

小麦赤霉病新抗源的发掘与抗性位点的检测分析

翟文玲[§], 刘彩云[§], 刘颖, 付必胜, 蔡瑾, 郭炜, 张巧凤, 吴纪中^{*}

江苏省农业科学院种质资源与生物技术研究所, 江苏省农业生物学重点实验室, 南京 210014

摘要: 小麦赤霉病是由禾谷镰刀菌引起的世界性重要病害, 发掘优异的抗性种质资源、培育抗病品种是持续防治赤霉病最经济且环境友好的措施。为发掘新的赤霉病抗源, 本研究于 2017—2021 年在弥雾保湿大棚中, 采用单花滴注法对 642 份小麦种质资源的赤霉病抗扩展性进行鉴定, 同时利用已知抗赤霉病基因/位点 *Fhb1~Fhb7* 的分子标记对筛选出的抗性种质基因型进行分析。结果表明, 不同年份间赤霉病小穗率的相关性均达到极显著水平。筛选到 3 年及以上赤霉病抗性优于扬麦 158 的种质 81 份, 主要来自长江中下游麦区, 其中 33 份种质连续 4 年抗性优于扬麦 158; 筛选到 3 年及以上抗性苏麦 3 号相当的种质 9 份, 分别为望水白、Grandin、浩麦 1 号、剑子麦、魁小麦、农林 26、软秆洋麦、苏麦 2 号和武农 6 号, 其中剑子麦、软秆洋麦、苏麦 2 号和 Grandin 连续 4 年抗性苏麦 3 号相当。对抗性种质携带的抗赤霉病基因/位点进行分析发现, 浩麦 1 号、冀师 7225-28、南农 13Y110、石优 17 和武农 6 号不携带任何已知抗赤霉病基因/QTL, 为小麦抗赤霉病研究和品种培育提供了新的种质资源和理论依据。

关键词: 小麦; 赤霉病; 种质资源; 抗性鉴定

DOI: 10.19586/j.2095-2341.2021.0119

中图分类号: S435.121.4+5

文献标识码: A

Phenotypic and Molecular Identification of New Wheat Germplasm Resistant to Fusarium Head Blight

ZHAI Wenling[§], LIU Caiyun[§], LIU Ying, FU Bisheng, CAI Jin, GUO Wei, ZHANG Qiaofeng, WU Jizhong^{*}

Jiangsu Provincial Key Laboratory of Agrobiolgy, Institute of Germplasm Resources and Biotechnology, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing 210014, China

Abstract: Fusarium head blight (FHB) caused by *Fusarium graminearum* is a major threat to wheat production and food security worldwide. The identification of resistant germplasm and breeding cultivars of high resistant FHB are cost-effective and environment-friendly approaches for controlling FHB. In order to explore the new resistant germplasm, 642 wheat lines were evaluated with single floret inoculation method to identify their type II resistance to FHB in the greenhouse from 2017 to 2021, and molecular markers linked to known FHB resistance genes of wheat were used for genotyping. The results showed that the percentage of symptomatic spikelets per spike of wheat lines were significant correlations among four years. A total of 81 lines, mainly from the Middle and Lower Valleys of the Yangtze River, showed better resistance to FHB than Yangmai 158 in at least three years, of which 33 lines were more resistant than Yangmai 158 in four years. Nine lines including Wangshuibai, Grandin, Haomai 1, Jianzimai, Kuixiaomai, Norin 26, Ruanganyangmai, Sumai 2, and Wunong 6 showed comparable resistance with Sumai 3 in at least three years, of which Jianzimai, Ruanganyangmai, Sumai 2 and Grandin showed high resistance in four years. Genotyping showed that Haomai 1, Jishi 7225-28, NAU13Y110, Shiyu 17, and Wunong 6 carried none of the known gene/QTL to FHB, which provided theoretical basis and germplasm resources for breeding wheat new varieties of resistance to Fusarium head blight.

收稿日期: 2021-06-16; 接受日期: 2021-07-27

基金项目: 国家重点研发计划项目(2016YFD0100102); 江苏省农业科技自主创新资金项目[CX(18)1001]; 江苏省农业重大新品种创制项目(PZCZ201708)。

联系方式: §翟文玲与刘彩云为本文共同第一作者。翟文玲 E-mail: 2570254322@qq.com; 刘彩云 E-mail: caiyunliuwheat@gmail.com

* 通信作者 吴纪中 E-mail: wujz@jaas.ac.cn

Key words: wheat; Fusarium head blight; germplasm resources; resistance identification

