

## 194份小麦品种(系)苗期茎基腐病抗性鉴定与抗病位点检测

李巧云,郭振峰,尹钊,郝晓鹏,唐建卫,董纯豪,袁雨豪,黄振扑,牛吉山,殷贵鸿

(国家小麦工程技术研究中心/河南农业大学农学院/省部共建小麦玉米作物学国家重点实验室,河南郑州 450046)

**摘要:**茎基腐病(*Fusarium crown rot*, FCR)严重影响小麦产量与品质,培育与种植抗病品种是减轻FCR危害的重要措施。为获得FCR优异抗源,本研究用黄淮麦区小麦FCR优势致病菌假禾谷镰孢菌株WZ-8A,对中国与河南省推广种植的194份小麦品种(系)进行温室抗性鉴定,并用已报道的25个与FCR抗性和5个与赤霉病抗性相关标记对其进行分子检测。结果表明,194份供试材料中,无免疫或高抗品种(系);仅3份表现中抗(1.6%);表现中感与高感的材料分别为34个(15.5%)和157个(80.9%)。30个分子标记中,25个在不同材料间呈现多态性,推测与FCR抗性基因连锁的标记只有2个,为*Xwmc397*与*XsdauK86*,分别是抗茎基腐病位点*Qcr-Xwmc397*与抗赤霉病基因*Fhb7*的连锁标记,携带*Qcr-Xwmc397*的材料病情指数显著低于未携带的材料( $P < 0.05$ )。三个中抗材料(存麦128、中育1123、YN903-18)可作为小麦FCR抗性改良抗源,筛选的2个分子标记可用于小麦抗FCR育种。

**关键词:**小麦;茎基腐病;苗期抗性;抗病种质;分子标记

中图分类号:S512.1;S330

文献标识码:A

文章编号:1009-1041(2025)03-0329-08

## Identification of Wheat Cultivars(Lines) Resistance to Fusarium Crown Rot at Seedling Stage and Molecular Detection of Resistance Loci

LI Qiaoyun, GUO Zhenfeng, YIN Zhao, HAO Xiaopeng, TANG Jianwei,  
DONG Chunhao, YUAN Yuhao, HUANG Zhenpu, NIU Jishan, YIN Guihong

(National Engineering Research Centre for Wheat/College of Agronomy, Henan Agricultural University/National Key Laboratory of Wheat and Maize Crop Science, Zhengzhou, Henan 450046, China)

**Abstract:** *Fusarium crown rot* (FCR) seriously affects the yield and quality of wheat. Breeding and planting resistant cultivars is an important approach for reducing FCR damage. In order to obtain germplasm resources highly resistant to FCR, in this study, the FCR resistance of 194 wheat cultivars (lines) were evaluated, which widely planted in the whole country and Henan Province of China, using the dominant pathogen *Fusarium pseudograminearum* isolate WZ-8A in Huang-Huai wheat region at seedling stage in a greenhouse. The wheat cultivars/lines were detected using molecular markers, among which 25 quantitative trait loci (QTLs) associated with FCR resistance and five QTLs associated with Fusarium head blight (FHB). The results showed that among the 194 cultivars (lines), none of these wheat materials was either immune or highly resistant to FCR. Only three cultivars showed moderate resistance to FCR, accounting for 1.6% of the tested materials. While 34 (15.5%) and 157 (80.9%) were moderately, or highly susceptible to the disease, respectively. Out of the 30 molecular markers, 25 showed polymorphism among different cultivars (lines), and two of which, *Xwmc397* and *XsdauK86*, were possibly associated with FCR resistance. *Xwmc397* and *XsdauK86* were linked to *Qcr-Xwmc397* for FCR resistance and *Fhb7* for FHB resistance, respectively. Disease

index of wheat cultivars(lines) with *Qcr-Xwmc397* was significantly lower than that of the cultivars (lines) without *Qcr-Xwmc397* ( $P < 0.05$ ). Three cultivars(lines) with moderate resistance(Cunmai 128, Zhongyu 1123, and YN903-18) can be utilized as resistance germplasm sources for improving wheat FCR resistance. Two molecular markers screened may be used to breed wheat cultivars with FCR resistance.

**Keywords:** Wheat; Fusarium crown rot; Seedling resistance; Resistant germplasm; Molecular marker

小麦茎基腐病(Fusarium crown rot, FCR)是由镰孢属的多种真菌引起的土传病害<sup>[1]</sup>。自 1951 年在澳大利亚被报道以来<sup>[2]</sup>,FCR 已成为一种世界性的重要病害<sup>[3-5]</sup>。近年来,随着气候变暖以及轮作、秸秆还田、免深耕等农业措施的连续实施,该病害在中国呈现出不断蔓延和日趋严重趋势<sup>[4,6]</sup>;据报道发病面积已超过  $2.7 \times 10^6$  hm<sup>2</sup>,在河南、河北、山东、安徽、江苏等小麦主产省均有发生<sup>[6-7]</sup>。2021 年,河南省多地 FCR 发病面积在 20% 以上,发病地块儿减产 20%~30%<sup>[8]</sup>。FCR 病原菌主要有假禾谷镰孢菌(*Fusarium pseudograminearum*)、禾谷镰孢菌(*F. pseudograminearum*)、黄色镰孢菌(*F. culmorum*)、尖孢镰孢菌(*F. oxysporum*)等<sup>[3,9-10]</sup>;受气候与土壤环境的影响,不同地区 FCR 的主要致病菌不完全一致,如假禾谷镰孢菌与禾谷镰孢菌主要分布在暖温带至亚热带地区,而黄色镰孢菌主要分布在低温和高湿度地区<sup>[11]</sup>;在黄淮海小麦主产区,假禾谷镰孢菌为优势种群<sup>[1,12]</sup>。FCR 在小麦全生育期皆可,萌芽期导致种子腐烂<sup>[13]</sup>,苗期引起幼苗基部及叶鞘变褐,甚至死亡,拔节后茎秆变褐坏死,灌浆期出现“白穗”,引起严重减产<sup>[14]</sup>。此外,被 FCR 病原菌侵染的小麦植株及籽粒中存在多种真菌毒素,如脱氧雪腐镰刀菌烯醇(DON)、玉米赤霉烯酮(ZEN)等,严重威胁人畜健康<sup>[15]</sup>。由于 FCR 病原菌在土壤中、小麦病残体上可存活数年<sup>[14]</sup>,使该病害的防治比较困难。目前登记的杀菌剂对 FCR 没有特效,秸秆焚烧、轮作等耕作措施防治效果存在局限性<sup>[16]</sup>。FCR 已成为中国小麦生产中亟待解决的重要问题。

