

分子标记辅助选育抗赤霉病小麦新品系

刘方方, 张琪琪, 万映秀, 曹文昕, 李耀, 李炎, 张平治

(安徽省农业科学院作物研究所/农作物品质改良安徽省重点实验室, 合肥 230031)

摘要: 赤霉病严重影响小麦的产量和品质, 利用抗病基因改良品种的赤霉病抗性是防治赤霉病危害的有效途径。为创制适用于黄淮麦区抗赤霉病小麦新品系, 提高半冬性品种抗赤霉病育种效率。本研究以携带赤霉病抗性主效基因 *Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb4* 和 *Fhb5* 的高秆抗赤霉病品系 L06486 为供体, 与黄淮麦区丰产、广适但高感品种济麦 24 进行杂交, 得到的杂种再与矮秆种质 206A 杂交, 于 F_3 至 F_6 连续进行大规模育种田间弥雾接种鉴定。通过田间选择, 在 F_7 获得 106 个新品系。采用单花滴注法对 106 份品系进行抗性评价, 同时利用 7 个与抗赤霉病主效基因 *Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb4* 和 *Fhb5* 紧密连锁的分子标记进行基因型分析。结果表明, 与亲本济麦 24 相比, F_7 品系的赤霉病抗性明显提高。106 份新品系中, 有 98 份赤霉病抗性水平达中感以上; 有 105 份携带 1~4 个抗病基因。*Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb4* 和 *Fhb5* 的检出频率分别为 96.23%、41.51%、18.87% 和 87.74%。携有单个或多个抗性基因的小麦品系较不携带抗性基因的品系表现出更强的赤霉病抗性, 聚合抗病基因越多, 品系的赤霉病抗性越强。创制的 14 份携有 *Fhb1* 基因组合、中抗赤霉病且农艺性状优良的小麦新品系将为黄淮麦区小麦赤霉病抗性的改良提供帮助。

关键词: 小麦; 赤霉病; 分子检测; 遗传改良

Molecular Marker-assisted Selection of Wheat Lines with Resistance to Fusarium Head Blight

LIU Fangfang, ZHANG Qiqi, WAN Yingxiu, CAO Wenxin, LI Yao, LI Yan, ZHANG Pingzhi

(Crop Research Institute, Anhui Academy of Agricultural Sciences/ Anhui Provincial

Key Laboratory of Crop Quality Improvement, Hefei 230031)

Abstract: Fusarium head blight (FHB) is a devastating disease of wheat, which seriously reduces grain yield and quality. It is an effective way to prevent the damage of FHB by introducing resistant genes into wheat varieties. In this study, the wheat line L06486 that carries the FHB resistance genes *Fhb1*, *Fhb2*, *Fhb4* and *Fhb5*, was used as the donor and crossed with the variety Jimai 24, which was high-yield and widely adaptive across the Huanghuai area of wheat planting, but highly susceptible to FHB. Then the acquired plants were crossed with the dwarf wheat line 206A. A large spray facility was used to carry out the fog-way inoculation of spore-fluid through scab on the ears of wheat, across F_3 to F_6 multiple generations and populations. The resistance of the selected F_7 stable lines was validated by floret-inoculation and their resistant genes composition was identified with specific markers for *Fhb1*, *Fhb2*, *Fhb4* and *Fhb5*. It showed that 106 F_7 lines had improved resistance to FHB in comparing with the recipient parent Jimai 24. Out of these 106 lines, 98 lines showed a range of moderate susceptible to high resistance, and 105 lines carried 1 to 4 FHB resistance genes each. The frequencies of *Fhb1*, *Fhb2*, *Fhb4* and *Fhb5* presence were 96.23%, 41.51%, 18.87% and 87.74%, respectively. Lines with single or multiple *Fhb* genes showed higher resistance to FHB than those with none of *Fhb* gene; the

收稿日期: 2023-05-23 修回日期: 2023-06-02 网络出版日期: 2023-06-19

URL: <https://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20230523001>

第一作者研究方向为小麦分子育种, E-mail: liuff0510@163.com

通信作者: 万映秀, 研究方向为小麦遗传育种, E-mail: wanyingxiu@163.com

张平治, 研究方向为小麦遗传育种, E-mail: pzzha@163.com

基金项目: 安徽省科技重大专项(202003a06020010); 国家现代农业产业技术体系(CARS-03-76)

Foundation projects: Technology Major Special Project of Anhui Province (202003a06020010); China Agriculture Research System (CARS-03-76)

more *Fhb* genes it carried, the higher resistance to FHB. Altogether, these selected lines will be valuable in improving the FHB resistance in Huanghuai wheat planting region in the future.

Key words: wheat; fusarium head blight; molecular detection; genetic improvement

小麦赤霉病是影响小麦产量和品质最严重的世界性病害之一,造成的产量损失在全球病害中高居第二位^[1-2]。在我国,长江中下游麦区和东北春麦区是赤霉病的主要流行区域^[3]。随着全球气候变暖、玉米-小麦轮作、秸秆还田和免耕技术的推广,小麦赤霉病从长江流域迅猛蔓延到豫、鲁、冀等黄淮主产区,并呈逐年重发态势,不仅造成严重减产而且还会产生多种毒素,严重威胁食品安全^[4-5]。利用抗病基因改良品种的赤霉病抗性是防治赤霉病危害的有效途径^[6]。

小麦赤霉病抗性是多基因控制的数量性状^[7-8],因此发病易受环境影响,表型鉴定困难,利用常规育种手段改良的难度大。分子标记辅助选择为赤霉病抗性改良提供了新的途径^[9],而抗赤霉病基因的定位及发掘为分子育种奠定了基础。目前已定位赤霉病抗性相关的QTL数百个,涉及21条染色体^[10],正式命名的抗赤霉病基因有7个,*Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb3*、*Fhb6*和*Fhb7*是赤霉病抗扩展类型,*Fhb4*和*Fhb5*是赤霉病抗侵染类型。*Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb4*和*Fhb5*来源于普通小麦,*Fhb3*、*Fhb6*和*Fhb7*来源于外缘种质^[11-15]。*Fhb1*是国内外公认的效应最强且最稳定的抗赤霉病基因,贡献率达20%~30%^[16]。Bernardo等^[17]研究发现*Fhb1*不仅能显著提高小麦的赤霉病抗性,也能显著降低毒素含量。美国^[17]、加拿大^[18]、澳大利亚^[19]等许多发达国家都通过分子标记辅助选择技术,成功将*Fhb1*转移到当地品种中,育成了一批赤霉病抗性达中感以上的小麦品种。Salameh等^[20]通过分子标记辅助选择,将*Fhb1*和*Fhb5*导入不同小麦中,结果表明,聚合*Fhb1*和*Fhb5*比单独含有*Fhb1*基因的品种赤霉病抗性更强。