小麦赤霉病(Fusarium head blight, FHB)是由禾谷镰刀菌(*Fusarium graminearum*)引起的世界性小麦重要穗部真菌病害,其发生不仅严重影响小麦产量和面粉品质,而且能产生脱氧雪腐镰刀菌烯醇(deoxynivalenol, DON)等毒素,严重危害人畜健康^[1]。在我国,小麦赤霉病正从长江中下游冬麦区和东北春麦区等常发、重发区域向黄淮海区、北方麦区等扩展^[2-3]。除长江中下游麦区外,我国大部分麦区主栽品种赤霉病抗性较差。与化学防治相比,培育和推广抗病品种是防治小麦赤霉病最经济有效且环境友好的途径。

目前,全世界约有7万份普通小麦及其近缘种属种质在人工接种或自然发病条件下被鉴定,约7 000份种质呈现不同程度的赤霉病抗性^[4]。我国历时10余年,筛选出抗性强而稳定的著名抗性资源苏麦3号、望水白及稳定中抗种质温州红和尚、翻山小麦等^[5]。美国鉴定出Haynes Blue-stem、Preston、Glyndon Fife等中抗品种^[6-9]。此外,韩国品种Chokwang^[10]、日本品种Nyu Bai^[11]、CIM-MYT人工合成小麦^[12]、阿根廷品种Barletta、瑞士品种Arina^[13]、智利品种Praag 8^[14]及巴西品种Polysu、Encruzilhada、Toropi和Frontana^[15]也被报道具有不同程度的赤霉病抗性。除普通小麦外,二倍体和四倍体小麦、偃麦草、大赖草、披碱草、纤毛鹅观草、鹅观草、新麦草、黑麦等小麦近缘种属中均存在一些抗赤霉病资源^[16-21]。

小麦赤霉病抗性是多基因控制的数量性状,目前已经从普通小麦及其近缘种属中定位了约432个赤霉病抗性位点,覆盖小麦21条染色体上44个染色体区段^[4]。已命名的抗赤霉病基因或位点有*Fhb1*~*Fhb7*^[22-29]。其中,*Fhb1*^[30-31]和*Fhb7*^[32]已经被克隆。由于*Fhb1*在不同环境和遗传背景能够稳定发挥作用,当前世界范围内均以*Fhb1*为主要抗源开展小麦赤霉病抗性改良工作,抗源相对单一^[3]。因此,发掘新的赤霉病抗源仍然是小麦抗赤霉病研究和育种的迫切任务。本研究于2017—2021年连续四年采用单花滴注法,对642份小麦种质资源的赤霉病抗扩展性(type II)进行了鉴定,以扬麦158(中抗赤霉病)为对照,筛选赤霉病抗性种质;同时利用*Fhb1*~*Fhb7*基因分子标记或连锁分子标记对抗性种质进行检测,分析抗

性种质携带的抗赤霉病基因,为小麦抗赤霉病研究及抗病育种提供新的抗源及种质。

1 材料与方法

1.1 供试材料

在弥雾保湿条件下对642(田间自发赤霉病抗性表现为中抗或中感以上)份种质的赤霉病抗扩展性进行鉴定,包括育成品种211份、高代品系361份、异染色体系16份、地方品种24份和引进品种30份。其中,育成品种分别来自北部冬麦区(61份)、黄淮冬麦区(36份)、长江中下游冬麦区(60份)、西南冬麦区(54份);高代品系分别来自北部冬麦区(93份)、黄淮冬麦区(33份)、长江中下游冬麦区(111份)、西南冬麦区(124份)。以苏麦3号为抗病对照,扬麦158为中抗对照,安农8455为感病对照。其中,扬麦158曾是我国长江中下游麦区的主栽品种和骨干亲本。

1.2 赤霉病抗扩展性的鉴定方法

试验于2017—2018年、2018—2019年、2019—2020年和2020—2021年连续四年将642份小麦种质种植于江苏省农业科学院六合动物科学基地弥雾保温大棚内,行长0.6 m,行距0.25 m。每隔100份种质设置一组对照,依据“NY-T 1443.4-2007小麦抗病虫性评价技术规范”,采用单花滴注法,即用连续注射器于小麦开花期将10 μ L混合菌株(*F0609*、*F0301*、*F0980*和*F1126*)孢子液注入刚开花穗中部的小花中,接种浓度为10倍显微镜视野下100个孢子。每份材料接种15~20个穗子。接种后弥雾保湿,21 d后调查总小穗数和病小穗数,按照以下公式计算病小穗率。并以病小穗率与对照相比,评价各参试材料的抗扩展性。

病小穗率(%)=(病小穗数/总小穗数)×100。

1.3 小麦基因组DNA提取与分子标记分析

取连续3年抗性鉴定为中抗以上(优于扬麦158)种质的幼嫩叶片置于2.0 mL离心管中,用CTAB法提取小麦基因组DNA。用*Fhb1*~*Fhb7*的分子标记进行鉴定,明确不同抗性种质携带的抗病基因。分子标记信息详见表1。

表1 小麦抗赤霉病基因/QTL连锁分子标记名称及染色体位置

Table 1 Molecular markers of gene/QTL for wheat Fusarium head blight used in the present study

