

鹅观草不同居群赤霉病抗性 评价及抗病种质鉴定

罗粤川¹, 邓雪雪¹, 吴丹丹^{1,2}, 张亚洲^{1,2}, 周永红^{1,2}, 张海琴^{1,2}

(¹四川农业大学小麦研究所, 成都 611130; ²西南作物基因资源发掘与利用国家重点实验室, 成都 611130)

摘要: 小麦是全球最重要的粮食作物之一, 提高小麦产量和品质对保障粮食安全和人体健康具有重要意义。赤霉病 (FHB, *Fusarium head blight*) 严重威胁小麦的高产、稳产和优质。小麦野生近缘种中存在许多赤霉病抗性资源, 发掘野生近缘种中的抗病基因是小麦抗赤霉病育种中的一条重要且有效的途径。本研究采用孢子喷雾法和单花滴注法对来自国内外的 31 份鹅观草 (*Roegneria kamoji* Ohwi) 种质资源进行了两年两点的田间抗赤霉病鉴定。结果表明: 鹅观草抗侵入性中等, 抗扩展性优异, 整体抗性表现良好, 抗病能力存在多样性, 个别居群同时具有优异的抗侵入和抗扩展能力。在 31 个不同居群的资源材料中, 有 4 个居群抗病 (R, 占 12.90%)、22 个居群中抗 (MR, 占 70.97%) 和 5 个居群中感 (MS, 占 16.13%)。4 个抗病居群: 88-89 282 (新疆阿勒泰), Pr 87-88 353 (四川雅安)、Pr 87-88 352 (四川雅安) 和 88-89 304 (日本京都), 两年两点间平均严重差异度都在 1 级以内, 是优异的抗赤霉病资源, 可转育到栽培小麦用以抗赤霉病品种选育。

关键词: 鹅观草; 赤霉病抗性; 小麦; 孢子喷雾法; 单花滴注法

Evaluation of Fusarium Head Blight Resistance and Identification of Resistant Germplasms in Different Populations of *Roegneria kamoji* Ohwi

LUO Yue-chuan¹, DENG Xue-xue¹, WU Dan-dan^{1,2}, ZHANG Ya-zhou^{1,2},
ZHOU Yong-hong^{1,2}, ZHANG Hai-qin^{1,2}

(¹*Triticeae Research Institute, Sichuan Agricultural University, Chengdu 611130*; ²*State Key Laboratory of Crop Gene Resources Exploration and Utilization in Southwest China, Chengdu 611130*)

Abstract: Wheat is globally one of the most important grain crops. Raising its yield and quality is of great significance in ensuring food security and human health. Fusarium head blight (FHB) may seriously destabilize and lower the yield and quality of wheat. Wild relatives of wheat are considered important effective sources to explore for FHB resistance. In this study, thirty-one germplasm accessions of *Roegneria kamoji* Ohwi from China and abroad were tested for FHB resistance over two years under field conditions, by deployment of two infection methods of spore spraying method and single flower instillation. The results showed that *R. kamoji* Ohwi had moderate anti-invasion, excellent anti-expansibility, good overall resistance performance, diversified disease-resistance ability, and a few of the populations had both excellent anti-invasion and anti-expansion abilities. Among the 31 accessions, 4 were resistant (R, accounting for 12.90%), 22 were moderately resistant (MR, accounting for 70.97%) and 5 were moderately susceptible (MS, accounting for 16.13%). The accessions 88-89 282 (Altay, Xinjiang), Pr 87-88 353 (Ya'an, Sichuan), Pr 87-88 352 (Ya'an, Sichuan) and

收稿日期: 2020-11-18 修回日期: 2020-12-09 网络出版日期: 2020-12-23

URL: <http://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20201118004>

第一作者研究方向为小麦族资源评价与利用, E-mail: yuechuanluo@163.com

通信作者: 张海琴, 研究方向为植物资源评价与利用研究, E-mail: haiqinzhang@163.com

基金项目: 国家自然科学基金 (31870309, 31670331)

Foundation project: National Natural Science Foundation of China (31870309, 31670331)

88-89 304 (Kyoto, Japan) were identified as elite resources resistant to FHB from our two-years experiments, and they may be used for transference of FHB resistance to wheat for cultivar improvement.

Key words: *Roegneria kamoji* Ohwi; FHB resistance; wheat; spore spraying; single flower instillation

小麦是我国两大口粮作物之一,小麦生产的可持续和稳定性与我国粮食安全紧密相关^[1]。由禾谷镰刀菌 (*Fusarium graminearum* Schw.) 等多种镰刀菌所引发的赤霉病 (FHB, *Fusarium head blight*) 影响小麦的品质和产量^[2-3],该病害的发生会导致小麦的大幅度减产,也会产生多种毒素威胁人畜健康^[4]。近年来,由于气候变暖、耕种模式的改变,使小麦赤霉病逐渐严重^[5]。

