麦类作物学报 2026,46(9):1197－1204
Journal of Triticeae Crops doi: 10.7606/j.issn.1009-1041.2026.09.08

网络出版时间:2026-05-25
网络出版地址:https://link.cnki.net/urlid/61.1359.S.20260525.1039.008

# 基于 CiteSpace 和 VOSviewer 的小麦白粉病研究态势分析

王红梅,宋晓朋,赵景云,王建立,崔建民,王旭浩,杨瑞晗
(驻马店市农业科学院,河南驻马店 463000)

**摘 要**:为了解小麦白粉病的研究发展现状,运用文献计量分析软件 CiteSpace 和 VOSviewer,对近 10 年来 Web of Science 和 CNKI 数据库中该领域相关文献进行可视化分析。结果表明,英文文献发文量总体上呈上升趋势,中国是国际期刊中发文量最多的国家,与美国、以色列、英国等国际合作较为紧密,不同国家的研究者存在着多方合作,形成了稳定的核心作者群,中国农业科学院、中国科学院、西北农林科技大学发文量最高。中文文献发文量整体有下降趋势,不同机构间的合作较少,没有形成稳定的核心作者群。国内外小麦白粉病研究热点主要集中在抗病性鉴定、抗性基因挖掘与利用、抗性机制、聚合育种、病害监测与防治等方面。持久抗性和抗病种质的综合评价是近年来突现热点。未来的研究将通过多种途径培育抗性新品种,解析小麦白粉病抗性机制,利用多学科合作,探寻绿色、高效且可以广泛应用的病害治理措施。

**关键词**:小麦白粉病;CiteSpace;VOSviewer;文献计量
**中图分类号**:S512.1;S330 **文献标识码**:A **文章编号**:1009-1041(2026)09-1197-08

# Analysis of Research Situation of Wheat Powdery Mildew Based on CiteSpace and VOSviewer

**Wang Hongmei, Song Xiaopeng, Zhao Jingyun, Wang Jianli, Cui Jianmin, Wang Xuhao, Yang Ruihan**
(Zhumadian Academy of Agricultural Sciences, Zhumadian, Henan, 463000, China)

**Abstract**: To understand the current research and development status of wheat powdery mildew, the literature analysis software CiteSpace and VOSviewer were used to conduct a visual analysis of relevant literature from the Web of Science and CNKI databases over the past decade. The results indicated that the number of English publications had generally shown an upward trend, with China being the country with the highest number of publications in international journals. There was close international collaboration with countries such as the United States, Israel, and the United Kingdom, and researchers from different nations engaged in multifaceted cooperation, forming a stable core group of authors. The Chinese Academy of Agricultural Sciences, the Chinese Academy of Sciences, and Northwest A&F University had the highest number of publications. In contrast, the number of Chinese publications had shown a declining trend, with limited collaboration among institutions and no stable core group of authors. Research hotspots on wheat powdery mildew both domestically and internationally primarily focused on disease resistance identification, resistance gene mining and utilization, resistance mechanism research, combined breeding, disease monitoring and prevention, etc. Comprehensive evaluation of durable resistance and resistant germplasm had emerged as a prominent research focus in recent years. Future studies would develop new resistant varieties through various

收稿日期:2025-10-30 修回日期:2026-01-11
**基金项目**:国家现代农业产业技术体系建设专项(CARS-03);河南省科技攻关项目(242102111169);驻马店市重点研发专项(ZMDSZDYF2024008)
**第一作者** E-mail:5901274@qq.com(王红梅)
**通讯作者** E-mail:weiduxp@163.com(宋晓朋)

approaches, elucidate the resistance mechanisms against wheat powdery mildew, and explore green, efficient, and widely applicable disease management measures through multidisciplinary collaboration.
**Keywords**: Wheat powdery mildew; CiteSpace; VOSviewer; Bibliometric analysis

白粉病是小麦主要病害之一，由布氏白粉菌小麦专化型 *Blumeria graminis* f. sp. *tritici* 引起，对小麦生产和国家粮食安全产生严重威胁。在温度适宜条件下，小麦白粉病在小麦整个生育期均可发病，严重时影响小麦穗部和茎秆生长发育，导致减产和品质劣化[1]。在农业生产中，通过合理水肥管理、优化种植密度、合理品种布局等措施减轻小麦白粉病的危害程度。化学防治是目前小麦白粉病最常用的防治措施，但农药的长期使用会增加小麦白粉菌群耐药性，并加重环境污染[2]，因此种植抗病品种是最环保经济有效的防治措施。近年来，小麦育种过程中由于一些骨干亲本的大量使用，选育出的小麦品种的白粉病抗性遗传背景日趋狭窄，加大了小麦白粉病危害，发掘新的抗白粉病基因和种质材料是提高小麦抗白粉病能力的有效途径。目前已经有 100 多个小麦白粉病抗性基因在小麦及其近缘种和野生种中被发现[3]，而一些抗病基因因新的毒力生理小种出现而失去抗性。目前，已有一些综述文献对小麦白粉病致病机理、抗性鉴定、聚合育种等方面进行了总结[4-6]，但是这些论文内容仅限于相关研究结果的综合分析，而对小麦白粉病研究领域的关键问题、研究热点、发展趋势等方面无法全面客观地反映。因此，有必要对小麦白粉病研究进展进行系统性分析，以推动当前的小麦白粉病研究工作。

