

黄淮麦区小麦抗赤霉病品种(系)的鉴定和遗传分析

张勇, 杨子博, 刘畅, 杜莹莹, 周羊梅, 王安邦, 顾正中

(江苏徐淮地区淮阴农业科学研究所/淮安市农业生物技术重点实验室, 江苏淮安 223001)

摘要:为明确黄淮麦区小麦抗赤霉病品种(系)抗病基因分布及其遗传基础,以2021—2022年度从515份黄淮麦区白皮小麦品种(系)中鉴定获得的60份赤霉病抗性较好的材料为研究对象,采用单花滴注法、分子标记检测及小麦55K SNP芯片技术分别对其赤霉病抗性、基因组成及遗传多样性进行了分析。赤霉病抗性鉴定结果显示,2022—2023年度高抗、中抗和中感材料分别有1、36和23份,占比分别为1.67%、60.0%和38.33%;2023—2024年度没有鉴定到高抗材料,而中抗和中感的材料分别有39和21份,占比分别为65.0%和35.0%。综合两个年度鉴定结果,抗性稳定表现为中抗及以上的材料有33份,占比为55.0%;稳定表现为中感的材料有17份,占比为28.3%;其余材料抗性在年度间存在差异,介于中抗和中感之间。经基因分子检测,供试材料中携带*Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb4*、*Fhb5*、*Fhb7*和*Qfhs.crc-2DL*的材料分别有17、4、6、3、4和8份,占比分别为28.3%、6.7%、10.0%、5.0%、6.7%和13.3%;聚合两个基因、三个基因和三个以上基因的材料分别有7、4和1份,占比分别为11.7%、6.7%和1.7%。从遗传多样性看,供试材料间遗传基础较为狭窄,品种(系)间遗传距离为0.026~0.532 cM,平均遗传距离仅为0.384 cM。通过聚类分析将供试材料划分为五类,分别包含6、4、10、3和37份品种(系),聚类结果基本符合地域来源和系谱特征。

关键词:黄淮麦区;小麦;赤霉病;分子标记;遗传多样性

中图分类号:S512.1;S330

文献标识码:A

文章编号:1009-1041(2025)09-1167-13

Identification and Genetic Analysis of FHB Resistant Cultivars(Lines) from Huang-Huai Wheat Area

ZHANG Yong, YANG Zibo, LIU Chang, DU Yingying, ZHOU Yangmei,
WANG Anbang, GU Zhengzhong

(Huaiyin Institute of Agricultural Sciences in Xuhuai Region of Jiangsu Province/ Huai'an Key Laboratory for Agricultural Biotechnology, Huai'an, Jiangsu 223001, China)

Abstract: In order to clarify resistant genes distribution and genetic basis of scab resistant varieties (lines) from Huanghuai wheat region, single floret injection method, molecular markers and 55K SNP chips were used to evaluate scab resistance, detect gene components and analyze genetic diversity of 60 materials with relatively good resistance, which were evaluated from 515 white-grain wheat varieties (lines) in 2021—2022. Evaluation of Fusarium head blight (FHB) resistance showed that there were 1, 36, and 23 varieties (lines) exhibiting high resistance, moderate resistance and moderate susceptibility in 2022—2023, accounting for 1.7%, 60.0%, and 38.3% of total materials, respectively. In 2023—2024, 39 varieties (lines) were evaluated as moderate resistance and 21 varieties (lines) were moderate susceptibility, account for 65.0% and 35.0% of total, respectively. No varieties (lines) with high resistance were identified. From the perspective of two consecutive years, there were 33 and

收稿日期:2024-09-06 修回日期:2024-10-23

基金项目:淮安市自然科学研究计划项目(HABL202121);省重点研发计划(现代农业)子项目(BE2023363);江苏省种业振兴揭榜挂帅项目[JBGSG(2021)013]

第一作者 E-mail:2017101102@njau.edu.cn(张勇)

通讯作者 E-mail:464023502@qq.com(周羊梅)

17 varieties(lines) performed as moderate resistance and moderate susceptibility stably, accounting for 55.0% and 28.3% of total, respectively. The rest materials exhibited differences in different years, with the resistance level all in the middle of moderate resistance and moderate susceptibility. The results of gene molecular detection showed that there were 17, 4, 6, 3, 4, and 8 varieties(lines) carrying *Fhb1*, *Fhb2*, *Fhb4*, *Fhb5*, *Fhb7*, and *Qfhs. crc-2DL*, accounting for 28.3%, 6.7%, 10.0%, 5.0%, 6.7%, and 13.3% of total, respectively. In terms of multiple gene pyramiding, there were 7 varieties(lines) containing two genes, 4 varieties(lines) carrying three genes, and 1 pyramiding four genes, account for 11.7%, 6.7%, and 1.7% of total, respectively. Genetic diversity analysis showed that the genetic background of the tested materials was relatively narrow. The genetic distance between the representative varieties(lines) varied from 0.026 cM to 0.532 cM, and average distance was only 0.384 cM. These varieties(lines) can be grouped into five categories by clustering analysis, with 6, 4, 10, 3, and 37 varieties(lines) in each category, which generally conforms to the characteristics of regional origin and pedigree.

Keywords: Huanghuai wheat area; Wheat; Scab resistance; Molecular marker; Genetic diversity

小麦赤霉病(Fusarium head blight, FHB)是由禾谷镰刀菌引起的小麦穗部真菌性病害,不仅会造成小麦产量降低,还会引起籽粒内毒素积累,威胁人类饮食健康^[1]。近年来,由于气候变化和耕作制度改变,赤霉病发生在中国已由长江中下游麦区扩展到黄淮等小麦主产区,呈北抬西扩之势。据统计,2010年以来中国赤霉病年发生面积均超过 100 万 hm^2 ,重发年份超过 500 万 hm^2 (2012、2015、2018 等年份),严重限制了小麦产业的高质量发展^[2]。目前,中国主推品种多数高感赤霉病,难以有效应对赤霉病威胁。因此,尽快培育并推广抗赤霉病新品种对维护中国国家粮食安全具有重要意义。

基因资源是品种进行定向遗传改良的基础,利用好现有的优异基因能够实现目标性状的快速、精准改良。随着第三代测序技术的发展和分子生物学技术的不断完善,小麦抗赤霉病基因定位和克隆工作取得较大进展。迄今,小麦中已定位超过 400 个赤霉病相关 QTL,部分效应已得到验证^[3-5]。目前,正式命名的小麦抗赤霉病基因有 8 个(*Fhb1*~*Fhb8*),其中*Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb4*、*Fhb5*和*Fhb8*来源于普通六倍体小麦,*Fhb3*、*Fhb6*和*Fhb7*来源于小麦外源种^[6-7]。*Fhb1*是小麦中发现最早、效应最大的抗赤霉病基因,来源于中国地方品种苏麦 3 号,2019 年 Li 和 Su^[8-9]完成对该基因的克隆。张一铎等^[10]利用开发的诊断性分子标记,将*Fhb1*转移到黄淮麦区大面积推广品种百农 4199 中,创制了可供该地区育种直接利用的抗赤霉病材料。*Fhb7*来源于长穗偃麦草(*Elytri-*

gia elongata),2020 年 Wang 等^[11]完成对该基因的克隆,并利用分子技术将*Fhb7*导入到主栽品种良星 99 中,创制了对赤霉病和 DON 毒素双抗的育种材料。*Fhb2*、*Fhb4*和*Fhb5*效应较*Fhb1*小,目前虽未完成克隆,但都已被精细定位并开发出可供检测的紧密连锁标记^[12-14]。Zhang 和许峰等^[15-16]通过创制多基因聚合材料评价不同基因效应,发现*Fhb2*、*Fhb4*和*Fhb5*能够协同*Fhb1*进一步稳定和提高赤霉病抗性。*Fhb3*和*Fhb6*分别来源于小麦远源种大赖草(*Leymus racemosus*)和日本披碱草(*Elymus tsukushiensis*),根据当前的理论研究和材料创制,二基因尚难以直接在小麦育种中被利用^[17-18]。*Fhb8*是最近在地方品种“望水白”中鉴定到的能够降低籽粒病粒率的抗赤霉病基因,当前定位区间为标记 Xwgrb1500~Xwgrb1559 之间,遗传距离为 1.0 cM,进一步的育种利用还有待开发^[7]。除此之外,部分效应较大的抗赤霉病 QTL 在育种中也有应用,如从地方品种武汉一号中鉴定到的*Qfhs. crc-2DL*在长江中下游麦区扬麦 158、宁麦 27、镇麦 15 等品种中分布^[19-20]。