黄淮麦区是我国小麦的主产区,其产量和品质直接关系到我国的粮食安全和食品安全。然而该麦区特别缺乏抗赤霉病的小麦新种质和新品种。国内外科研人员经过多年不懈努力,相继选育出一批赤霉病抗性较好且稳定的品种(系),如苏麦3号、望水白、Frontana等,但这些抗病品种往往伴有植株偏高、穗密度稀、产量低等不良农艺性状,难以在生产中得到应用。使用农艺性状改良后的抗赤霉病种质与黄淮麦区丰产品种杂交,有望能提高小麦赤

霉病抗性育种效率。本研究利用携带抗赤霉病主效基因*Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb4*和*Fhb5*的抗赤霉病改良新品系L06486与黄淮麦区丰产、广适品种济麦24进行杂交,得到的杂种再与矮秆种质206A杂交(济麦24/L06486//206A),并从F₃开始到F₆利用机械喷雾设施开展田间赤霉菌接种鉴定,在F₇对获得的表型优良的稳定新品系采用单花滴注法进行抗病性精准评价,同时利用与*Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb4*和*Fhb5*紧密连锁的7个分子标记进行检测,以期选育出适合黄淮麦区种植的赤霉病抗性强且农艺性状优良的小麦新品种(系)。

1 材料与方法

1.1 供试材料

携带4个抗赤霉病主效基因*Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb4*和*Fhb5*的高抗赤霉病品种望水白、品系L06486(由南京农业大学马正强老师提供),高感赤霉病的半冬性丰产、广适的小麦品种济麦24,矮秆小麦种质206A(由安徽省农科院作物所汪建来老师提供),106份高代品系(济麦24/L06486//206A),苏麦3号、郑麦9023、淮麦20、安农8455及黄淮麦区大面积种植品种济麦22。

1.2 抗病品系的构建与选育

2014-2020年,利用济麦24与L06486杂交,得到的杂种再与矮秆种质206A杂交,以后每代连续自交。从F₃开始到F₆,在小麦扬花期利用大型机械喷雾设施向小麦穗部均匀喷洒赤霉病分生孢子液(1×10⁴/mL),对育种材料进行大规模赤霉病弥雾接种鉴定,通过田间选择,筛选出综合性状优良的稳定新品系。在F₇采用单花滴注法进行赤霉病抗性鉴定及抗病基因的分子标记检测。

1.3 单花滴注法鉴定赤霉病抗性

2021年10月,将106份高代品系及亲本济麦24、L06486和206A、对照品种苏麦3号(抗病)、郑麦9023(中抗)、淮麦20(中感)、安农8455(高感)及黄淮麦区大面积种植品种济麦22种植于濉溪柳湖试验基地,机器条播,每个品种种植6行,行长2.0 m,行距25 cm,株距3 cm。

赤霉病接种:采用单花滴注接种法,于小麦扬花期,在穗中部小穗的第1朵小花内,用微量移液器

注射 10 μL 分生孢子悬浮液 ($1 \times 10^6/\text{mL}$) 接种赤霉病菌, 每个株系接种 20 个穗子, 2 次重复。接种后用透明塑料袋将整个麦穗套住保湿, 并标明接种日期, 保湿 72 h 后去掉塑料袋, 定期喷雾保湿。

病情记载: 接种 21 d 后, 调查病小穗数及严重程度。小麦赤霉病严重程度分级按《小麦抗赤霉病评价技术规范》(NY/T1443.4-2007) 进行。以对照品种为标准, 根据 2 次的平均严重程度对供试品系进行抗性评价。具体分类标准为: 抗病 (R): 平均严重程度 \leq 苏麦 3 号; 中抗 (MR): 苏麦 3 号 $<$ 平均严重程度 \leq 郑麦 9023; 中感 (MS): 郑麦 9023 $<$ 平均严重程度 \leq 淮麦 20; 感病 (S): 淮麦 20 $<$ 平均严重程度 \leq 安农 8455, 共 4 个等级。

以不含抗性基因的高感品种安农 8455 为对照, 根据品系的平均严重程度计算不同基因及基因组合的抗性基因效应, 公式如下:

抗性基因效应 = (携带抗性基因品系的平均严重程度 - 不含抗性基因的高感对照安农 8455 的平均严重程度) / 不含抗性基因的高感对照安农 8455 的平均严重程度

1.4 分子标记检测

于返青期取小麦嫩叶, 采用 CTAB 法^[21] 提取基因组 DNA。采用与 *Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb4* 和 *Fhb5* 紧密连锁的 7 个标记 (表 1) 对供试材料进行检测, 其中 *Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb4* 和 *Fhb5* 基因均以望水白为阳性对照。PCR 反应体系为 20 μL , 包含 ddH₂O 12.8 μL , 10 \times PCR buffer (+Mg²⁺) 2.0 μL , dNTPs (2.5 mmol/L) 2.0 μL , 上下游引物各 (10 mmol/L) 0.5 μL , DNA 模板 (50 ng/ μL) 2.0 μL , 以及 *Taq* DNA 酶 (5 U/ μL) 0.2 μL 。PCR 扩增程序: 94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 3 min; 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s, 50~60 $^{\circ}\text{C}$ 退火 30 s (退火温度因引物而异), 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 60 s, 共 36 个循环; 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 10 min, 4 $^{\circ}\text{C}$ 保存。

表 1 赤霉病抗性基因相应分子标记信息

Table 1 Information of the molecular markers for FHB resistance genes

基因 Gene	标记名称 Marker name	正向引物序列 (5'-3') Forward primer sequence (5'-3')	反向引物序列 (5'-3') Reverse primer sequence (5'-3')	退火温度 ($^{\circ}\text{C}$) T _m
<i>Fhb1</i>	His-indel	ATGCGTGCCTGACTT	CGTCACAGAGTCCAGTGAAA	62
<i>Fhb2</i>	Wmc398	GGAGATTGACCGAGTGGAT	CGTGAGAGCGGTTCTTTG	60
	Wgrb969	ATGCCTGCTTGCTCACTG	TCCTATGCGTTCCGGTTGG	61
<i>Fhb4</i>	Gwm513	ATCCGTAGCACCTACTGGTCA	GGTCTGTTCATGCCACATTG	60
	Gwm149	CATTGTTTTCTGCCTCTAGCC	CTAGCATCGAACCTGAACAAG	55
<i>Fhb5</i>	Wgrb0629	CACGTATATGTGATGGTACTAC	TATGTGGATGCTAACAGC	55
	Mag9482	CATGATTGATTCGATGACTATAATATCTT	TCTTCTCCCGTTGCAATGT	52

