

网络出版时间:2025-12-16
网络出版地址:https://link.cnki.net/urlid/61.1359.S.20251215.0951.014

80 份贵州小麦品种(系)的抗赤霉病评价及分析

罗永露¹, 陈天青¹, 隋建枢¹, 吴文强¹, 颜思雨², 王伟¹

(1. 贵州省农业科学院旱粮研究所, 贵州贵阳 550006; 2. 安顺学院, 贵州安顺 561000)

摘要: 为有效降低赤霉病对中国西南麦区小麦生产的影响, 发掘赤霉病抗性种质资源和抗性基因, 2022—2024 年, 采用单花滴注接种法对种植于贵州的 80 份小麦品种(系) 进行田间赤霉病抗性鉴定, 测定其千粒重、株高、穗粒数等农艺性状, 并利用与 *Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb4*、*Fhb5*、*Fhb7* 和 *QFhs.crc-2DL* 紧密连锁的 11 个分子标记进行抗性基因检测。结果表明, 59 份品种(系) 携带抗病基因, *Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb4*、*Fhb5*、*Fhb7* 和 *QFhs.crc-2DL* 的检出频率分别为 37.50%、28.75%、22.50%、40.00%、2.50% 和 23.75%, 37 份品种(系) 同时携带 2~4 个抗病基因, 其中 *Fhb1*+*Fhb2*+*Fhb5* 和 *Fhb1*+*Fhb5* 组合检出频率最高, 分别为 8.75% 和 6.25%。两年的抗性鉴定共计筛选出 11 份抗性品种(系)。综合分析发现, 黔 0938-3、黔 15168 和黔 13 夏 163F₈-5 共 3 个品种(系) 的抗病性好且农艺性状优良, 可作为小麦抗赤霉病遗传改良的种质资源。

关键词: 小麦; 赤霉病; 抗性; 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(2026)01-0022-10

Analysis and Evaluation of Resistance to Fusarium Head Blight in 80 Wheat Varieties(Lines) from Guizhou Province

LUO Yonglu¹, CHEN Tianqing¹, SUI Jianshu¹, WU Wenqiang¹, YAN Siyu², WANG Wei¹

(1. Institute of Upland Crops, Guizhou Academy of Agricultural Sciences, Guiyang, Guizhou 550006, China;

2. Anshun College, Anshun, Guizhou 561000, China)

Abstract: In order to effectively reduce the impact of Fusarium head blight(FHB) on wheat production in southwestern China and explore resistance germplasm resources and genes against FHB, the study was conducted from 2022 to 2024 on agronomic traits such as thousand grain weight, plant height and grain number per ear of 80 wheat varieties(lines) grown in Guizhou. Single flower drip inoculation method was used to identify the phenotype resistance of FHB in the field, combined with 11 pairs of molecular markers closely linked to *Fhb1*, *Fhb2*, *Fhb4*, *Fhb5*, *Fhb7* and *QFhs.crc-2DL* for detection. The molecular detection results showed that 59 varieties(lines) carried disease resistance genes, among which the frequencies of *Fhb1*, *Fhb2*, *Fhb4*, *Fhb5*, *Fhb7* and *QFhs.crc-2DL* were 37.50%, 28.75%, 22.50%, 40.00%, 2.50% and 23.75%, respectively. A total of 37 varieties(lines) simultaneously carried 2 to 4 disease resistance genes, with the combinations of *Fhb1*+*Fhb2*+*Fhb5* and *Fhb1*+*Fhb5* exhibiting detection frequencies of 8.75% and 6.25%, respectively. After two years of resistance identification, a total of 11 resistant varieties(lines) were screened. Comprehensive analysis revealed that three varieties(lines), namely Qian 0938-3, Qian 15168 and Qian 13 Xia 163F₈-5, performed good disease resistance and excellent agronomic traits, which can be used as germplasm resources for

收稿日期: 2025-02-25 修回日期: 2025-05-08

基金项目: 贵州省科技计划项目(黔科合基础—ZK[2023]一般 170, 黔科合支撑[2024]一般 109); 贵州省农科院项目[黔农科青年基金(2023)23 号, 黔农科科技创新(2023)02 号]; 国家现代农业产业技术体系建设专项(CARS-3-86); 国家农业科技重大项目(NK20220607); 贵州省育种科研基础平台创新能力建设项目(黔科合服企[2022]014); 贵州省特色杂粮生物育种全省重点实验室项目(黔科合平台 ZSYS[2025]026)

第一作者 E-mail: 1007175636@qq.com(罗永露)

通讯作者 E-mail: 3189205622@qq.com(王伟)

genetic improvement of wheat resistance to FHB.

Keywords: Wheat; FHB; Resistances; Molecular marker; Agronomic traits; Germplasm resources

小麦赤霉病是典型的气候性病害,在世界各麦区普遍发生。近年来,随着全球气候变暖以及耕作制度的变化,小麦赤霉病的发生频率不断增加,发生范围也不断扩大,在中国南方冬麦区、东北春麦区东部及长江中下游冬麦区较为严重^[1],且其发病区域逐年向黄河流域及其他地区推进。中国小麦赤霉病的发生面积约占全国小麦总面积的 25%^[2]。2016 年以来,赤霉病在贵州省呈常发性趋势,在生产上已经成为与条锈病、白粉病同样重要的小麦病害。2019—2023 年贵州小麦年平均种植面积 $1.27 \times 10^5 \text{ hm}^2$ 左右^[3];小麦赤霉病常年发生面积 $6.7 \times 10^3 \text{ hm}^2$ 左右,主要在黔东北铜仁地区以及黔北低热河谷地带发生较重(未发表)。赤霉病可使小麦产量降低,且导致部分感病籽粒含有多种真菌毒素,增加食品安全风险^[4]。目前,化学药剂对不同小麦品种赤霉病的防治效果不尽相同,需在恰当时期防治才可能有效控制其发生和危害^[5]。相较化学防治而言,培育抗病品种是解决小麦赤霉病危害最经济环保的途径。

小麦赤霉病抗性是受多基因控制的数量性状^[6]。目前,在小麦 21 条染色体上已有超过 600 个与赤霉病抗性相关的数量性状位点(QTL)被报道,为小麦抗病育种提供了丰富的遗传资源^[7-9]。已正式命名的赤霉病抗性基因有 9 个即 *Fhb1*~*Fhb9*,其中 *Fhb3*、*Fhb6* 和 *Fhb7* 分别来源于外缘种质大赖草、披碱草和长穗偃麦草,其余均来源于普通小麦^[10-18]。在这 9 个基因中,仅有 *Fhb1*、*Fhb7* 已被成功克隆^[19-20]。研究显示,*Fhb1* 具有最强且最稳定的抗扩展效应^[21],*Fhb2* 同样参与抗扩展过程^[22],而 *Fhb4* 和 *Fhb5* 则是调控抗侵入的主效基因^[23]; *Fhb7* 不仅赋予小麦赤霉病抗性,还能显著降低 DON 毒素含量^[24]。除主效基因外,效应值较大的抗赤霉病 QTL(如 *QFhs.crc-2DL*、*Fhb7AC* 和 *QFhb.cau-7DL* 等)也为抗病育种提供了关键位点^[25-27]。

