

胡文静,张 勇,江 伟,等. 不同接种方式下小麦对赤霉病侵染和扩展的响应[J]. 江苏农业科学,2022,50(6):107–112.  
doi:10.15889/j.issn.1002–1302.2022.06.017

# 不同接种方式下小麦对赤霉病侵染和扩展的响应

胡文静<sup>1,2</sup>, 张 勇<sup>1,2</sup>, 江 伟<sup>1</sup>, 程晓明<sup>1</sup>, 廖 森<sup>3</sup>, 李东升<sup>1</sup>, 张春梅<sup>1,2</sup>

(1. 江苏里下河地区农业科学研究所/农业农村部长江中下游小麦生物学与遗传育种重点实验室,江苏扬州 225007;

2. 扬州大学/江苏省粮食作物现代产业技术协同创新中心,江苏扬州 225009; 3. 长江大学农学院,湖北荆州 434025)

**摘要:**选择扬麦 4 号和偃展 1 号杂交后开花期一致的 49 份重组自交系(recombinant inbred lines,简称 RIL)材料为研究对象,在 2 个独立的区域采用单花滴注和土表接种 2 种方式,分别调查开花后 14、28、42 d 群体的病小穗数,计算病小穗率。分析 2 种接种条件下的各个时期群体的病小穗率绝对值和动态变化。结果表明,单花滴注接种的赤霉病发展速度在 14、28 d 时最快,往后到 42 d 时速度下降;土表接种的赤霉病发展速度在 14~28 d 时最慢,往后到 42 d 时速度上升。群体在土表接种条件下的赤霉病发生程度始终弱于单花滴注条件下。单花滴注条件下前 2 个时期赤霉病的发展速度会显著影响最后 1 期的发展速度,土表接种则无这种规律。2 种接种方式下群体赤霉病发展速度与株高和小穗着生密度均无显著相关性。研究结果可为现有的小麦赤霉病抗性评价方式和抗赤霉病遗传改良提供参考。

**关键词:**小麦;赤霉病;单花滴注;土表接种;病小穗率

**中图分类号:**S435.121.4<sup>+</sup>5

**文献标志码:**A

**文章编号:**1002–1302(2022)06–0107–05

小麦赤霉病(*Fusarium head blight*,简称 FHB)是由多种镰刀菌引起的一种世界性病害<sup>[1–3]</sup>,别称麦穗枯、烂麦头、红麦头,主要发生在长江中下游冬麦区、东北春麦区东部以及华南冬麦区,受温度和湿度的影响显著<sup>[4]</sup>。小麦的穗部小花在开花期受病原菌侵染,温度适宜时赤霉菌迅速朝穗轴上下扩展,并且产生水浸状浅褐斑,湿度较大时,病斑处产生粉红色霉粉,影响籽粒灌浆,最终会引发籽粒发霉干瘪,严重影响小麦产量与品质。在赤霉病病菌积累的同时会产生以脱氧雪腐镰刀菌烯醇(DON)为主的毒素,引起人畜发烧、恶心、腹泻等症状,严重时还会影响生育能力,直接对人畜健康甚至生命安全造成威胁<sup>[5–6]</sup>。近年来,随着气候和耕作制度的变化,赤霉病流行区域不断扩大。相关数据显示,我国小麦赤霉病年发病面积 2005—2010 年达到 400 万  $\text{hm}^2$  左右,2011—2016 年则上升到 530 万  $\text{hm}^2$  以上。

小麦赤霉病是多基因控制的数量性状<sup>[7]</sup>,易受

环境等外界因素的影响,因此鉴定品种的赤霉病抗性一般需要在多环境下进行试验。赤霉病抗性类型可以分为 5 种:抗侵染(Type I)、抗扩展(Type II)、抗脱氧雪腐镰刀菌烯醇毒素(DON)积累(Type III)、籽粒抗性(Type IV)、耐病性(Type V),其中抗侵染和抗扩展被广泛研究<sup>[8–9]</sup>。赤霉病抗性鉴定时所采取的接种方法依据研究的抗性类型的不同而异,一般采用土表接种或者喷雾接种条件下病穗率(PIS)和病小穗率(PSS)的高低表示小麦抵抗病原菌侵染的能力,采用单花滴注法接种条件下病小穗率(PSS)的高低表示小麦抵御病原菌沿着小麦穗轴扩展的能力<sup>[10]</sup>。近期有研究认为以病粒率 FDK 评价籽粒抗性(Type IV)并不准确,且籽粒抗性(Type IV)与抗扩展(Type II)无显著关联<sup>[11]</sup>。

小麦的表型性状对赤霉病的侵染或蔓延有一定的影响,株高、小穗着生密度、生育期等农艺性状与赤霉病抗性之间的关系均有被报道,其中对株高与赤霉病抗性的相关性研究最为广泛。株高不仅会影响小麦的形态结构,还会对小麦的产量以及发病情况造成影响<sup>[12]</sup>。有学者认为植株高度与赤霉病抗性无直接相关性,推测株高对赤霉病抗性的影响可能是因为地表病原菌不容易侵染较高的品种,且植株越高穗部周围的空气湿度越低<sup>[13]</sup>。也有研究表明,小麦赤霉病与矮秆基因 *Rht-D1b* (*Rht2*) 存在相关性<sup>[14–15]</sup>。胡文静等研究扬麦 16 的抗赤