目前世界范围内进行抗赤霉病鉴定的小麦材料有 5 万份以上^[1],在小麦的 21 条染色体上已定位了与赤霉病抗性相关的 QTL 超过 250 个^[6-9],大部分抗赤霉病 QTL 是微效基因,仅有少量抗性位点用于小麦遗传资源的改良。目前,遗传稳定的小麦抗赤霉病基因只有 7 个,即 *Fhb1*~*Fhb7*,其中 *Fhb1* 和 *Fhb2* 来源于小麦品种苏麦 3 号^[10-11],*Fhb4* 和 *Fhb5* 来源于小麦品种望水白^[12-13],*Fhb3*、*Fhb6* 和 *Fhb7* 分别来自于小麦的近缘物种,即赖草属 (*Leymus* Hochst.)、箬紫披碱草 (*Elymus tsukushiensis* Honda, Syn. *Roegneria kamoji* Ohwi, 鹅观草的异名) 和长穗偃麦草 (*Thinopyrum ponticum* (Podp.) Á. Löve)^[14-16]。其中,*Fhb1* 和 *Fhb7* 被成功克隆^[17-18]。*Fhb1* 只能减缓赤霉菌在小麦穗部的扩散,不能降低穗部 DON 毒素积累^[19]; *Fhb7* 虽然能降低 DON 毒素的积累,但该基因能否长期有效还未知^[18]。因此,挖掘新的抗赤霉病资源十分有必要。

在小麦野生近缘种中存在许多赤霉病抗性资源,发掘其携带的抗病基因是小麦抗赤霉病育种中一条重要且有效的途径。鹅观草属 (*Roegneria* K. Koch) 是 Koch 于 1848 年以高加索鹅观草 (*R. caucasica* K. Koch) 为模式种建立的^[20],是小麦族中最大的属之一。全世界约有 130 余种,主要分布于北半球的温寒地带。我国约有 70 余种,主要分布于西北、西南和华北地区^[21]。鹅观草属大多数物种为四倍体 ($2n=4x=28$),其基因组组成为 StY,少数为六倍体 ($2n=6x=42$),基因组组成为 StYH 或 StStY。鹅观草属植物大多为优良牧草,饲用价值较高,如鹅观草 (*R. kamoji* Ohwi)、纤毛鹅观草 (*R. ciliaris* (Trin.) Nevski), 是麦类作物和牧草育种的重要种质资源^[22]。鹅观草 (*R. kamoji*

Ohwi) 隶属于鹅观草属,六倍体 ($2n=6x=42$) 多年生草本,基因组组成为 StYH,广泛分布于中国、日本和朝鲜,在中国除青海、西藏外,几乎全国都有分布,具有耐湿、高抗赤霉病等特性,是优良的野生牧草资源^[23]。因鹅观草含 StYH 基因组,颜济等^[20]将其划归于曲穗草属 (*Campeiostrachys* Drobow)。

1989 年,翁益群等^[24]通过鉴定鹅观草与感病小麦杂交后代的赤霉病抗性,发现其抗性得到显著提升。1997 年, Wan 等^[22]对小麦野生近缘植物 16 个属 80 个种 276 份材料进行抗赤霉病鉴定,发现在鉴定的材料中,鹅观草属的抗性最强,且鹅观草和纤毛鹅观草抗性最好,大部分居群表现既高抗侵入又高抗扩展。1997 年, Ban^[25]调查日本本地的鹅观草不同居群,发现鹅观草许多居群表现既高抗侵入又高抗扩展,但不同居群间抗性存在一定差异。2009 年,杨艳萍等^[26]获得了鹅观草和中国春的正反交属间杂种 F_1 ,正反交所得的 F_1 均对赤霉病表现高抗。2015 年, Cainong 等^[15]发现小麦与箬紫披碱草 (*Elymus tsukushiensis* Honda) 的易位系表现抗赤霉病,并将这个新的抗赤霉病基因命名为 *Fhb6*, *Fhb6* 的抗性较强,不携带该基因时严重度为 35.1%,而携带该基因时严重度仅为 6.2%。

前人研究结果表明,鹅观草 (*Roegneria kamoji* Ohwi) 具有较强的赤霉病抗性,既高抗侵入又高抗扩展,是小麦不可多得的赤霉病抗性资源^[22],但鹅观草不同居群表现出不同的赤霉病抗性^[25]。为系统评价鹅观草种质资源的赤霉病抗性,本研究对来自国内外的 31 个鹅观草不同居群进行两年两点的田间赤霉病抗性鉴定,评价鹅观草不同居群的抗性差异,以期获得抗病性材料为小麦抗赤霉病育种及病害防治提供资源。

1 材料与方法

1.1 供试材料

31 个来自国内外的鹅观草居群见表 1。每个居群材料种植 50 株,采用小麦苏麦 3 号、望水白作为田间鉴定的抗病对照,小麦 PH691、SY95-71 作为田间鉴定的感病对照。