中国已育成多个中抗赤霉病小麦品种,如苏麦 3 号、苏麦 2 号、扬麦 4 号、扬麦 5 号等,为保障中国粮食安全和食品安全做出了重要贡献^[28]。然而,当前国内抗赤霉病种质资源的开发和应用仍较有限,实际应用的抗源局限在少数几个品种及其衍生后代上,如苏麦 3 号、望水白、宁 7840

等。由于遗传基础偏窄,现有抗赤霉病品种常伴有高秆、穗小、晚熟等不良农艺性状,限制了其在生产上的应用和推广^[5,29]。因此,筛选兼具赤霉病抗性和优良农艺性状的种质资源,对区域抗病小麦新品种选育乃至改善国家小麦赤霉病抗源单一、遗传多样性不足的现状有着重要意义。

本研究连续两年对种植于贵州省的 80 份小麦品种(系)进行赤霉病抗性鉴定,并对供试材料的 *Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb4*、*Fhb5*、*Fhb7* 和 *QFhs.crc-2DL* 共 6 个抗病基因或 QTL 分子标记进行检测,通过综合评价赤霉病抗性和农艺性状,筛选出抗病且农艺性状优良的小麦材料,为培育抗赤霉病小麦新品种提供优异种质资源。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试材料为种植于贵州省的 80 份小麦品种(系),包括赤霉病抗性对照品种苏麦 3 号(高抗)、扬麦 158(中抗)、淮麦 20(中感)和矮抗 58(高感)。

用于抗性鉴定的赤霉病菌株是具有强致病力的禾谷镰刀菌黄冈 1 号,由湖北省农业科学院植保土肥所提供。

1.2 赤霉病抗性鉴定

分别于 2022—2023 年度与 2023—2024 年度小麦种植季,在贵州省农业科学院旱粮研究所小麦试验基地($26^{\circ}30'N$, $106^{\circ}39'E$)种植所有供试材料,每份材料种植 2 行,行长 2 m,行距 0.3 m,每行均匀撒播 50 粒种子,2 个重复,随机区组排列,田间管理同常规育种田。

培养黄冈 1 号分生孢子液,将其浓度稀释至 $1 \times 10^5 \cdot \text{mL}^{-1}$ 。在小麦开花初期,利用微量移液枪取 $10 \mu\text{L}$ 孢子液,将其注入麦穗中部的小花内部,每行随机选取 10 个麦穗接种,对接种的小穗剪芒标记,每份试验材料共接种 20 穗。接种后穗部喷雾并套塑料袋保湿 72 h。接种 21 d 后调查接种小麦发病情况,病情严重度调查按照 NY/T2954-2016 进行。根据平均严重度将供试材料划分为免疫(I,平均严重度=0)、高抗(R, $0 < \text{平均严重度} < 2.0$)、中抗(MR, $2.0 \leq \text{平均严重度} < 3.0$)、中感(MS, $3.0 \leq \text{平均严重度} < 3.5$)和高感

(S,平均严重度 ≥ 3.5)。取两年发病最重的等级作为最终抗性结果,计算病小穗率。

1.3 抗病基因检测

在小麦苗期采集各供试材料叶片,液氮中研磨至粉末状,采用 CTAB 法提取 DNA,用 Nano-Drop 2000 测定 DNA 浓度并稀释至 $50\text{ ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$,保存于 $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ 待用。采用与 *Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb4*、*Fhb5*、*Fhb7* 和 *QFhs. crc-2DL* 连锁的标记对所有供试材料进行检测,标记引物同文献,具体信息见表 1。所有引物由南京金斯瑞生物科技股份有限公司合成。在 ABI SimpliAmp 型 PCR 仪上进行扩增反应。PCR 扩增体系均为 $20\text{ }\mu\text{L}$: DNA 模版 $1\text{ }\mu\text{L}$,正反向引物各 $0.5\text{ }\mu\text{L}$, $2\times\text{ Taq PCR Master Mix II } 10\text{ }\mu\text{L}$, $\text{ddH}_2\text{O } 8\text{ }\mu\text{L}$ 。PCR

反应程序为: $94\text{ }^{\circ}\text{C}$ 预变性 3 min ; $94\text{ }^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s , $55\sim 65\text{ }^{\circ}\text{C}$ 退火 30 s (因标记而异), $72\text{ }^{\circ}\text{C}$ 延伸 $30\sim 40\text{ s}$,38 个循环; $72\text{ }^{\circ}\text{C}$ 延伸 5 min ^[30]。用 1.5% 的琼脂糖凝胶对 *Fhb1* 扩增产物进行电泳($1\times\text{TAE}$ 缓冲液、250 V 电压)分离; *Fhb2*、*Fhb4*、*Fhb5*、*Fhb7* 及 *QFhs. crc-2DL* 的扩增产物用 8% 非变性聚丙烯酰胺凝胶在 $1\times\text{TBE}$ 缓冲液、800 V 电压下电泳分离。胶片在 BOX F3 凝胶成像仪(Synge-neG: BOX F3,英国)中观察记录^[31]。参照阳性对照望水白(*Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb4*、*Fhb5*)、山农 7506(*Fhb7*)、扬麦 158(*QFhs. crc-2DL*)的带型,判断供试小麦赤霉病抗性基因类型。*Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb4*、*Fhb5*、*Fhb7* 基因均采用两对标记进行检测,两对标记均为阳性则记为含有该基因。

表 1 抗赤霉病基因连锁的分子标记

Table 1 Molecular markers of resistance genes to Fusarium head blight

基因 /QTL Gene/QTL	标记名称 Marker name	标记类型 Type	对照品种 Control cultivar	标记来源 Source of marker
<i>Fhb1</i>	TaHRC	STS	忘水白 Wangshuibai	[32]
	WGRB619	STS		南京农业大学马正强教授团队 Pro Ma Zhengqiang' team, Nanjing Agricultural University
<i>Fhb2</i>	WGRB682	SSR		
	WGRB686	SSR		
<i>Fhb4</i>	HBG226	SSR		
	MAG9436	SSR		
<i>Fhb5</i>	WGRB0269	SSR	山农 7506 Shannong 7506	[33]
	WGRB0950	SSR		
<i>Fhb7</i>	XsdauK66	SSR		
	XsdauK352	SSR		
<i>QFhs. crc-2DL</i>	Xgwm539	SSR	扬麦 158 Yangmai 158	[34]