文献计量分析是运用统计学、数学等方法对相关研究文献的发表情况、发展趋势、研究热点等进行探讨的重要手段。如，李宾妮等[7]基于 CiteSpace 软件对禾谷孢囊线虫的研究态势进行分析，提出未来研究将以培育抗性品种，利用多学科交叉优势寻求更加高效环保的治理措施；关卫东等[8]利用 CiteSpace 软件分析了小麦赤霉病的研究热点与趋势，指出小麦赤霉病当前研究的主要内容、研究热点、热门技术。本研究采用文献计量分析对近 10 年来国内外小麦白粉病研究领域的文献进行分析，系统梳理该领域的发展程度、发展趋势，为科研人员在该领域开展相关研究提供参考。

## 1 文献来源与研究方法

### 1.1 文献来源

小麦白粉病相关的中文文献以中国知网数据库(CNKI)为数据源，检索采用高级检索方法，主题为“小麦”和“白粉病”，检索时间范围为 2014 年 1 月—2025 年 7 月。为保证文献分析质量，来源类别选择北大核心和 CSCD 期刊，剔除新品种介绍、新闻报道、重复的文献，选择与小麦白粉病研究相关的文献，最终检索得到中文文献 319 篇，文献信息以 RefWork 格式导出，在 CiteSpace 软件中进行标准化处理和后续数据分析。小麦白粉病英文文献以 WoS 核心合集数据库为数据源，采用高级检索方法，检索表达式为 TS=(“wheat” and “powdery mildew”)，检索时间跨度为 2014 年 1 月—2025 年 7 月，文献语种选择“English”，检索选择“Science Citation Index Expanded”，文献类型选择“Article”，剔除重复的文献后最终获得 628 篇文献作为研究样本。

### 1.2 研究方法

CiteSpace 软件是一种广泛使用的文献计量分析软件，其利用文献间相互关系，分析某学科的研究结构、前沿热点和趋势。VOSviewer 1.6.20 是一个用于构建和可视化文献计量网络的软件工具，能够对作者关系和关键词进行共现分析。本研究通过 Origin 2018、Excel 2021 软件对检索到的文献进行发文量变化趋势分析；利用 CiteSpace V6.1.R1 对小麦白粉病发文的研究机构共现、关键词聚类、突现趋势等进行分析，时间段(Time Slicing)设置为 2014 年 1 月－2025 年 7 月，切片时间(Years Per Slice)为 1 年，通过 VOSviewer 对小麦白粉病研究领域作者关系和关键词进行共现分析，在“文献计量在线分析平台”上对英文文献发文国家进行分析，绘制可视化知识图谱，展示国内外研究人员对小麦白粉病的研究趋势和动态，探究该领域研究的前沿热点。

## 2 结果与分析

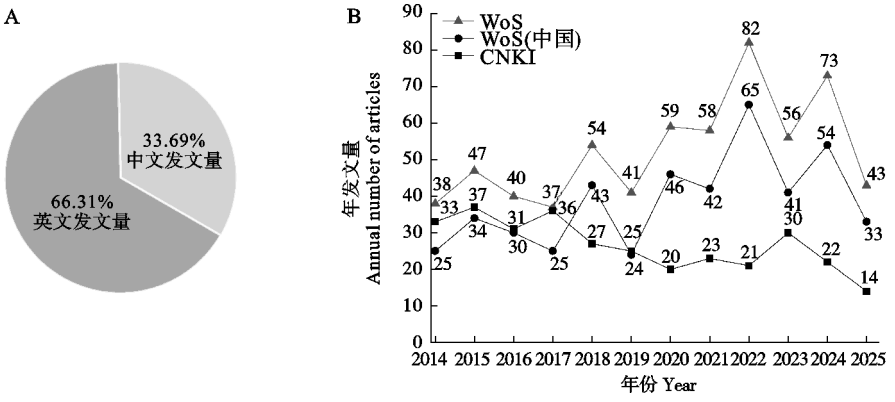
### 2.1 小麦白粉病研究年度发文量变化趋势

2014—2025 年小麦白粉病研究领域发文量

为 947 篇,年均发文量 86 篇,中文发文量占比为 33.69%,英文发文量高于中文发文量(图 1A)。其中,CNKI 数据库中小麦白粉病相关文献年均发文量为 29 篇(图 1B),总体呈现下降趋势,2015 和 2017 年发文量较多;WoS 数据库中小麦白粉病相关文献年均 57 篇,国内作者英文文献年均发文量为 42 篇,英文文献在 2014—2022 年总体趋于上升,2022 年英文文献发文量达到近 10 年最高水平,2023 年英文文献发文量下降明显,而 2023 年中文文献数量有所增加,国内小麦白粉病研究在中文期刊发表较多。2022 年以来,英文文献发文量呈现较高水平波动增长,其原因在于白粉病对小麦生长发育的影响越来越受到全球学者的重视,相关研究国际间的合作逐步加深,较多的国内学者更倾向于在英文期刊发表论文。

## 2.2　小麦白粉病研究发文的国家分布

对不同国家小麦白粉病发文量和国家间合作程度分析发现,中国是小麦白粉病研究发文最多的国家,其次是美国、瑞士、德国(表 1)。中国的中心性最大,其次是美国,两国的中心性都大于 0.10,表明两国在小麦白粉病研究领域有较强的研究实力。中国与美国、以色列、英国合作联系相对紧密(图 2),中国在该领域的研究已居于世界前列,在小麦白粉病研究领域具有较高的影响力和认可度,但中国的国际化合作程度并不突出,仍需要进一步加强合作。




A:中英文发文量占比; B:中英文年度发文量。

A: The proportion of publication number in Chinese and English papers; B: The annual number of publications.