表 1 供试材料
Table 1 Materials used in this study

序号 No.	编号 Accession	来源 Source	序号 No.	编号 Accession	来源 Source
1	88-89 271	未知	17	Pr 87-88 347	中国四川宜宾
2	88-89 272	未知	18	Pr 87-88 348	中国四川宜宾
3	88-89 274	中国四川宜宾	19	Pr 87-88 349	中国四川宜宾
4	88-89 275	中国四川宜宾	20	Pr 87-88 350	中国四川雅安
5	88-89 277	中国四川雅安	21	Pr 87-88 352	中国四川雅安
6	88-89 279	中国四川雅安	22	Pr 87-88 353	中国四川雅安
7	88-89 281	中国青海	23	Y1416	中国四川雅安
8	88-89 282	中国新疆阿勒泰	24	ZY1007	中国四川成都
9	88-89 283	中国四川马尔康	25	ZY13001	中国四川成都
10	88-89 284	中国四川雅安	26	ZY13002	中国四川成都
11	88-89 285	中国四川宜宾	27	ZY13003	中国四川成都
12	88-89 286	中国四川宜宾	28	ZY 14026	中国山东青岛
13	88-89 288	中国浙江	29	ZY14028	中国山东青岛
14	88-89 289	未知	30	ZY 17002	中国四川雅安
15	88-89 304	日本京都	31	ZY 17003	中国江西弋阳
16	Pr 87-88 344	未知			

1.2 试验方法

1.2.1 田间管理 试验地点为四川农业大学温江基地(成都市温江区惠和村)和四川农业大学崇州现代农业研发基地(成都市崇州市隆兴镇)。两点属于河流冲积平原,北亚热带湿润季风气候。温江基地土质松软肥沃,崇州基地土质更为坚硬、贫瘠。

2018-2020 年进行试验。每年 9 月进行育苗,10 月移栽至大田。田间种植按随机区组设计,每个居群采用单株种植,行距 0.3 m,株距 0.3 m。种植时施用底肥,生长过程中只进行正常的除草管理。

1.2.2 菌株培育 收集本地田间病麦粒,在 PDA 培养基上分离纯化禾谷镰孢菌的菌株,挑取菌丝放入 CMC 培养基中,28 ℃下 180 r/min 震荡培养 4~5 d,离心收集孢子于 2 mL 离心管中,加入无菌水,稀释至接种浓度。孢子喷雾接种法鉴定接种分生孢子浓度为 1×10^5 个/mL;单花滴注接种法鉴定为 2×10^5 个/mL。

1.2.3 鉴定方法 于扬花期进行接种。孢子喷雾接种法是将配置好的菌液均匀喷洒在材料的穗部,每个居群选择 10~15 个单株,每株接种 1 穗,套袋保湿 10 d。单花滴注接种法利用针头对穗中部小穗最外侧的 2 朵小花注射孢悬液 5 μL 并进行标记,每个

居群选择 10~15 个单株,每株接种 1 穗,套袋保湿 10 d。

病情记载:赤霉病测定标准参照《小麦抗病虫性评价技术规范第 4 部分:小麦抗赤霉病评价技术规范》(NY/T 1443.4-2007)^[27]。接种后 25~30 d 进行调查,分别调查单花滴注接种和孢子喷雾接种的发病情况,并计算单年单点的平均严重度。

1.2.4 抗性评价 孢子喷雾接种同时测试材料的抗侵入和抗扩展能力,而单花滴注接种则鉴定材料的抗扩展能力。将两种鉴定结果进行综合评价,应将孢子喷雾接种鉴定的病情指数转化为单花滴注条件下的病情严重度。计算病害严重度的平均值,进行抗性评价。多年多点鉴定试验中,同一材料按最高点的平均严重度所在范围进行综合抗性评价(表 2)。

病情指数计算公式为: $DI = \frac{\sum_{i=0}^n (X_i \times S_i)}{\sum_{i=0}^n (X_i \times S_{\max})} \times 100$, 式中, DI 表示病情指数; i 表示病级数; X_i 表示 i 级单元数,单位为百分率(%) ; S_i 表示 S 级严重度的代表值,单位为百分率(%) ; $S_{\max}$ 表示严重最高级值,单位为百分率(%)。

孢子喷雾鉴定中病情严重度计算公式: $S=[\lg(DI)]^2$, 式中, S 表示病情严重度; DI 表示病情指数。

表 2 赤霉病抗性评价标准

平均严重度 Mean severity (S)	抗性类型 Resistance type
S=0	免疫 (I, immune)
0<S<2.0	抗病 (R, resistant)
2.0 ≤ S <3.0	中抗 (MR, moderately resistant)
3.0 ≤ S <3.5	中感 (MS, moderately susceptible)
3.5 ≤ S	高感 (S, highly susceptible)

表 3 孢子喷雾鉴定下鹅观草不同居群的病情严重度

Table 3 Severity of disease induced by spore spraying in different populations of *Roegneria kamoji* Ohwi