1.4 农艺性状调查

在开花末期调查株高,每份材料调查 3 株,2 个重复。收获期按材料收回,取 50 穗测量穗长和总粒重,计算穗粒重(总粒重/50)、小穗密度(每穗小穗数/穗长)。每份材料混合后取 1 000 粒测千粒重,重复 3 次。

1.5 数据分析

采用 Excel 2013 和 SPSS 18.0 进行数据统计和分析。

2 结果与分析

2.1 供试材料的赤霉病抗性

两年赤霉病单花滴注法接种鉴定结果(表 2)表明,苏麦 3 号(高抗对照)病小穗率为 0.09 和 0.14,两年抗性评价均为高抗(R);扬麦 158(中抗

对照)病小穗率为 0.32 和 0.40,第一年抗性为中抗(MR),第二年抗性为中感(MS);淮麦 20(中感对照)病小穗率为 0.51 和 0.60,两年抗性评价均为中感(MS);矮抗 58 病(高感对照)小穗率为 0.85 和 0.98,两年抗性评价均为高感(S)。这说明本研究抗性表型鉴定结果可靠。

不同供试材料对赤霉病的抗性差异较大。5 份材料表现高抗(6.25%),病小穗率为 0.05~0.15,分别是高抗对照苏麦 3 号、外引品种望水白、龙春 20P2564、龙春 20P2565、NMAS022;6 份材料表现中抗(7.50%),病小穗率为 0.23~0.41,分别是贵州自育品种(系)黔 0938-3、黔 15168、黔 13 夏 163F₈-5,地方品种修文红麦和安农无毛百花麦 I,外引品种(系)山农 7506;25 份材料表现中感(31.25%),病小穗率为 0.40~0.69;44 份材料表现高感(55.0%),病小穗率为 0.54~0.98。

表 2 供试材料赤霉病抗性及其基因检测结果

Table 2 Detection results of genes and resistance to Fusarium head blight in tested materials

分类 Group	品种(系) Variety(line)	病小穗率 Diseased spikelet rate		平均严重度 Average severity		抗性评价 Resistance evaluation		抗病基因 Resistance genes
		2023	2024	2023	2024	2023	2024	
对照品种 Control variety	苏麦 3 号 Sumai 3	0.14	0.09	1.44	1.32	R	R	<i>Fhb1</i> 、 <i>Fhb2</i> 、 <i>Fhb5</i> 、 <i>QFhs</i> 、 <i>crc-2DL</i>
	扬麦 158 Yangmai 158	0.32	0.40	2.23	3.00	MR	MS	<i>QFhs</i> 、 <i>crc-2DL</i>
	淮麦 20 Huaimai 20	0.60	0.51	3.40	3.40	MS	MS	—
	矮抗 58 Aikang 58	0.85	0.98	3.72	4.00	S	S	—
自有品种(系) Locally cultivated variety (line)	黔麦 19 Qianmai 19	0.11	0.76	1.40	3.67	R	S	<i>QFhs</i> 、 <i>crc-2DL</i>
	黔麦 21 Qianmai 21	0.39	0.77	3.00	3.67	MS	S	—
	黔麦 22 Qianmai 22	0.42	0.70	3.10	3.82	MS	S	—
	黔 13 夏 245 Qian 13 Xia 245	0.20	0.63	1.95	3.55	R	S	—
	黔 0838 Qian 0838	0.07	0.62	1.05	3.45	R	MS	—
	黔 0973 Qian 0973	0.20	0.67	1.50	3.46	R	MS	—
	黔 120501-4 Qian 120501-4	0.39	0.51	2.55	3.41	MR	MS	—
	黔 120402-1 Qian 120402-1	0.11	0.74	1.30	3.86	R	S	—
	黔 16 夏 370 Qian 16 Xia 370	0.16	0.83	1.60	3.68	R	S	—
	黔 0938-3 Qian 0938-3	0.08	0.40	1.15	2.90	R	MR	<i>QFhs</i> 、 <i>crc-2DL</i>
	黔 0747 Qian 0747	0.16	0.61	1.41	3.50	R	S	—
	黔 B19-52 Qian B19-52	0.12	0.56	1.26	3.35	R	MS	<i>Fhb4</i>
	黔 150704-3-4 Qian 150704-3-4	0.83	0.60	3.95	3.55	S	S	—
	黔 3-1-1 Qian3-1-1	0.11	0.65	1.37	3.29	R	MS	—
	黔 1141 Qian 1141	0.25	0.84	2.33	3.86	MR	S	—
	黔 14300 Qian 14300	0.36	0.54	2.67	3.40	MR	MS	<i>QFhs</i> 、 <i>crc-2DL</i>
	黔 13 夏 377 Qian 13 Xia 377	0.13	0.72	1.38	3.83	R	S	—
	黔 15168 Qian 15168	0.23	0.39	2.05	2.57	MR	MR	<i>Fhb4</i>
	黔 1324F ₈ -5 Qian 1324F ₈ -5	0.09	0.75	1.19	3.90	R	S	<i>Fhb1</i>
	黔 2-58F ₈ 夏-6-4 Qian 2-58 F ₈ Xia-6-4	0.14	0.56	1.55	3.45	R	MS	<i>Fhb4</i>
	黔 160862-2 Qian 160862-2	/	0.78	/	3.76	/	S	<i>QFhs</i> 、 <i>crc-2DL</i>
	黔 161027 Qian 161027	0.10	0.68	1.00	3.70	R	S	<i>QFhs</i> 、 <i>crc-2DL</i>
	黔 13 夏 163F ₈ -5 Qian 13 Xia 163F ₈ -5	0.09	0.41	1.25	2.91	R	MR	—
地方品种 Landrace	黔西白小麦 Qianxibaixiaomai	0.64	0.82	3.60	3.91	S	S	—
	兴义乌小麦Ⅱ Xingyiwuxiaomai Ⅱ	0.53	0.69	3.21	3.77	MS	S	<i>Fhb2</i> 、 <i>Fhb4</i> 、 <i>Fhb5</i> 、 <i>QFhs</i> 、 <i>crc-2DL</i>
	普安马尾吊Ⅱ Puanmaweidiao Ⅱ	0.46	0.49	3.20	3.35	MS	MS	<i>Fhb1</i> 、 <i>Fhb2</i> 、 <i>Fhb5</i>
	普安红毛麦 Puanhongmaomai	0.69	0.84	3.68	3.86	S	S	<i>QFhs</i> 、 <i>crc-2DL</i>
	安顺光头麦 Anshunguangtoumai	0.41	0.69	3.05	3.05	MS	MS	<i>Fhb1</i> 、 <i>Fhb5</i>
	平坝黄花麦 Pingbahuanghuamai	0.27	0.46	2.39	3.11	MR	MS	<i>QFhs</i> 、 <i>crc-2DL</i>
	开阳小红麦 Kaiyangxiaohongmai	0.87	0.96	3.94	4.00	S	S	<i>Fhb1</i> 、 <i>Fhb2</i>
	贵定鱼鳅麦 Guidingyuqiumai	0.45	0.54	2.84	3.41	MR	MS	<i>Fhb1</i> 、 <i>Fhb2</i> 、 <i>Fhb5</i> 、 <i>QFhs</i> 、 <i>crc-2DL</i>
	龙里鱼鳅麦 Longliyuyiumai	0.54	0.54	3.25	3.25	MS	MS	<i>Fhb5</i> 、 <i>QFhs</i> 、 <i>crc-2DL</i>