黄淮麦区是中国小麦年种植面积最大、总产最高的麦区,在国家粮食安全中占有举足轻重的地位。目前,该地区生产上主推品种多数高感赤霉病,特殊年份该病害有重度发生的潜在巨大风险,不利于小麦安全生产。相较于长江中下游麦区,黄淮麦区抗赤霉病育种进程较为滞后,抗病基因利用严重不足。周森平等^[21]采用单花滴注法对黄淮麦区育成的 564 份品种(系)进行连续多年

的赤霉病抗性鉴定,仅筛选到 18 份抗性达中感以上的材料。张煜等^[22]采用土表接种法对黄淮南部麦区 762 份小麦品种(系)进行连续 2 年赤霉病抗性鉴定,筛选到 15 份中抗材料,其中仅有 5 份携带 *Fhb1*。陈婧等^[23]对来自于不同麦区的 454 份小麦种质进行赤霉病抗性鉴定和基因检测,筛选到 5 份高抗和 115 份中抗材料,其中高抗材料全部来源于长江中下游麦区,中抗材料仅有少部分来源于黄淮麦区;携带 *Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb4*、*Fhb5* 和 *QFhs.crc-2DL* 的材料分别有 53、19、26、56 和 147 份,黄淮麦区种质仅分别占 4、3、1、7 和 6 份。因此,进一步筛选适合黄淮生态区的抗赤霉病材料并予以充分利用对推进该地区小麦抗赤霉病育种意义重大。本研究拟对黄淮麦区现有小麦种质

资源进行赤霉病抗性鉴定,筛选出抗性较好的材料进行抗病基因检测和遗传分析,以期为该地区小麦抗赤霉病种质创新和抗病基因合理利用提供理论支撑。

1 材料与方法

1.1 试验材料

本研究供试材料为 60 份赤霉病抗性较好品种(系),系采用土表接种法(2021—2022 年度)从 515 份黄淮麦区白皮小麦品种(系)中鉴定获得,由江苏徐淮地区淮阴农业科学研究所小麦育种团队保存和提供(表 1)。苏麦 3 号、扬麦 158、淮麦 20 和矮抗 58 分别用于本研究赤霉病抗性评价的高抗(HR)、中抗(MR)、中感(MS)和高感(HS)对照。

表 1 用作试验分析的品种(系)
Table 1 Wheat varieties(lines) for experimental analysis

品种(系) Cultivar(line)	系谱 Pedigree	来源 Origin
连麦 12 Lianmai 12	刘虎 98/西农 4711//生选 6 号/漯 38 Liuhu 98/Xinong 4711//Shengxuan 6/Luo 38	江苏 Jiangsu
瑞华 511 Ruihua 511	瑞华 520/西农 511 Ruihua 520/Xinong 511	江苏 Jiangsu
华麦 589 Huamai 589	华麦 4 号/矮抗 58 Huamai 4/Aikang 58	江苏 Jiangsu
华麦 668 Huamai 668	华麦 511-2/周麦 16 Huamai 511-2/Zhoumai 16	江苏 Jiangsu
华麦 2001 Huamai 2001	淮麦 28/连麦 8 号 Huaimai 28/Lianmai 8	江苏 Jiangsu
神州麦 1108 Shenzhoumai 1108	烟农 19/郑麦 9023 Yannong 19/Zhengmai 9023	江苏 Jiangsu
神州麦 2001 Shenzhoumai 2001	烟农 19/淮麦 33 Yannong 19/Huaimai 33	江苏 Jiangsu
盐麦 20Y-1 Yanmai 20Y-1	—	江苏 Jiangsu
宁连 18260 Ninglian 18260	AHY01/济麦 20 AHY01/Jimai 20	江苏 Jiangsu
宁 S20098 Ning S20098	淮麦 44/益科麦 5 号 Huaimai 44/Yikemai 5	江苏 Jiangsu
宁洪 20128 Ninghong 20128	淮麦 20/轮选 75 Huaimai 20/Lunxuan 75	江苏 Jiangsu
宁洪 20083 Ninghong 20083	周麦 25/华瑞 0049 Zhoumai 25/Huarui 0049	江苏 Jiangsu
沱和麦 616 Fenghemai 616	矮抗 58/烟农 19 Aikang 58/Yannong 19	江苏 Jiangsu
金地 1120 Jindi 1120	郑麦 9023 选系/H1120 Zhengmai 9023 line/H1120	江苏 Jiangsu
南淮麦 191 Nanhuaimai 191	百农 4199/NMAS022 回交群体 Bainong 4199/NMAS022 Backcross population	江苏 Jiangsu
南淮麦 192 Nanhuaimai 192	周麦 27/NMAS022 回交群体 Zhoumai 27/NMAS022 Backcross population	江苏 Jiangsu
淮麦 DH1 Huaimai DH1	南淮麦 191/淮 13564 DH 系 Nanhuaimai 191/Huai 13564 DH line	江苏 Jiangsu
南淮麦 418 Nanhuaimai 418	百农 418/NMAS022 回交群体 Bainong 418/NMAS022 Backcross population	江苏 Jiangsu
南淮麦 31 Nanhuaimai 31	济麦 31/NMAS022 回交群体 Jimai 31/NMAS022 Backcross population	江苏 Jiangsu
淮核 20157 Huaihe 20157	矮败轮回选择 Recurrent selection of dwarf male-sterile wheat	江苏 Jiangsu
淮核 21236 Huaihe 21236	矮败轮回选择 Recurrent selection of dwarf male-sterile wheat	江苏 Jiangsu
淮麦 17 Huaimai 17	淮 82057/徐州 7471 Huai 82057/Xuzhou 7471	江苏 Jiangsu
淮麦 21 Huaimai 21	淮麦 17/豫麦 54 Huaimai 17/Yumai 54	江苏 Jiangsu
淮麦 30 Huaimai 30	郑麦 9023/淮 86175 Zhengmai 9023/Huai 86175	江苏 Jiangsu
淮麦 45 Huaimai 45	淮麦 28/淮麦 25 Huaimai 28/Huaimai 25	江苏 Jiangsu
淮麦 13692 Huaimai 13692	淮麦 28/淮麦 25//淮麦 52 Huaimai 28/Huaimai 25//Huaimai 52	江苏 Jiangsu
淮麦 2238 Huaimai 2238	徐农 029/淮麦 52//E45(14-15) Xunong 029/Huaimai 52//E45(14-15)	江苏 Jiangsu
南淮麦 26 Nanhuaimai 26	周麦 26/NMAS022 回交群体 Zhoumai 26/NMAS022 Backcross population	江苏 Jiangsu

(续表1 Continued table 1)