编号 No.	喷雾接种法病情严重度 Severity of disease				抗性评价 Resistance type
	2019		2020		
	温江 Wenjiang	崇州 Chongzhou	温江 Wenjiang	崇州 Chongzhou	
88-89 282	1.69	1.95	1.38	1.20	抗病
苏麦 3 号 Sumai 3 Hao (CK)	1.95	1.95	1.95	1.95	抗病
88-89 304	1.95	2.29	1.83	2.29	中抗
88-89 279	1.38	2.57	1.38	1.83	中抗
望水白 Wangshuibai (CK)	1.95	1.95	2.57	1.95	中抗
Pr 87-88 353	1.69	2.73	1.20	2.18	中抗
88-89 272	2.38	2.81	1.69	2.07	中抗
88-89 277	2.29	2.81	1.00	2.29	中抗
Pr 87-88 350	2.89	2.81	1.55	2.48	中抗
Pr 87-88 352	1.69	2.96	1.00	0.16	中抗
88-89 274	2.48	3.03	1.55	1.55	中感
ZY1007	3.10	2.73	1.69	2.07	中感
ZY13002	3.12	2.65	2.38	1.95	中感
88-89 275	2.38	3.16	1.20	1.55	中感
88-89 284	3.16	3.16	1.55	1.69	中感
Pr 87-88 348	1.95	3.23	1.55	1.38	中感
ZY17002	1.69	3.23	1.20	1.95	中感
88-89 285	1.95	3.29	1.38	1.55	中感
ZY17003	3.29	3.23	1.55	2.48	中感
88-89 283	3.35	3.35	1.20	1.38	中感
88-89 288	2.38	3.40	1.83	2.07	中感
ZY13003	3.40	3.23	1.20	1.69	中感
Pr 87-88 347	3.46	3.16	1.83	2.18	中感
88-89 271	3.46	3.23	1.95	1.83	中感
88-89 286	3.46	3.40	2.18	1.95	中感
Pr 87-88 344	3.46	3.46	1.69	2.18	中感
Y1416	3.46	3.40	1.83	2.81	中感
Pr 87-88 349	3.52	3.46	1.69	2.38	感病
88-89 281	3.57	3.40	1.95	1.95	感病
ZY14028	2.18	3.62	2.18	2.65	感病
PH691 (CK)	3.62	3.72	3.52	3.52	感病
SY95-71 (CK)	3.67	3.72	3.35	3.62	感病
88-89 289	3.77	3.57	1.69	2.48	感病
ZY13001	3.80	3.26	1.83	1.55	感病
ZY14026	3.87	3.23	1.83	2.07	感病

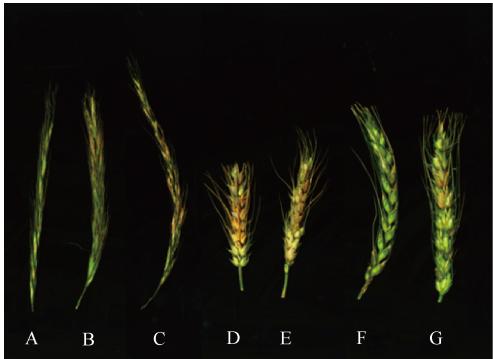
1.3 数据分析

采用 SPSS 21 统计软件对两年两点的赤霉病病情平均严重度进行相关性分析。

2 结果与分析

2.1 田间抗性鉴定

两年两点的田间鉴定结果表明: 孢子喷雾接种鉴定中, 抗病居群 1 个(88-89 282)、中抗居群 7 个、中感居群 17 个、感病居群 6 个。有 2 个中抗居群(88-89 304 和 88-89 279)高于阳性对照望水白(表 3、图 1)。单花滴注接种鉴定中, 抗病居群 11 个、中抗居群 18 个、中感居群 2 个。抗病居群中有 2 个(Pr 87-88 352 和 88-89 282)高于阳性对照苏麦 3 号和望水白(表 4、图 2)。



A: 88-89 282, B: 88-89 279, C: 88-89 283, D: SY95-71, E: PH691, F: 苏麦 3 号, G: 望水白, 下同
A: 88-89 282, B: 88-89 279, C: 88-89 283, D: SY95-71, E: PH691, F: Sumai 3 Hao, G: Wangshuibai, the same as below

图 1 孢子喷雾接种穗部感病情况
Fig.1 Infection of spike by spore spraying inoculation

综合抗性评价结果表明,鹅观草不同居群表现出不同程度的赤霉病抗性。其中,抗病居群有 4 个(88-89 282、Pr 87-88 353、Pr 87-88 352 和 88-89 304),中抗居群 22 个,中感居群 5 个,平均严重度变异幅度为 0.65~3.28。且所有鹅观草不同居群材料综合抗性都高于感病对照 PH691 和 SY95-71。在 4 个抗病居群中, 88-89 282 综合抗性优于抗病对照苏麦 3 号和望水白且同时具备优异的抗侵入和抗扩展性, Pr 87-88 353、88-89 304 和 Pr 87-88 352 抗侵入性中等,但抗扩展性优异。结果表明: 鹅观草居群整体抗性优良,个别居群抗性优异,但也存在少部分居群中感的现象(表 5)。抗病居群和中感居群的材料来源地各不相同,表明材料的赤霉病抗性与采集地理位置无明显的相关性。

表 4 单花滴注鉴定下鹅观草不同居群的病情严重度

Table 4 Severity of disease induced by single flower instillation in different populations of *Roegneria kamoji* Ohwi