1.5 农艺性状调查

于 2022 年小麦成熟时, 对赤霉病抗性鉴定结果为中抗水平的品系进行农艺性状调查。每材料随机选取 5 个点, 调查其主茎株高、穗长、穗粒数和小穗数, 并计算其平均值。材料成熟后, 以小区为单位收获、脱粒、干燥后, 进行产量和千粒重测量。

2 结果与分析

2.1 新品系选育

2014 年利用济麦 24 与 L06486 进行杂交, 获得的杂种优势明显但株高偏高, 于 2015 年将杂种再与矮秆种质 206A 杂交后每代自交, 于 F₃~F₆ 连续 4 代进行大规模赤霉病弥雾接种鉴定 (图 1a), 不同材料发病均匀充分 (图 1b)。各世代在田间农艺性状筛选、室内考种的基础上 (农艺性状主要为株高、穗

长、穗粒数和小穗数) 综合田间赤霉病抗性表现, 最终确定中选品系, 在 F₇ 筛选出综合性状优良的稳定新品系 106 份。

2.2 供试材料赤霉病抗性鉴定

106 份济麦 24/L06486//206A 组合高代品系的赤霉病病小穗数较感病亲本济麦 24 有大幅度减少 (图 2)。赤霉病抗性鉴定结果 (表 2) 表明, 106 份供试材料, 严重程度范围为 1.30~3.80, 其中中抗品系有 50 份, 严重程度为 1.30~2.20, 占供试品系总数的 47.17%; 中感品系 48 份, 严重程度为 2.30~3.20, 占供试品系总数的 45.28%; 感病品系 8 份, 严重程度为 3.30~3.80, 占供试品系总数的 7.55%。没有鉴定到抗病等级的品系。从整体上看, 中抗及中感病材料占 92.45%, 说明济麦 24/L06486//206A 组合后代的赤霉病抗性得到一定程度改善。



a: 选育流程; b: 鉴定圃发病症状

a: Breeding process; b: Fusarium symptom in the field

图1 106份小麦品系的选育过程

Fig.1 Breeding process of 106 wheat lines



图2 亲本及F₇的赤霉病抗性表现

Fig.2 FHB resistance of parents and F₇ progeny

表2 106个小麦品系的赤霉病抗性鉴定及分子检测结果

Table2 Results of FHB resistance identification and genes detection in 106 wheat lines

品种(系) Cultivar (Line)	严重度 Average severity	抗性评价 Resistance evaluation	可能含有基因 Postulated gene				品种(系) Cultivar (Line)	严重度 Average severity	抗性评价 Resistance evaluation	可能含有基因 Postulated gene			
			<i>Fhb1</i>	<i>Fhb2</i>	<i>Fhb4</i>	<i>Fhb5</i>				<i>Fhb1</i>	<i>Fhb2</i>	<i>Fhb4</i>	<i>Fhb5</i>
L06486	1.00	R	+	+	+	+	21-7148	2.10	MR	+	+	-	+
济麦24 Jimai 24	3.60	S	-	-	-	-	21-7149	2.10	MR	+	+	-	+
苏麦3号 Sumai 3	1.00	R	+	+	-	+	21-7150	2.10	MR	+	+	-	+
21-7115	1.30	MR	+	+	-	+	21-7151	2.10	MR	+	+	-	+
21-7116	1.30	MR	+	+	-	+	21-7152	2.10	MR	+	-	+	+
21-7117	1.30	MR	+	+	-	-	21-7153	2.10	MR	+	-	-	+
21-7118	1.30	MR	+	-	+	+	21-7154	2.10	MR	+	-	-	+
21-7119	1.30	MR	+	-	-	+	21-7155	2.10	MR	+	-	-	+
21-7120	1.40	MR	+	+	+	+	21-7156	2.20	MR	+	+	-	+
21-7121	1.40	MR	+	+	-	+	21-7157	2.20	MR	+	+	-	+
21-7122	1.40	MR	+	+	-	+	21-7158	2.20	MR	+	+	-	+
21-7123	1.40	MR	+	+	-	-	21-7159	2.20	MR	+	+	-	+
21-7124	1.40	MR	+	-	+	+	21-7160	2.20	MR	+	+	-	+
21-7125	1.50	MR	+	+	+	+	21-7161	2.20	MR	+	-	-	+
21-7126	1.50	MR	+	+	-	-	21-7162	2.20	MR	+	-	-	+
21-7127	1.50	MR	+	-	+	+	21-7163	2.20	MR	+	-	-	+
21-7128	1.50	MR	+	-	-	+	21-7164	2.20	MR	+	-	-	+
21-7129	1.60	MR	+	+	-	+	郑麦9023 Zhengmai 9023	2.20	MR	-	-	-	-
21-7130	1.70	MR	+	-	+	+	21-7165	2.30	MS	+	+	-	+
21-7131	1.90	MR	+	+	-	+	21-7166	2.30	MS	+	-	+	+
21-7132	1.90	MR	+	-	-	+	21-7167	2.30	MS	+	-	+	+
21-7133	2.00	MR	+	+	+	+	21-7168	2.30	MS	+	-	+	+
21-7134	2.00	MR	+	+	-	+	21-7169	2.30	MS	+	-	-	+
21-7135	2.00	MR	+	+	-	+	21-7170	2.30	MS	+	-	-	+
21-7136	2.00	MR	+	+	-	+	21-7171	2.30	MS	+	-	-	+
21-7137	2.00	MR	+	+	-	-	21-7172	2.30	MS	-	+	-	+
21-7138	2.00	MR	+	-	+	+	21-7173	2.40	MS	+	-	+	+
21-7139	2.00	MR	+	-	+	+	21-7174	2.40	MS	+	-	+	+
21-7140	2.00	MR	+	-	-	+	21-7175	2.40	MS	+	-	+	+
21-7141	2.00	MR	+	-	-	+	21-7176	2.40	MS	+	-	-	+
21-7142	2.00	MR	+	-	-	+	21-7177	2.50	MS	+	+	-	+
21-7143	2.00	MR	+	-	-	+	21-7178	2.50	MS	+	+	-	-
21-7144	2.00	MR	+	-	-	+	21-7179	2.50	MS	+	-	-	+
21-7145	2.00	MR	+	-	-	+	21-7180	2.50	MS	-	+	-	+
21-7146	2.00	MR	+	-	-	+	21-7181	2.60	MS	+	+	-	+
21-7147	2.00	MR	+	-	-	+	21-7182	2.60	MS	+	+	-	+