抗赤霉基因/QTL	标记名称	染色体	参考文献
<i>Fhb1</i>	<i>TaHRC</i>	3BS	[31]
<i>Fhb2</i>	<i>Xgwm133</i> 、 <i>Xgwm644</i>	6BS	[24]
<i>Fhb3</i>	<i>BE586744-STS</i> 、 <i>BE404728-STS</i> 、 <i>BE586111-STS</i>	7Lr#1S	[25]
<i>Fhb4</i>	<i>Xgwm149</i> 、 <i>hbg226</i>	4B	[26]
<i>Fhb5</i>	<i>Xgwm304</i> 、 <i>Xgwm415</i>	5A	[27]
<i>Fhb6</i>	<i>BF202643/HaeIII</i> 、 <i>BE591682/HaeIII</i>	1E	[28]
<i>Fhb7</i>	<i>Xsdau86</i> 、 <i>Xsdau88</i>	7E	[32]

1.4 数据统计与分析

采用 Excel 2010 对数据进行统计分析,用 SPSS 19.0 进行相关分析。

2 结果与分析

2.1 相关分析

不同年份间赤霉病病小穗率的相关性均达到

极显著水平(表2)。其中,2017—2018年与2019—2020年病小穗率的相关性最高,为0.41;其次为2018—2019年与2019—2020年,相关系数为0.31;2020—2021年与其他年份病小穗率的相关性最低。由此表明,赤霉病抗性在不同年份间相关系数较低,需经过多年多点鉴定才能对种质的赤霉病抗性做出准确评价。

表2 不同年份642份小麦种质赤霉病病小穗率的相关性

Table 2 Correlation coefficients among environments for percentage of symptomatic spikelets per spike (PSS) of Fusarium head blight of 642 wheat lines

年份	2017—2018	2018—2019	2019—2020
2018—2019	0.23**	—	—
2019—2020	0.41**	0.31**	—
2020—2021	0.20**	0.20**	0.21**

注:**表示相关性在 $P < 0.01$ 水平显著。

2.2 病小穗率的变异

如表3所示,2017—2018年赤霉病病小穗率变幅最大,平均值也最高(18.41%);2019—2020年病小穗率变幅最小,平均值也最低(10.53%)。2019—2020年病小穗率变异系数最高,达

63.90%;2020—2021年病小穗率变异系数最小,为41.99%。结果表明不同种质之间病小穗率差异数大,从高抗种质到高感种质之间病小穗率差异在50%以上即半个麦穗以上。

表3 不同年份642份小麦种质的赤霉病病小穗率变异

Table 3 Variation in percentage of symptomatic spikelets per spike (PSS) of Fusarium head blight in 642 wheat lines among environments

年份	均值/%	变幅	标准差	变异系数/%
2017—2018	18.41	2.67~63.08	10.08	54.74
2018—2019	16.75	1.09~55.56	8.05	48.04
2019—2020	10.53	1.19~47.78	6.73	63.90
2020—2021	14.30	3.41~54.78	6.00	41.99

2.3 抗赤霉病种质的筛选

经过2017—2021年连续4年的赤霉病抗扩展性鉴定,结果(表4)表明,3年及以上赤霉病抗性优于中抗对照扬麦158的种质有81份,包括育成品种33份,高代品系38份,地方品种5份,引进种质5份,大部分抗性种质来自于长江中下游麦区;连续4年抗性优于扬麦158的种质有33份,分别为CD0151268-1、Cp06-57-5-1-2-1F9、Grandin、光明麦1319、浩麦1号、冀师7225-28、剑子麦、克旱10号、南农13Y110、宁麦9号、农林20、农林26、软

秆洋麦、瑞华14405、石优17、苏麦2号、苏州8921、望水白、武农6号、湘1022、新中长、扬11-125、扬11G4、扬12-126、扬12-149、扬12-24、扬麦1、扬麦20、扬麦4号、长江8863、镇7495、郑州5(37)和资0821。三年及以上抗性与苏麦3号相当的种质有9份,分别为望水白、Grandin、浩麦1号、剑子麦、魁小麦、农林26、软秆洋麦、苏麦2号和武农6号(表4;图1);连续4年抗性与苏麦3号相当的种质有4份,分别为剑子麦、软秆洋麦、苏麦2号和Grandin。

表4 三年及以上赤霉病病小穗率低于中抗对照扬麦158的种质

Table 4 Wheat lined showed lower percentage of symptomatic spikelets per spike of Fusarium head blight than Yangmai 158 in at least three years