种植抗病品种是减少 FCR 危害最经济、有效的措施,国内外学者已筛选到一些抗 FCR 种质,如 2-49、CSCR6、Sunco 等<sup>[17-18]</sup>。Wildermuth 等<sup>[9]</sup>鉴定了 300 余份小麦品种(系)的成株期 FCR 抗性,仅 Gluyas Early、Mexico 234 和 Reliance 表现中抗。Laasli 等<sup>[19]</sup>从 150 个春小麦品种(系)中鉴定出 16 个成株期中抗品种(系);张鹏

等<sup>[20]</sup>对 82 份小麦种质进行苗期抗性鉴定,发现红轴子、翻山小麦等 13 份材料达到中抗水平。杨云等<sup>[21]</sup>对 88 份黄淮麦区主推小麦品种进行鉴定,苗期所有品种均感病,成株期达到中抗水平的有中育 8 号、周麦 27 号等 10 份材料。Yang 等<sup>[22]</sup>对 234 份小麦品种(系)进行苗期 FCR 鉴定,发现没有抗病材料。近年来,FCR 呈严重发生态势,中国研究人员先后对 1 500 余份小麦品种(系)进行 FCR 抗性鉴定,平均抗病种质不足 10%<sup>[4,6,23]</sup>。由于 FCR 抗性鉴定时期、接种方法、育苗方式、记录指标、评价标准不同<sup>[7]</sup>,相同种质的鉴定结果可能不一致,如郑麦 9023、郑麦 7698 等在有些研究中被鉴定为中抗<sup>[24]</sup>,在有些研究中表现高感<sup>[21,25]</sup>。目前,物理、化学诱变、远缘杂交等方法被应用于创制抗 FCR 种质资源中,如从周麦 22 的 EMS 诱变体库中筛选到 1 个中抗 FCR 突变体<sup>[26]</sup>;Wang 等<sup>[27]</sup>将源于长穗偃麦草(*Thinopyrum ponticum*)的抗赤霉病(FHB)基因 *Fhb7* 转入栽培小麦品种,创制了兼抗 FHB 与 FCR 的近等基因系(NILs)。但对 FCR 抗性稳定的种质资源较缺乏。为此,本研究对收集的 194 份小麦品种(系)进行苗期 FCR 抗性鉴定,并利用已报道的 25 个 FCR 抗性标记和 5 个 FHB 抗性标记对其进行分子检测,以期获得抗病种质及可用的分子标记,为小麦抗 FCR 育种提供参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

供试的 194 个小麦品种(系)由河南农业大学小麦遗传育种实验室提供,包括百农 207、新麦 26、济麦 22、郑麦 379、周麦 22、扬麦 158 等审定小麦品种 160 个,地方及国外品种 3 个(中国春、苏麦 3 号和 Sunco),高代系及其亲本周 8425B、YN903-18、存麦 218 等 31 个(表 1)。

供试假禾谷镰孢(*Fusarium pseudograminearum*)菌株 WZ-8A 为黄淮麦区 FCR 优势病原菌,由河南农业大学李洪连教授团队惠赠。

## 1.2 小麦茎基腐病苗期抗性鉴定与评价

接种物(病米粒)准备:500 g 小米放入沸水中煮3 min,倒出后用冷水冲洗干净,平铺在干净纱布上晾至表面干燥;分装到聚乙烯塑料袋(10 cm×8 cm×30 cm)中,于121 °C、0.1 Mpa条件下灭菌30 min;凉至常温后接种扩繁的WZ-8A,用手术刀片取直径约5 mm的菌块儿,每袋7~10块;接种袋在25 °C条件下黑暗培养7 d,每天摇晃1次使生长均匀,当米粒变紫红色时倒出晾干备用。

抗性鉴定:在河南农业大学龙子湖校区人工气候室内参照杨云等<sup>[21]</sup>的方法进行。从河南农业大学科技园区无FCR病害地取自然土(土质为壤土、肥力中等),过10目筛后灭菌(121 °C、0.1 Mpa、1 h)备用。每个小麦品种(系)挑取种子50粒,在70%(v/v)酒精溶液中浸泡2 min;用灭菌蒸馏水洗涤5次;将种子放入培养皿(直径9 cm,皿底放置2层滤纸并灭菌),保持滤纸湿润,萌芽1~2 d。将200 g灭菌土装入营养钵中(直径为7 cm),营养钵放入托盘,盘中加水至钵中土浸透水;每个品种(系)挑选10粒萌发的种子放入营养钵,用50 g菌土覆盖,菌土为含病米粒0.5%(m/m)的灭菌土;将其置于人工气候室培养,培养条件为16 h光/8 h暗,温度25 °C/15 °C,相对湿度60%~80%。每隔2 d从托盘浇水1次,28 d后将小麦苗从土中取出,用清水冲洗后,根据病级划分方法统计各植株病害发生程度,并计算病情指数(disease index, DI)。病情分级标准:0级,植株未发病;1级,土壤中茎部明显变褐或第一叶鞘有轻微症状;3级,第1叶鞘变褐但未变黑;5级,第1叶鞘变黑或第2叶鞘变褐;7级,第3叶鞘变褐,或植株因发病而发育迟缓或接近死亡;9级,幼苗死亡<sup>[28]</sup>。

