):1068.
- [25] 陈士强, 陈秀兰, 张容, 等. 小麦赤霉病抗性与株高的相关性研究[J]. 江苏农业科学, 2015, 43(12):144.
- CHEN S Q, CHEN X L, ZHANG R, *et al.* Study on the correlation between wheat scab resistance and plant height [J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2015, 43(12):144.
- [26] 陆成彬, 范金平, 印娟, 等. 小麦主要农艺性状对赤霉病抗性的影响[J]. 安徽农业科学, 2013, 41(3):1091.
- LU C B, FAN J P, YIN J, *et al.* Effects of main agronomic traits of wheat on the resistance of Fusarium head blight [J]. *Journal of Anhui Agricultural Sciences*, 2013, 41(3):1091.
- [27] KLAHR A, ZIMMERMANN G, WENZEL G, *et al.* Effects of environment, disease progress, plant height and heading date on the detection of QTLs for resistance to Fusarium head blight in an European winter wheat cross [J]. *Euphytica*, 2007, 154(1):17.
- [28] 刘宗镇, 汪志远, 赵文俊. 小麦品种资源抗赤霉病性研究[J]. 上海农业学报, 1985, 1(2):75.
- LIU Z Z, WANG Z Y, ZHAO W J. A study on scab resistance of wheat germplasm resources [J]. *Acta Agriculturae Shanghai*, 1985, 1(2):75.
- [29] 马鸿翔, 王永刚, 高玉姣, 等. 小麦抗赤霉病育种回顾与展望[J]. 中国农业科学, 2022, 55(5):837.
- MA H X, WANG Y G, GAO Y J, *et al.* Review and prospect on the breeding for the resistance to Fusarium head blight in wheat [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2022, 55(5):837.
- [30] 廖森, 方正武, 胡文静, 等. 59份江苏小麦品种(系)的抗赤霉病评价与农艺性状分析[J]. 麦类作物学报, 2022, 42(3):301.
- LIAO S, FANG Z W, HU W J, *et al.* Evaluation of resistance to Fusarium head blight and analysis of agronomic traits of 59 wheat germplasms in Jiangsu Province [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2022, 42(3):301.