种质名称	病小穗率/%				类别	种质名称	病小穗率/%				类别
	2017	2018	2019	2020			2017	2018	2019	2020	
	—	—	—	—			—	—	—	—	
	2018	2019	2020	2021			2018	2019	2020	2021	
苏麦3号	7.58	5.25	3.97	6.54	抗病对照	农林20	3.69	7.5	7.36	15.22	引进品种
扬麦158	12.66	20.37	18.64	21.15	中抗对照	上林小麦	7.64	—	4.59	7.04	地方品种
安农8455	32.51	49.16	44.89	34.99	感病对照	农林26*	2.67	4.83	5.15	6.42	引进品种
扬麦20	8.74	13.73	15.54	16.77	育成品种	软秆洋麦*	7.58	4.82	3.12	5.65	地方品种
17品74	—	5.56	4.15	15.63	高代品系	瑞华14405	4.08	13.54	4.25	20.89	高代品系
17品77	—	12.75	5.45	11.31	高代品系	宁麦资126	—	6.67	—	15.06	育成品种
17品89	—	11.88	4.94	7.62	高代品系	石优17	6.98	7.92	3.46	11.36	育成品种
2017P2-5	—	12.46	4.39	9.41	高代品系	蜀麦1607	—	10.1	3.79	9.21	育成品种
cau21	7.54	20.69	5.27	13.39	高代品系	蜀麦1622	—	10.61	4.44	11.21	育成品种
cau6	—	9.71	4.8	12.72	高代品系	蜀麦1714	—	8.82	4.9	6.68	育成品种
CD0151268-1	5.66	4.64	7.28	8.8	高代品系	蜀麦1742	—	13.24	2.75	5.92	育成品种
CD0151270-1	—	9.92	5.32	6.9	高代品系	蜀麦1751	—	5.9	3.37	16.28	育成品种
CD0151888-7	—	12.35	3.43	9.75	高代品系	苏夫	18.52	11.69	4.59	16.12	高代品系
CD0151896-7	—	12.96	3.7	15.33	高代品系	苏麦2号*	3.73	3.99	2.14	5.77	育成品种
CD0151944-2	—	1.09	1.73	8.16	高代品系	苏州8921	3.52	19.06	2.07	7.82	高代品系
CD0161638-8	—	13.33	2.25	7.93	高代品系	天民198	—	10.81	1.59	11.01	育成品种
CD016X85-2	—	13.47	3.41	10.61	高代品系	望水白*	6.98	4.54	4.14	5.15	地方品种
Cp06-57-5-1-2-1F9	8.41	9.54	12	7.25	高代品系	武农6号*	6.14	10.34	2.62	4.61	育成品种
Grandin*	4.29	4.71	2.51	5.87	引进品种	西农9718	4.7	21.78	2.57	9.13	育成品种
LW15-B2471	—	13.57	4.63	7.33	高代品系	先麦8号	—	12.98	3.79	10.19	育成品种
NR1121	—	1.1	5.53	13.85	高代品系	湘1022	8.42	11.92	8.6	10.79	高代品系
川麦1557	—	13.66	3.62	13.48	育成品种	襄麦55	—	5.34	3.92	5.36	育成品种
川麦1566	—	10.71	1.41	13.33	育成品种	新中长	7.21	12.34	2.65	14.51	引进品种
川麦51	—	8.75	4.59	9.71	育成品种	许科316	17.99	13.22	2.13	13.05	育成品种
川麦93	—	9.6	4.09	6.55	育成品种	扬10-66	8.13	21.82	3.19	15.22	高代品系
鄂42985	—	5.07	5.27	6.29	高代品系	扬11-125	8.72	18.21	4.69	8.76	高代品系
光明麦1319	11.28	12.24	4.79	7.84	育成品种	扬11G4	7.7	8.71	8.4	5.23	高代品系

续表

种质名称	病小穗率/%				类别	种质名称	病小穗率/%				类别
	2017	2018	2019	2020			2017	2018	2019	2020	
	—	—	—	—			—	—	—	—	
	2018	2019	2020	2021			2018	2019	2020	2021	
浩麦1号*	5.62	4.94	4.34	4.36	育成品种	扬12-126	11.53	9.3	3.61	10.23	高代品系
华1143	12.82	11.22	2.13	11.62	高代品系	扬12-149	5.32	7.49	11.03	10	高代品系
华1439	6.01	20.45	5.15	9.97	高代品系	扬12-24	10.58	5.71	4.19	16.67	高代品系
华2712	13.88	5.78	5.48	9.32	高代品系	扬麦18	8.21	8.08	—	10.16	育成品种
华麦2152	—	7.97	4.8	14.42	育成品种	扬麦19	6.34	16.4	3.1	12.59	育成品种
华麦2668	—	8.91	5.15	10.68	育成品种	扬麦4号	4.86	13.22	7.09	7.76	育成品种
淮麦21	—	12.91	5.25	12.24	育成品种	早熟突变	—	9.76	4.4	11.74	高代品系
冀师7225-28	4.55	8.31	4.24	11.12	高代品系	长江8809	—	11.33	2.77	13.55	高代品系
剑子麦*	5.61	4.22	2.65	6.46	地方品种	长江8863	11.9	4.31	4.66	13.73	高代品系
句容03	—	7.59	4.61	15.12	育成品种	长江8866	22.61	8.23	4.26	16.63	高代品系
科遗26	—	9.52	2.54	8.77	育成品种	镇7495	4.68	12.82	5.84	11.72	高代品系
克早10号	6	13.2	14.08	14.74	育成品种	郑州5(37)	7.61	8.09	15.06	12.84	高代品系
魁小麦*	—	5.19	2.08	6.5	地方品种	资0821	11.67	5.92	4.26	13.47	高代品系
隆麦1458	14.49	12.93	4.13	7.32	育成品种	宁09-118	—	10.91	3.88	13.2	高代品系
南农13Y110	5.7	10.98	3.65	9.82	高代品系	宁麦9号	4.47	7.95	15.92	11.27	育成品种