病情指数(DI) =  $[\sum(\text{各病级值} \times \text{各病级株数}) / (\text{总株数} \times 9)] \times 100$

参照张鹏等<sup>[20]</sup>的方法进行抗性评价:免疫(I),DI为0;高抗(HR),DI为0.01~10.00;中抗(MR),DI为10.00~20.00;感病(MS),DI为20.01~30.00;高感(HS),DI>30.01。

抗性鉴定共进行3次,每次3个重复。

## 1.3 分子标记检测

参照Doyle等<sup>[29]</sup>报道的CTAB法提取不同小麦品种(系)基因组DNA。

利用已报道的25个与FCR抗性连锁、5个

与FHB抗性连锁的分子标记(表2)对供试小麦品种(系)进行分子检测。

PCR反应体系为10 μL:2 × Tag Master Mix (No Dye) 5 μL,上、下游引物(10 μmol · L<sup>-1</sup>)各0.5 μL,1.0 μL模板(50 ng · μL<sup>-1</sup>),3 μL的ddH<sub>2</sub>O。PCR扩增程序:95 °C预变性3 min;95 °C变性15 s,55~65 °C退火30 s(依据不同标记),72 °C延伸30 s,35个循环;72 °C延伸5 min;4 °C保存。

PCR产物用8%的聚丙烯酰胺凝胶电泳60 min,银染后观察并记录;*Fhb1*与*Fhb7*的检测用1.0%的琼脂糖凝胶电泳40 min,检测结果用凝胶成像系统(Syngene G:BOX F3, Syngene, 英国)观察。所用引物均由上海生工生物有限公司合成。

## 1.4 数据分析

用Excel 2000整理数据,用SPSS 20.0进行差异显著性分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 194个小麦品种(系)的抗性

抗性鉴定表明,194个小麦品种(系)的病情指数在15.3(存麦218, 2022-8)~77.7(YN931, 2021-12)之间,不同品种(系)间病情指数存在显著差异( $P < 0.01$ )。供试小麦品种(系)中没有对FCR表现免疫与高抗的;存麦218、YN903-18和中育1123表现中抗,占供试材料的1.6%;囤麦257、存麦21、轮选131等34个小麦品种(系)表现中感,占供试品种(系)的15.5%;其余的157个品种(系)均表现高感,占供试品种(系)的80.9%(表1)。

### 2.2 194个小麦品种(系)的抗性基因分布

以抗性鉴定中筛选的3个中抗材料(中育1123、YN903-18、存麦218)与被报道为抗病的Sunco<sup>[5,28]</sup>为抗病材料,苏麦3号、矮抗58、中国春与YN931为感病材料,进行FCR抗性相关分子标记检测,结果表明,*Xcfa2278*等5个标记在8个品系间无多态性,*Xgwm484*、*Xwmc397*等25个标记在抗感品种(系)间有多态性(图1)。25个多态性标记中,标记*Xwmc397*在抗感材料间有多态性,且4个抗病材料的基因型一致,记作*Qcr-Xwmc397*<sup>+</sup>,4个感病材料的基因型一致,记作*Qcr-Xwmc397*<sup>-</sup>,推测其与小麦苗期FCR抗性连锁(图1);标记*XsdauK86*仅在中抗品系存麦218

中的基因型与其他品系不同,推测其可能与FCR抗性相关,这两个标记分别是苗期FCR抗性QTL*Qcr-Xwmc397*的连锁标记<sup>[30]</sup>、与FHB抗性基因*Fhb7*连锁的功能标记<sup>[27]</sup>。

利用分子标记*Xwmc397*与*XsdauK86*对194

品种(系)进行检测,结果(图2)表明,携带*Qcr-Xwmc397*-的品种(系)有62个,其平均病情指数为47.8;携带*Qcr-Xwmc397*<sup>+</sup>的品种(系)有132个,平均病情指数为41.5,其病情指数比感病基因型的降低了13.2%,二者差异显著( $P < 0.05$ ,图3),

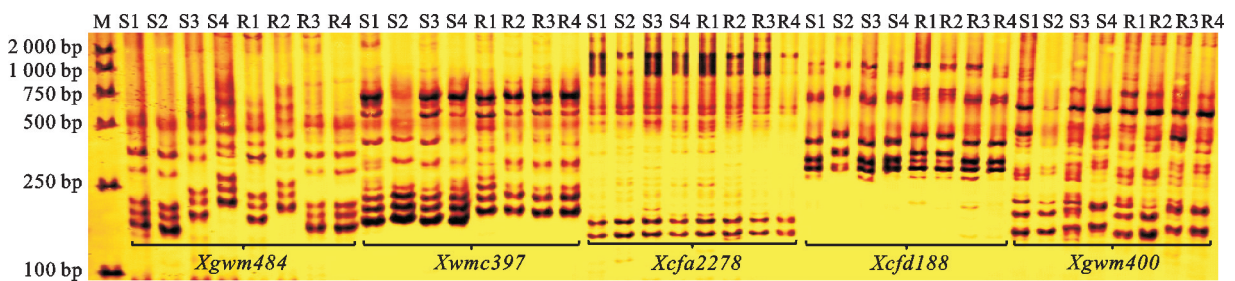
表1 194品种的苗期FCR抗性鉴定

Table 1 Resistance evaluation of 194 wheat cultivars/lines to *Fusarium crown rot* at seedling stage