(续表 2 Continued table 2)

分类 Group	品种(系) Variety(line)	病小穗率 Sick spikelet rate		平均严重度 Average Severity		抗性评价 Resistance evaluation		抗病基因 Resistance genes
		2023	2024	2023	2024	2023	2024	
地方品种 Landrace	龙里西粘麦 Longlixinianmai	0.46	0.51	3.00	3.23	MS	MS	<i>QFhs, crc-2DL</i>
	余庆红花麦 Yuqinghonghuamai	0.69	0.82	3.45	3.68	MS	S	<i>Fhb1, Fhb2, Fhb4, Fhb5</i>
	仁怀光头麦 Renhuaiguangtoumai	0.72	0.89	3.82	3.85	S	S	<i>Fhb2, Fhb4, Fhb5</i>
	清镇小赖麦 Qingzhenxiaolaimai	0.63	0.79	3.15	3.87	MS	S	<i>Fhb1, Fhb4, Fhb5</i>
	务川灰麦 Wuchuanhuimai	0.75	0.84	3.68	3.96	S	S	<i>Fhb1, Fhb2, Fhb5</i>
	平塘浆麦 Pingtangjiangmai	0.59	0.41	3.37	3.00	MS	MS	<i>Fhb1, Fhb5</i>
	天柱小和尚麦 Tianzhuxiaohesangmai	0.32	0.43	2.78	3.05	MR	MS	<i>Fhb1</i>
	关岭千千麦 Guanlingqianqianmai	0.57	0.49	3.16	3.16	MS	MS	<i>Fhb4, Fhb5</i>
	紫云本地小洋麦 Ziyunbendixiaoyangmai	0.69	0.67	3.40	3.33	MS	MS	<i>Fhb4, Fhb5</i>
	麻江四棱麦 Majiangsilingmai	0.38	0.72	2.86	3.67	MR	S	<i>Fhb2, QFhs, crc-2DL</i>
	凯里有芒光头麦 Kailiyoumanguangtoumai	0.77	0.60	3.87	3.62	S	S	<i>Fhb1, Fhb2, Fhb5</i>
	施秉光头麦 Shibingguangtoumai	0.92	0.82	4.00	3.80	S	S	<i>Fhb2</i>
	天柱光头麦 Tianzhuguangtoumai	0.92	0.70	4.00	3.40	S	MS	<i>Fhb1, Fhb2, Fhb4</i>
	岑巩黄花麦 Cengonghuanguhuamai	0.60	0.43	3.60	3.09	S	MS	<i>Fhb1, Fhb2, Fhb5</i>
	施秉短芒小麦 Shibingduanmangxiaomai	0.40	0.70	2.50	3.61	MR	S	—
	黄平蜈蚣麦 Huangpingwugongmai	0.72	0.68	3.74	3.64	S	S	<i>Fhb1, Fhb2, Fhb5</i>
	册亨小麦 I Cehengxiaomai I	0.81	0.87	3.95	4.00	S	S	<i>Fhb1, Fhb5</i>
	龙里百相麦 Longlibaixiangmai	0.27	0.51	2.20	3.23	MR	MS	<i>Fhb1, Fhb2, Fhb5</i>
	安顺大洋麦 II Anshun 大 yangmai II	0.50	0.89	2.61	3.90	MR	S	<i>Fhb4</i>
	龙里大白麦 Longlidabaimai	0.58	0.64	3.45	3.57	MS	S	<i>Fhb1, Fhb5</i>
	清镇乌花小麦 Qingzhenwuhuaxiaomai	0.79	0.82	3.78	3.83	S	S	—
	普安大白麦 Puandabaimai	0.64	0.79	3.37	3.81	MS	S	<i>Fhb2, Fhb4</i>
	册亨好而利 Cehenghaoerli	0.28	0.50	2.48	3.29	MR	MS	<i>Fhb5</i>
	赤水黄花麦 Chishuihuanguhuamai	0.39	0.61	2.68	3.35	MR	MS	<i>Fhb4, Fhb5</i>
	三都本地白毛麦 Sandubendibaimaomai	0.15	0.74	1.48	3.75	R	S	—
	贵定红麦 Guidinghongmai	0.54	0.88	3.68	3.95	S	S	<i>Fhb1, Fhb2, Fhb5, QFhs, crc-2DL</i>
	修文高秆红麦 Xiuwengaoganhongmai	0.74	0.64	3.74	3.64	S	S	<i>Fhb1, Fhb5</i>
	施秉浆麦 Shibingjiangmai	0.27	0.52	2.20	3.38	MR	MS	<i>Fhb5</i>

(续表 2 Continued table 2)