注:“—”表示数据缺失; *表示3年赤霉病抗扩展性与苏麦3号相当。



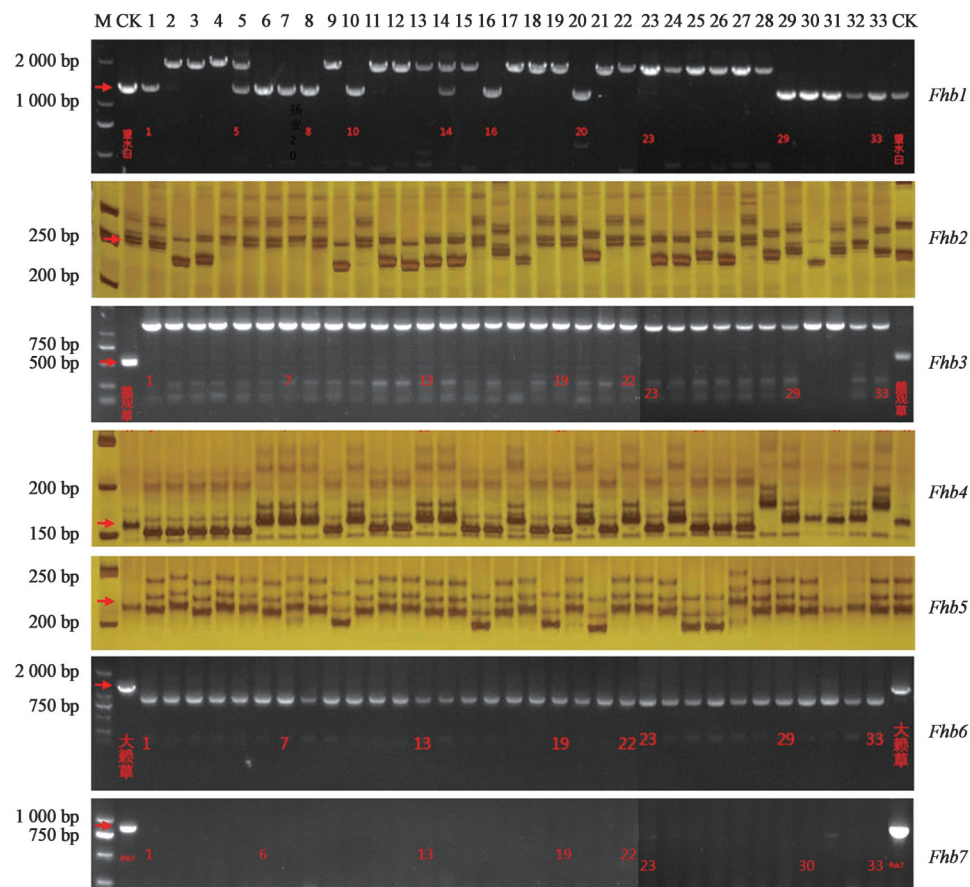
图1 部分小麦种质赤霉病抗扩展性鉴定

Fig. 1 Identifications of Fusarium head blight severity of several wheat lines

2.4 抗赤霉病基因/位点的检测

为明确赤霉病中抗及以上种质所携带的抗病基因,利用已知抗赤霉病基因/位点的分子标记对这些种质进行基因型分析,结果(图2,表5)表明,对照品种中,苏麦3号携带 *Fhb1*、*Fhb2* 和 *Fhb5* 基因;扬麦158不携带 *Fhb1*~*Fhb7* 基因;抗性种质望水白携带 *Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb4* 和 *Fhb5* 基因;苏麦2号

携带 *Fhb1*、*Fhb4* 和 *Fhb5* 基因;农林26携带 *Fhb1* 和 *Fhb4* 基因;剑子麦和软秆洋麦携带 *Fhb1* 和 *Fhb5* 基因;Grandin 携带 *Fhb4* 基因;新中长携带 *Fhb5* 基因;而浩麦1号、冀师7225-28、南农13Y110、石优17和武农6号未检测到 *Fhb1*~*Fhb7* 基因,可能携带新的抗赤霉病基因。