编号 No.	单花滴注接种病情严重度 Severity of disease				抗性评价 Resistance type
	2019		2020		
	温江 Wenjiang	崇州 Chongzhou	温江 Wenjiang	崇州 Chongzhou	
Pr 87-88 352	0.20	0.50	0.30	0.80	抗病
88-89 282	1.20	1.20	0.50	0.90	抗病
苏麦 3 号 Sumai 3 Hao (CK)	1.00	1.00	1.00	1.40	抗病
望水白 Wangshuibai (CK)	1.40	1.40	1.40	1.40	抗病
88-89 288	0.50	1.50	0.30	0.90	抗病
Pr 87-88 353	0.40	0.60	0.20	1.50	抗病
88-89 304	1.20	1.60	0.40	1.60	抗病
88-89 272	1.20	1.70	0.70	1.00	抗病
Y14028	0.80	1.70	0.80	1.70	抗病
88-89 274	0.40	1.80	0.90	0.90	抗病
88-89 277	0.70	1.70	0.60	1.80	抗病
88-89 275	0.30	1.90	0.80	1.90	抗病
88-89 281	0.60	2.00	0.40	0.90	抗病
88-89 285	2.10	1.90	0.70	1.10	中抗
Pr 87-88 347	0.60	2.10	0.50	1.00	中抗
Pr 87-88 349	1.90	2.20	0.40	1.60	中抗
Pr 87-88 350	2.20	2.00	0.60	1.10	中抗
Y13003	2.20	1.90	0.70	0.80	中抗
Pr 87-88 344	2.20	1.90	0.50	1.00	中抗
Y17002	1.00	2.20	0.80	1.70	中抗
88-89 279	0.60	2.30	0.40	1.00	中抗
Y13001	1.90	2.30	0.40	1.10	中抗
Pr 87-88 348	2.30	1.60	1.10	0.60	中抗
Y1416	2.20	2.40	0.90	2.10	中抗
Y13002	2.40	2.30	1.70	1.10	中抗
Y 1007	2.40	1.80	0.60	1.20	中抗
Y17003	2.40	1.90	0.50	1.40	中抗
88-89 284	0.30	2.70	0.40	1.20	中抗
Y 14026	2.70	2.80	0.60	0.80	中抗
88-89 289	2.50	2.90	0.90	1.90	中抗
88-89 286	2.80	2.99	1.00	1.10	中抗
88-89 283	3.10	2.50	0.90	0.80	中感
88-89 271	2.40	3.20	0.90	1.20	中感
H691 (CK)	3.20	3.50	3.40	3.00	感病
Y95-71 (CK)	3.70	3.70	3.50	3.60	感病

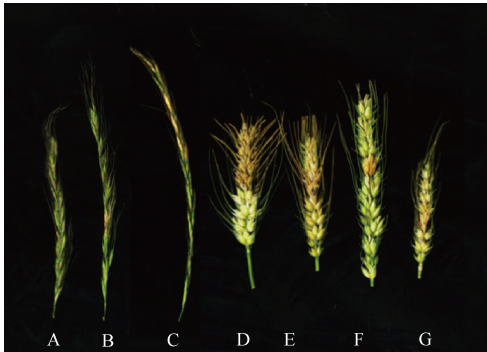


图 2 单花滴注接种穗部感病情况
Fig.2 Infection of spike by single flower instillation inoculation

2.2 相关性分析

相关性分析结果表明,两点以及两年之间的鉴定结果都呈现极显著正相关。2019 年温江和崇州两点间的相关性为 0.734,2020 年温江和崇州两点间的相关性为 0.724。温江 2019 年和 2020 年两点间的相关性为 0.514,崇州 2019 年和 2020 年两点间的相关性为 0.490(表 6)。结果表明:同一年两点间的相关性都高于同一点两年间的相关性,说明相同年份间的赤霉病发病情况更为接近。

表 5 鹅观草不同居群平均严重度及抗性评价
Table 5 Evaluation of resistance and mean severity in different populations of *Roegneria kamoji* Ohwi

编号 No.	平均严重度 Mean severity				抗性评价 Resistance type
	2019		2020		
	温江 Wenjiang	崇州 Chongzhou	温江 Wenjiang	崇州 Chongzhou	
88-89 282	1.45	1.58	0.94	1.05	抗病
苏麦 3 号 Sumai 3 Hao (CK)	1.48	1.48	1.48	1.68	抗病
Pr87-88 353	1.05	1.67	0.70	1.84	抗病
Pr87-88 352	0.95	1.88	0.65	0.48	抗病
88-89 304	1.58	1.94	1.11	1.94	抗病
望水白 Wangshuibai (CK)	1.68	1.68	1.98	1.68	抗病
88-89 272	1.79	2.26	1.20	1.54	中抗
88-89 277	1.49	2.26	0.80	2.04	中抗
Pr87-88 348	2.13	2.41	1.32	0.99	中抗
88-89 274	1.44	2.41	1.22	1.22	中抗
88-89 279	0.99	2.43	0.89	1.41	中抗
88-89 288	1.44	2.45	1.06	1.49	中抗
88-89 275	1.34	2.53	1.00	1.72	中抗
Pr87-88 350	2.54	2.41	1.07	1.79	中抗
88-89 285	2.03	2.59	1.04	1.32	中抗
Pr87-88 347	2.03	2.63	1.16	1.59	中抗
ZY14028	1.49	2.66	1.49	2.18	中抗
88-89 281	2.08	2.70	1.18	1.43	中抗
ZY17002	1.35	2.71	1.00	1.83	中抗
ZY 1007	2.75	2.27	1.15	1.64	中抗
ZY13002	2.76	2.48	2.04	1.53	中抗
ZY13003	2.80	2.56	0.95	1.25	中抗
Pr 87-88 344	2.83	2.68	1.10	1.59	中抗
Pr 87-88 349	2.71	2.83	1.05	1.99	中抗
ZY17003	2.84	2.56	1.02	1.94	中抗
ZY13001	2.85	2.78	1.11	1.32	中抗
Y1416	2.83	2.90	1.36	2.46	中抗
88-89 284	1.73	2.93	0.97	1.45	中抗
88-89 286	3.13	3.20	1.59	1.53	中感
88-89 271	2.93	3.21	1.43	1.51	中感
88-89 283	3.22	2.92	1.05	1.09	中感
88-89 289	3.14	3.23	1.30	2.19	中感
ZY 14026	3.28	3.01	1.21	1.44	中感
PH691 (CK)	3.41	3.51	3.46	3.26	感病
SY95-71 (CK)	3.69	3.71	3.42	3.61	感病