品种(系) Cultivar(line)	系谱 Pedigree	来源 Origin
南淮麦 33 Nanhuaimai 33	淮麦 33/NMAS007 回交群体 Huaimai 33/NMAS007 Backcross population	江苏 Jiangsu
淮麦 2110 Huaimai 2110	徐农 029/淮麦 52//淮 03509 Xunong 029/Huaimai 52//Huai 03509	江苏 Jiangsu
淮麦 10421 Huaimai 10421	淮麦 33//洛麦 21/淮麦 04520 Huaimai 33//Luomai 21/Huaimai 04520	江苏 Jiangsu
淮麦 139 Huaimai 139	百农 207/淮麦 18//淮麦 20 Bainong 207/Huaimai 18//Huaimai 20	江苏 Jiangsu
淮麦 2208 Huaimai 2208	淮麦 45/许科 918 Huaimai 45/Xuke 918	江苏 Jiangsu
淮麦 171696 Huaimai 171696	淮 12790/瑞泉麦 32 Huai 12790/Ruiquanmai 32	江苏 Jiangsu
淮麦 DH8 Huaimai DH8	南淮麦 192/淮 07152 DH 系 Nanhuaimai 192/Huai 07152 DH line	江苏 Jiangsu
淮麦 DH103 Huaimai DH103	南淮麦 192/淮 13565 DH 系 Nanhuaimai 192/Huai 13565 DH line	江苏 Jiangsu
淮麦 DH179 Huaimai DH179	南淮麦 191/淮 15365 DH 系 Nanhuaimai 191/Huai 15365 DH line	江苏 Jiangsu
南淮麦 608 Nanhuaimai 608	淮麦 608/NMAS022 回交群体 Huaimai 608/NMAS022 Backcross population	江苏 Jiangsu
南淮麦 304 Nanhuaimai 304	淮麦 52/NMAS022 回交群体 Huaimai 52/NMAS022 Backcross population	江苏 Jiangsu
徐麦 31 Xumai 31	徐州 26 号/烟辐 188 Xuzhou 26/Yanfu 188	江苏 Jiangsu
徐农 029 Xunong 029	淮麦 20/矮抗 58 Huaimai 20/Aikang 58	江苏 Jiangsu
徐麦 302 Xumai 302	徐麦 30/徐麦 114427 Xumai 30/Xumai 114427	江苏 Jiangsu
徐麦 DH9 Xumai DH9	H35/矮抗 58(BC ₂ F ₁)//徐麦 1108 DH 系 H35/Aikang 58(BC ₂ F ₁)//Xumai 1108 DH line	江苏 Jiangsu
徐麦 17252 Xumai 17252	H35/矮抗 58(BC ₂ F ₁)//徐麦 2023 H35/Aikang 58(BC ₂ F ₁)//Xumai 2023	江苏 Jiangsu
徐麦 19250 Xumai 19250	H35/矮抗 58(BC ₂ F ₁)//徐麦 2023 H35/Aikang 58(BC ₂ F ₁)//Xumai 2023	江苏 Jiangsu
安科 1902 Anke 1902	宁 0320/安科 157//安科 157 Ning 0320/Anke 157/Anke 157	安徽 Anhui
华皖麦 24 Huawanmai 24	05107/08047 05107/08047	安徽 Anhui
西农 511 Xinong 511	西农 2000-7/99534 Xinong 2000-7/99534	陕西 Shaanxi
西农 979 Xinong 979	西农 2611//918/95 选 1 Xinong 2611/918/95 Xuan 1	陕西 Shaanxi
西农 6628 Xinong 6628	西农 585/扬麦 14//西农 585 Xinong 585/Yangmai 14//Xinong 585	陕西 Shaanxi
郑麦 9023 Zhengmai 9023	西农 881/陕 213 Xinong 881/Shaan 213	河南 Henan
豫农 903 Yunong 903	生选 6 号/周麦 22 号//周麦 22 号 Shengxuan 6/Zhoumai 22//Zhoumai 22	河南 Henan
宛麦 270 Wanmai 270	淮麦 24/矮抗 58 Huaimai 24/Aikang 58	河南 Henan
轮选 124 Lunxuan 124	矮败//漯 9908/豫教 5 号 Aibai//Luo 9908/Yujiao 5	河南 Henan
山农 48 Shannong 48	A075-4/济麦 22 A075-4/Jimai 22	山东 Shandong
山农 A064 Shannong A064	SDAU1882/济麦 22 SDAU1882/Jimai 22	山东 Shandong
山农 7506 Shannong 7506	SDAU1881/济麦 22 SDAU1881/Jimai 22	山东 Shandong
太麦 198 Taimai 198	良星 619/山农 2149 Liangxing 619/Shannong 2149	山东 Shandong
岱麦 217 Daimai 217	泰农 6027/莱 0453 Tainong 6027/Lai 0453	山东 Shandong
中科 166 Zhongke 166	矮败/六倍体小偃麦 8803//济麦 22 Aibai/Hexaploid Triticigia 8803/Jimai 22	北京 Beijing

“—”表示该品种(系)系谱未知。

“—” indicates that the pedigree of variety (line) is unknown.

1.2 试验方法

1.2.1 DNA 提取

小麦基因组 DNA 提取采用 SDS 法进行^[24]。2022 年 12 月于温室大棚内取小麦幼嫩叶片至 2.0 mL 离心管中,放入液氮中冷冻,使用混合球磨仪进行充分研磨。研磨后加入适量 SDS 提取液,置于 65 °C 水浴锅中进行恒温水浴 30 min,期间上下颠倒两次。水浴结束后,向离心管中加入 300 μL 氯仿/异戊醇(24:1),摇匀萃取 10 min。萃取

结束后,离心、吸取上清液 200 μL,加入等体积无水乙醇,待絮状沉淀析出后离心,弃上清。后使用 70% 的酒精洗涤两次,吹干,加入适量 TE 溶解 DNA,放入 -20 °C 冰箱中待用。

1.2.2 PCR 扩增

抗赤霉病基因 *Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb4* 和 *Fhb5* 的分子检测标记均由南京农业大学马正强教授团队提供,*Fhb7* 的分子检测参考 Wang 等^[11] 开发的标记,*Qfhs.crc-2DL* 的检测则参考 Somers 等^[19] 开

发的标记(表 2)。望水白含有抗赤霉基因*Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb4* 和*Fhb5*,用作以上基因检测的阳性对照;扬麦 158 含有*Qfhs. crc-2DL*,用作该位点检测的阳性对照。PCR 反应体系为 10.0 μL ,包括 2.0 μL (20 $\text{ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$)DNA 模板,5.0 μL 2 \times Taq Master Mix(P112-02,南京诺唯赞生物科技有限公司),上下游引物各 0.2 μL (10 $\mu\text{mol} \cdot \text{L}^{-1}$),其余用 ddH₂O 补齐。PCR 反应程序:94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 5 min;94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s、退火温度根据各引物进行设定、72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸(延伸时间参考 800 $\text{bp} \cdot \text{min}^{-1}$ 进行设定),循环数为 36 个;最后 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 10

min。PCR 产物检测:*Fhb1* 和*Fhb7* 采用 1.5%浓度琼脂糖凝胶电泳进行,在紫光灯下观察结果;*Fhb2*、*Fhb4*、*Fhb5* 和*Qfhs. crc-2DL* 的检测均采用 8%非变性聚丙烯酰胺凝胶(PAGE),经银染显色后拍照分析。

1.2.3 田间试验设计

2022—2023 年度将供试材料种植于淮安市农科院科研创新基地温室大棚内,采用完全随机区组设计,每个材料设置两个重复,重复内每个材料种植 2 行,行长 1.5 m,行宽 0.3 m,每行播 30 粒。2023—2024 年度种植方式同上年度。

表 2 抗赤霉病基因/QTL 分子检测标记

Table 2 Molecular markers of FHB resistant genes/QTLs

基因/QTL Gene/QTL	标记名称 Marker	引物序列(5'-3') Primer sequence (5'-3')	退火温度/ $^{\circ}\text{C}$ Annealing temperature/ $^{\circ}\text{C}$
<i>Fhb1</i>	Wgrb619	F: ATTCTACTAGCCGCTGGT	70~60
		R: GCCAATCAGGTTCTGAGGCATTTTA	
<i>Fhb2</i>	Wmc398	F: GGAGATTGACCGAGTGGAT	60
		R: CGTGAGAGCGTTTCTTTG	
<i>Fhb4</i>	Wgrb969	F: ATGCCTGCTTGCTCACTG	61
		R: TCCTATGCGTTTCGGTTGG	
<i>Fhb4</i>	Gwm513	F: ATCCGTAGCACCTACTGGTCA	60
		R: GGTCTGTTCATGCCACATTG	
<i>Fhb5</i>	Gwm149	F: CATTGTTTTCTGCCTCTAGCC	55
		R: CTAGCATCGAACCTGAACAAG	
<i>Fhb5</i>	Mag9482	F: CATGATTGATTTCGATGACTATAATATCTT	52
		R: TCTTTCTCCCGTTGCAATGT	
<i>Fhb7</i>	Wmc752	F: CCGATTGTAGATCAAAAAGCC	61
		R: TCTAGAGAGTCTTTTTCCCGAGC	
<i>Fhb7</i>	7E	F: TTCATCATCTGCTAGGCGATAAGA	65~58
		R: CTACTTCACCTCGGCATACTTGTC	
<i>QFhs. crc-2DL</i>	Gwm539	F: CTGCTCTAAGATTTCATGCAACC	55
		R: GAGGCTGTGCCCTCTGTAG	
<i>QFhs. crc-2DL</i>	Wmc41	F: TCCCTCTTCCAAGCGGGATAG	55
		R: GGAGGAAGATCTCCCGAGCAG	