注:红色箭头指示目标条带;M—Marker;CK—对照;1~33依次为:苏麦3号、扬麦20、石优17、武农6号、扬11G4、扬12-149、扬辐麦4号、宁麦9号、CD0151268-1、扬麦18、南农13Y110、扬辐麦2330、南农0686、南农14Y123、冀师7225-28、湘1022、扬麦158、CD0151322-2、瑞华14405、农林26、浩麦1号、镇7495、新中长、Grandin、郑州5(37)、Cp06-57-5-1-2-1F9、扬麦4号、克早10号、农林20、苏麦2号、望水白、软秆洋麦、剑子麦。

图2 部分小麦种质抗赤霉病基因/位点的基因型

Fig. 2 Genotypes of gene/QTL known Fusarium head blight in wheat lines

3 讨论

小麦赤霉病抗性是受环境影响较大的数量性状,其表型鉴定准确与否取决于开花期的环境温度、湿度及接种方法和赤霉菌孢子液浓度^[35]。为准确评价642份小麦种质的赤霉病抗性,本研究

连续4年进行鉴定。对4年的抗病性鉴定结果进行相关分析发现,2017—2018年与2019—2020年的病小穗率相关性最高;其次为2018—2019年与2019—2020年;2020—2021年与其他年份间的鉴定结果相关性最低。推测原因可能是2017—2018年小麦开花期气温较高,赤霉病发病条件充

表5 部分稳定中抗及以上(抗扩展)种质已知抗赤霉病基因型分析
Table 5 Genotype of the known gene/QTL for wheat Fusarium head blight in wheat lines

种质名称	抗赤霉病基因						
	<i>Fhb1</i>	<i>Fhb2</i>	<i>Fhb3</i>	<i>Fhb4</i>	<i>Fhb5</i>	<i>Fhb6</i>	<i>Fhb7</i>
苏麦3号	+	+	-	-	+	-	-
扬麦158	-	-	-	-	-	-	-
宁麦9号	+	-	-	+	+	-	-
Grandin	-	-	-	+	-	-	-
浩麦1号	-	-	-	-	-	-	-
冀师7225-28	-	-	-	-	-	-	-
剑子麦	+	-	-	-	+	-	-
南农13Y110	-	-	-	-	-	-	-
农林26	+	-	-	+	-	-	-
软秆洋麦	+	-	-	-	+	-	-
石优17	-	-	-	-	-	-	-
苏麦2号	+	-	-	+	+	-	-
望水白	+	+	-	+	+	-	-
武农6号	-	-	-	-	-	-	-
新中长	-	-	-	-	+	-	-

注:“+”表示阳性;“-”表示阴性。

分,病害较重;而2019—2020和2020—2021年小麦开花初期(3月底4月初)气温较低,异常天气较多,赤霉病发病不充分。

近年来,小麦抗赤霉病研究已经取得巨大进展,*Fhb1*和*Fhb7*的成功克隆为小麦赤霉病抗性的遗传解析奠定了基础。*Fhb1*贡献率介于15%~30%^[2],是主效基因,在不同环境与遗传背景中稳定表现,与其他抗赤霉病基因间存在加性效应,因此,将多个效应大且稳定的抗性基因进行聚合、选育高抗赤霉病的小麦新品种是实现小麦抗赤霉病的有效途径^[33-36]。本研究利用*Fhb1*~*Fhb7*的分子标记对中高抗种质进行基因型分析发现,农林20、苏麦3号、苏麦2号、农林26、软秆洋麦、剑子麦和望水白都含有1~4个抗性基因,因此,具有较好的赤霉病抗性。然而,抗病基因通常与不利的农艺性状连锁^[33],这些种质的农艺性状普遍较差,在育种利用中还需进一步改良。

尽管小麦抗赤霉病育种取得了一定的进展,但利用抗源相对比较单一,只依赖一个或少数抗性基因,导致遗传基础日益狭窄。因此,挖掘新的赤霉病抗源对小麦抗赤霉病育种具有重要意义。本研究表明,石优17、武农6号、南农13Y110、冀师7225-28、瑞华14405、浩麦1号和扬麦158不携

带*Fhb1*~*Fhb7*基因,推测可能含有新的抗赤霉病基因。Zhang等^[36]利用扬麦158和郑麦9023构建作图群体将赤霉病抗性基因定位于小麦2DS和3AL染色体上。且石优17、武农6号、南农13Y110、冀师7225-28和扬麦158的农艺性状较好,未来在小麦抗赤霉病研究和育种中有极大的利用潜力。