病情指数 DI range	抗性 Resistance	平均病情指数 Mean of DI	数目(占比) No. (Ratio/%)	小麦品种(系) Wheat cultivars(lines)
10.01~20.00	MR	18.42cB	3 (1.6)	存麦 218、YN903-18、中育 1123 Cunmai 218, YN903-18, Zhongyu 1123
20.01~30.00	MS	27.91bB	34(15.5)	阡麦 257、存麦 21、轮选 131、新麦 32、存麦 20、华伟 305、宁麦 26、农大 2011、金麦 1号、郑麦 7698、安农 0711、宁麦 30、西农 9112、烟农 1212、宁麦 9号、山农 38、皖红麦 759、豫农 611、偃展 4110、山农 40、Sunco、百农 4199、豫农 612、中麦 895、宛麦 19、YN916、冀麦 765、豫农 186、YN944、徐麦 29、存麦 11、豫农 202、漯麦 163、周 8425B Dunmai 257, Cunmai 21, Lunxuan 131, Xinmai 32, Cunmai 20, Hawei 305, Ningmai 26, Nongda 2011, Jinmai 1, Zhengmai 7698, Anong 0711, Ningmai 30, Xinong 9112, Yannong 1213, Ningmai 9, Shannong 38, Wanhongmai 759, Yunong 611, Yanzhan 4110, Shannong 40, Sunco, Bainong 4199, Yunong 612, Zhongmai 895, Wanmai 19, YN916, Jimai 765, Yunong 186, YN944, Xumai 29, Cunmai 11, Yunong 202, Luomai 163, Zhou 8425B
>30.01	HS	46.77aA	157(80.9)	苏麦 3号、矮抗 58、中国春、YN945、YN915、豫农 615、宛麦 788、济麦 5022、冀 5265、新麦 26、YN909、荃麦 725、谷神麦 19、扬麦 19、YN907、鲁麦 21、郑麦 113、宛麦 1326、淮麦 20、YN917、浚麦 118、豫农 810、衡观 35、郑麦 369、周麦 36、英强 1号、赛德麦 5号、新麦 35、YN910、宁麦 13、中育 1428、良星 99、赛德麦 1号、泛育麦 20、郑麦 136、石麦 26、存麦 115、冀优 5766、山农 981、百农 607、周麦 40、皖麦 52、豫农 211、YN905、万丰 269、孟麦 023、宁麦 29、郑麦 9023、宛麦 988、华育 198、泛育麦 18、扬麦 158等 Sumai 3, Aikang 58, Chinese spring, YN945, YN915, Yunong 615, Wanmai 788, Jimai 5022, Ji 5265, Xinmai 26, YN909, Quanmai 725, Gushenmai 19, Yangmai 19, YN907, Lumai 21, Zhengmai 113, Wanmai 1326, Huaimai 20, YN917, Xunmai 118, Yunong 810, Hengguan 35, Zhengmai 369, Zhoumai 36, Yingqiang 1, Saidemai 5, Xinmai 35, YN910, Ningmai 13, Zhongyu 1428, Liangxing 99, Saidemai 1, Fanyumai 20, Zhengmai 116, Shimai 26, Cunmai 115, Gaoyou 5766, Shannong 981, Bainong 607, Zhoumai 40, Wanmai 52, Yunong 211, YN905, Wanfeng 269, Mengmai 023, Ningmai 29, Zhengmai 9023, Wanmai 988, Huayu 198, Fanyumai 18, Yangmai 158, et al.

DI: Disease index;均值后的小写与大写字母分别表示在0.05与0.01水平上差异显著;占比:该组材料数量占供试194份材料的百分比。

DI: Disease index. Different lowercases and uppercases following data indicate significant difference at 0.05 and 0.01 levels respectively. Data in brackets represent the percentages of the number of tested wheat materials out of the total 194 wheat materials.



M:分子量标准;S1, S2, S3与S4分别是感病的矮抗58、中国春、苏麦三号和YN931;R1, R2, R3与R4分别是抗病的Sunco、中育1123、存麦218与YN903-18。

M:DNA ladder; S1, S2, S3, and S4 indicate the susceptible wheat cultivars/lines Aikang 58, China Spring, Sumai 3, and YN931, respectively; R1, R2, R3, and R4 indicate the resistant wheat cultivars/lines Sunco, Zhongyu 1123, Cunmai 218, and YN903-18, respectively.

图1 5个标记对抗、感品种(系)的分子检测

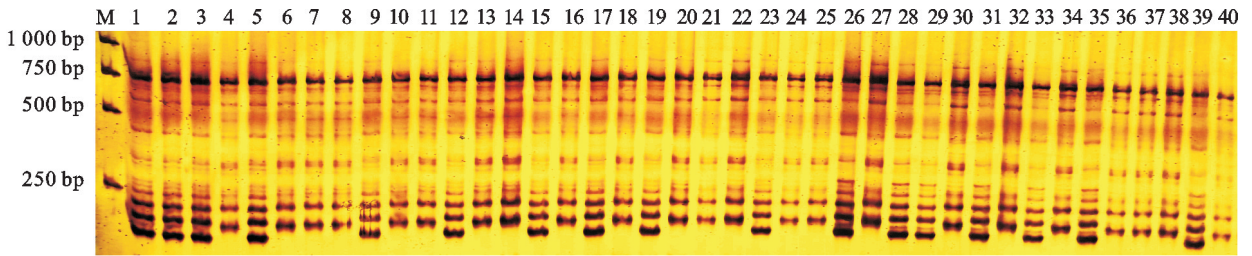
Fig. 1 PCR amplification profiles of resistant and susceptible cultivars(lines) using five molecular markers