1.2.4 赤霉病抗性鉴定

禾谷镰刀菌孢子悬浮液由南京农业大学马正强教授团队惠赠,悬浮液浓度为 1.0 $\times 10^5$ 个 $\cdot \text{mL}^{-1}$ 。在小麦扬花期采用单花滴注法将 10 μL 孢子悬浮液接种到小麦穗中部的小花中,每个材料接种 30 穗,接种后喷雾保湿 3 d。待高感对照充分发病后,每个材料选取发病最重的 20 穗进行赤霉病严重度(S)调查。严重度分级标准参照 NY/T 1443.4-2007《小麦抗病虫性评价技术规范:小麦抗赤霉病评价技术规范》,平均严

重度(S) = Σ (各级病穗数 \times 相应病级数)/调查总穗数。抗性分级标准:HR, $S \leq S_{\text{苏麦 3 号}}$; MR, $S_{\text{苏麦 3 号}} < S \leq S_{\text{扬麦 158}}$; MS, $S_{\text{扬麦 158}} < S \leq S_{\text{淮麦 20}}$; HS, $S > S_{\text{淮麦 20}}$ 。

1.2.5 聚类分析

基于小麦 55K SNP 芯片数据(委托北京中玉金生物技术有限公司进行),使用 Tassel 5.0 软件构建品种(系)间亲缘关系矩阵,采用类平均法(UPGMA)绘制聚类分析树状图,最后利用 MEGA-X 软件对树状图进行优化。

2 结果与分析

2.1 赤霉病抗性鉴定结果

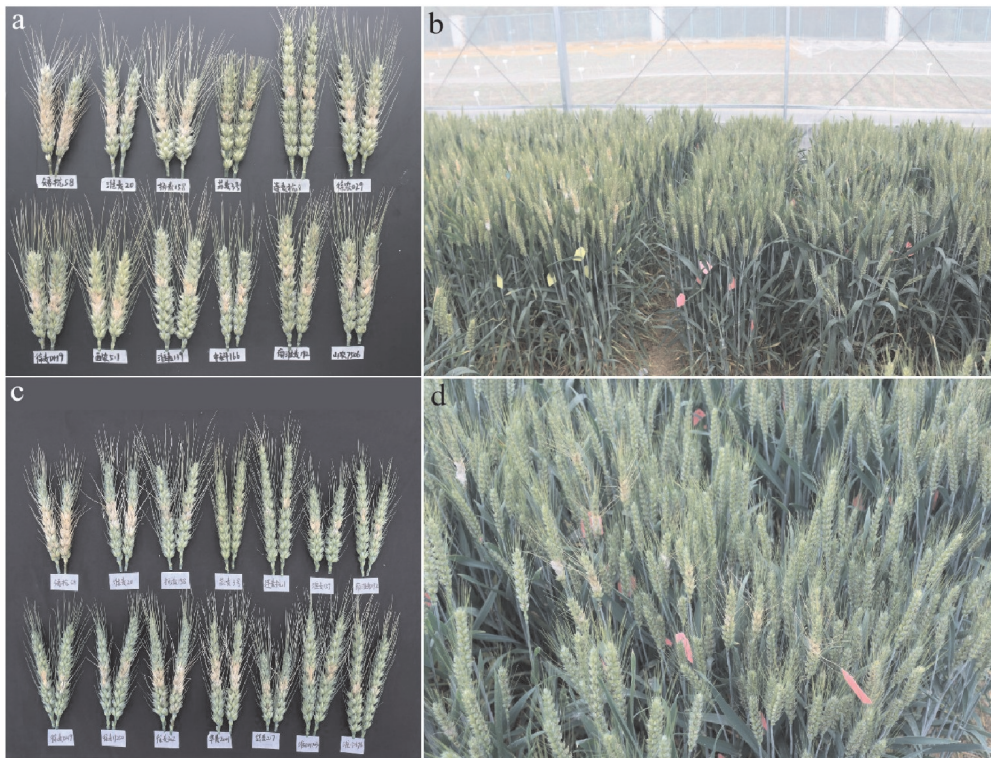
经单花滴注法鉴定,在 2022—2023 年度,供试材料的平均严重度变化范围为 1.25~3.08,其中连麦 12 发病最轻,其平均严重度小于苏麦 3 号,抗性达到高抗水平;达到中抗水平的材料有 36 份,包括瑞华 511、宁洪 20083、淮麦 139 等,占总数的 60.0%;其余材料均表现为中感。在 2023—2024 年度,供试材料的平均严重度变化范围为 1.50~3.05,没有鉴定到高抗水平的材料;达到中抗水平的材料有 39 份,包括宁洪 20128、淮核 20157、太麦 198 等,占总数的 65.0%;其余材料均达到中感水平(图 1 和表 3)。

综合两个年度鉴定结果,能稳定达到中抗及以上水平的材料有 33 份,包括连麦 12、南淮麦 192、淮麦 2208 等,占总数的 55.0%;淮麦 30、徐麦 31、西农 979 等 10 份材料的抗性水平在年度间存在差异,介于中抗和中感之间;华麦 589、淮麦 17、山农 A064 等 17 份材料两个年度均稳定表

现为中感(图 1 和表 3)。

2.2 抗赤霉病基因/QTL 的分子检测结果

利用与抗赤霉病基因/QTL 紧密连锁的分子标记对供试品种(系)进行检测,结果显示,南淮麦 191、淮麦 DH8、徐麦 17252 等 17 份品种(系)含有基因 *Fhb1*, 占供试材料总数的 28.3%;南淮麦 192、南淮麦 304、南淮麦 418 和淮麦 DH8 携带基因 *Fhb2*, 占总数的 6.7%;南淮麦 26、南淮麦 33、淮麦 DH1 等 6 份材料含有基因 *Fhb4*, 占总数的 10.0%;宁洪 20083、淮麦 15853、淮麦 DH179 等 8 份材料可能携带 *Fhb4*;南淮麦 33、南淮麦 191 和南淮麦 304 含有基因 *Fhb5*, 占总数的 5.0%, 洋和麦 616、淮核 21236、徐麦 302 等 8 份材料可能携带 *Fhb5*;山农 A064、山农 7506、山农 48 和中科 166 含有基因 *Fhb7*, 占总数的 6.7%;淮麦 2208、徐麦 DH9、徐麦 17252 等 8 份材料含有 *Qfhs. crc-2DL* 该位点, 占总数的 13.3%, 华麦 668、华麦 2001、淮麦 30 等 14 份材料可能携带 *Qfhs. crc-2DL* (表 4)。



a 和 b 为 2022—2023 年度部分品种(系)接种 19 d 后发病情况;c 和 d 为 2023—2024 年度接种 22 d 后发病情况。

a and b were FHB symptoms of some cultivars(lines) at 19 days after inoculation in 2022—2023; c and d were the spikes at 22 days after inoculation in 2023—2024.