表 6 两年两点抗病性鉴定结果的相关性分析
Table 6 Correlation analysis with disease severity from two-year experiments at two locations

赤霉病平均严重度 Mean severity of FHB		2019		2020	
		温江 Wenjiang	崇州 Chongzhou	温江 Wenjiang	崇州 Chongzhou
2019	温江 Wenjiang				
	崇州 Chongzhou	0.734**			
2020	温江 Wenjiang	0.514**	0.489**		
	崇州 Chongzhou	0.404*	0.490**	0.724**	

*, ** 分别表示存在显著性差异和极显著差异
*, ** indicate significant difference and extremely significant difference, respectively

3 讨论

随着我国抗赤霉病育种工作的发展,赤霉病的接种技术和鉴定标准也在不断地发展。在小麦抗赤霉病育种中,有单花滴注鉴定、孢子喷雾鉴定、土表病麦粒接种鉴定、重病区自然鉴定、穗轴接种鉴定、离体鉴定等鉴定方法,其中前 3 种方法在育种研究中应用较多^[4]。孢子喷雾鉴定和土表病麦粒接种鉴定可以模拟自然条件下病菌对寄主的侵染能力,并且能同时反应材料对赤霉病的抗侵入和抗扩展能力,该方法操作简单,但容易受到环境影响^[28]。单花滴注鉴定的结果更为准确稳定,但仅能反应抗扩展能力^[29-30]。穗轴接种鉴定接种保湿性好,并使能品种抗、感表型差异最大化,但无法将抗病品种不同抗性水平的严重度进行分级^[31]。离体鉴定法能避免天气影响,缩短鉴定周期,适合于大批量育种材料的高通量鉴定^[32]。本试验使用孢子喷雾鉴定和单花滴注鉴定对材料进行抗性的综合评价,更能够反应材料的真实抗性水平。

1990 年, Ban^[25] 鉴定的 6 个鹅观草不同居群的赤霉病抗性也存在显著的差异,表明鹅观草中不同居群的材料抗性存在一定差异。本试验与 Wan 等^[22] 所发表的文章有 12 个鹅观草不同居群材料相同,将本试验中这 12 个不同居群材料的发病情况与该文章的结果对比发现: 2 个抗病居群 Pr 87-88 352、Pr 87-88 353 抗性评价相同,其余 10 个中抗和中感居群在本试验中抗性评价更低。在田间鉴定赤霉病抗性中,仅通过一年一点试验不能鉴定出材料的真实抗性,因为赤霉病的发病情况容易受到环境气候的影响,若发病条件不充分,材料可能会出现假抗性。通过在两地进行两年重复鉴定,更能准确地判断材料的真实抗性。

本次试验的试验地点在温江和崇州,两点地理位置相近,气候条件一致,但温江试验基地的土质和肥力比崇州现代农业研发基地更为优良。两试验地间相同材料的赤霉病抗性差异较小,而两年间相同材料的赤霉病抗性差异更为显著。在抗病材料中,两年间的平均严重度差异不大,平均严重度变异幅度为 0~0.84;但在中抗和中感材料中,2020 年的平均严重度明显低于 2019 年,两年平均严重度变异幅度为 0~2.17。从气候情况看,在 2019 年接种时,平均温度为 22.54 ℃,降雨量为 95.67 mm; 2020 年接种时,平均温度为 19.93 ℃,降雨量为 45.74 mm。2019 年两试验地的气温和降雨量都高于 2020 年。说明小麦赤霉病的发病情况极容易受到温度和湿度的影响,在扬花期,连续的降雨和适宜的田间温度将会有利于赤霉病的流行。

结果表明,鹅观草整体上表现出了优异的抗赤霉病特性。一方面,可能因为鹅观草本身就具有很强的抗病性和抗逆性,如抗白粉病、抗条锈病、耐湿等。另一方面,鹅观草小穗结构比较紧密,小花较小,花药较小,花丝短,外露较少,从而病菌不易侵入。二者共同塑造了鹅观草优良的赤霉病抗性。鹅观草在我国分布广泛,生境复杂多样,鹅观草种质资源存在着丰富的遗传多样性,导致鹅观草不同居群间的赤霉病抗性类型和抗病程度存在一定的差异。