**图 1　小麦白粉病研究年度发文量统计**

**Fig. 1　Statistics of annual publications related to wheat powdery mildew**

**表 1　英文文献发文量前 10 的国家**

**Table 1　Top 10 countries with a high volume of English literature publications**

| 排名 Rank | 国家 Country | 发文量 Publications | 中心性 Centrality |
|---|---|---|---|
| 1 | 中国 China | 462 | 0.35 |
| 2 | 美国 USA | 70 | 0.16 |
| 3 | 瑞士 Switzerland | 38 | 0.10 |
| 4 | 德国 Germany | 25 | 0.06 |
| 5 | 以色列 Israel | 24 | 0.07 |
| 6 | 英格兰 England | 21 | 0.04 |
| 7 | 澳大利亚 Australia | 17 | 0.05 |
| 8 | 印度 India | 17 | 0.06 |
| 9 | 埃及 Egypt | 13 | 0 |
| 10 | 波兰 Poland | 13 | 0.04 |

## 2.3　小麦白粉病研究发文的研究机构分布

从发文机构共现分析得到的国际和国内发文机构合作网络图谱(图 3)看,不同机构节点间相

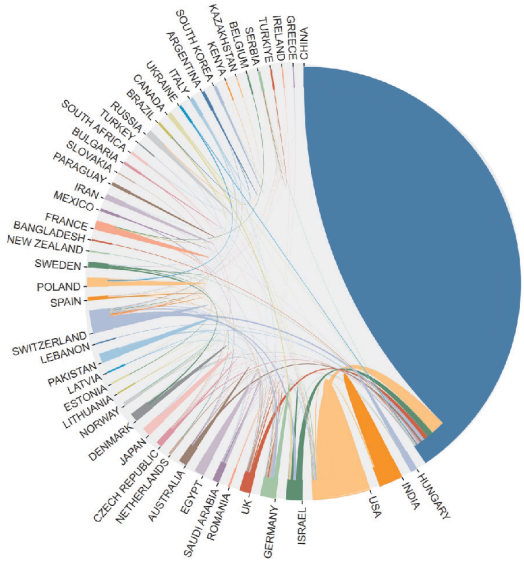



**图 2　小麦白粉病发文国家合作网络**

**Fig. 2　Collaborative network of wheat powdery mildew in related published literature countries**

连紧密，连线数量较多，说明国内外研究机构在小麦白粉病科研合作方面的频度较高，Chinese Academy of Agricultural Sciences（中国农业科学院）、Chinese Academy of Sciences（中国科学院）、Northwest A&F University（西北农林科技大学）是该领域发表英文文献数量排名前 3 位的科研机构，前 9 位均为中国科研机构，是该领域研究的重要力量。而对国内研究机构分析发现，许多研究机构虽有连线，但机构的节点连线数量较少、密度较低，应加强国内高校和研究所及企业的合作力度，逐步形成政府、科研院所和企业合作发展的态势（图 3B）。

### 2.4 小麦白粉病研究发文的核心作者分布

从合作网络图谱（图 4）看，WoS 和 CNKI 数据库中小麦白粉病研究发文最多的作者分别是 Ma Pengtao 和周益林，分别发表了 51 和 25 篇，在该领域有较高的影响力。根据普莱斯定律对核心作者的定义，WoS 和 CNKI 中小麦白粉病研究领域的核心作者分别有 87 和 35 位，分别占全部作者的 20.09%和 11.11%；两个数据库中该领域的核心作者发文量占比分别为 58.63%和 35.10%。WoS 中该领域核心作者发文量超过了 50%，表明小麦白粉病研究领域形成了稳定的核心作者群，Ma Pengtao、Li Hongjie 和 An Diaoguo 的发文量超过了 30 篇，形成了 3 个核心作者群（图 4A），其研究集中于小麦抗白粉病基因的定位、克隆、标记辅助育种、分子设计育种和优异种质的创制。CNKI 中该领域的核心作者周益林和范洁茹的发文量均超过了 20 篇，研究领域主要为小麦白粉病流行与检测、病菌毒性和抗药性监测，两位学者与孙振宇和高海峰两位学者的团队存在合作，但与其他学者的合作相对较少（图 4B）。从 CNKI 小麦白粉病发文作者的合作分析可知，该领域的合作形式主要为研究团队内的合作。