表 2 30 个抗小麦苗期茎基腐病 QILs for Fusarium crown rot at seedling stage

QTL Quantitative trait locus	染色体 Chr.	标记 Marker	正向引物 Forward primer (5'-3')	反向引物 Reverse primer (5'-3')	退火温度 T <sub>m</sub> /°C	产物 Product/bp	抗源 Resistant sources	参考文献 Reference
<b>Qcr-Xbarc148</b>	1A	Xbarc148	GCGCAACCACAA TGTATGCT	GGGGTGTTCCTATTTCTT	55	203	2-49	[32]
<b>Qcr-Xwmc120</b>	1A	Xwmc120	GGAGATGAGAAAGGGGTCAGGA	CCAGGAGACCAGGTTGCAGAAAG	63	161	2-49, Gala	[18]
<b>Qcr-Xgwm11</b>	1B	Xgwm11	GGATAGTCAGACAAATTC TTGTG	GTGAAATTGTGCTTGTATGCTTCC	55	196	2-49	[32]
<b>Qcr-barc81</b>	1B	Xbarc81	GCGTAGTGACCAAGTTGTTATATGA	GCGGTTCCGAAAAGTGCTATTTCTACAGTAA	65	178	Bellaroi	[30]
<b>QCr. usq-1D. 1</b>	1D	Xcfd65	AGACGATGAGAAAGGAAAGCCA	CCTCCCTTGTTTTTGGGATT	57	189	Gluyas Early Janz; 2-49	[32]
<b>Qcr-Xgwm95</b>	2A	Xgwm95	GATCAACACACACACCCCTCC	AATGCAAAAGTGA AAAACCCG	57	123	IRN497	[32]
<b>QFCR. heau-2A</b>	2A	Xwms382	GTCAGATAACGGCGTCCAAAT	CTACGTGCACCACCATTTTG	57	113	PI610750	[22]
* <b>Qcr-cfa2278</b>	2B	Xcfa2278	GCCTCTGCAAGTCTTTACCG	AAGTCGGCATCTTCTTCCCT	58	136	Janz	[32]
<b>QCr. usq-2B. 1</b>	2B	Xgwm388	CTACAATTCGAAGGAGAGGGG	CACCGGTCAACTACTTAAGC	58	162	Janz, Gala	[18]
<b>QFCR. heau-2D</b>	2D	Xbarc168	GCGATGCATATGAGATAAGGAACAATG	GCGGCTCTAAGGCGGTTTTCAAAAT	65	170	UC1110	[22]
<b>Qcr-Xgwm484</b>	2D	Xgwm484	ACATCGCTCTTTCACAAAACC	AGTTCGGTCAATGGCTAGG	57	352	Sunco	[32]
<b>Qcrs. cpi-2D</b>	2D	Xcfd73	GATAGATCAATGTGGGCGGT	AACTGTTCCTGCATCTGAGC	55	245	EGA Wylie	[33]
<b>Qcr-BobWhite c30009_285</b>	3A	Xcfa2134	TTTACGGGGACAGTATTCGG	AAGACACTCGATCGGAGAG	57	239	CPI33814	[32]
<b>Qcr. Fhb1</b>	3B	Xgwm389	ATCATGTGCACTCCTTTGACG	TGCCATGCACATTAGCAGAT	57	130	Bellaroi	[30]
* <b>Qcrs. cpi-3B</b>	3B	Xgwm181	TCATTGGTAAATGAGGAGAGA	GAACCATTCATGTGCATGTC	50	127	CSCR6, Ernie, Macon, [28, 30, 33]	
<b>Qcrs. cpi-4B</b>	4B	Xbarc199	CGCATGCTTTTGGAAATTTAAGAAATGTC	CGCTGTTGGATA TTCTTCTCGGTTTTC	65	242	Lang	[34]
<b>Qcr-wpt-7569PCR</b>	4B	wpt-7569PCR	ATGCAACCAGCATCATCAA	GCGAGTTCATACGGATTGGT	57	211	2-49	[35]
* <b>QCr. usq-4B. 1</b>	4B	Xgwm251	CAACTGGTTGCTACACAAGCA	GGGATGTCTGTTCATCTTAG	55	77	Kukri, 2-49, Gala	[17, 18]
<b>Qcr-Xbarc205</b>	5D	Xbarc205	GCGACAGTTGTAGCGGCAGTAGC	GAGCGTAGTAGAAAGCAGAAGGAG	60	118	W21MMT70	[36]
<b>Qcr-Xwmc494</b>	6B	Xwmc494	GGATCGAGTCTCAAAGTCTACAA	AGAAGGAACAAGCAACATCATA	55	218	CSCR6	[30]
<b>Qcr-Xbarc198</b>	6B	Xbarc198	CGCTGAAAAGAAGTGGCGCATTATGA	CGCTGCCTTTTCTGGATTGCTTGCA	65	139	CSCR6	[30]
<b>Qcr-Xwmc397</b>	6B	Xwmc397	AGTCGTGCACCTCCATTTTG	CATTGGACATCGGAGACCTG	58	161	CSCR6	[30]
<b>Qcr-Xgwm193</b>	6B	Xgwm193	CCTTGTGCACCTCTCTCTCC	AATTGTGTTGATGATTGGGG	55	171	CSCR6	[30]
<b>Qcr-Xcfd188</b>	6D	Xcfd188	AATGGCTTCACTGTTGCTCT	AAATGGTCCAGCATTCAAAG	57	248	IRN497	[32]
<b>Qcr-Xgwm400</b>	7B	Xgwm400	GTGCTGCCACCACCTTG	TGTAGGCACTGCTGGGAG	55	139	2-49, Gala	[18]
<b>Fhb1</b>	3BS	TaHRC-ST5	ATTCTACTAGCGCCTGGT	ACTGGGGCAAGCAAAACATTTG	65	1 300	苏麦 3 号 Sumai 3	[37]
<b>Fhb2</b>	6BS	Xwmc398	GGAGATTGACCGAGTGGAT	CGTGAGAGCGGTTCTTTG	57	173	望水白 Wangshuibai	[38]
<b>Fhb4</b>	4BL	Xgwm149	CATTGTTTTCTGCTCTAGCC	CTAGCATCGAACCTGAACAAG	55	160	望水白 Wangshuibai	[38]
<b>Fhb5</b>	5AS	Xmng9482	CATGATTGATTCGATGACTATAAATCTT	TCTTTCTCCCGTTGCAATGT	57	250	望水白 Wangshuibai	[38]
<b>Fhb7</b>	7EL	XsdauK86	CTGCTCTAAGATTCAATGCAACC	GAGGCTTGTGCCCTCTGTAG	55	250	偃麦草 <i>Arhenatherum</i>	[27]

\* 表示稳定的 QTLs; 粗体表示与成株期抗性相关的 QTLs.