表2(续)

品种(系) Cultivar (Line)	严重度 Average severity	抗性评价 Resistance evaluation	可能含有基因 Postulated gene				品种(系) Cultivar (Line)	严重度 Average severity	抗性评价 Resistance evaluation	可能含有基因 Postulated gene			
			<i>Fhb1</i>	<i>Fhb2</i>	<i>Fhb4</i>	<i>Fhb5</i>				<i>Fhb1</i>	<i>Fhb2</i>	<i>Fhb4</i>	<i>Fhb5</i>
21-7183	2.60	MS	+	-	+	+	21-7203	3.10	MS	+	+	-	+
21-7184	2.60	MS	+	-	+	+	21-7204	3.10	MS	+	-	+	+
21-7185	2.60	MS	+	-	-	+	21-7205	3.10	MS	+	-	-	+
21-7186	2.60	MS	+	-	-	+	21-7206	3.10	MS	+	-	-	-
21-7187	2.70	MS	+	+	-	+	21-7207	3.10	MS	+	-	-	-
21-7188	2.70	MS	+	+	-	+	21-7208	3.20	MS	+	+	-	-
21-7189	2.70	MS	+	+	-	+	21-7209	3.20	MS	+	-	-	+
21-7190	2.70	MS	+	-	-	+	21-7210	3.20	MS	+	-	-	+
21-7191	2.70	MS	+	-	-	+	21-7211	3.20	MS	+	-	-	+
21-7192	2.70	MS	+	-	-	+	21-7212	3.20	MS	+	-	-	-
21-7193	2.70	MS	+	-	-	+	淮麦20	3.20	MS	-	-	-	-
21-7194	2.80	MS	+	+	-	+	Huaimai 20						
21-7195	2.80	MS	+	-	+	+	21-7213	3.30	S	+	+	-	+
21-7196	2.80	MS	+	-	-	+	21-7214	3.30	S	+	+	-	-
21-7197	2.90	MS	+	-	-	+	21-7215	3.30	S	+	-	-	+
21-7198	2.90	MS	+	-	-	-	21-7216	3.30	S	+	-	-	+
21-7199	3.00	MS	+	+	-	+	21-7217	3.50	S	-	-	-	-
21-7200	3.00	MS	+	-	-	+	21-7218	3.40	S	+	+	-	-
21-7201	3.00	MS	+	-	-	+	21-7219	3.30	S	-	-	-	+
21-7202	3.00	MS	+	+	-	+	21-7220	3.80	S	+	+	-	+
							安农8455	4.00	S	-	-	-	-
							Annong 8455						

+ 表示检测到所测基因; - 表示未检测到所测基因。R:抗病;MR:中抗;MS:中感;S:感病;下同

+ indicates that gene was detected; - indicates that no gene was detected. R: Resistant; MR: Moderately resistant; MS: Moderately susceptible; S: Susceptible; The same as below

2.3 供试材料基因型分析

利用与抗赤霉病基因位点 *Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb4* 和 *Fhb5* 紧密连锁的分子标记对 106 份供试品系进行基因型分析,结果表明,在 106 份供试品系中,有 105 份品系携带有抗病基因(表 3),仅有 1 份品系未携带检测的抗病基因。*Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb4*、*Fhb5* 检测频率分别为 96.23%、41.51%、18.87%、87.74%,表明这些品系多拥有位于 3B 上的抗扩展主效基因 *Fhb1* 和位于 5A 染色体上的抗侵染主效基因 *Fhb5*。有 100 份(94.34%)品系同时携带 2~4 个赤霉病抗性基因位点,其中携带 2 个、3 个和 4 个抗病基因位点的品系分别为 49 份、48 份和 3 份。如表 3 所示,在携带 2 个抗病基因位点的品系中,*Fhb1*+*Fhb5* 组合较为常

见,出现频率为 36.79%。在携带 3 个抗病基因位点的品系中,*Fhb1*+*Fhb2*+*Fhb5* 组合较为常见,出现频率为 29.25%。

2.4 抗赤霉病基因效应分析

根据分子标记检测和单花滴注鉴定结果,对携带不同抗性基因及其组合的小麦品系赤霉病鉴定级别进行统计分析,结果如表 3 所示。平均严重度值越大赤霉病抗性越弱,以不含抗性基因的高感品种安农 8455 为对照,由抗性基因效应的计算公式可知,抗性基因效应值可能为 0 或负值,且绝对值越大基因效应越强。*Fhb1* 的抗性基因效应为 -23.00%,*Fhb5* 的抗性基因效应为 -17.50%,表明 *Fhb1* 的抗性效应高于 *Fhb5*。在携带 2 个抗性基因的组合中,抗

性基因效应为 $Fhb1+Fhb2 > Fhb1+Fhb5 > Fhb2+Fhb5$, 表明抗性效应 $Fhb1 > Fhb2 > Fhb5$ 。在携带3个抗性基因的组合中, 抗性基因效应为 $Fhb1+Fhb2+Fhb5 > Fhb1+Fhb4+Fhb5$, 说明抗性效应 $Fhb2 > Fhb4$ 。综上所述, 抗性效应 $Fhb1$ 最强, 其次为 $Fhb2, Fhb4$ 和 $Fhb5$ 效应相对较小。

与不携带抗性基因的品系相比, 携有单个或多个抗性基因的小麦品系的平均严重度均较低。携带抗病基因越多, 严重度均值越低, 同时抗性品系出现的频率越高, 说明聚合多个抗赤霉病基因可以有效提高品种的抗赤霉病水平。