分类 Group	品种(系) Variety(line)	病小穗率 Sick spikelet rate		平均严重度 Average Severity		抗性评价 Resistance evaluation		抗病基因 Resistance genes
		2023	2024	2023	2024	2023	2024	
地方品种 Landrace	修文红麦 Xiuwenhongmai	0.29	0.30	2.45	2.41	MR	MR	<i>Fhb1</i> 、 <i>Fhb4</i> 、 <i>Fhb5</i>
	惠水红花麦Ⅱ HuishuihonghuamaiⅡ	0.56	0.65	3.22	3.55	MS	S	<i>Fhb1</i> 、 <i>Fhb4</i> 、 <i>Fhb5</i>
	水城长毛小麦 Shuichengchangmaoxiaomai	0.76	0.56	3.55	3.45	S	MS	<i>Fhb1</i> 、 <i>Fhb5</i> 、 <i>QFhs</i> 、 <i>crc-2DL</i>
	安龙无毛百花麦Ⅱ AnlongwumaobaihuamaiⅡ	0.58	0.87	3.58	3.89	S	S	<i>Fhb2</i> 、 <i>Fhb5</i>
	安龙无毛百花麦Ⅰ AnlongwumaobaihuamaiⅠ	0.25	0.23	2.18	2.21	MR	MR	<i>Fhb2</i>
	锦屏藏麦 Jingpingzangmai	0.60	0.45	3.30	3.10	MS	MS	<i>Fhb1</i> 、 <i>Fhb2</i> 、 <i>Fhb5</i>
外引品种(系) Imported variety (line)	安农 8455 Annong 8455	0.35	0.89	2.45	3.86	MR	S	—
	望水白 Wangshuibai	0.10	0.05	1.45	1.05	R	R	<i>Fhb1</i> 、 <i>Fhb2</i> 、 <i>Fhb4</i> 、 <i>Fhb5</i>
	龙春 20P2564 Longchun 20P2564	0.05	0.07	0.94	1.24	R	R	<i>Fhb1</i> 、 <i>QFhs</i> 、 <i>crc-2DL</i>
	龙春 20P2565 Longchun 20P2565	0.10	0.05	1.42	1.19	R	R	<i>Fhb1</i> 、 <i>QFhs</i> 、 <i>crc-2DL</i>
	山农 7506 Shannong 7506	0.35	0.33	2.75	2.74	MR	MR	<i>Fhb1</i> 、 <i>Fhb7</i>
	山农 A064 Shannong A064	0.35	0.53	2.84	3.22	MR	MS	<i>Fhb7</i>
	NMAS022	0.10	0.15	1.73	1.91	R	R	<i>Fhb1</i> 、 <i>Fhb2</i> 、 <i>Fhb4</i> 、 <i>Fhb5</i>
	NMAS07	0.19	0.57	1.64	3.50	R	S	<i>Fhb1</i> 、 <i>Fhb4</i> 、 <i>Fhb5</i>
	贵农 22 Guinong 22	0.95	0.67	3.95	3.87	S	S	<i>QFhs</i> 、 <i>crc-2DL</i>
	野生二粒小麦 Wild emmer wheat	0.18	0.68	2.00	3.62	MR	S	<i>Fhb2</i>

2.2 供试材料中抗赤霉病基因的分布

抗性基因检测结果(表 2、图 1)表明,80 份材料中,苏麦 3 号、望水白、普安马尾吊Ⅱ等 30 份材料携带*Fhb1*,频率为 37.50%;苏麦 3 号、望水白、兴义乌小麦Ⅱ等 23 份材料携带*Fhb2*,频率为 28.75%;黔 B19-52、望水白、兴义乌小麦Ⅱ等 18 份材料携带*Fhb4*,频率为 22.50%;苏麦 3 号、望水白、普安马尾吊Ⅱ等 32 份材料携带*Fhb5*,频率为 40.00%;山农 7506 和山农 A064 携带*Fhb7*,频率为 2.50%;苏麦 3 号、扬麦 158、黔麦 19 等 19 份材料携带*QFhs. crc-2DL*,频率为 23.75%。

接种鉴定为中抗赤霉病水平以上的 11 份材料中,7 份材料含有*Fhb1* 基因,其中苏麦 3 号除了携带*Fhb1* 以外,还携带*Fhb2*、*Fhb5*、*QFhs. crc-2DL*;修文红麦除携带*Fhb1* 外,还携带*Fhb4*、*Fhb5*;望水白和 NMAS022 除携带*Fhb1* 外,还携带*Fhb2*、*Fhb4*、*Fhb5*;龙春 20P2564 和龙春 20P2565 除携带*Fhb1* 外,还携带*QFhs. crc-2DL*;山农 7506 除携带*Fhb1* 以外,还携带*Fhb7*;安龙无毛百花麦Ⅰ只携带*Fhb2*,黔 15168 只携带*Fhb4*,黔 0938 只携带*QFhs. crc-2DL*,黔 13 夏 163F₈-5

未检测到上述测试基因。

就 66 份贵州材料而言,23 份自育品种(系)中*Fhb1* 检出频率为 4.35%,43 份地方品种中*Fhb1* 检出频率为 51.16%。

2.3 供试材料中抗赤霉病基因类型分析

由表 3 可知,在 80 份供试材料中,不携带检测基因的有 21 份,其中 1 份材料表现抗病;携带 1 种检测基因的有 22 份材料,其中 3 份材料分别携带*Fhb2*、*Fhb4* 和*QFhs. crc-2DL* 基因并表现抗赤霉病;37 份材料(46.25%)分别携带 2、3 和 4 种抗病基因(分别有 16 份、14 份和 7 份)。在携带 2 种抗病基因的材料中,有 9 种基因组合类型,*Fhb1*+*Fhb5* 和*Fhb4*+*Fhb5* 出现频率最高,分别为 6.25%和 3.75%;携带 3 种抗病基因的材料中,有 5 种基因组合类型,*Fhb1*+*Fhb2*+*Fhb5* 和*Fhb1*+*Fhb4*+*Fhb5* 出现频率最高,分别是 8.75%和 5.00%;携带 4 种抗病基因的材料中,有 3 种基因组合类型,*Fhb1*+*Fhb2*+*Fhb4*+*Fhb5* 和*Fhb1*+*Fhb2*+*Fhb5*+*QFhs. crc-2DL* 出现频率最高,均为 3.75%。在多基因组合类型中,表现抗病的材料有 7 份(8.75%),均携带*Fhb1* 基因。