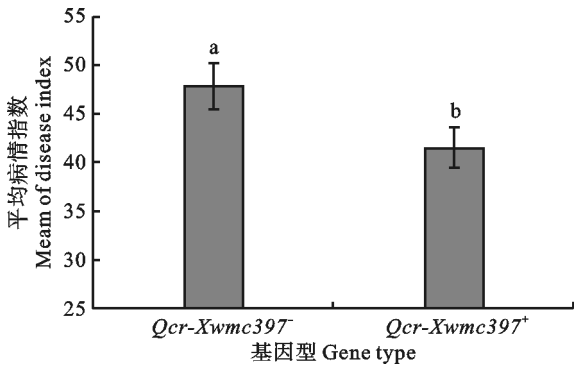
Stable QTLs are labeled with \* ; QTLs associated with adult plant resistance are bolded.



M: 分子量标准; 1~40 为不同的小麦品种(系)。  
 M: DNA ladder; 1-40 indicate different wheat cultivars(lines).

图 2 多态性 SSR 标记 *Xwmc397* 对部分小麦品种(系)的检测图谱

Fig. 2 PCR amplification profiles of the polymorphic SSR markers in some wheat cultivars(lines)



柱状图上不同字母表示在 0.05 水平上 ( $P < 0.05$ ) 差异显著。

Different lowercases letters above columns showed significantly different at 0.05 level ( $P < 0.05$ ).

图 3 不同 *Qcr-Xwmc397* 基因型品种(系)苗期的 FCR 抗性  
 Fig. 3 Resistance of different gene type of *Qcr-Xwmc397* cultivars(lines) to FCR at seedling stage

表明 *Qcr-Xwmc397* 具有抗病效应。仅存麦 218 为 *Fhb7* 的抗病基因型,故没有对 *Fhb7* 的抗 FCR 效应进行分析。

### 3 讨论

本研究对 194 个小麦品种(系)进行了苗期 FCR 抗性鉴定,未发现免疫与高抗材料,这与前人的研究结果一致<sup>[19,21]</sup>;筛选到 3 个中抗品种(系),这与张磊磊等<sup>[4]</sup>对 163 份黄淮麦区周围的小麦种质资源进行苗期抗性鉴定的结果基本一致。因此,需要更多优异抗 FCR 种质资源的开发、鉴定工作,以提高小麦栽培品种的 FCR 抗性。

本研究所用材料中,50%以上被其他学者研究过,多数材料的抗 FCR 鉴定结果一致,如高感品种矮抗 58、周麦 19、豫农 416 等在杨云等<sup>[21]</sup>、金京京等<sup>[23]</sup>、邢小萍等<sup>[25]</sup>的研究中也表现高感;本研究筛选的中抗 FCR 品种(系)存麦 218,在庄驯宇<sup>[31]</sup>的研究中被鉴定为苗期高抗 FCR,推测存

麦 218 对 FCR 抗性稳定,可作为小麦 FCR 抗性改良的优异种质。但有一些材料的鉴定结果与前人不一致,如在本研究中,中感品种郑麦 7698,在其他研究中表现为高感<sup>[21,23,25]</sup>或中抗<sup>[24]</sup>。出现这种现象的原因可能与鉴定方法有关,如鉴定结果为中抗的研究用的是茎基部滴注法<sup>[24]</sup>;而鉴定结果为高感的研究用浸种法<sup>[23]</sup>或自然培养基接种法<sup>[21,25]</sup>另外,由于不同研究所用培养钵形状、土质、土量不同,也会影响鉴定结果<sup>[10]</sup>;致病菌种或菌株不同也可能是试验结果存在差异的原因,如在邢小萍等<sup>[25]</sup>的研究中,衡观 35 高感假禾谷镰孢菌 FCR,中抗禾谷镰孢菌 FCR。所以对不同研究者的结果进行比对时,要考虑致病菌与鉴定方法的差异。

分子标记辅助选择能够提高育种的效率,也能在一定程度上避免由于不同鉴定方法导致的结果不一致问题。由于 FCR 与 FHB 的致病菌都属于镰孢属<sup>[1,25]</sup>,FHB 的抗性 QTL 也可能抗 FCR。为此,本研究找到了 25 个 FCR 抗性相关 QTL 标记和 5 个主效 FHB 抗性相关 QTL 标记,并对不同抗性表型品种(系)进行了分子标记检测。结果在 30 个分子标记中,只有 2 个可能与 FCR 抗性连锁,其中标记 *Xwmc397* 是 FCR 抗性 QTL *Qcr-Xwmc397* 的连锁标记<sup>[30]</sup>,*XsdauK86* 是 FHB 抗性基因 *Fhb7* 的功能标记<sup>[27]</sup>。由于供试材料中携带 *Fhb7* 的只有 1 个小麦品系存麦 218,没有对其进行抗 FCR 效应分析。Ma 等<sup>[30]</sup>研究发现,*Qcr-Xwmc397* 能将小麦病情指数显著降低 (15.9%,  $P < 0.01$ ),这与本研究的 13.2% 接近,证明 *Qcr-Xwmc397* 具有显著抗病效应。25 个 FCR 抗性相关 QTL,仅有 1 个在供试 194 个材料中与 FCR 抗性连锁,主要原因可能是这些 QTL 基本上都是源于国外的抗源(表 2),其遗传背景与中国的