2.5 抗赤霉病新种质的农艺性状分析

对106份供试材料中50份中抗赤霉病品系开展田间农艺性状调查及室内考种, 以黄淮麦区大面积种植品种济麦22为对照品种, 结果表明(表4): 在

千粒重方面, 40份小麦品系显著高于济麦22, 10份与济麦22相近; 在株高方面, 29份显著低于济麦22; 在穗长方面, 有5份与济麦22较为接近, 其余45份均显著小于济麦22; 在小穗数方面, 有6份与济麦22无显著差异, 其余44份均显著小于济麦22; 在穗粒数方面, 有2份显著高于济麦22, 6份与济麦22较为接近; 在小穗密度方面, 有11份显著高于济麦22; 在产量表现上, 8份显著高于济麦22, 16份与济麦22相比亩产增加0.27%~16.62%。综上, 21-7116、21-7120、21-7121、21-7122、21-7125、21-7126、21-7129、21-7132、21-7138、21-7151、21-7160、21-7161、21-7162和21-7163合计14份新种质对赤霉病表现为中抗且农艺性状优良。由表2可知这14份新种质均携有 $Fhb1$ 组合, 可以作为黄淮麦区小麦抗赤霉病遗传改良的种质材料。

表3 不同抗性品系的抗病基因位点组合情况

Table3 Combination of different resistance gene loci in resistant and susceptible lines

Gene 位点 Gene locus	品系数 No. of varieties				平均严重度 Average severity		抗性基因效应(%) Effect of resistance genes
	中抗 MR	中感 MS	感 S	总计 Total	均值 Mean	范围 Range	
安农8455 Anmong 8455					4.00a	—	
None	0	0	1	1	3.50a	—	-12.50
<i>Fhb5</i>	0	0	1	1	3.30b	—	-17.50
<i>Fhb1</i>	0	4	0	4	3.08b	2.9~3.2	-23.00
<i>Fhb1+Fhb2</i>	4	2	2	8	2.33c	1.3~3.4	-41.75
<i>Fhb1+Fhb5</i>	18	19	2	39	2.36c	1.3~3.3	-41.00
<i>Fhb2+Fhb5</i>	0	2	0	2	2.40c	2.3~2.5	-40.00
<i>Fhb1+Fhb2+Fhb5</i>	18	11	2	31	2.20c	1.3~3.8	-45.00
<i>Fhb1+Fhb4+Fhb5</i>	7	10	0	17	2.31c	1.3~3.1	-42.25
<i>Fhb1+Fhb2+Fhb4+Fhb5</i>	3	0	0	3	1.63d	1.4~2.0	-59.25

None 表示不含抗性基因位点; 不同小写字母分别代表在 $P < 0.05$ 水平上差异显著, 下同

None indicates no gene locus was detected; Different lowercase letters indicate significant differences at $P < 0.05$ level, the same as below

表4 中抗赤霉病小麦品系的农艺性状

Table 4 Agronomic traits of wheat lines with moderate resistance to FHB

品种(系) Cultivar (Line)	千粒重(g) 1000-grain weight	株高(cm) Plant height	穗长(cm) Spike length	小穗数 Spikelets per spike	穗粒数 Kernel per spike	小穗密度 Spikelet density	产量(kg/hm ²) Yield
济麦22 Jimai 22	44.00c	80.33b	9.33a	21.33a	47.67b	2.29b	9379.50b
21-7115	45.20b	83.00b	8.33b	19.00b	38.00c	2.29b	9671.55b
21-7116	48.44a	81.67b	8.67b	19.33b	29.33d	2.23b	8738.65c
21-7117	45.16b	76.67c	8.33b	18.33c	45.67c	2.21b	9592.50b
21-7118	47.20b	81.33b	7.67c	18.67b	34.00c	2.44b	8537.55c

表 4 (续)

品种(系) Cultivar (Line)	千粒重 (g) 1000-grain weight	株高(cm) Plant height	穗长(cm) Spike length	小穗数 Spikelets per spike	穗粒数 Kernel per spike	小穗密度 Spikelet density	产量(kg/hm ²) Yield
21-7119	43.36c	81.00b	7.50c	18.33c	38.00c	2.45b	8437.55c
21-7120	45.56b	82.33b	8.33b	19.67b	49.67b	2.36b	8437.55c
21-7121	46.64b	83.00b	7.83c	19.00b	44.67c	2.42b	9704.85b
21-7122	47.24b	78.33c	8.33b	20.00b	47.33b	2.40b	10772.05a
21-7123	44.32c	77.33c	8.33b	19.00b	44.00c	2.29b	10005.00b
21-7124	48.84a	77.67c	9.17a	19.67b	39.67c	2.15b	9404.70b
21-7125	48.72a	80.00b	8.00c	20.00b	41.00c	2.50a	9671.50b
21-7126	45.36b	81.67b	8.33b	19.33b	38.00c	2.32b	10171.75a
21-7127	45.16b	77.33c	9.17a	21.00a	40.67c	2.29b	9271.30b
21-7128	45.68b	75.67c	8.33b	19.00b	36.00c	2.29b	8137.40d
21-7129	45.36b	79.00c	9.33a	20.33b	44.33c	2.18b	9638.15b
21-7130	46.92b	79.33c	9.33a	19.67b	35.00c	2.13b	10772.05a
21-7131	47.04b	77.00c	8.00c	19.00b	35.00c	2.38b	8237.45d
21-7132	48.96a	77.33c	9.00b	17.67c	40.67c	1.97c	8270.80c
21-7133	49.80a	74.33c	8.83b	21.00a	62.00a	2.38b	9237.95b
21-7134	47.80a	76.33c	7.17c	19.00b	43.33c	2.65a	9137.90c
21-7135	46.40b	86.33c	8.33b	18.33c	41.67c	2.21b	9792.00b
21-7136	44.32c	83.67c	8.50b	20.33b	45.67c	2.40b	8337.50c
21-7137	47.76a	79.67c	7.17c	18.00c	34.33c	2.51a	8170.75d
21-7138	47.80a	77.33c	8.83b	19.33b	39.00c	2.20b	9137.90c
21-7139	48.12a	77.67c	9.17a	21.00a	51.00b	2.29b	9604.80b
21-7140	48.16a	81.00b	7.83c	17.67c	38.00c	2.26b	9304.65b
21-7141	47.76a	80.67b	8.33b	20.00b	38.00c	2.41b	8437.55c
21-7142	48.00a	81.67b	8.00c	20.67b	48.33b	2.60a	7503.75d
21-7143	44.24c	79.00c	7.50c	18.33c	40.00c	2.45b	7537.10d
21-7144	43.76c	79.00c	7.33c	17.67c	39.00c	2.42b	8771.05c
21-7145	41.40c	81.00b	8.07c	19.00b	41.67c	2.38b	8604.30c
21-7146	44.44c	81.67b	7.67c	18.00c	40.33c	2.35b	8204.10d
21-7147	44.96c	83.67b	8.67b	19.33b	43.00c	2.24b	8637.65c
21-7148	47.92a	78.67c	8.50b	21.67a	47.67b	2.55a	8671.00c
21-7149	45.96b	77.67c	7.33c	18.00c	39.67c	2.46b	8170.75d
21-7150	44.80c	78.33c	7.67c	17.33c	43.33c	2.27b	9459.00b
21-7151	48.80a	80.67b	9.00b	22.67a	65.67a	2.52a	8404.20c
21-7152	48.00a	77.00c	7.67c	18.67b	44.33c	2.44b	10371.85a
21-7153	47.92a	77.33c	8.17b	19.00b	38.00c	2.33b	8937.80c
21-7154	48.28a	78.00c	8.00c	19.33b	46.33c	2.42b	8904.45c
21-7155	45.20b	79.33c	7.00d	17.67c	37.33c	2.52a	9237.95b
21-7156	46.92b	76.33c	7.83c	19.33b	43.33c	2.48b	9603.00b