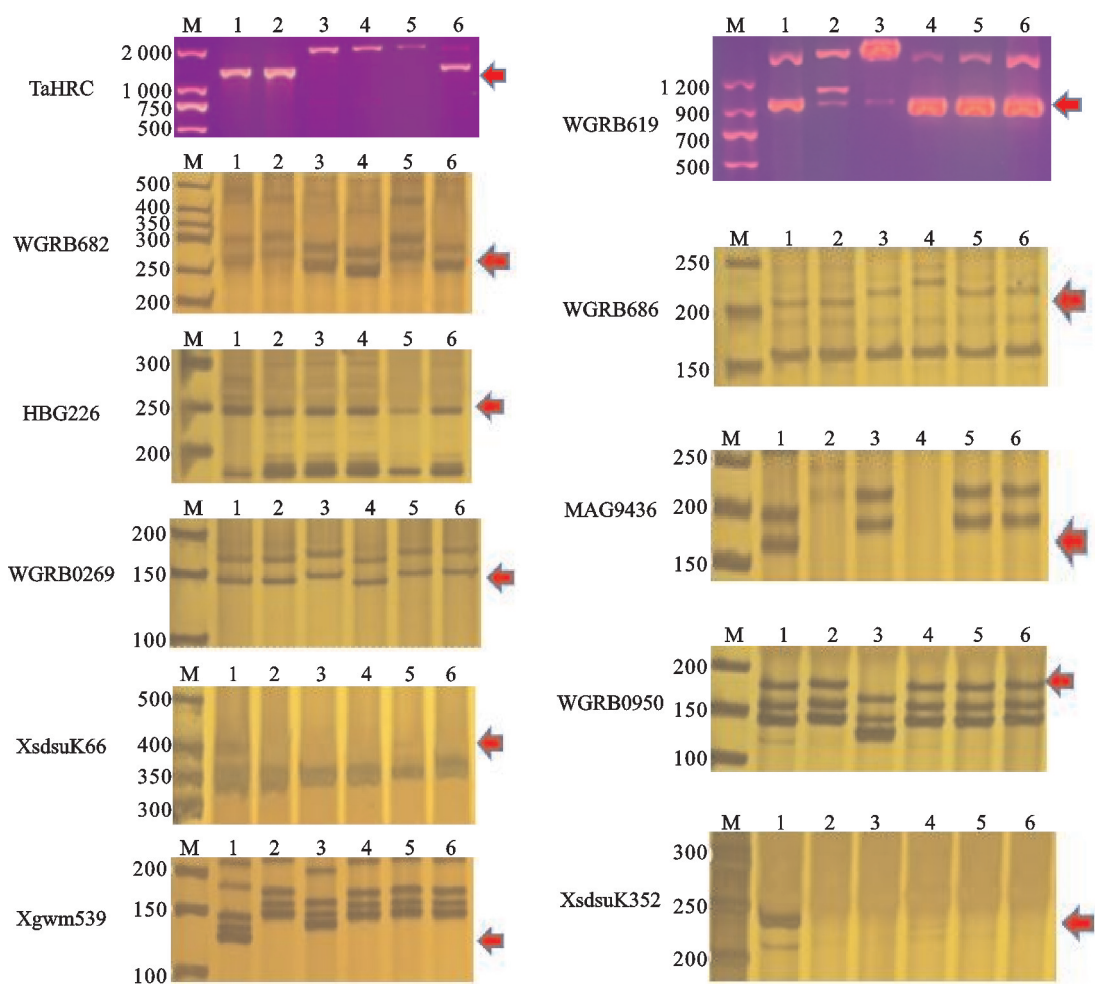
进一步分析发现,携带目标基因数量不同,其抗病水平也不同。当抗性基因聚合到 4 种基因时能较好地提高赤霉病抗性。

2.4 抗赤霉病材料的农艺性状

分析 11 份赤霉病抗性为中抗及以上的小麦材料的农艺性状发现,在千粒重方面,黔 0938-3、黔 13 夏 163F₈-5、望水白、NMAS022 等材料显著高于苏麦 3 号(41 g),其中黔 0938-3 最高,为 52.04 g,黔 15168 和龙春 20P2564 与苏麦 3 号差异不显著;龙春 20P2565、修文红麦、安农无毛百花麦 I、山农 7506 等显著低于苏麦 3 号。在株高方面,修文红麦、安农无毛百花麦 I、望水白、龙春 20P2564 和龙春 20P2565 共 5 份材料显著高于苏麦 3 号(103.67 cm),其中修文红麦最高(149.33 cm),NMAS022 与苏麦 3 号差异不显著,黔 0938-3、黔 15168、黔 13 夏 163F₈-5、山农 7506 显著低于苏麦

3 号;在穗长方面,山农 7506 与苏麦 3 号(8.83 cm)差异不显著,其余 9 个材料均显著大于苏麦 3 号;在穗粒重方面,黔 0938-3、黔 15168、黔 13 夏 163F₈-5 和望水白等 4 份材料显著高于苏麦 3 号(1.43 g),安农无毛百花麦 I 显著低于苏麦 3 号,其余 5 份材料均与苏麦 3 号差异不显著;在小穗密度方面,仅山农 7506 显著大于苏麦 3 号(2.21 个·cm⁻¹),黔 0938-3、黔 15168、黔 13 夏 163F₈-5、修文红麦和望水白共 5 份小麦品种(系)显著低于苏麦 3 号,其余 4 份材料与苏麦 3 号差异不显著(表 4)。

综上,在保证产量不受影响的情况下,黔 0938-3、黔 15168 和黔 13 夏 163F₈-5 等 3 个品种(系)表现为抗赤霉病且农艺性状好,可作为小麦抗赤霉病遗传改良的亲本资源。



M:DNA marker; 1~6:部分供试材料;红色箭头指示目标条带。
M:DNA marker; 1—6: Partial tested samples; The red arrow points to the target band.

图 1 部分材料*Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb4*、*Fhb5*、*Fhb7*和*QFhs. crc-2DL*基因检测结果

Fig 1 Detection result of *Fhb1*, *Fhb2*, *Fhb4*, *Fhb5*, *Fhb7* and *QFhs. crc-2DL* genes in partial germplasm materials

表 3 供试材料中不同抗病基因类型分析

Table 3 Analysis of various disease resistance gene types in the tested materials

	基因类型 Genotype	份数 Count	抗病数 Number of disease resistance	感病数 Number of illnesses	百分比 Percentage/%
0 种基因	Null	21	1	20	26.25
1 种基因	1 gene				
	<i>Fhb1</i>	2	/	2	2.50
	<i>Fhb2</i>	3	1	2	3.75
	<i>Fhb4</i>	4	1	3	5.00
	<i>Fhb5</i>	2	/	2	2.50
	<i>Fhb7</i>	1	/	1	1.25
	<i>QFhs, crc-2DL</i>	10	1	9	12.50
	<i>Fhb1 + Fhb2</i>	1	/	1	1.25
	<i>Fhb1 + Fhb5</i>	5	/	5	6.25
	<i>Fhb1 + Fhb7</i>	1	1	/	1.25
2 种基因	2 genes				
	<i>Fhb1 + QFhs, crc-2DL</i>	2	2	/	2.50
	<i>Fhb2 + Fhb4</i>	1	/	1	1.25
	<i>Fhb2 + Fhb5</i>	1	/	1	1.25
	<i>Fhb2 + QFhs, crc-2DL</i>	1	/	1	1.25
	<i>Fhb4 + Fhb5</i>	3	/	3	3.75
	<i>Fhb5 + QFhs, crc-2DL</i>	1	/	1	1.25
	<i>Fhb1 + Fhb2 + Fhb4</i>	1	/	1	1.25
	<i>Fhb1 + Fhb2 + Fhb5</i>	7	/	7	8.75
	<i>Fhb1 + Fhb4 + Fhb5</i>	4	1	3	5.00
3 种基因	3 genes				
	<i>Fhb1 + Fhb5 + QFhs, crc-2DL</i>	1	/	1	1.25
	<i>Fhb2 + Fhb4 + Fhb5</i>	1	/	1	1.25
4 种基因	4 genes				
	<i>Fhb1 + Fhb2 + Fhb4 + Fhb5</i>	3	2	1	3.75
	<i>Fhb1 + Fhb2 + Fhb5 + QFhs, crc-2DL</i>	3	1	2	3.75
	<i>Fhb2 + Fhb4 + Fhb5 + QFhs, crc-2DL</i>	1	/	1	1.25