推广品种有较大差异。对筛选到的有显著抗病效应的 $Qcr-Xwmc397$ 分析,发现194个小麦材料中,有132个(68.4%)为抗病基因型,其平均病情指数显著低于未携带 $Qcr-Xwmc397$ 的材料( $P < 0.05$ )。筛选到的3个中抗材料是否还有其他主效抗性QTL,有待更多相关研究。5个FHB抗性相关QTL中,仅 $Fhb7$ 可能与FCR抗性相关外,其原因可能是由于FHB与FCR两种病害致病菌侵染的高峰期与侵染部位不同,小麦对两种病害的抗病机制不一致。前人研究也指出,FCR和FHB的抗性基因和抗源不同<sup>[39]</sup>,如转猕猴桃(*Actinidia chinensis*)果胶甲基酯酶抑制剂基因(*AcPMEI*)小麦能够增强FHB的抗性而没有增强FCR抗性<sup>[40]</sup>。

鉴于本研究所用小麦品种(系)较少,不能全面反映不同QTL的抗病效应,需进一步增加试验材料的数量、扩大试验材料的范围,特别是收集国外FCR抗病小麦品种(系),以较全面地评价已报道QTLs的抗病效应,为育种提供实用分子标记。另外,虽然有研究指出苗期FCR抗性与成株期抗性显著相关<sup>[4,10,41]</sup>,但也有一些研究指出,二者发病时期不同、症状部位不同,可能有不同的抗病机制,苗期抗性与成株期抗性相关性不显著<sup>[24,28]</sup>,尽管苗期抗性是全生育期抗性的重要组成部分,但是与产量直接相关的是成株期抗性,所以应加强FCR成株期抗性种质的鉴定。

#### 参考文献:

- [1]ZHOU H F, HE X L, WANG S, *et al.* Diversity of the *Fusarium* pathogens associated with crown rot in the Huanghuai wheat-growing region of China [J]. *Environmental Microbiology*, 2019, 21: 2740.
- [2]MCKNIGHT T, HART J. Some field observations on crown rot disease of wheat caused by *Fusarium graminearum* [J]. *Queensland Journal of Agricultural & Animal Sciences*, 1966, 23: 373.
- [3]SOHAIL Q, ERGINBAS O G, OZDEMIR F, *et al.* Genome-wide association study of root-lesion nematodes *Pratylenchus* species and crown rot *Fusarium culmorum* in bread wheat [J]. *Life*, 2022, 12: 372.
- [4]张磊磊, 闫香凝, 原敏婕, 等. 小麦种质资源茎基腐病抗性鉴定及定位分析[J]. 植物遗传资源学报, 2024, 25(2): 188. ZHANG L L, YAN X N, YUAN M J, *et al.* The resistance investigation and mapping analysis of *Fusarium* crown rot for wheat accessions [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2024, 25(2): 188.
- [5]LI J L, ZHAI S S, XU X R, *et al.* Dissecting the genetic basis of *Fusarium* crown rot resistance in wheat by genome wide association study [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2024, 137: 43.
- [6]王会伟, 李国领, 高飞, 等. 河南省308份小麦新品系的茎基腐病抗性评价[J]. 麦类作物学报, 2023, 43(1): 46. WANG H W, LI G L, GAO F, *et al.* Evaluation on resistance of 308 wheat lines to crown rot in Henan Province [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2023, 43(1): 46.
- [7]李巧云, 郭振峰, 郝晓鹏, 等. 小麦茎基腐病抗性鉴定方法研究进展[J]. 麦类作物学报, 2023, 43(5): 591. LI Q Y, GUO Z F, HAO X P, *et al.* Advances in identification methods of wheat crown rot [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2023, 43(5): 591.
- [8]赵利民, 吕国强, 何洋, 等. 河南省小麦茎基腐病发生现状及综合防控措施[J]. 中国植保导刊, 2022, 42(5): 49. ZHAO L M, LV G Q, HE Y, *et al.* Occurrence status and integrated control measures of wheat crown rot in Henan Province [J]. *China Plant Protection*, 2022, 42(5): 49.
- [9]WILDERMUTH G B, PURSS G S. Further sources of field resistance to crown rot (*Gibberella zeae*) of cereals in Queensland [J]. *Australian Journal of Experimental Agriculture and Animal Husbandry*, 1971, 11: 462.
- [10]LI X, LIU C, CHAKRABORTY S, *et al.* A simple method for the assessment of crown rot disease severity in wheat seedlings inoculated with *Fusarium pseudograminearum* [J]. *Journal of Phytopathology*, 2008, 156: 752.
- [11]POOLE G J, SMILEY R W, WALKER C, *et al.* Effect of climate on the distribution of *Fusarium* spp. causing crown rot of wheat in the Pacific Northwest of the United States [J]. *Phytopathology*, 2013, 103: 1130.
- [12]XU F, YANG G, WANG J, *et al.* Spatial distribution of root and crown rot fungi associated with winter wheat in the North China Plain and its relationship with climate variables [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2018, 9: 1054.
- [13]KETTLE A J, BATLEY J, BENFIELD A H, *et al.* Degradation of the benzoxazolinone class of phytoalexins is important for virulence of *Fusarium pseudograminearum* towards wheat [J]. *Molecular Plant Pathology*, 2015, 16: 947.
- [14]LIU C J, OGBONNAYA F C. Resistance to *Fusarium* crown rot in wheat and barley: A review [J]. *Plant Breeding*, 2015, 134: 369.
- [15]MUDGE A M, DILL-MACKY R, DONG Y, *et al.* A role for the mycotoxin deoxynivalenol in stem colonization during crown rot disease of wheat caused by *Fusarium graminearum* and *F. pseudograminearum* [J]. *Physiological and Molecular Plant Pathology*, 2006, 69: 78.
- [16]KTHIRI Z, JABEUR MB, CHAIRI F, *et al.* Exploring the potential of *Meyerozyma guilliermondii* on physiological performances and defense response against *Fusarium* crown rot on durum wheat [J]. *Pathogens*, 2021, 10: 52.
- [17]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 Pathology*, 2004, 33: 2.
- [18]COLLARD B C Y, GRAMS R A, BOVILL C D, *et al.* Devel-