表4(续)

品种(系) Cultivar (Line)	千粒重(g) 1000-grain weight	株高(cm) Plant height	穗长(cm) Spike length	小穗数 Spikelets per spike	穗粒数 Kernel per spike	小穗密度 Spikelet density	产量(kg/hm ²) Yield
21-7157	46.64b	78.33c	7.67c	20.00b	39.33c	2.63a	8570.95c
21-7158	48.92a	85.00b	6.83d	17.67c	37.33c	2.59a	9738.20b
21-7159	48.96a	83.00b	8.00c	18.00c	41.67c	2.26b	9204.60b
21-7160	48.80a	79.33c	8.33b	20.00b	46.33c	2.41b	8404.20c
21-7161	46.80b	76.33c	7.33c	19.33b	40.00c	2.64a	10438.55a
21-7162	46.64b	82.00b	8.33b	17.00c	38.00c	2.05b	10938.80a
21-7163	45.56b	82.67b	8.83b	22.33a	48.67b	2.52a	10305.15a
21-7164	44.16c	77.00c	7.50c	18.67b	40.67c	2.49b	10171.75a

3 讨论

长江中下游麦区是我国小麦赤霉病的重发区,发病环境稳定,抗病种质资源丰富。该麦区选育的小麦品种赤霉病抗性较好且稳定。黄淮麦区历史上缺少发病环境,赤霉病的发生年度间变化很大,难以在田间条件下对育种材料进行准确的表型鉴定。对于育种分离群体,目前只能以表型鉴定为主进行淘汰和筛选。因此,为育种试验田创造充分发病条件对抗赤霉病育种极其重要。本研究利用大型机械喷雾设施向小麦穗部均匀喷洒赤霉病分生孢子液的方法,对育种田进行大规模赤霉病弥雾接种鉴定。不同材料发病充分,品系间病小穗率差异显著。该方法利于大田操作,为育种田创造了充分且稳定的发病环境。筛选出的106份F₇品系中,有105份材料携带1~4个抗性基因,中抗及中感材料占92.45%,其中14份中抗赤霉病材料的丰产性接近黄淮麦区大面积种植品种济麦22。该接种方法发挥了从低代即对农艺性状和抗病性同时进行筛选的优势,不仅提高了抗赤霉病育种的选择效率,还可以有效防止后代中抗赤霉病基因的丢失。

Fhb1、*Fhb2*、*Fhb4*和*Fhb5*是目前已报道的赤霉病抗性效应值较大且稳定的基因^[22-23]。胡文静等^[24]和张煜等^[25]通过对黄淮麦区小麦品种(系)开展赤霉病抗性鉴定和基因型分析,发现大多数黄淮麦区小麦品种(系)不携带上述主效抗病基因,且赤霉病抗性普遍表现较差。张彬等^[26]研究也表明目前黄淮麦区育成和推广的品种绝大多数没有达到中抗水平。本研究利用携带抗赤霉病主效基因*Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb4*和*Fhb5*的载体品系L06486与丰产性较

好的济麦24和矮秆种质206A进行杂交,采用田间大规模抗赤霉病表型鉴定和分子标记辅助选择将抗性基因导入骨干亲本中,在106个后代品系中,有50个品系的赤霉病抗性达到中抗水平且均携带抗赤霉病主效基因,其中有28个品系携带3个及以上抗赤霉病主效基因。在保持其丰产性的前提下,有效改良了品种的赤霉病抗性。*Fhb1*、*Fhb2*、*Fhb4*、*Fhb5*检测频率分别为96.23%、41.51%、18.87%、87.74%,有8种不同的基因组合(表3),携有*Fhb1*、*Fhb5*、*Fhb1*+*Fhb2*、*Fhb1*+*Fhb5*、*Fhb2*+*Fhb5*、*Fhb1*+*Fhb2*+*Fhb5*、*Fhb1*+*Fhb4*+*Fhb5*和*Fhb1*+*Fhb2*+*Fhb4*+*Fhb5*抗性基因的平均严重度较不携带抗性基因的平均严重度分别降低了0.42、0.20、1.17、1.14、1.10、1.30、1.19和1.87,表明携有单个或多个抗性基因的小麦品系较不携带抗性基因的品系表现出更强的赤霉病抗性,聚合抗病基因越多(主要为*Fhb1*及其抗性基因组合),品系的赤霉病抗性水平越强,聚合多个抗赤霉病基因可以有效提高品种的抗赤霉病水平,这与徐婷婷等^[27]和许峰等^[28]研究结果一致。

本研究也发现除携带*Fhb5*的1份品系表现为感病外,聚合*Fhb1*+*Fhb2*、*Fhb2*+*Fhb5*和*Fhb1*+*Fhb2*+*Fhb5*的品系也有少部分表现为感病,表明携带赤霉病抗性主效基因的品系也不一定具有抗性,类似的结果在前人的研究中也报道^[29-30]。分析可能有以下原因:检测*Fhb2*和*Fhb5*用的是紧密连锁标记,标记与抗性基因之间存在一定的遗传距离,可能筛选得到的仅是标记而非基因;另一方面供试材料遗传背景中可能存在感病基因或者抑制抗病基因表达的基因,由于基因间的互作,导致抗性水平下降。因此,在分子标记辅助育种进行选择时,