表 4 抗赤霉病小麦材料的农艺性状

Table 4 Agronomic traits of wheat materials with resistance to Fusarium head blight

品种(系) Variety(line)	株高 Plant height/cm	穗长 Spike length/cm	千粒重 1 000-grain weight/g	穗粒重 Grain weight per spike/g	小穗密度 Spikelet density/cm ⁻¹
苏麦 3 号 Sumai 3	103.67e	8.83f	41.00d	1.43de	2.21bc
黔 0938-3 Qian 0938-3	86.33f	10.83e	52.04a	3.10a	1.88d
黔 15168 Qian 15168	76.33g	10.33e	41.34d	2.12b	1.90d
黔 13 夏 163F ₈ -5 Qian 13 Xia 163F ₈ -5	76.67g	17.17a	48.67b	2.78a	1.52e
修文红麦 Xiwenhongmai	149.33a	14.17b	32.41f	1.69cd	1.79d
安农无毛百花麦 I Annongwumaobaihuamai I	116.00d	10.50e	28.59h	0.93f	2.36b
望水白 Wangshuibai	134.67b	12.33cd	48.67b	1.96bc	1.79d
龙春 20P2564 Longchun 20P2564	115.00d	11.00de	40.70d	1.63cd	2.01cd
龙春 20P2565 Longchun 20P2565	126.33c	12.50c	34.09e	1.47de	2.28b
山农 7506 Shannong 7506	68.00h	8.83f	31.46g	1.20ef	2.73a
NMAS022	103.67e	12.67c	42.71c	1.62d	2.20bc

同列数据后不同字母表示品种(系)间差异显著($P<0.05$)。
Different letters following data in same columns mean significant difference among varieties(lines)($P<0.05$).

3 讨论

小麦赤霉病是严重威胁中国小麦安全生产的主要病害之一。目前可用于育种的赤霉病高效抗性基因资源有限。虽然部分地方品种、早期改良品种和国外抗性种质资源提供了抗性基因,但它

们大多农艺性状较差,筛选兼具优良抗病性和农艺性状的种质仍是小麦赤霉病遗传改良的关键环节^[35-36]。本研究从 80 份小麦材料中鉴定出中抗赤霉病材料 11 份(13.75%),其中贵州本地材料 5 份(6.25%),包括自育品种(系)黔 0938-3、黔 15168、黔 13 夏 163F₈-5 和地方品种修文红麦、安

龙无毛百花麦 I,特别是黔 0938-3、黔 15168 和黔 13 夏 163F₈-5,在保证产量的同时表现稳定中抗,表明贵州小麦赤霉病抗性育种取得实质性进展。

对 80 份小麦品种(系)进行基因检测及分析,发现基因 *Fhb1* 检出频率最高(30 份,37.5%);在 37 份多基因组合材料中,*Fhb1*+*Fhb5*(6.25%)和 *Fhb1*+*Fhb2*+*Fhb5*(8.75%)检出频率较高,与前人研究结果一致^[30]。值得注意的是,连续两年均表现高抗的 5 个品种(系)均携带多基因,苏麦 3 号携带 *Fhb1*+*Fhb2*+*Fhb5*+*QFhs. crc-2DL*,望水白携带 *Fhb1*+*Fhb2*+*Fhb4*+*Fhb5*,龙春 20P2564 携带 *Fhb1*+*QFhs. crc-2DL*,龙春 20P2565 携带 *Fhb1*+*QFhs. crc-2DL*,NMAS022 携带 *Fhb1*+*Fhb2*+*Fhb4*+*Fhb5*,证明多基因聚合可产生协同抗性效应^[37]。在 11 份抗性材料中,7 份表现为多基因型,进一步证实了基因聚合在增强小麦赤霉病抗性中的重要作用^[38]。

前人研究显示,*Fhb1* 是目前效应最大的抗赤霉病基因^[32]。在本研究 11 份抗性材料中,有 7 份携带该基因,与廖森等^[39]研究结果一致,但 23 份感病材料也含有 *Fhb1* 基因,类似研究结果也多有报道^[28,40],这可能与基因内部变异^[30]、遗传背景限制^[41]或抑制基因 *In1*/*In2* 的存在有关^[42]。比较单基因效应发现,2 份仅携带 *Fhb1* 的材料两年平均病小穗率为 0.40,显著优于 10 份仅携带 *QFhs. crc-2DL* 的材料(平均病小穗率为 0.49),这与陈婧等^[24]研究结论一致。此外,9 份仅携带 *Fhb4* 或 *Fhb5* 的材料除黔 15168 外均表现感病,说明这两个基因仅具有抗侵染能力的特性^[23]。

贵州地方小麦品种中 *Fhb1* 检出率(51.16%)显著高于自育品种(系)(4.35%),这与朱展望等^[21]关于 *Fhb1* 主要来源于地方品种的推测一致。23 份自育品种(系)中,有 14 份(60.87%)未检测到目标抗性基因/QTL,反映出贵州在抗赤霉病育种中对相关基因的利用仍存在局限。值得注意的是,在表现高抗的种质中,黔 15168 仅携带 *Fhb4* 基因,黔 13 夏 163F₈-5 不携带任何被测抗性基因,推测其携带未知的抗赤霉病基因。因此,贵州小麦在抗赤霉病育种中应加强对 *Fhb1* 的利用,并加强多基因聚合育种策略,特别是 *Fhb1* 与其他抗性基因的组合;同时挖掘地方品种的遗传潜力,并加强对新型抗性基因的鉴定研究,这些措施将为培育高产、抗病的小麦新品种奠定遗传基础。

参考文献:

- [1]HERNANDEZ NOPS J F,BAENZIGER P S,ESKRIDGE K M,et al. Differential accumulation of deoxynivalenol in two winter wheat cultivars varying in FHB phenotype response under field conditions [J]. *Canadian Journal of Plant Pathology*,2012,34(3):380.
- [2]姚金保,陆维忠. 中国小麦抗赤霉病育种研究进展[J]. 江苏农业学报,2000,17(4):242.
YAO J B,LU W Z. Research advances in wheat breeding for scab resistance in China [J]. *Jiangsu Journal of Agricultural Sciences*,2000,17(4):242.
- [3]贵州省统计局年鉴,http://hgk. guizhou. gov. cn/publish/tj/index. html.
Guizhou Provincial Statistics Yearbook,http://hgk. guizhou. gov. cn/publish/tj/index. html.
- [4]BAI G H,PLATTNER R,DESJARDINS A,et al. Resistance to Fusarium head blight and deoxynivalenol accumulation in wheat [J]. *Plant Breeding*,2001,120(1):1.
- [5]刘易科,佟汉文,朱展望,等. 小麦赤霉病抗性改良研究进展[J]. 麦类作物学报,2016,36(1):52.
LIU Y K,TONG H W,ZHU Z W,et al. Review on improvement of Fusarium head blight resistance in wheat [J]. *Journal of Triticeae Crops*,2016,36(1):52.
- [6]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):302.
LIAO S,FANG Z W,HU W J,et al. Head blight and analysis of agronomic traits of 59 wheat germplasms in Jiangsu Province [J]. *Journal of Triticeae Crops*,2022,42(3):302.
- [7]STEINER B,BUERSTMAYER M,MICHEL S,et al. Breeding strategies and advances in line selection for Fusarium head blight resistance in wheat [J]. *Tropical Plant Pathology*,2017,42:165.
- [8]BUESTMAYER M,STEINER B,BUESTMAYER H,et al. Breeding for Fusarium head blight resistance in wheat—Progress and challenges [J]. *Plant Breeding*,2019,139:429.
- [9]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.
- [10]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]. *Theoretical and Applied Genetics*,2006,112(8):1465.
- [11]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]. *Theoretical and Applied Genetics*,2007,114(3):429.
- [12]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.
- [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]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.
- [16]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-as-

- sisted selection [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2015,128(11):2301.
- [17] 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.
- [18] ZHANG F, ZHANG H, LIU J, *et al.* *Fhb9*, a major QTL for Fusarium head blight resistance improvement in wheat [J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2024, 3:45.
- [19] LAGUDAH ES, KRATTINGER SG. A new player contributing to durable *Fusarium* resistance [J]. *Nature Genetics*, 2019, 51(7):1070.
- [20] 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):5435.
- [21] 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.
- [22] 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]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2007, 114(3):429.
- [23] JIA G, CHEN P, QIN G, *et al.* QTLs for Fusarium head blight response in a wheat DH population of Wangshuibai/Alondra's [J]. *Euphytica*, 2005, 146(3):183.
- [24] 陈娟, 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):1134.
- 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):1134.
- [25] SOMERS D J, ISAAC P, EDWARDS K. A high-density microsatellite consensus map for bread wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2004, 109(6):1105.
- [26] JAYATILAKE D V, BAI G H, DONG Y H. A novel quantitative trait locus for Fusarium head blight resistance in chromosome 7A of wheat [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2011, 122(6):1189.
- [27] REN J D, WANG Z, DU Z Y, *et al.* Detection and validation of a novel major QTL for resistance to Fusarium head blight from *Triticum aestivum* in the terminal region of chromosome 7DL [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2019, 132(1):241.
- [28] 程顺和, 张勇, 别同德, 等. 中国小麦赤霉病的危害及抗性遗传改良[J]. 江苏农业学报, 2012, 28(5):940.
- CHENG S H, ZHANG Y, BIE T D, *et al.* Damage of wheat Fusarium head blight (FHB) epidemics and genetic improvement of wheat for scab resistance in China [J]. *Jiangsu Journal of Agricultural Sciences*, 2012, 28(5):940.
- [29] 徐婷婷, 王永军, 狄佳春, 等. 小麦抗赤霉病鉴定及其抗病基因的检测[J]. 麦类作物学报, 2019, 39(11):1307.
- XU T T, WANG Y J, DI J C, *et al.* Identification of scab-resistance wheat varieties and detection of disease resistance genes [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2019, 39(11):1307.
- [30] 陈天青, 吴文强, 何庆才, 等. 贵州小麦地方品种赤霉病抗病基因的分子检测[J/OL]. 分子植物育种, 2024. Doi: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20220620.1759.008.html>.
- CHEN T Q, WU W Q, HE Q C, *et al.* Molecular detection of Fusarium head blight resistance genes of Guizhou wheat landraces[J/OL]. *Molecular Plant Breeding*, 2024. Doi: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.S.20220620.1759.008.html>.
- [31] 许豪, 王益林, 于士男, 等. 河南省抗赤霉病小麦新品种基因型、丰产性、农艺与品质性状测定[J]. 河南农业大学学报, 2023, 57(2):189.
- XU H, WANG Y L, YU S N, *et al.* Determination of genotype, high yield, agronomic and quality traits of new wheat varieties resistant to fusarium head blight in Henan Province [J]. *Journal of Henan Agricultural University*, 2023, 57(2):189.
- [32] 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(7):1099.
- [33] 郭军. 长穗偃麦草抗赤霉病基因 *Fhb7* 遗传图谱的加密及其标记辅助转移[D]. 泰安: 山东农业大学, 2015:105.
- GUO J. Saturation mapping of FHB resistance gene *Fhb7* derived from *Thinopyrum ponticum* and its marker assisted selection [D]. Taian: Shandong Agricultural University, 2015:105.
- [34] RODER M S, KORZUN V, WENDENHAKKE K, *et al.* A microsatellite map of wheat [J]. *Genetics*, 1998, 149(4):2022.
- [35] 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.
- [36] 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.
- [37] 胡文静, 高德荣, 江伟, 等. 黄淮麦区71个小麦品种的赤霉病抗性基因型分析[J]. 麦类作物学报, 2021, 41(12):1484.
- HU W J, GAO D R, JIANG W, *et al.* Analysis of resistance to Fusarium head blight and genotype in 71 cultivars in Huang-Huai River wheat zone [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2021, 41(12):1484.
- [38] 胡文静, 张勇, 陆成彬, 等. 小麦品种扬麦16赤霉病抗扩展QTL定位及分析[J]. 作物学报, 2020, 46(2):158.
- HU W J, ZHANG Y, LU C B, *et al.* Mapping and genetic analysis of QTLs for Fusarium head blight resistance to disease spread in Yangmai 16 [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2020, 46(2):158.
- [39] 廖森, 方正武, 张春梅, 等. 小麦抗赤霉病遗传与机理研究现状与展望[J]. 江苏农业科学, 2021, 49(19):52.
- LIAO S, FANG Z W, ZHANG C M, *et al.* Research current status and prospect of inheritance and mechanism of Fusarium head blight resistance in wheat [J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 49(19):52.
- [40] 贾宝森, 徐锐, 熊泽浩, 等. 198份小麦种质资源赤霉病综合抗性鉴定及其 *FHB1* 抗性基因检测[J]. 江苏农业科学, 2021, 49(23):106.
- JIA B S, XU R, XIONG Z H, *et al.* Identification of comprehensive resistance of 198 wheat germplasm resources to Fusarium head blight and detection of *FHB1* resistance gene [J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 49(23):106.
- [41] BUERSTMAYR M, STEINER B, BUERSTMAYR H. Breeding for Fusarium head blight resistance in wheat—Progress and challenges [J]. *Plant Breeding*, 2020, 139(3):442.
- [42] 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.