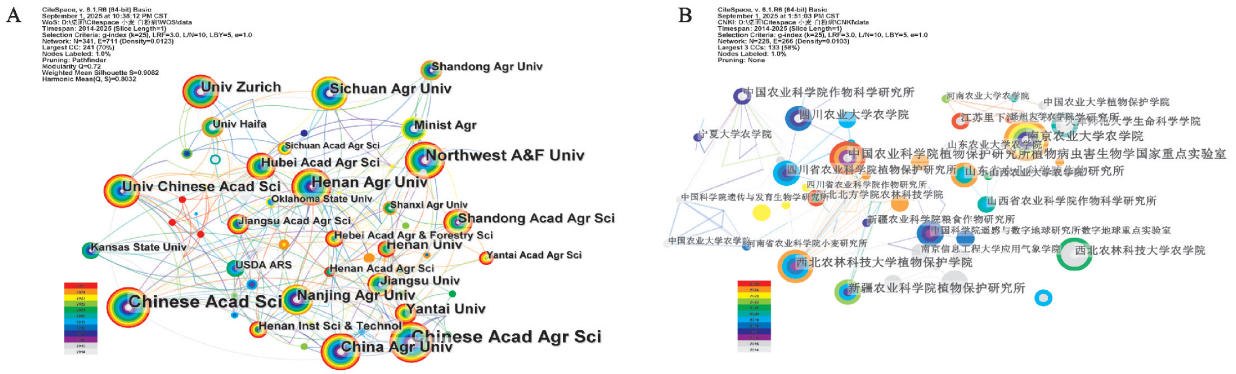



**图 3 WoS 和 CNKI 机构合作关系**

**Fig. 3 Institution collaborative relationships of English and Chinese literature**

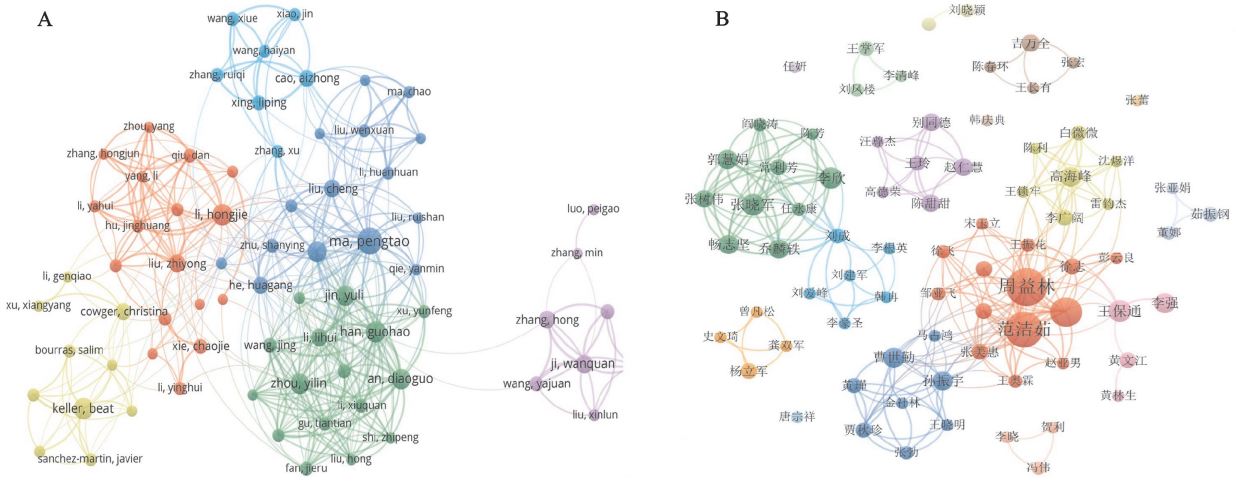



**图 4 中英文文献主要作者合作关系**

**Fig. 4 Main author collaborative relationships of English and Chinese literature**

## 3　小麦白粉病研究热点与趋势

### 3.1　关键词共现分析

通过 VOSviewer 软件对小麦白粉病相关中英文文献进行关键词共线分析，绘制中英文文献关键词共现图谱（图 5），图中关键词的节点越大表明其出现的频次越高。除去小麦白粉病直接相关的关键词，WoS 中出现较高的频关键词有 disease resistance、molecular marker、stripe rust、marker-assisted selection、BSR-Seq（图 5A），CNKI 中出现较多的高频关键词有抗病基因、分子标记、抗病性、条锈病、赤霉病（图 5B）。

### 3.2　关键词聚类分析

通过 Citespace 软件分别对 WoS 和 CNKI 数据库中小麦白粉病研究论文关键词进行聚类分析，探究该领域不同关键词存在的依赖性和联系，得到英文和中文文献关键词聚类图（图 6）。在英文和中文文献构建的关键词聚类图中，节点分别有 371 和 308 个，连线分别为 654 和 408 条，网络密度分别为 0.009 5 和 0.008 6，$Q$ 值分别为 0.705 2 和 0.888 6（均大于 0.3），表明这两个聚类效果显著；轮廓分数 $S$ 值分别为 0.860 2 和 0.968 7（均大于 0.5），表明这两个聚类结果高度可信。因此，该领域这两个文献数据库的聚类结果可以用于后续分析研究。

在 WoS 数据库中，小麦白粉病英文文献聚类关键词主要有 14 个（图 6A 和表 2），其涉及的研究领域可分为 4 类：第一类是小麦近缘属和地方品种在小麦白粉病方面的研究和利用，包括簇毛麦、华山新麦草、硬粒小麦、冰草、中间偃麦草、十倍体长穗偃麦草，这些种质的优异抗病基因通过不同途径导入到普通小麦后可以获得较好的抗白粉病能力，此类研究主要涉及到抗白粉病分子标记的鉴定、易位系的鉴定与利用、原位杂交等方面，