经过多年抗赤霉病育种,我国长江中下游麦区的赤霉病得到有效控制,但是近年来赤霉病逐年南迁北移,黄淮麦区也开始受到赤霉病威胁。众所周知,黄淮麦区是我国小麦最重要的产区,亩产量在20世纪90年代初就已经达600 kg以上^[37],但该麦区缺乏可供育种利用的赤霉病抗源。育种家曾利用长江中下游麦区的赤霉病抗源改良黄淮麦区品种,但由于两个麦区小麦品种生育期与农艺性状的差异,杂交后代分离严重,难以选育出抗赤霉病、农艺性状又好且适宜黄淮冬麦区种植的品种^[38-41]。本研究在2017—2021年对642份种质的赤霉病抗性进行鉴定,筛选出5份黄淮麦区赤霉病抗性达到中抗以上材料(石优17、郑州5(37)、冀师7225-28、武农6号和西农9718),有效弥补了黄淮麦区赤霉病抗性种质极度匮乏的现状。其中,石优17和冀师7225-28农艺性状较好,不携带

Fhb1~Fhb7 基因, 推测可能含有新的抗赤霉病基因, 为黄淮麦区小麦抗赤霉病育种提供了新的可利用抗性资源。

参 考 文 献

- [1] PIECZUL K, HOROSZKIEWICZ-JANKA J, PEREK A, *et al.* The risk of production of mycotoxins in cereal grains by the chemotypes of *Fusarium* spp [J]. *Fresenius Environ. Bull.*, 2015, 24(8):2527-2533.
- [2] 李韬, 郑飞, 秦胜男, 等. 小麦-黑麦易位系 T1BL.1RS 在小麦品种中的分布及其与小麦赤霉病抗性的关联[J]. *作物学报*, 2016, 42(3):320-329.
- [3] 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):858-873.
- [4] MA Z, XIE Q, LI G, *et al.* Germplasms, genetics and genomics for better control of disastrous wheat *Fusarium* head blight [J]. *Theor. Appl. Genet.*, 2020, 133(2):1541-1568.
- [5] 全国小麦赤霉病研究协作组. 小麦品种资源抗赤霉病性鉴定研究[J]. *作物品种资源*, 1984(4):2-7.
- [6] HANSON E W, AUSEMUS E R, STAKMAN E C. Varietal resistance of spring wheats to *Fusarium* head blight [J]. *Phytopathology*, 1950, 40:902-914.
- [7] CHEN J, GRIFFEY C A, PRIDGEN T, *et al.* Assessment and rational utilization of scab resistance sources in the Virginia wheat breeding program [C]// *Proceedings of the international symposium on wheat improvement for scab resistance*. Suzhou: KSU Printing Service, 2000:10-17.
- [8] YU J, BAI G, CAI S, *et al.* New *Fusarium* head blight-resistant sources from Asian wheat germplasm [J]. *Crop Sci.*, 2008, 48(3):1090-1097.
- [9] JIN F, ZHANG D, BOCKUS W, *et al.* *Fusarium* head blight resistance in US winter wheat cultivars and elite breeding lines [J]. *Crop Sci.*, 2013, 53:2006-2013.
- [10] BUECHLEY G, SHANER G E. Resistance in wheat cultivar Chokwang to *Fusarium graminearum* [C]. In: WAGESTER J, WARD R, HART O P, *et al.* *National Fusarium head blight forum proceedings*. South Dakota: Sioux Falls, 1999:123-126.
- [11] YANG Z, GILBERT J, PROCUNIER J D. Genetic diversity of resistance genes controlling *Fusarium* head blight with simple sequence repeat markers in thirty-six wheat accessions from east Asian origin [J]. *Euphytica*, 2006, 148:345-352.
- [12] HE X, SINGH P K, DUVEILLER E, *et al.* Development and characterization of International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT) germplasm for *Fusarium* head blight resistance [C]// ALCONADA M T, CHULZE S. *Fusarium head blight in Latin America*. Springer, Dordrecht, 2013:241-262.
- [13] MESTERHÁZY Á, BARTÓK T, MIROCHA C G, *et al.* Nature of wheat resistance to *Fusarium* head blight and the role of deoxynivalenol for breeding [J]. *Plant Breed.*, 1999, 118(2):97-110.
- [14] SNIJDERS C H A. Genetic variation for resistance to *Fusarium* head blight in bread wheat [J]. *Euphytica*, 1990, 50(2):171-179.
- [15] KOHLI M M, ACKERMANN M D. Resistance to *Fusarium* head blight in South American wheat germplasm [C]. In: ALCONADA MAGLIANO TM, CHULZE SN (eds) *Fusarium head blight in Latin America*. Springer, Dordrecht, 2013:263-297.
- [16] MUJEEB-KAZI A, RODRIGUEZ R. An intergeneric hybrid of *Triticum aestivum* L. × *Elymus giganteus* [J]. *J. Heredity*, 1981, 72(4):253-256.
- [17] 王耀南, 陈佩度, 刘大钧. 巨大冰麦草种质转移给普通小麦的研究 I. (普通小麦 × 巨大冰麦草) F₁ 的产生 [J]. *南京农业大学学报*, 1991(1):10-14.
- [18] 翁益群, 刘大钧. 鹅观草 (*Roegneria C. Koch*) 与普通小麦 (*Triticum aestivum* L.) 属间杂种 F₁ 的形态、赤霉病抗性和细胞遗传学研究 [J]. *中国农业科学*, 1989, 22(5):1-7.
- [19] WAN Y, YEN C, YANG J, *et al.* The diversity of resources resistant to scab in *Triticeae* (*Poaceae*) [J]. *Wheat. Inf. Serv.*, 1997, 84:7-12.
- [20] OLIVER R E, CAI X, XU S S, *et al.* Wheat-alien species derivatives: A novel source of resistance to *Fusarium* head blight in wheat [J]. *Crop Sci.*, 2005, 45(4):1353-1360.
- [21] 陈士强, 黄泽峰, 张勇, 等. 中国春背景下长穗偃麦草抗赤霉病相关基因的染色体定位 [J]. *麦类作物学报*, 2012, 32(5):41-47.
- [22] CUTHBERT P A, SOMERS D J, THOMAS J, *et al.* Fine mapping *Fhb1*, a major gene controlling *Fusarium* head blight resistance in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Theor. Appl. Genet.*, 2006, 112(8):1465-1472.
- [23] LIU S, ZHANG X, PUMPHREY M O, *et al.* Complex microcolinearity among wheat, rice, and barley revealed by fine mapping of the genomic region harboring a major QTL for resistance to *Fusarium* head blight in wheat [J]. *Funct. Integr. Genomics*, 2006, 6:83-89.
- [24] CUTHBERT P A, SOMERS D J, BRULÉ-BABEL A. Mapping of *Fhb2* on chromosome 6BS: a gene controlling *Fusarium* head blight field resistance in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Theor. Appl. Genet.*, 2007, 114(3):429-437.
- [25] QI L, PUMPHREY M, FRIEBE B, *et al.* Molecular cytogenetic characterization of alien introgressions with gene *Fhb3* for resistance to *Fusarium* head blight disease of wheat [J]. *Theor. Appl. Genet.*, 2008, 117(7):1155-1166.
- [26] 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]. *Theor. Appl. Genet.*, 2010, 121(1):147-156.
- [27] 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]. *Theor. Appl. Genet.*, 2011, 123(6):1055-1063.
- [28] 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]. *Theor. Appl. Genet.*, 2015, 128(6):1019-1027.
- [29] GUO J, ZHANG X, HOU Y, *et al.* High-density mapping of the major FHB resistance gene *Fhb7* derived from *Thinopyrum ponticum* and its pyramiding with *Fhb1* by marker-assisted selection [J]. *Theor. Appl. Genet.*, 2015, 128(11):2301-2316.