本试验对国内外 31 个不同居群的鹅观草材料进行了赤霉病抗性鉴定,发现 4 个抗病居群 88-89 282(新疆阿勒泰)、Pr 87-88 353(四川雅安)、Pr 87-88 352(四川雅安) 和 88-89 304(日本京都),两年两点间平均严重差异度都在 1 级以内,可视为赤霉病抗性受环境条件影响较小,抗性较为稳定。这 4 个居群可作为优异的抗赤霉病资源,用于小麦抗赤霉病育种。

致谢:感谢国家自然科学基金(31870309、31670331)、四川省教育厅和科技厅等项目的资助。感谢四川农业大学小麦研究所祁鹏飞教授和许强教授对本研究给予的良好建议和帮助。感谢“西南作物基因资源发掘与利用”国家重点实验室及“作物基因资源与遗传改良”四川省重点实验室提供实验条件。

参考文献

- [1] 张爱民, 阳文龙, 李欣, 孙家柱. 小麦抗赤霉病研究现状与展望. 遗传, 2018, 40(10): 858-873
Zhang A M, Yang W L, Li X, Sun J Z. Current status and perspective on research against Fusarium head blight in wheat. Hereditas, 2018, 40(10): 858-873
- [2] Fernando W G, Paulitz T C, Seaman W L, Dutilleul P, Miller J D. Head blight gradients caused by *Gibberella zeae* from area sources of inoculum in wheat field plots. Phytopathology, 1997, 87(4): 414-421
- [3] Umpiérrez M, Garmendia G, Cabrera M, Pereyra S, Vero S. Diversity of pathogen populations causing Fusarium head blight of wheat in Uruguay. Fusarium Head Blight in Latin America, 2013: 31-44
- [4] 马鸿翔. 小麦赤霉病. 南京: 江苏凤凰科学技术出版社, 2019: 17-86
Ma H X. Fusarium head blight of wheat. Nanjing: Jiangsu Phoenix Science and Technology Press, 2019: 17-86
- [5] Shah D A, De Wolf E D, Paul P A, Madden L V. Predicting Fusarium head blight epidemics with boosted regression trees. Phytopathology, 2014, 104(7): 702-714
- [6] Anderson J A, Stack R W, Liu S, Waldron B L, Fjeld A D, Coyne C B, Moreno-Sevilla B, Mitchell Fetch J, Song Q J, Cregan P B, Froberg R C. DNA markers for Fusarium head blight resistance QTLs in two wheat populations. Theoretical and Applied Genetics, 2001, 102(8): 1164-1168
- [7] Buerstmayr H, Lemmens M, Hartl L, Doldi L, Steiner B, Stierschneider M, Ruckebauer P. Molecular mapping of QTLs for Fusarium head blight resistance in spring wheat. I. Resistance to fungal spread (Type II resistance). Theoretical and Applied Genetics, 2002, 104(1): 84-91
- [8] Bai G, Shaner G. Management and resistance in wheat and barley to Fusarium head blight. Annual Review of Phytopathology, 2004, 42: 135-161
- [9] Buerstmayr H, Ban T, Anderson J. QTL mapping and marker assisted selection for Fusarium head blight resistance in wheat. Cereal Research Communications, 2008, 36(S6): 1-3
- [10] Zhou M P, Hayden M J, Zhang Z Y, Lu W Z, Ma H X. Saturation and mapping of a major Fusarium head blight resistance QTL on chromosome 3BS of Sumai 3 wheat. Journal of Applied Genetics, 2010, 51(1): 19-25
- [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.). Theoretical and Applied Genetics, 2007, 114(3): 429-437
- [12] 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
- [13] Xue S, Xu F, Tang M, Zhou Y, Li G, An X, Lin F, Xu H, Jia H, Zhang L, Kong Z, Ma Z. Precise mapping *Fhb5*, a major QTL conditioning resistance to Fusarium infection in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). Theoretical and Applied Genetics, 2011, 123(6): 1055-1063
- [14] Qi L L, Pumphrey M O, Bernd F, Chen P D, Gill B S. 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
- [15] Cainong J C, Bockus W W, Feng Y, Chen P, Qi 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): 1019-1027
- [16] Kim N S, Armstrong K, Knott D R. Molecular detection of *Lophopyrum* chromatin in wheat-*Lophopyrum* recombinants and their use in the physical mapping of chromosome 7D. Theoretical and Applied Genetics, 1993, 85(5): 561-567
- [17] Su Z, 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): 1099-1105
- [18] Wang H W, Sun S L, Ge W Y, Zhao L F, Hou B Q, Wang K, Liu Z F, Chen L Y, Xu S S, Guo J, Li M, Su P S, Li X F, Wang G P, Bo C Y, Fang X J, Zhuang W W, Cheng X X, Wu J W, Dong L H, Chen W Y, Li W, Xiao G L, Zhao J X, Hao Y C, Xu Y, Gao Y, Liu W J, Liu Y H, Yin H Y, Li J Z, Li X, Zhao Y, Wang X Q, Ni F, Ma X, Li A F, Xu S S, Bai G H, Nevo E, Gao C X, Ohm H, Kong L R. Horizontal gene transfer of *Fhb7* from fungus underlies Fusarium head blight resistance in wheat. Science, 2020, 368: eaba5435
- [19] Brar G S, Brulé-Babel A L, Ruan Y, Henriquez M A, Pozniak C J, Kutcher H R, Hucl P J. Genetic factors affecting Fusarium head blight resistance improvement from introgression of exotic Sumai 3 alleles (including *Fhb1*, *Fhb2*, and *Fhb5*) in hard red spring wheat. BMC Plant Biology, 2019, 19: 179
- [20] 颜济, 杨俊良. 小麦族生物系统学. 第5卷. 北京: 中国农业出版社, 2013: 1-55
Yan J, Yang J L. Biosystematics of triticeae. Volume 5. Beijing: China Agriculture Press, 2013: 1-55
- [21] 郭本兆. 中国植物志. 第9卷第3分册. 北京: 科学出版社, 1987: 51-53
Guo B Z. Flora reipublicae popularis sinicae. Volume 9(3). Beijing: Science Press, 1987: 51-53
- [22] Wan Y F, Yen C, Yang J L, Liu F Q. Evaluation of *Roegneria* for resistance to head scab caused by *Fusarium graminearum* Schwabe. Genetic Resources and Crop Evolution, 1997, 44(3): 211-215
- [23] 肖苏, 张新全, 马啸, 张建波, 陈仕勇. 川渝地区野生鹅观草种质的核型分析. 中国草地学报, 2008, 30(6): 54-61
Xiao S, Zhang X Q, Ma X, Zhang J B, Chen S Y. Karyotypes of wild *Roegneria kamoji* germplasms from Sichuan and