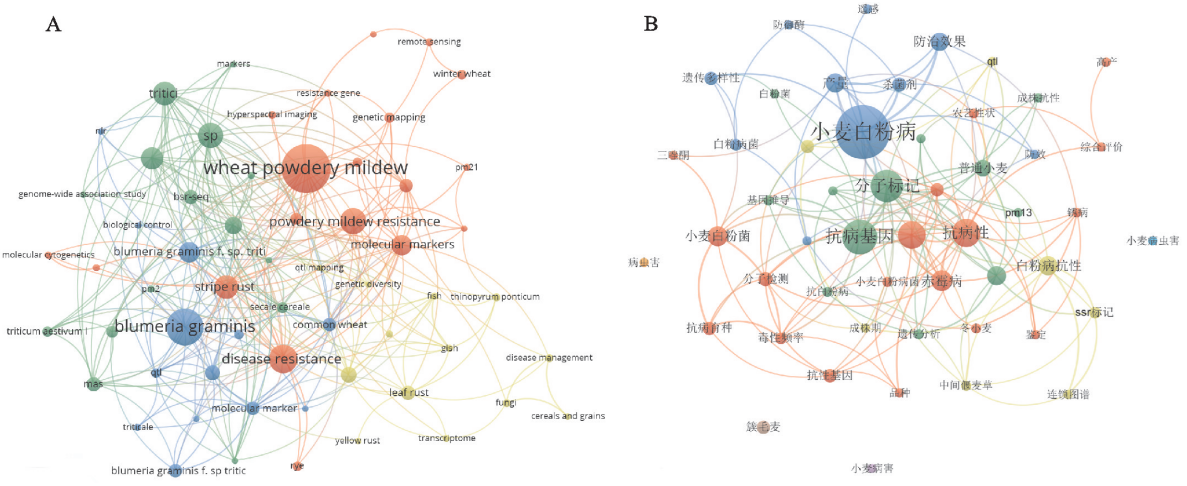



图 5　中英文文献关键词共现图谱

Fig. 5　Co-occurrence map of English and Chinese literature keywords

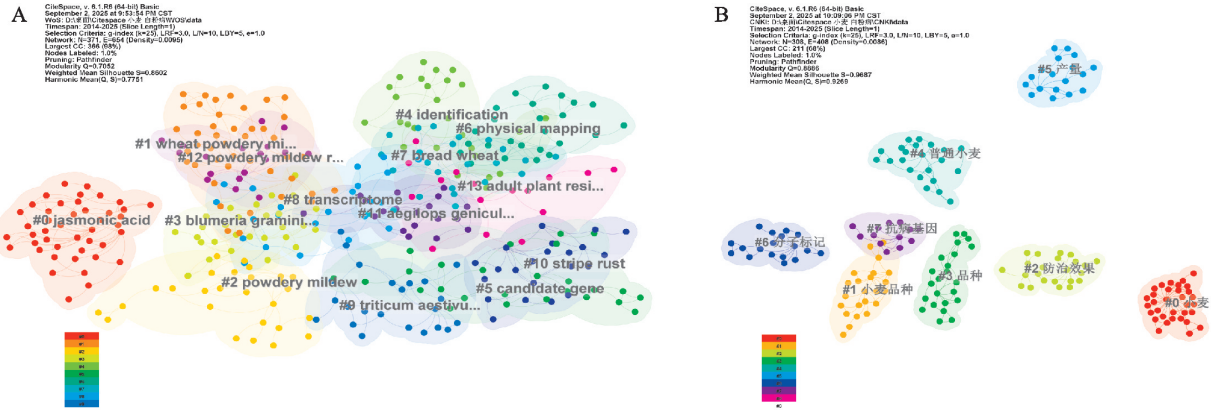



图 6　中英文文献关键词聚类图谱

Fig. 6　Clusters of keywords in English and Chinese literature

为小麦近缘属和地方品种的发掘与利用提供重要的参考;第二类为小麦白粉病分子生物学和遗传学研究,主要关注小麦种质成株期抗性、基因克隆、SNP 标记、分子标记辅助选择、全基因组关联分析和全基因组选择育种,这些研究为小麦白粉病抗病基因的发掘与育种利用提供了重要的理论支撑;第三类为小麦白粉病种群进化和多样性及病原菌与小麦互作的研究,主要集中在小麦白粉病种群的进化和优势小种分析及小麦与白粉病病原菌互作过程中基因表达、代谢相关过程及有关毒素产生,这些研究为小麦白粉病抗性利用提供了新的探索途径;第四类为小麦白粉病病害监测与遥感诊断技术的研究,主要关注小麦白粉病严重度的监测、高光谱成像、遥感技术等,旨在提高小麦白粉病实时监测能力,为小麦白粉病防控策略的优化和预测模型的构建提供技术支撑。

在 CNKI 数据库中,小麦白粉病的中文文献关键词主要有 8 个聚类(图 6B 和表 3),聚类的平均年份较早。关键词聚类的研究方向分为 2 个方面:第一类是小麦白粉病抗病基因、抗病种质鉴定与利用,主要集中在小麦白粉病抗性种质的评价、毒性结构、抗性基因的挖掘与利用、分子标记(STS、KASP)的开发与利用、远缘杂交等方面,这些研究为深入理解小麦白粉病菌致病特征及抗病基因的利用提供重要的理论参考;第二类是病害的监测防治与化学药剂防治,这些研究主要关注小麦白粉病的监测、防治技术及其在生产中的应用。