图 1 部分品种(系)赤霉病单花滴注结果

Fig. 1 FHB symptoms illustration of some cultivars(lines) inoculated with single floret injection method

表 3 供试品种(系)的赤霉病抗性鉴定结果
Table 3 Result of FHB resistance evaluation in the tested cultivars(lines)

品种(系) Cultivar(line)	2022—2023		2023—2024	
	平均严重度 Mean severity	抗性 Resistance	平均严重度 Mean severity	抗性 Resistance
苏麦 3 号(CK) Sumai 3(CK)	1.30±0.07	HR	1.38±0.04	HR
扬麦 158(CK) Yangmai 158(CK)	2.55±0.07	MR	2.68±0.11	MR
淮麦 20(CK) Huaimai 20(CK)	3.18±0.04	MS	3.05±0.07	MS
矮抗 58(CK) Aikang 58(CK)	3.88±0.04	HS	3.95±0.07	HS
连麦 12 Lianmai 12	1.25±0.07	HR	1.50±0.14	MR
南淮麦 418 Nanhuaimai 418	1.53±0.18	MR	1.40±0.07	MR
南淮麦 304 Nanhuaimai 304	1.73±0.11	MR	1.65±0.07	MR
淮麦 2208 Huaimai 2208	1.88±0.18	MR	1.60±0.14	MR
瑞华 511 Ruihua 511	2.30±0.14	MR	2.45±0.14	MR
淮麦 DH8 Huaimai DH8	1.85±0.21	MR	1.93±0.04	MR
南淮麦 608 Nanhuaimai 608	2.03±0.04	MR	2.30±0.14	MR
淮麦 15853 Huaimai 15853	2.03±0.18	MR	2.13±0.11	MR
淮麦 2238 Huaimai 2238	2.05±0.07	MR	1.98±0.11	MR
豫农 903 Yunong 903	2.05±0.21	MR	2.35±0.14	MR
南淮麦 26 Nanhuaimai 26	2.08±0.18	MR	2.35±0.07	MR
宁洪 20128 Ninghong 20128	2.08±0.11	MR	2.42±0.25	MR
山农 7506 Shannong 7506	2.10±0.21	MR	2.25±0.14	MR
南淮麦 192 Nanhuaimai 192	2.10±0.14	MR	2.28±0.25	MR
淮核 20157 Huaihe 20157	2.13±0.18	MR	2.43±0.25	MR
西农 511 Xinong 511	2.20±0.14	MR	2.65±0.21	MR
华皖麦 24 Huawanmai 24	2.23±0.11	MR	2.05±0.21	MR
南淮麦 33 Nanhuaimai 33	2.25±0.07	MR	2.38±0.25	MR
徐麦 DH9 Xumai DH9	2.25±0.21	MR	2.53±0.18	MR
宁洪 20083 Ninghong 20083	2.25±0.21	MR	2.48±0.11	MR
淮麦 139 Huaimai 139	2.28±0.11	MR	2.43±0.11	MR
中科 166 Zhongke 166	2.30±0.28	MR	2.00±0.14	MR
淮麦 2110 Huaimai 2110	2.33±0.11	MR	2.18±0.18	MR
太麦 198 Taimai 198	2.35±0.14	MR	2.53±0.04	MR
淮麦 DH103 Huaimai DH103	2.35±0.07	MR	2.65±0.07	MR
徐麦 17252 Xumai 17252	2.40±0.14	MR	2.48±0.04	MR
山农 48 Shannong 48	2.40±0.28	MR	2.25±0.07	MR
南淮麦 31 Nanhuaimai 31	2.43±0.18	MR	2.53±0.11	MR
岱麦 217 Daimai 217	2.43±0.18	MR	2.35±0.28	MR
淮麦 21 Huaimai 21	2.48±0.11	MR	2.68±0.11	MR
徐农 029 Xunong 029	2.48±0.18	MR	2.68±0.18	MR
南淮麦 191 Nanhuaimai 191	2.50±0.14	MR	2.63±0.25	MR
淮核 21236 Huaihe 21236	2.53±0.18	MR	2.68±0.11	MR
西农 6628 Xinong 6628	2.43±0.18	MR	2.93±0.04	MS
宁 S20098 Ning S20098	2.50±0.14	MR	2.85±0.14	MS
宛麦 270 Wanmai 270	2.53±0.11	MR	2.75±0.00	MS
西农 979 Xinong 979	2.55±0.14	MR	2.78±0.04	MS
淮麦 13692 Huaimai 13692	2.80±0.14	MS	2.45±0.07	MR
淮麦 DH179 Huaimai DH179	2.85±0.07	MS	2.58±0.04	MR

(续表 3 Continued table 3)

品种(系) Cultivar(line)	2022—2023		2023—2024	
	平均严重度 Mean severity	抗性 Resistance	平均严重度 Mean severity	抗性 Resistance
徐麦 31 Xumai 31	2.63±0.04	MS	2.60±0.14	MR
徐麦 19250 Xumai 19250	2.73±0.11	MS	2.60±0.21	MR
淮麦 30 Huaimai 30	2.68±0.18	MS	2.63±0.18	MR
神州麦 1108 Shenzhoumai 1108	2.95±0.07	MS	2.68±0.25	MR
沔和麦 616 Fenghemai 616	2.73±0.11	MS	2.88±0.25	MS
淮麦 DH1 Huaimai DH1	2.78±0.11	MS	2.90±0.21	MS
徐麦 302 Xumai 302	2.80±0.21	MS	2.85±0.07	MS
安科 1902 Anke 1902	2.80±0.07	MS	3.03±0.11	MS
郑麦 9023 Zhengmai 9023	2.83±0.11	MS	2.75±0.07	MS
盐麦 20Y-1 Yanmai 20Y-1	2.85±0.14	MS	3.00±0.14	MS
淮麦 45 Huaimai 45	2.88±0.32	MS	3.05±0.14	MS
轮选 124 Lunxuan 124	2.88±0.25	MS	3.00±0.21	MS
华麦 668 Huamai 668	2.90±0.14	MS	2.80±0.00	MS
金地 1120 Jindi 1120	2.93±0.11	MS	3.03±0.11	MS
宁连 18260 Ninglian 18260	2.98±0.04	MS	3.00±0.14	MS
淮麦 17 Huaimai 17	2.98±0.11	MS	3.00±0.07	MS
淮麦 10421 Huaimai 10421	3.00±0.07	MS	2.95±0.07	MS
华麦 589 Huamai 589	3.00±0.14	MS	2.90±0.14	MS
华麦 2001 Huamai 2001	3.00±0.14	MS	3.00±0.21	MS
神州麦 2001 Shenzhoumai 2001	3.08±0.04	MS	2.95±0.14	MS
山农 A064 Shannong A064	3.08±0.04	MS	2.95±0.07	MS

在供试材料中,聚合两个基因(位点)的材料有 7 份,占比为 11.7%,其中淮麦 DH8 聚合了 *Fhb1* 和 *Fhb2*,淮麦 DH1 和南淮麦 26 均聚合了 *Fhb1* 和 *Fhb4*,山农 7506 含有 *Fhb1* 和 *Fhb7*,徐麦 DH9、徐麦 17252 和徐麦 19250 则均含有 *Fhb1* 和 *Qfhs. crc-2DL*。聚合三个基因(位点)的材料有 4 份,占比为 6.7%,其中南淮麦 191 聚合了 *Fhb1*、*Fhb2* 和 *Fhb4*,南淮麦 304 聚合了 *Fhb1*、*Fhb2* 和 *Fhb5*,南淮麦 33 聚合了 *Fhb1*、*Fhb4* 和 *Fhb5*,南淮麦 192 聚合了 *Fhb1*、*Fhb2* 和 *Qfhs. crc-2DL*。聚合三个以上基因(位点)的材料较少,仅为南淮麦 418,含有 *Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb4* 和 *Qfhs. crc-2DL* (表 4)。

2.3 聚类分析结果

基于小麦 55K 芯片结果,对供试品种(系)亲缘关系进行分析。结果显示,供试材料间遗传距离为 0.026~0.532 cM,平均遗传距离为 0.384 cM,表明现有抗赤霉病材料间遗传基础较为狭窄。品种(系)间遗传距离最远的为豫农 903 和山农 7506,最近的为金地 1120 和神州麦 2001(图 2)。