- [30] 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]. *Nat. Genet.*, 2019, 51(7):1106–1112.
- [31] SU Z, BERNARDO A, TIAN B, *et al.* A deletion mutation in *TaHRC* confers *Fhb1* resistance to Fusarium head blight in wheat [J]. *Nat. Genet.*, 2019, 51(7):1099–1105.
- [32] WANG H, SUN S, GE W, *et al.* Horizontal gene transfer of *Fhb7* from fungus underlies Fusarium head blight resistance in wheat [J/OL]. *Science*, 2020, 368(6493): 5435 [2021-05-10]. <https://science.sciencemag.org/content/368/6493/eaba5435>.
- [33] ARRUDA M P, BROWN P, BROWN-GUEDIRA G, *et al.* Genome-wide association mapping of Fusarium head blight resistance in wheat using genotyping-by-sequencing [J]. *Plant Genome*, 2016, 9(1):1–14.
- [34] JIA H, ZHOU J, XUE S, *et al.* A journey to understand wheat Fusarium head blight resistance in the Chinese wheat landrace Wangshuibai [J]. *Crop J.*, 2018, 6(1):48–59.
- [35] BAI G, SHANER G. Management and resistance in wheat and barley to Fusarium head blight [J]. *Annu. Rev. Phytopathol.*, 2004, 42:135–161.
- [36] ZHANG P, GUO C, LIU Z, *et al.* Quantitative trait loci for Fusarium head blight resistance in wheat cultivars Yangmai 158 and Zhengmai 9023 [J]. *Crop J.*, 2021, 9(1):143–153.
- [37] 刘世来. 黄淮冬麦区小麦亩产600公斤以上品种模式初探 [J]. *作物杂志*, 1991(4): 419–421.
- [38] 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): 473–482.
- [39] 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): 505–511.
- [40] 李腾. *Fhb1* 基因对黄淮冬麦区小麦品种赤霉病抗性和主要农艺性状的影响 [D]. 北京: 中国农业科学院, 硕士学位论文, 2019.
- [41] 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, 8(3): 268–274.