- opment 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.
- [19] LAASLI S E, IMREN M, OZER G, *et al.* Interaction of root-lesion nematode (*Pratylenchus thornei*) and crown rot fungus (*Fusarium culmorum*) associated with spring wheat resistance under simulated field conditions [J]. *Phytoparasitica*, 2022, 50: 789.
- [20] 张鹏, 霍燕, 周森平, 等. 由禾谷镰刀菌引起的小麦茎基腐病鉴定及抗性评价[J]. 植物遗传资源学报, 2009, 10(3): 433. ZHANG P, HUO Y, ZHOU M P, *et al.* Identification and evaluation of wheat germplasm resistance to crown rot caused by *Fusarium graminearum* [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2009, 10(3): 433.
- [21] 杨云, 贺小伦, 胡艳峰, 等. 黄淮海区主推小麦品种对假禾谷镰刀菌所致茎基腐病的抗性[J]. 麦类作物学报, 2015, 35(3): 339. YANG Y, HE X L, HU Y F, *et al.* Resistance of wheat cultivars in Huang-Huai Region of China to crown rot caused by *Fusarium pseudograminearum* [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2015, 35(3): 339.
- [22] YANG X, PAN Y B, SINGH P K, *et al.* Investigation and genome-wide association study for Fusarium crown rot resistance in Chinese common wheat [J]. *BMC Plant Biology*, 2019, 19: 153.
- [23] 金京京, 齐永志, 王丽, 等. 小麦种质对茎基腐病抗性评价及优异种质筛选[J]. 植物遗传资源学报, 2020, 21(2): 308. JIN J J, QI Y Z, WANG L, *et al.* Evaluation of Chinese wheat germplasm resources for crown rot resistance [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2020, 21(2): 308.
- [24] 徐飞, 李淑芳, 石瑞杰, 等. 黄淮海区主栽小麦品种抗茎基腐病评价及茎秆和籽粒中毒素积累分析[J]. 植物病理学报, 2021, 51(6): 912. XU F, LI S F, SHI R J, *et al.* Evaluation of resistances to *Fusarium* crown rot caused by *Fusarium pseudograminearum* in commercial wheat cultivars of Huanghuai wheat growing region and toxin accumulation in stems and kernels [J]. *Acta Phytopathologica Sinica*, 2021, 51(6): 912.
- [25] 邢小萍, 张娅珂, 刘庆强, 等. 黄淮海区小麦品种对两种镰孢菌 (*Fusarium*) 的抗性鉴定[J]. 植物遗传资源学报, 2020, 21(5): 1060. XING X P, ZHANG Y K, LIU Q Q, *et al.* Evaluation of resistance of wheat cultivars to two species of *Fusarium* in wheat-producing area of Huang-Huai [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2020, 21(5): 1060.
- [26] LI Q Y, HAO X P, GUO Z F, *et al.* Screening and resistance loci identification of mutant *fczZ22* resistant to crown rot caused by *Fusarium pseudograminearum* [J]. *Plant Disease*, 2024 (online, DOI: 10. 1094/PDIS-06-23-1195-RE).
- [27] 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: eaba5435.
- [28] 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]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2012, 125: 100.
- [29] DOYLE J J, DOYLE J L. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissues [J]. *Phytochem Bull*, 1987, 19(1): 12.
- [30] MA J, ZHANG C Y, LIU Y X, *et al.* Enhancing Fusarium crown rot resistance of durum wheat by introgressing chromosome segments from hexaploid wheat [J]. *Euphytica*, 2012, 186: 70.
- [31] 庄驯宇. 黄淮海区主推及新育小麦品种对茎基腐病的抗性鉴定及抗性基因分析[D]. 郑州: 河南农业大学, 2023: 15. ZHUANG X Y. Identification of resistance and gene analysis of main and new wheat varieties to Fusarium crown rot in Huang-Huai Wheat Region [D]. Henan: Henan Agricultural University, 2023: 15.
- [32] MARTIN A, BOVILL W D, PERCY C D, *et al.* Markers for seedling and adult plant crown rot resistance in four partially resistant bread wheat sources [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2015, 128: 380.
- [33] ZHENG Z, GAO S, ZHOU M X, *et al.* Enhancing Fusarium crown rot resistance by pyramiding large-effect QTL in common wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Molecular Breeding*, 2017, 37: 107.
- [34] MA J, LI H B, ZHANG C, *et al.* Identification and validation of a major QTL conferring crown rot resistance in hexaploid wheat [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2010, 120: 1121.
- [35] YANG X M, MA J, LI H B, *et al.* Different genes can be responsible for crown rot resistance at different developmental stages of wheat and barley [J]. *European Journal of Plant Pathology*, 2010, 128: 500.
- [36] 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, 125: 538.
- [37] SU Z Q, BERNARDO A, TIAN B, *et al.* A deletion mutation in *TaHRC* confers *Fhb1* resistance to Fusarium head blight in wheat [J]. *Nature Genetics*, 2019, 51: 4.
- [38] JIA H Y, ZHOU J Y, XUE S L, *et al.* A journey to understand wheat Fusarium head blight resistance in the Chinese wheat Wangshuibai [J]. *The Crop Journal*, 2018, 6: 50.
- [39] SHI S D, ZHAO J C, PU L F, *et al.* Identification of new sources of resistance to crown rot and Fusarium head blight in wheat [J]. *Plant Disease*, 2020, 104: 1979.
- [40] MANDALA G, CEOLONI C, BUSATO I, *et al.* Transgene pyramiding in wheat: combination of deoxynivalenol detoxification with inhibition of cell wall degrading enzymes to contrast Fusarium head blight and crown rot [J]. *Plant Science*, 2021, 313: 111059.
- [41] 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 Pathology*, 2006, 55: 440.