**表 2 英文文献关键词聚类结果**

**Table 2 Result of keyword clusters in English literature**

| 编号 No. | 年份 Year | 规模 Size | 聚类标签 Cluster label |
|---|---|---|---|
| 0 | 2018 | 44 | Jasmonic acid; salicylic acid; reactive oxygen species; compatible interaction; hydrogen peroxide |
| 1 | 2019 | 43 | Wheat powdery mildew; disease severity; hyperspectral imaging; remote sensing; hyperspectral |
| 2 | 2018 | 28 | Powdery mildew; resistance genes; gene; wheat |
| 3 | 2016 | 28 | *Blumeria graminis*; evolution; infection; diversity |
| 4 | 2017 | 27 | Identification; marker; *Aegilops tauschii*; validation; chromosome bin map |
| 5 | 2020 | 26 | Candidate gene; field trial; consensus map; race-specific resistance; marker-assisted selection |
| 6 | 2018 | 25 | Physical mapping; *Psathyrostachys huashanica*; t6v#4s center dot 6dl; translocations; SNP |
| 7 | 2015 | 24 | Bread wheat; conferring resistance; *Haynaldia villosa*; *turgidum* var. *dicoccoide*; molecular marker |
| 8 | 2018 | 23 | Transcriptome; genome analysis; landrace; *Agropyron cristatum*; confers resistance |
| 9 | 2016 | 23 | *Triticum aestivum*; accession; software; MAS; GWAS |
| 10 | 2018 | 22 | Stripe rust; leaf rust; ISH; *Thinopyrum intermedium*; *Thinopyrum ponticum* |
| 11 | 2018 | 19 | *Aegilops geniculata* Roth; genotyping by sequencing; stem rust resistance |
| 12 | 2018 | 18 | Powdery mildew resistance; cereals and grains; fungi; disease resistance; field crops |
| 13 | 2017 | 16 | Adult plant resistance; molecular characterization; *pm38*; haplotypes |

**表 3 中文文献关键词聚类结果**

**Table 3 Result of keyword clusters in Chinese literature**

| 编号 No. | 年份 Year | 规模 size | 聚类标签 Cluster label |
|---|---|---|---|
| 0 | 2019 | 33 | 小麦; 病虫害; 白粉病菌; 条锈病; 白粉病<br>Wheat; diseases and insect pests; *Blumeria graminis*; stripe rust; powdery mildew |
| 1 | 2017 | 23 | 小麦品种; 抗性鉴定; 抗性; 条锈病; 赤霉病<br>Wheat variety; resistance identification; resistance; stripe rust; Fusarium head blight |
| 2 | 2018 | 23 | 防治效果; 白粉病; 拮抗作用; 木霉菌; 纹枯病<br>Control efficiency; powdery mildew; antagonism; *Trichoderma*; sharp eyespot |
| 3 | 2018 | 23 | 品种; 抗性基因; 抗病性; 毒性频率; 小麦白粉菌<br>Variety; resistance gene; disease resistance; virulence frequency; *Blumeria graminis* |
| 4 | 2018 | 22 | 普通小麦; 成株抗性; 麦长管蚜; 地方品种; 品质<br>Common wheat; adult plant resistance; *Macrosiphum avenae*; landrace; quality |
| 5 | 2017 | 18 | 产量; 育种; 三唑酮; 抗病; 种衣剂减量<br>Yield; breeding; triadimefon; disease-resistant; seed coating decrement |
| 6 | 2018 | 18 | 分子标记; 春小麦; 高产; 石麦系列; sts<br>Molecular marker; spring wheat; high yield; Shimai series; sts |
| 7 | 2017 | 13 | 抗病基因; 白粉菌; kasp; 远缘杂交; 毒性结构<br>Resistant gene; *Blumeria graminis*; kasp; distant hybridization; virulence structure |

### 3.3　关键词突现分析

根据英文文献关键词在时间段突现的差异(图 7)，可将小麦白粉病的研究分为 3 个阶段。第 1 阶段(2014—2018 年)是小麦白粉病近缘属利用、基因组和相关抗性基因定位研究阶段[9-13]，突现分析得到的关键词有 draft genome、thinopyrum、map、wild emmer，正是该时期大量积累了对抗病基因定位和近缘属抗性基因利用的研究，为后续小麦白粉病抗病基因的克隆、分子标记开发和相关病害防治措施的研究奠定了基础。第 2 阶段(2018－2022 年)是小麦白粉病抗病基因克隆、外源基因利用、病害管理等研究阶段，突现的关键词是 allele、barley、*Pm21*、cloning、genome sequence、disease management、rye。该阶段随着基因组测序技术的不断发展，一些小麦抗白粉病基因相继被克隆，加速了外源基因的导入和利用，提高了小麦抗白粉病育种的水平。*Pm21* 是来源于簇毛麦的抗白粉病基因，是一个对中国小麦白粉病菌株具有广谱抗性的基因，在育种上具有重要价值，但该基因导入小麦后对产量和品质带来了不利的影响，存在较大的连锁累赘。生物防治和化学防治在小麦白粉病防治方面都有各自的优势和劣势，种植抗病品种依然是小麦白粉病防治的最优选择。第 3 阶段(2022—2025 年)是小麦白粉病抗病基因研究的重点，突现分析得到的关键词为 durable resistance、*Pm3*、stem rust。成株期抗性是小麦抗白粉病育种的主要方向，*Pm5e* 是被鉴定有持久抗性的等位基因[14]，但仅存在于部分关中平原地方品种中，4 个多效抗病基因在成株期对病害也具有持久抗性[15]。*Pm3* 的个别等位基因对中国某些白粉病菌系存在一定的抗性，在小麦育种中很少被利用，而在欧美的小麦育种中利用较多。