根据品种(系)间遗传距离采用类平均法对上述 60 份赤霉病抗性较好材料进行系统聚类。结果显示,在遗传距离为 0.390 cM 处可将供试材料划分为五类(图 2)。第 I 类包括 6 份品种(系),分别为华麦 668、神州麦 1108、轮选 124、徐麦 31、南淮麦 26 和豫农 903,类群品种(系)间平均遗传距离为 0.348 cM,变化范围为 0.298~0.417 cM。第 II 类包括 4 份品种(系),分别为淮麦 30、郑麦 9023、西农 979 和西农 6628,类群品种(系)间平均遗传距离为 0.279 cM,变化范围为 0.221~0.358 cM。第 III 类包括 10 份品种(系),为徐麦 19250、宛麦 270、南淮麦 191 等,类群品种(系)间平均遗传距离为 0.292 cM,变化范围为 0.029~0.398 cM。第 IV 类聚集的品种(系)最少,仅有 3 份,分别为淮麦 17、淮麦 21 和西农 511,类群品种(系)间平均遗传距离为 0.265 cM,变化范围为 0.236~0.306 cM。第 V 类聚集的品种(系)最多,包括 37 份品种(系),类群品种(系)间平均遗传距离为 0.381 cM,变化范围为 0.026~0.532 cM。

表 4 供试品种(系)的抗赤霉病基因分子检测结果
Table 4 Molecular detection of FHB resistant genes in the tested cultivars(lines)

品种(系) Cultivar (line)	<i>Fhb1</i>		<i>Fhb2</i>		<i>Fhb4</i>		<i>Fhb5</i>		<i>Fhb7</i>	<i>Qfhb-2D</i>	
	Wgrb1028	Gwm398	Wgrb969	Gwm513	Gwm149	Mag9482	Wmc752	7E	Gwm539	Wmc41	
连麦 12 Lianmai 12	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
瑞华 511 Ruihua 511	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
华麦 589 Huamai 589	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
华麦 668 Huamai 668	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	+
华麦 2001 Huamai 2001	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-
神州麦 1108 Shenzhoumai 1108	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+
神州麦 2001 Shenzhoumai 2001	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+
盐麦 20Y-1 Yanmai 20Y-1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
宁连 18260 Ninglian 18260	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
宁 S20098 Ning S20098	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-
宁洪 20128 Ninghong 20128	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
宁洪 20083 Ninghong 20083	-	-	-	-	+	-	+	-	-	-	-
沣和麦 616 Fenghemai 616	-	-	-	-	+	-	+	-	-	-	-
金地 1120 Jindi 1120	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+
南淮麦 191 Nanhuaimai 191	+	-	-	+	+	+	+	-	-	-	+
南淮麦 192 Nanhuaimai 192	+	+	+	-	+	-	-	-	+	+	+
淮麦 DH1 Huaimai DH1	+	-	-	+	+	-	-	-	-	-	-
南淮麦 26 Nanhuaimai 26	+	-	-	+	+	-	-	-	-	-	-
南淮麦 418 Nanhuaimai 418	+	+	+	+	+	-	-	-	+	+	+
南淮麦 31 Nanhuaimai 31	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
淮核 20157 Huaihe 20157	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+
淮核 21236 Huaihe 21236	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-
淮麦 17 Huaimai 17	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-
淮麦 21 Huaimai 21	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
淮麦 30 Huaimai 30	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+
淮麦 45 Huaimai 45	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
淮麦 13692 Huaimai 13692	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
淮麦 2238 Huaimai 2238	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
南淮麦 33 Nanhuaimai 33	+	-	-	+	+	+	+	-	-	-	-
淮麦 2110 Huaimai 2110	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
淮麦 10421 Huaimai 10421	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-
淮麦 139 Huaimai 139	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-
淮麦 2208 Huaimai 2208	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+	+
淮麦 15853 Huaimai 15853	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-
淮麦 DH8 Huaimai DH8	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-
淮麦 DH103 Huaimai DH103	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
淮麦 DH179 Huaimai DH179	+	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-
南淮麦 608 Nanhuaimai 608	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
南淮麦 304 Nanhuaimai 304	+	+	+	-	-	+	+	-	-	-	-
徐麦 31 Xumai 31	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
徐农 029 Xunong 029	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
徐麦 302 Xumai 302	-	-	-	-	-	-	+	-	+	+	+
徐麦 DH9 Xumai DH9	+	-	-	-	-	-	-	-	+	+	+
徐麦 17252 Xumai 17252	+	-	-	-	-	-	-	-	+	+	+

(续表 4 Continued table 4)

品种(系) Cultivar (line)	<i>Fhb1</i>		<i>Fhb2</i>		<i>Fhb4</i>		<i>Fhb5</i>		<i>Fhb7</i>	<i>Qfhb-2D</i>	
	Wgrb1028	Gwm398	Wgrb969	Gwm513	Gwm149	Mag9482	Wmc752	7E	Gwm539	Wmc41	
徐麦 19250 Xumai 19250	+	-	-	-	-	-	-	-	-	+	+
安科 1902 Anke 1902	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+
华皖麦 24 Huawanmai 24	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+
西农 511 Xinong 511	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-
西农 979 Xinong 979	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
西农 6628 Xinong 6628	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
郑麦 9023 Zhengmai 9023	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
豫农 903 Yunong 903	+	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+
宛麦 270 Wanmai 270	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
轮选 124 Lunxuan 124	-	-	-	-	-	-	+	-	+	+	+
山农 48 Shannong 48	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-
山农 A064 Shannong A064	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-
山农 7506 Shannong 7506	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-
太麦 198 Taimai 198	-	-	-	+	+	-	-	-	-	-	-
岱麦 217 Daimai 217	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
中科 166 Zhongke 166	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-

“+”和“-”分别表示标记位点带型与阳性对照相同和不同。

“+”and“-” indicate that the genotype was consistent and different with positive control, respectively.

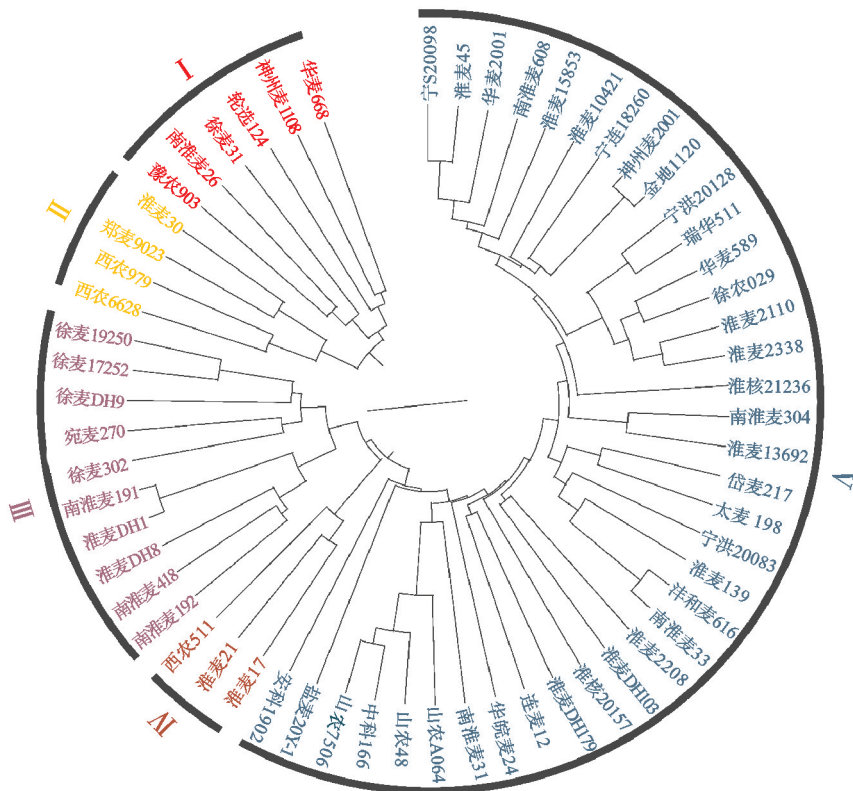


图 2 基于小麦 55K 芯片的聚类分析图

Fig. 2 Clustering analysis based on wheat 55K SNP array

3 讨论

小麦赤霉病是一个受多基因控制的数量性状,合理利用已知抗病基因/QTL有助于从根本

上降低小麦赤霉病发生和危害。分子标记辅助选择因检测环境稳定且不受发育进程限制,已在小麦部分性状改良中得到成功应用^[25-26]。在小麦抗赤霉病分子育种方面,马红勃和周阳等^[27-28]利用