应选择遗传距离小的标记,同时应把分子标记检测与表型鉴定结合起来共同筛选抗性材料。

本研究筛选出50份聚合不同基因组合的中抗赤霉病材料,实现了抗赤霉病基因向黄淮麦区骨干亲本中转移和积累。其中21-7116、21-7120、21-7121、21-7122、21-7125、21-7126、21-7129、21-7132、21-7138、21-7151、21-7160、21-7161、21-7162和21-7163共14份品系均为携有*Fhb1*多基因组合且农艺性状优良的小麦新品系,这些品系将为黄淮麦区小麦赤霉病抗性的改良提供帮助。

4 结论

利用大型机械喷雾设施,对育种田进行大规模赤霉病弥雾接种鉴定,为育种试验田创造的充分发病条件。实现了田间抗赤霉病表型和农艺性状的同步筛选,结合分子标记辅助选择将不同位点抗性QTL聚合,有效提高了抗赤霉病育种效率及准确性。创制的14份聚合多个抗病基因、中抗赤霉病新品系,具有良好的农艺性状表现和产量潜力,将为黄淮麦区小麦赤霉病抗性的改良提供帮助。

参考文献

- [1] 马鸿翔,王永刚,高玉姣,何漪,姜朋,吴磊,张旭.小麦抗赤霉病育种回顾与展望.中国农业科学,2022,55(5):837-855
Ma H X, Wang Y G, Gao Y J, He Y, Jiang P, Wu L, Zhang X. Review and prospect on the breeding for the resistance to fusarium head blight in wheat. Scientia Agricultura Sinica, 2022, 55(5): 837-855
- [2] Figueroa M, Hammond-kosack K E, Solomon P S. A review of wheat disease-a field perspective. Molecular Plant Pathology, 2018, 19(6): 1523-1536
- [3] 程顺和,张勇,别同德,高德荣,张伯桥.中国小麦赤霉病的危害及抗性遗传改良.江苏农业学报,2012,28(5):938-942
Cheng S H, Zhang Y, Bie T D, Gao D R, Zhang B Q. Damage of wheat fusarium head blight (FHB) epidemics and genetic improvement of wheat for scab resistance in China. Jiangsu Journal Agricultural Science, 2012, 28(5): 938-942
- [4] 史建荣,仇剑波,董飞,徐剑宏,祭芳,刘馨,俞明正.小麦镰刀菌毒素及其发生风险研究进展.麦类作物学报,2016,36(2):129-135
Shi J R, Qiu J B, Dong F, Xu J H, Ji F, Liu X, Yu M Z. Risks of Fusarium toxins of wheat in China. Journal of Triticeae Crops, 2016, 36(2):129-135
- [5] Yin Y N, Liu X, Li B, Ma Z H. Characterization of sterol demethylation inhibitor-resistant isolates of *Fusarium asiaticum* and *F. graminearum* collected from wheat in China. Phytopathology, 2009, 99(5):487-497
- [6] Dweba C C, Figlan S, Shimelis H A, Motaung T E, Sydenham S, Mwadzingeni L, Tsilo T J. Fusarium head blight of wheat: Pathogenesis and control strategies. Crop Protection, 2017, 91: 114-122
- [7] Xue S L, Li G Q, Jia H Y, Xu F, Lin F, Tang M Z, Wang Y, An X, Xu H B, Zhang L X, Kong Z X, Ma Z Q. Fine mapping *Fhb4*, a major QTL conditioning resistance to Fusarium infection in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). Theoretical and Applied Genetics, 2010, 121(1):147-156
- [8] Ma Z, Xie Q, Li G, Jia H, Zhou J, Kong Z, Li N, Yuan Y. Germplasms, genetics and genomics for better control of disastrous wheat Fusarium head blight. Theoretical and Applied Genetics, 2020, 133: 1541-1568
- [9] 许峰,闫素辉,张从宇,时侠清,李文阳,张子学.基于MAS的小麦抗赤霉病育种材料抗性评价.植物遗传资源学报,2016,17(1):132-139
Xu F, Yan S H, Zhang C Y, Shi X Q, Li W Y, Zhang Z X. Comprehensive evaluation of breeding materials for resistance to wheat scab based on MAS. Journal of Plant Genetic Resources, 2016, 17(1): 132-139
- [10] Buerstmayr M, Steiner B, Buerstmayr H. Breeding for Fusarium head blight resistance in wheat-progress and challenges. Plant Breeding, 2020, 139(3): 429-454
- [11] 蒋正宁,吕国锋,王玲,陈甜甜,江伟,李东升,高德荣,张勇.扬麦品种(系)赤霉病抗扩展性基因分子检测及其抗性评价.麦类作物学报,2019,39(12):1406-1415
Jiang Z N, Lv G F, Wang L, Chen T T, Jiang W, Li D S, Gao D R, Zhang Y. Evaluation of Fusarium head blight resistance and molecular detection of typeII resistance genes in Yangmai wheat cultivars (lines). Journal of Triticeae Crops, 2019, 39(12): 1406-1415
- [12] Yi X, Cheng J Y, Jiang Z N, Hu W J, Bie T D, Gao D R, Li D S, Wu R L, Li Y L, Chen S L, Cheng X M, Liu J, Zhang Y, Cheng S H. Genetic analysis of fusarium head blight resistance in CIMMYT bread wheat line C615 using traditional and conditional QTL mapping. Front Plant, 2018, 9: 573-585
- [13] Guo J, Zhang X L, Hou Y L, Cai J J, Kong L R. High-density mapping of the major *fhb* resistance gene *fhb7* derived from *thinopyrum ponticum* and its pyramiding with *fhb1* by marker-assisted selection. Theoretical and Applied Genetics, 2015, 128(11): 2301-2316
- [14] Cainong J C, Bockus W W, Feng Y G, Chen P D, Qi L L, Sehgal S K, Danilova T V, Koo D H, Friebe B, Gill B S. Chromosome engineering, mapping, and transferring of resistance to Fusarium head blight disease from *Elymus tsukushiensis* into wheat. Theoretical and Applied Genetics, 2015, 128(6):1-9
- [15] Qi L L, Pumphrey M O, Friebe B, Pdcs G. Molecular cytogenetic characterization of alien introgressions with gene *Fhb3* for resistance to *Fusarium* head blight disease of wheat. Theoretical and Applied Genetics, 2008, 117(7): 1155-1166
- [16] 刘易科,佟汉文,朱展望,陈冷,邹娟,张宇庆,焦春海,高春保.小麦赤霉病抗性改良研究进展.麦类作物学报,2016,