- Chongqing province. Chinese Journal of Grassland, 2008, 30 (6): 54-61
- [24] 翁益群, 刘大钧. 鹅观草 (*Roegneria* C. Koch) 与普通小麦 (*Triticum aestivum* L.) 属间杂种 F_1 的形态、赤霉病抗性和细胞遗传学研究. 中国农业科学, 1989, 22 (5): 1-8
- Weng Y Q, Liu D J. Morphology, scab resistance and cytogenetics of intergeneric hybrids of *Triticum aestivum* L. with *Roegneria* C. Koch (*Agropyron*) species. Scientia Agricultura Sinica, 1989, 22 (5): 1-8
- [25] Ban T. Evaluation of resistance to Fusarium head blight in indigenous Japanese species of *Agropyron* (*Elymus*). Euphytica, 1997, 97 (1): 39-44
- [26] 杨艳萍, 陈佩度. 普通小麦与鹅观草属间杂种 F_1 及 BC_1 的分子细胞遗传学、育性和赤霉病抗性研究. 遗传, 2009, 31 (3): 290-296
- Yang Y P, Chen P D. Molecular cytogenetics, fertility, and scab resistance of the intergeneric hybrid F_1 and BC_1 between *Triticum aestivum* and *Roegneria kamoji*. Hereditas, 2009, 31 (3): 290-296
- [27] 陈万权, 刘太国, 陈巨莲, 陈怀谷. NY/T 1443.4-2007 小麦抗病虫害性评价技术规范第 4 部分: 小麦抗赤霉病评价技术规范. 北京: 中国农业出版社, 2007
- Chen W Q, Liu T G, Chen J L, Chen H G. NY/T 1443.4-2007 Rules for resistance evaluation of wheat to diseases and insect pests part4: rule for resistance evaluation of wheat to wheat scab { *Fusarium graminearum* Schwabe [*Teleomorph Gibberella Zeae* (Schwein) Petch] }. Beijing: China Agriculture Press, 2007
- [28] Mesterházy A, Lehoczki-Krsjak S, Varga M, Szabó-Hevér A, Tóth B, Lemmens M. Breeding for FHB resistance via *Fusarium* damaged kernels and deoxynivalenol accumulation as well as inoculation methods in winter wheat. Agricultural Sciences, 2015, 6 (9): 970-1002
- [29] Li T, Zhang D, Zhou X, Bai G H, Li L, Gu S L. Fusarium head blight resistance loci in a stratified population of wheat landraces and varieties. Euphytica, 2016, 207 (3): 551-561
- [30] Li T, Bai G, Wu S, Gu S L. Quantitative trait loci for resistance to Fusarium head blight in the Chinese wheat landrace Huangfangzhu. Euphytica, 2020, 185 (1): 93-102
- [31] 李韬, 李磊, 郑飞, 董晶晶. 一种鉴定和评价小麦赤霉病扩展抗性的方法. 201410654050.1. 2016-03-09
- Li T, Li L, Zheng F, Dong J J. A method for phenotyping type 2 resistance to wheat Fusarium head blight. 201410654050.1. 2016-03-09
- [32] Kumar K, Xi K, Turkington T K, Tekauz A, Helm J H, Tewari J P. Evaluation of a detached leaf assay to measure Fusarium head blight resistance components in barley. Canadian Journal of Plant Pathology, 2011, 33 (3): 364-374