根据中文文献关键词在时间段上的差异，可以将其研究分为 2 个阶段，两个阶段间存在部分重叠(图 7)。第 1 阶段为 2014—2021 年，是小麦白粉病抗性品种鉴定与遗传分析、气象因素分析和病害管理，该阶段研究集中在不同杀菌剂对小麦白粉病防治效果、品种抗性的鉴定和分子标记检测及小麦白粉病与气象因子的关系，更多的研究在寻找提高小麦产量的途径。第 2 阶段为 2021—2025 年，是小麦外源基因的利用，抗性种质的鉴定、创制及综合评价，该阶段的研究逐渐转向抗病基因的标记检测和抗性种质鉴定评价，这是近年来的研究热点，在一段时间内依然会保持一定的热度，簇毛麦抗性基因的利用也是国内小麦白粉病研究的热点方向。

## 4　结论与展望

### 4.1　结论

通过对小麦白粉病中英文文献信息的挖掘，本研究得出以下结论：(1)近 10 年来，小麦白粉病研究英文文献发文量呈现快速上升的态势，而中文文献有下降趋势；(2)中国是小麦白粉病研究发文量最多的国家，与美国、以色列、英国合作联系相对紧密，中国农业科学院、中国科学院、西北农林科技大学英文文献发文量较多，成果丰硕，具有较强的研究实力，英文文献形成稳定的核心作者群，而国内机构研究的合作相对较少，中文文献作者合作关系主要集中于团队内部；(3)目前小麦白粉病国内外研究的热点主要集中于病害的监测与防治、发病机理、抗病种质的鉴定与评价、抗病基因的挖掘与利用、分子标记开发与标记辅助选择育种。

| Keywords | Year | Strength | Begin | End | 2014–2025 |
|---|---|---|---|---|---|
| draft genome | 2014 | 5.86 | 2014 | 2018 | |
| *thinopyrum* | 2014 | 2.86 | 2014 | 2016 | |
| map | 2015 | 3.87 | 2015 | 2017 | |
| wild emmer | 2015 | 2.69 | 2015 | 2016 | |
| allele | 2014 | 3.94 | 2018 | 2019 | |
| barley | 2014 | 3.46 | 2018 | 2020 | |
| *Pm21* | 2019 | 2.94 | 2019 | 2021 | |
| cloning | 2020 | 3.78 | 2020 | 2022 | |
| genome sequence | 2020 | 3.08 | 2020 | 2021 | |
| disease management | 2020 | 2.93 | 2020 | 2021 | |
| rye | 2015 | 2.72 | 2020 | 2022 | |
| durable resistance | 2014 | 3.02 | 2022 | 2025 | |
| *Pm3* | 2017 | 3.63 | 2023 | 2025 | |
| stem rust | 2014 | 3.11 | 2023 | 2025 | |

| Keywords | Year | Strength | Begin | End | 2014–2025 |
|---|---|---|---|---|---|
| 三唑酮 | 2014 | 1.97 | 2014 | 2015 | |
| 遗传分析 | 2014 | 1.22 | 2014 | 2017 | |
| 气象因子 | 2015 | 1.23 | 2015 | 2017 | |
| 病害 | 2017 | 1.45 | 2017 | 2018 | |
| 品种 | 2015 | 1.19 | 2019 | 2021 | |
| 高产 | 2020 | 1.19 | 2020 | 2023 | |
| 病虫害 | 2020 | 1.10 | 2020 | 2021 | |
| 防治效果 | 2021 | 3.60 | 2021 | 2025 | |
| 杀菌剂 | 2018 | 2.39 | 2021 | 2023 | |
| 分子检测 | 2021 | 2.36 | 2021 | 2025 | |
| 赤霉病 | 2018 | 1.73 | 2022 | 2025 | |
| 簇毛麦 | 2023 | 2.66 | 2023 | 2025 | |
| 综合评价 | 2023 | 1.41 | 2023 | 2025 | |
| 抗白粉病 | 2014 | 1.26 | 2023 | 2025 | |

**图 7　中英文文献关键词突现分析**

**Fig. 7　Keyword burst analysis of English and Chinese literature**

### 4.2 展望

选择抗病基因、挖掘新的抗源是小麦抗白粉病育种的关键。许多小麦白粉病抗性基因已经克隆，小麦白粉病抗性机制的研究为培育具有持久抗性的小麦品种提供了坚实的理论支撑[16-17]。小麦近缘种质中如黑麦、野生二粒小麦、中间偃麦草、簇毛麦、粗山羊草、提莫菲维小麦等，携带丰富的白粉病抗性基因，但这些基因有些与不利的农艺性状存在连锁[18]，回交转育时间较长，在小麦育种应用中有一定的局限性。基因编辑为小麦白粉病抗性基因的利用提供了新途径[19]，通过定向编辑白粉病感病基因 *MLO* 获得抗病不减产的新型突变体 Tamlo-R32，为后续利用感病基因进行抗病育种提供重要的理论和技术。主栽品种抗白粉病基因的挖掘与利用能够加速抗性基因的应用，结合分子标记聚合多个抗病基因，获得稳定持久抗性的品种是今后小麦抗白粉病育种的重要内容。

在生物防治方面虽有小麦白粉病与生物防治剂相关的研究，但在田间条件下应用生防微生物对小麦白粉病进行防治的报道较少，未来的研究应更多关注生防微生物与小麦白粉病原微生物间的关系，加强相关基础研究，明确生防菌对小麦白粉病菌的作用机制，研发高效、靶向的新型微生物防治剂，加快田间小麦药剂试验，尽快用于农业生产实践中。植物中的一些糖类诱导剂可以激活自身的防御酶系统，增强对病原微生物的抵抗能力，未来应寻找新的白粉病防治手段，如多糖等糖类激发子在小麦白粉病防治上的探索。此外，基于纳米材料开发的小麦白粉病防护剂可以形成紧密的纳米薄膜在小麦叶片表面，防止病原菌进一步侵染，为小麦白粉病防治提供了新的技术选择。

**参考文献：**


[1]杨美娟，黄坤艳，韩庆典. 小麦白粉病及其抗性研究进展[J]. 分子植物育种，2016，14(5)：1244.
Yang M J，Huang K Y，Han Q D. Research progresses on wheat powdery mildew and its resistance [J]. *Molecular Plant Breeding*，2016，14(5)：1244.