分子标记对*Fhb1* 进行定向选择,育成徐麦 DH9、徐麦 17252、轮选 20 等中抗赤霉病品种;张一铨和许峰等^[10, 16]利用分子标记将*Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb4*和*Fhb5* 分别转育到感病品种百农 4199 和矮抗 58 中,鉴定获得一系列抗性显著提高的稳定品系。此外,本育种团队利用分子标记辅助选择与双单倍体快速稳定技术相结合,选育出淮麦 DH8、淮麦 DH103 等中抗赤霉病品系。这证明分子标记辅助选择在抗赤霉病品种选育和种质创新上行之有效,后续育种工作中应加以重视和利用。

Fhb1 是目前效应最大、育种中应用最广的抗赤霉病基因,能大幅度降低小麦的病小穗率^[8, 15]。本研究利用*Fhb1* 诊断性分子标记筛选到 17 份含有该基因的品种(系),占比为 28.3%。与前人研究结果相比^[21, 22, 29],本研究中*Fhb1* 分布频率明显提高,这可能与该基因受到黄淮麦区育种家高度重视并在抗赤霉病育种中加大利用有关。相较于*Fhb1*,本研究中携带*Fhb2*、*Fhb4* 和*Fhb5* 的材料较少,分别为 4、6 和 3 份,占比分别为 6.7%、10.0%和 5.0%,与陈婧和廖森等^[20, 23]的研究结果基本一致。这表明该地区抗赤霉病育种对这些基因利用严重不足,后续可适当加大对以上材料的使用,以丰富地区品种的抗性遗传基础。*Fhb7* 属外源抗赤霉病基因,能够通过降解 DON 毒素产生解毒效应赋予赤霉病抗性。本研究鉴定到 4 份含该基因的材料,占比为 6.7%,相较于前人研究结果偏高^[22, 29],其主要原因是*Fhb7* 基因的克隆及相关育种材料得到初步应用。*Qfhs. crc-2DL* 来源于长江中下游麦区,在红皮小麦育种中应用广泛^[20, 23]。本研究中,筛选到 8 份含该 QTL 的材料,占比为 13.3%,推测可能是早期育种家通过冬春杂交转移到白皮小麦中来。综合基因型和抗性表现来看,本研究中携带单基因的材料 12 份,抗性均达到中感以上水平,其中 8 份稳定表现为中抗,表明以上抗赤霉病基因对品种(系)抗性表现起一定作用。多基因聚合材料中,大多品种(系)能够在连续年度间稳定达到中抗并表现出较低的发病严重度,证明基因聚合有利于协同提高赤霉病抗性及稳定性,与许峰和 Zhang 等^[15, 16]的研究结果一致。值得注意的是,本研究中也鉴定到少数材料虽携带抗赤霉病基因,但实际抗性表现却未达到预期效果,如淮麦 DH1 (*Fhb1* + *Fhb4*)、淮麦 DH179 (*Fhb1*)、徐麦 19250 (*Fhb1* + *Qfhs. crc-2DL*) 等,推测其原因可能与上述材料

遗传背景中是否含有抗赤霉病基因抑制因子等因素有关^[30]。因此,在实际的育种实践中,建议低世代时进行抗赤霉病基因选择,世代稳定后结合接种鉴定表现,筛选抗性好且表现稳定的抗赤霉病品种。此外,本研究中部分材料虽未检测到已知抗赤霉病基因,却能表现出较好的抗性,如连麦 12 等,推测这些材料中可能含有未知抗病基因,可作为新基因挖掘的重要遗传资源。

品种(系)间遗传多样性是育种家进行种质创新和新品种选育的重要参考依据。因此,准确评价现有抗赤霉病种质间遗传多样性对培育突破性小麦品种意义重大。SNP 芯片作为最新一代分子标记,具有数目多、分布均匀、多态性好等优点,在小麦遗传多样性研究方面发挥出重要作用^[31-32]。本研究基于小麦 55K SNP 芯片数据,对供试抗赤霉病品种(系)进行遗传多样性分析,发现供试材料间平均遗传距离较小,仅为 0.384 cM,与朱靖环等^[33]的研究结果基本一致。通过聚类分析将供试材料划分为五个类群,各类群内基本符合地域来源及系谱特征(表 1,图 2)。如第 I 类群中,多数品种(系)为河南选育,其中豫农 903、南淮麦 26 和华麦 668 均为周麦系列衍生品种(系)。第 II 类群,聚集的 4 份品种(系)均有西农品种血缘,其中郑麦 9023 是西农 881 的后代,而淮麦 30 为郑麦 9023 衍生而来。第 III 类群中,主要包括*Fhb1* 基因分子标记辅助选择育成品种(系),其中徐麦系列品种(系)亲本都含有矮抗 58,淮麦、南淮麦系列品种(系)多数与百农 4199 相关,而百农 4199 与矮抗 58 又存在衍生关系。第 IV 类群中,仅聚集了淮麦 17、淮麦 21 和西农 511,其中淮麦 21 是淮麦 17 的衍生品种,二者与西农 511 遗传关系较近,原因尚不明确。第 V 类群中,聚集品种(系)数目较多,分别来源于江苏淮北、安徽和山东,这可能与这些地区育种目标相近,亲本材料之间交流频繁有关。刘志勇等^[34]对黄淮麦区育成小麦品种进行分析,认为随着商业化育种的推进,在亲本组配上过度重视部分材料的使用造成了地区新育成品种间遗传相似度越来越高,对未来小麦育种及产业发展极为不利。因此,有目的选用亲缘关系较远的品种进行多样化配组,对提高地区育成品种间遗传多样性十分必要。根据本研究聚类结果,可针对品种(系)不同类群特征进行杂交亲本选配,如第 I、II、III 类群主要具河南和陕西品种的特征,与第 V 类群品种

(系)差异较大,可选择上述类群抗赤霉病品种(系)同江苏、安徽和山东高产、稳产品种(系)杂交,筛选高产且抗病的优良品种;相同地,以第V类群品种(系)为抗源可用于对河南矮秆、大穗品种赤霉病抗性进行改良。此外,还可适当加大对远源及国外引进抗赤霉病材料的使用,进一步丰富地区材料遗传多样性。

综上所述,本研究通过对黄淮麦区品种(系)进行赤霉病抗性鉴定、基因分子检测及遗传多样性分析,明确了部分现有赤霉病抗性较好品种(系)抗病基因分布及亲缘关系,可为小麦抗赤霉病分子育种设计提供材料基础及理论参考依据。

致谢:感谢南京农业大学马正强教授、贾海燕教授为本研究提供部分抗赤霉病材料及相关技术指导。

参考文献:

- [1] SCUDAMORE K. Fate of Fusarium mycotoxins in the cereal industry: Recent UK studies [J]. *World Mycotoxin Journal*, 2008, 1(3): 315.
- [2] 黄冲, 姜玉英, 吴佳文, 等. 2018年我国小麦赤霉病重发特点及原因分析[J]. *植物保护*, 2019, 45(2): 160.
HUANG C, JIANG Y Y, WU J W, *et al.* Occurrence characteristics and reason analysis of wheat head blight in 2018 in China [J]. *Plant Protection*, 2019, 45(2): 160.
- [3] KOLLERS S, RODEMANN B, LING J, *et al.* Whole genome association mapping of Fusarium head blight resistance in European winter wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *PLoS One*, 2013, 8(2): e57500.
- [4] QURAIISHI U M, PONT C, AIN Q U, *et al.* Combined genomic and genetic data integration of major agronomical traits in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2017, 8: 1843.
- [5] MA Z, XIE Q, LI G, *et al.* Germplasms, genetics and genomics for better control of disastrous wheat Fusarium head blight [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2020, 133(5): 1541.
- [6] 张爱民, 阳文龙, 李欣, 等. 小麦抗赤霉病研究现状与展望 [J]. *遗传*, 2018, 40(10): 858.
ZHANG A M, YANG W L, LI X, *et al.* Current status and perspective on research against Fusarium head blight in wheat [J]. *Hereditas*, 2018, 40(10): 858.
- [7] WANG X, LI G, JIA H, *et al.* Breeding evaluation and precise mapping of *Fhb8* for Fusarium head blight resistance in wheat (*Triticum aestivum*) [J]. *Plant Breeding*, 2024, 143(1): 26.
- [8] LI G, ZHOU J, JIA H, *et al.* Mutation of a histidine-rich calcium-binding-protein gene in wheat confers resistance to Fusarium head blight [J]. *Nature Genetics*, 2019, 51(7): 1106.
- [9] SU Z, 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(7): 1099.
- [10] 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.
- [11] WANG H, SUN S, GE W, *et al.* Horizontal gene transfer of *Fhb7* from fungus underlies Fusarium head blight resistance in wheat [J]. *Science*, 2020, 368(6493): eaba5435.
- [12] JIA H, ZHOU J, XUE S, *et al.* A journey to understand wheat Fusarium head blight resistance in the Chinese wheat landrace Wangshuibai [J]. *The Crop Journal*, 2018, 6(1): 48.
- [13] XUE S, LI G, JIA H, *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.
- [14] XUE S, XU F, TANG M, *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.
- [15] ZHANG Y, YANG Z, MA H, *et al.* Pyramiding of Fusarium head blight resistance quantitative trait loci, *Fhb1*, *Fhb4*, and *Fhb5*, in modern Chinese wheat cultivars [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2021, 12: 694023.
- [16] 许峰, 李文阳, 闫素辉, 等. 小麦抗赤霉病主效 QTL 的聚合效应分析 [J]. *麦类作物学报*, 2017, 37(5): 585.
XU F, LI W Y, YAN S H, *et al.* Analysis of pyramiding effect of major QTLs for resistance to scab in wheat [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2017, 37(5): 585.
- [17] QI L L, PUMPHREY M O, FRIEBE B, *et al.* Molecular cytogenetic characterization of alien introgressions with gene *Fhb3* for resistance to Fusarium head blight disease of wheat [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2008, 117(7): 1155.
- [18] CAINONG J C, BOCKUS W W, FENG Y, *et al.* Chromosome engineering, mapping, and transferring of resistance to Fusarium head blight disease from *Elymus tsukushiensis* into wheat [J]. *Theoretical and Applied Genetics* 2015, 128(6): 1019.
- [19] 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.
- [20] 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): 297.
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): 297.
- [21] 周森平, 姚金保, 张平平, 等. 黄淮麦区小麦抗赤霉病新种质的创制和筛选 [J]. *麦类作物学报*, 2018, 38(3): 268.

- ZHOU M P, YAO J B, ZHANG P P, *et al.* Development and screening of new germplasm with resistance to *Fusarium* head blight in Huang-Huai wheat region [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2018, 38(3): 268.
- [22] 张煜, 李正玲, 王震, 等. 黄淮南部麦区小麦赤霉病抗性鉴定及基因型分析[J]. 麦类作物学报, 2020, 40(3): 270.
- ZHANG Y, LI Z L, WANG Z, *et al.* Identification of the resistance to *Fusarium* head blight of wheat in the south of Huang-Huai wheat zone and genotype analysis of resistant cultivars [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2020, 40(3): 270.
- [23] 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): 1133.
- 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): 1133.
- [24] MA Z Q, SORRELLS M E. Genetic analysis of fertility restoration in wheat using restriction fragment length polymorphisms [J]. *Crop Science*, 1995, 35(4): 1137.
- [25] 董娜, 张亚娟, 张军刚, 等. 分子标记辅助小麦抗白粉病基因 *Pm21* 和 *Pm13* 聚合育种[J]. 麦类作物学报, 2014, 34(12): 1639.
- DONG N, ZHANG Y J, ZHANG J G, *et al.* Molecular marker assisted pyramid breeding of powdery mildew resistance gene *Pm21* and *Pm13* [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2014, 34(12): 1639.
- [26] 方桃红, 张敏, 马春花, 等. 小麦抗条锈基因 *Yr52* 在品种改良中的应用[J]. 中国农业科学, 2022, 55(11): 2077.
- FANG T H, ZHANG M, MA C H, *et al.* Application of *Yr52* gene in wheat improvement for stripe rust resistance [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2022, 55(11): 2077.
- [27] 马红勃, 刘东涛, 冯国华, 等. 黄淮麦区 *Fhb1* 基因的育种应用[J]. 作物学报, 2022, 48(3): 747.
- MA H B, LIU D T, FENG G H, *et al.* Application of *Fhb1* gene in wheat breeding programs for the Yellow-Huai Rivers valley winter wheat zone of China [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2022, 48(3): 747.
- [28] 周阳, 张宏军, 王晨阳, 等. 矮败小麦技术体系在黄淮冬麦区南片抗赤霉病育种中的应用[J]. 作物学报, 2022, 48(11): 2683.
- ZHOU Y, ZHANG H J, WANG C Y, *et al.* Application of dwarf-male-sterile wheat in breeding program for *Fusarium* head blight resistance in southern Yellow-Huai Rivers valley winter wheat region [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2022, 48(11): 2683.
- [29] 张善磊, 王卫军, 吕春华, 等. 赤霉病抗性基因 *Fhb1* 和 *Fhb7* 在江苏省淮北小麦新品系中的分布研究[J]. 北方农业学报, 2021, 49(5): 93.
- ZHANG S L, WANG W J, LYU C H, *et al.* Distribution of *Fusarium* head blight resistance genes *Fhb1* and *Fhb7* in novel wheat lines from Huaibei, Jiangsu Province [J]. *Journal of Northern Agriculture*, 2021, 49(5): 93.
- [30] LI G, YUAN Y, ZHOU J, *et al.* FHB resistance conferred by *Fhb1* is under inhibitory regulation of two genetic loci in wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2023, 136(6): 134.
- [31] 程斌, 丁延庆, 曹宁, 等. 基于 120K 液相芯片对 310 份小麦种质的遗传多样性分析[J]. 麦类作物学报, 2024, 44(9): 1104.
- CHENG B, DING Y Q, CAO N, *et al.* Genetic diversity analysis of 310 wheat accessions based on 120K liquid-phase SNP array [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2024, 44(9): 1104.
- [32] 雷梦林, 刘霞, 王艳珍, 等. 基于 55K SNP 芯片的山西冬小麦种质资源遗传多样性分析[J]. 中国农业科学, 2024, 57(10): 1845.
- LEI M L, LIU X, WANG Y Z, *et al.* Genetic diversity analysis of winter wheat germplasm resources in Shanxi Province based on 55K SNP array [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2024, 57(10): 1845.
- [33] 朱靖环, 王其飞, 华为, 等. 小麦种质材料赤霉病抗性鉴定及遗传多样性分析[J]. 麦类作物学报, 2020, 40(12): 1461.
- ZHU J H, WANG Q F, HUA W, *et al.* Identification of resistance to *Fusarium* head blight and analysis of genetic diversity in wheat germplasm materials [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2020, 40(12): 1461.
- [34] 刘志勇, 王道文, 张爱民, 等. 小麦育种行业创新现状与发展趋势[J]. 植物遗传资源学报, 2018, 19(3): 430.
- LIU Z Y, WANG D W, ZHANG A M, *et al.* Current status and perspective of wheat genomics, genetics and breeding [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2018, 19(3): 430.