- 36(1): 51-57
Liu Y K, Tong H W, Zhu Z W, Chen L, Zou J, Zhang Y Q, Jiao C H, Gao C B. Review on improvement of Fusarium head blight resistance in wheat. *Journal of Triticeae Crops*, 2016, 36(1): 51-57
- [17] Bernardo A, Bai G, Yu J, Kolb F, Bockus W, Dong Y. Registration of near-isogenic winter wheat germplasm contrasting in *Fhb1* for *Fusarium* head blight resistance. *Journal of Plant Regist*, 2014, 8(1): 106-108
- [18] Randhawa H S, Asif M, Pozniak C, Clarke J M, Graf R J, Fox S L, Humphreys D G, Knox R E, DePauw R M, Singh A K, Cuthbert R D, Hucl P, Spaner D. Application of molecular markers to wheat breeding in Canada. *Plant Breeding*, 2013, 132: 458-471
- [19] Xie G Q, Zhang M C, Chakraborty S, Liu C J. The effect of 3BS locus of Sumai 3 on *Fusarium* head blight resistance in Australian wheats. *Australian Journal of Experimental Agriculture*, 2007, 47: 603-607
- [20] Salameh A, Buerstmayr M, Steiner B, Neumayer A, Lemmens M, Buerstmayr H. Effects of introgression of two QTL for *Fusarium* head blight resistance from Asian spring wheat by marker-assisted backcrossing into European winter wheat on *Fusarium* head blight resistance, yield and quality traits. *Molecular Breeding*, 2011, 28(4): 485-494
- [21] Porebski S, Bailey L G, Baum B R. Modification of a ctab dna extraction protocol for plants containing high polysaccharide and polyphenol components. *Plant Molecular Biology Reporter*, 1997, 15(1): 8-15
- [22] Su Z Q, Bernardo A, Tian B, Chen H, Bai G H. A deletion mutation in TaHRC confers *Fhb1* resistance to *Fusarium* head blight in wheat. *Nature Genetics*, 2019, 51(7): 1-7
- [23] Mesterhazy A. Updating the breeding philosophy of wheat to *Fusarium* head blight: Resistance components, QTL identification and phenotyping-a review. *Plants*, 2020, 9: 1702
- [24] 胡文静, 高德荣, 江伟, 廖森, 马红勃, 张晓祥. 黄淮麦区 71 个小麦品种的赤霉病抗性与基因型分析. *麦类作物学报*, 2021, 41(12): 1479-1486
Hu W J, Gao D R, Jiang W, Liao S, Ma H B, Zhang X X. Analysis of resistance to *Fusarium* head blight and genotype in 71 cultivars in huang-huai river wheat zone. *Journal of Triticeae Crops*, 2021, 41(12): 1479-1486
- [25] 张煜, 李正玲, 王震, 张彬, 王会伟, 李金秀, 李金榜, 胡琳, 常东伟. 黄淮南部麦区小麦赤霉病抗性鉴定及基因型分析. *麦类作物学报*, 2020, 40(3): 270-277
Zhang Y, Li Z L, Wang Z, Zhang B, Wang H W, Li J X, Li J B, Hu L, Chang D W. Identification of the resistance to *Fusarium* head blight of wheat in the south of huang-huai wheat zone and genotype analysis of resistant cultivars. *Journal of Triticeae Crops*, 2020, 40(3): 270-277
- [26] 张彬, 李金秀, 王震, 袁清川, 李金榜. 黄淮南片麦区主栽小麦品种对赤霉病抗性分析. *植物保护*, 2018, 44(2): 190-194
Zhang B, Li J X, Wang Z, Yuan Q C, Li J B. Resistance of major wheat cultivars to wheat scab in the south of huang-huai wheat zone. *Plant Protection*, 2018, 44(2): 190-194
- [27] 徐婷婷, 王永军, 狄佳春, 孙苏阳, 蔡士宾, 汪巧玲, 邹淑琼, 朱银, 杨欣, 颜伟. 小麦抗赤霉病鉴定及其抗病基因的检测. *麦类作物学报*, 2019, 39(11): 1301-1308
Xu T T, Wang Y J, Di J C, Sun S Y, Cai S B, Wang Q L, Zou S Q, Zhu Y, Yang X, Yan W. Identification of scan-resistance wheat varieties and detection of disease resistance genes. *Journal of Triticeae Crops*, 2019, 39(11): 1301-1308
- [28] 许峰, 李文阳, 闫素辉, 张从宇, 郑甲成, 杜军丽, 张子学, 时侠清. 小麦抗赤霉病主效 QTL 的聚合效应分析. *麦类作物学报*, 2017, 37(5): 585-593
Xu F, Li W Y, Yan S H, Zhang C Y, Zheng J C, Du J L, Zhang Z X, Shi X Q. Analysis of pyramiding effect of major QTLs for resistance to scab in wheat. *Journal of Triticeae Crops*, 2017, 37(5): 585-593
- [29] 廖森, 方正武, 胡文静, 王书平, 王晓玲, 吴荣林, 江伟, 高德荣. 59 份江苏小麦品种(系)的抗赤霉病评价与农艺性状分析. *麦类作物学报*, 2022, 42(3): 297-305
Liao S, Fang Z W, Hu W J, Wang S P, Wang X L, Wu R L, Jiang W, Gao D R. Evaluation of resistance to *Fusarium* head blight and analysis of agronomic traits of 59 wheat germplasm in Jiangsu province. *Journal of Triticeae Crops*, 2022, 42(3): 297-305
- [30] 贾宝森, 徐锐, 熊泽浩, 高德荣, 王书平, 王晓玲, 方正武. 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. *江苏农业科学*, 2021, 49(23): 104-108
Jia B S, Xu R, Xiong Z H, Gao D R, Wang S P, Wang X L, Fang Z W. Identification of comprehensive resistance of 198 wheat germplasm resources to *Fusarium* head blight and detection of *FHB1* resistance gene. *Jiangsu Agricultural Science*, 2021, 49(23): 104-108