[2]Xie D S，Cai X W，Yang C P，*et al*. Studies on the control effect of *Bacillus subtilis* on wheat powdery mildew [J]. *Pest Management Science*，2021，77(10)：4375.

[3]Zhu K Y，Li M M，Wu H B，*et al*. Fine mapping of powdery mildew resistance gene *MlWE74* derived from wild emmer wheat(*Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides*) in an *NBS-LRR* gene cluster [J]. *Theoretical and Applied Genetics*，2022，135(4)：1235.

[4]Wang B，Meng T，Xiao B，*et al*. Fighting wheat powdery mildew：From genes to fields [J]. *Theoretical and Applied Genetics*，2023，136(9)：196.

[5]Zou S H，Xu Y，Li Q Q，*et al*. Wheat powdery mildew resistance：From gene identification to immunity deployment [J]. *Frontiers in Plant Science*，2023，14：1269498.

[6]靳玉丽，谷田田，柳 洪，等. 小麦抗白粉病基因*Pm2*的研究进展[J]. 中国生态农业学报(中英文)，2022，30(5)：779.
Jin Y L，Gu T T，Liu H，*et al*. Research progress on the wheat powdery mildew resistance gene *Pm2* [J]. *Chinese Journal of Eco-Agriculture*，2022，30(5)：779.

[7]李宾妮，王鹏飞，董秀丽，等. 基于 CiteSpace 的禾谷孢囊线虫研究态势分析[J]. 中国农学通报，2024，40(19)：154.
Li B N，Wang P F，Dong X L，*et al*. Analysis of research situation of cereal cyst nematode based on CiteSpace [J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*，2024，40(19)：154.

[8]关卫东，金牧兰，李 芮，等. 基于 CiteSpace 的小麦赤霉病研究热点与趋势分析[J]. 麦类作物学报，2025，45(4)：510.
Guan W D，Jin M L，Li R，*et al*. Analysis of research hotspots and trends in *Fusarium head* blight based on CiteSpace [J]. *Journal of Triticeae Crops*，2025，45(4)：510.

[9]Shen X K，Ma L X，Zhong S F，*et al*. Identification and genetic mapping of the putative *Thinopyrum intermedium*-derived dominant powdery mildew resistance gene *PmL962* on wheat chromosome arm 2BS [J]. *Theoretical and Applied Genetics*，2015，128(3)：517.

[10]Geng M M，Zhang J，Peng F X，*et al*. Identification and mapping of *MLIW30* a novel powdery mildew resistance gene derived from wild emmer wheat [J]. *Molecular Breeding*，2016，36(9)：130.

[11]Zhang D，Ouyang S H，Wang L L，*et al*. Comparative genetic mapping revealed powdery mildew resistance gene *MlWE4* derived from wild emmer is located in same genomic region of *Pm36* and *Ml3D232* on chromosome 5BL [J]. *Journal of Integrative Agriculture*，2015，14(4)：603.

[12]Li Y H，Wei Z Z，Sela H，*et al*. Dissection of a rapidly evolving wheat resistance gene cluster by long-read genome sequencing accelerated the cloning of *Pm69* [J]. *Plant Communications*，2024，5(1)：100646.

[13]Li H H，Men W Q，Ma C，*et al*. Wheat powdery mildew resistance gene *Pm13* encodes a mixed lineage kinase domain-like protein [J]. *Nature Communications*，2024，15：2449.

[14]Xie J Z，Guo G H，Wang Y，*et al*. A rare single nucleotide variant in *Pm5e* confers powdery mildew resistance in common wheat [J]. *New Phytologist*，2020，228(3)：1011.

[15]李 玮，宋国琦，张荣志，等. 小麦几个多效抗病基因的利用现状及展望[J]. 麦类作物学报，2018，38(7)：791.
Li W，Song G Q，Zhang R Z，*et al*. Present situations and prospects for several pleiotropic disease resistance genes in wheat [J]. *Journal of Triticeae Crops*，2018，38(7)：791.

[16]Zhang H Z，Li M M，Wang G J，*et al*. Paired NLRs originated from *Triticum dicoccoides* coordinately confer resistance to powdery mildew in wheat [J]. *Nature Communications*，2025，16：9040.

[17]Zhu K Y，Li M M，Dong L L，*et al*. An atypical NLR pair *TdCNL1/TdCNL5* from wild emmer confers powdery mildew resistance in wheat [J]. *Nature Genetics*，2025，57(6)：1553.

[18]Mcintosh R A，Zhang P，Cowger C，*et al*. Rye-derived powdery mildew resistance gene *Pm8* in wheat is suppressed by the *Pm3* locus [J]. *Theoretical and Applied Genetics*，2011，123(3)：359.

[19]Li S N，Lin D X，Zhang Y W，*et al*. Genome-edited powdery mildew resistance in wheat without growth penalties [J]. *Nature*，2022，602(7897)：455.