收稿日期:2021–06–21

基金项目:国家自然科学基金(编号:31901544)。

作者简介:胡文静(1984—),女,安徽芜湖人,硕士研究生,助理研究员,主要从事小麦抗赤霉病遗传与育种研究。E-mail:huren2008@126.com。

通信作者:张春梅,副研究员,主要从事小麦抗赤霉病育种研究。E-mail:Yzzhcm@163.com。

霉病遗传基础,在矮秆基因 *Rht2* 附近定位到一个赤霉病抗扩展位点 *QFhb. yaas. 4DS*<sup>[16]</sup>。对于小穗着生密度对赤霉病抗性的影响,姚金保等研究认为,病小穗率与小穗着生密度呈显著正相关<sup>[17-18]</sup>。孙阳阳等通过研究 N553 的赤霉病抗性遗传基础在 3B 染色体长臂上发现了一个同时与小穗着生密度和赤霉病抗性均显著相关的位点<sup>[13]</sup>。生育期在一定程度上会影响小麦赤霉病抗性的表现,Emrich 等研究表明小麦赤霉病抗性与生育期存在相关性,例如一些早熟品种由于开花-灌浆期间避开了赤霉病发病的高温高湿气候导致发病不充分<sup>[19-20]</sup>。由于生育期和赤霉病发病程度均受温度和湿度的影响较大,不同地区之间气候也有较大的差异,导致生育期与赤霉病抗性之间的关系各不相同,没有一致的结论。因此,一般对一系列小麦品种或者材料的赤霉病抗性进行研究时,选择在室内温度和湿度环境较一致的条件下进行,有利于客观评价它们受赤霉病侵染后的表现。本研究经过多年鉴定选择扬麦 4 号/偃展 1 号组合下的开花期基本一致的 49 个重组自交系材料作为研究对象,连续 2 年分别在 2 个独立的区域采用单花滴注和土表接种 2 种方式,研究小麦在受侵染后不同时期赤霉病的发生程度、发展速度及其与小穗着生密度、株高的相关性,为现有的小麦赤霉病抗性评价方式和抗赤霉病遗传改良提供一定的参考。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试材料

扬麦 4 号是江苏里下河地区农业科学研究所育成的小麦品种,偃展 1 号是河南省农民育种家徐才智育成的小麦品种。根据江苏省扬州市多年生育期鉴定结果选择来源于扬麦 4 号/偃展 1 号的  $F_9$  代重组自交系中开花期基本一致的 49 个家系作为供试材料。

### 1.2 田间试验

2019—2020 年和 2020—2021 年在江苏里下河地区农业科学研究所万福试验基地大棚进行试验,设置 2 块独立的大棚,互不干扰,一个作为单花滴注接种的区域(简称 A 区),另一个作为撒施病麦粒接种的区域(简称 B 区)。2019 年和 2020 年 11 月 20 日分别将 49 个家系播种于这 2 个区域,采用随机区组试验,每个家系播 2 行,行长 1 m,行距 20 cm,每行均匀撒播 30 粒种子,大棚内管理如施肥、除草、灌溉及虫害防治同常规大棚育种田,A 区和 B 区保持一

致。于小麦灌浆期调查供试材料的株高(plant height,简称 PH)、每穗结实小穗数(total spikelet number per spike,简称 TSS)和穗长(spike length,简称 SL),每个家系随机调查 10 个单株的主茎穗,取平均值,计算小穗着生密度(spikelet compactness,简称 SC),小穗着生密度=每穗结实小穗数/穗长。试验结果采用 2 年的平均值。

2020 年和 2021 年在 A 区和 B 区分别对供试材料进行赤霉病接种。参照 Yu 等的方法制备赤霉菌孢子悬浮液( $1 \times 10^5 \sim 5 \times 10^5$  个/mL)<sup>[21]</sup>。

接种方法:A 区采用单花滴注法接种,于家系开花当天,每个家系随机挑选 20 个穗子贴上标签,用接种器吸取 10  $\mu$ L 孢子液注入麦穗自顶部小穗开始自上而下第 6 个小穗的任意一个小花中,每个材料接种 20 个穗子,接种后采用人工弥雾持续保湿(每天 09:00 开始至 16:00 点结束,每隔 0.5 h 弥雾 5 min)。B 区采用土表接种,于小麦抽穗前 1 个月,分 2 次撒施本麦区强致病力禾谷镰刀菌株混合培养的病麦粒,每次 5 kg/亩( $1 \text{ hm}^2 = 15$  亩),撒施病麦粒后每次分别喷水 1~2 h,保持土壤水分,以有利于子囊壳形成。抽穗开始采用人工持续弥雾保湿(每天 09:00 开始至 16:00 结束,每隔 0.5 h 弥雾 5 min),于小麦开花初期,每个家系随机挑选 20 个穗子贴上标签。

因为本试验选择的 49 个家系开花时间一致,单花滴注接种小花即在开花当天进行,土表接种下设定开花当天赤霉病开始侵染小花,因此,可将开花当天视为 2 种接种方式下赤霉病侵染的起始时间。A 区在开花即接种后 14、28、42 d 时,分别调查标签穗的病小穗数,计算病小穗率。病小穗率:PSS = 发病小穗数(symptomatic spikelets,简称 SS)/每穗结 TSS  $\times 100\%$ 。B 区则在开花后 14、28、42 d 时,分别调查标签穗的病小穗数,计算病小穗率公式同上。试验结果采用 2 年的平均值分析。

### 1.3 表型数据处理

利用 Microsoft Excel 2016 对试验获得的病小穗数、病小穗率等数据进行方差分析、*t* 检验、直方图作图、相关性分析和描述性统计分析。

## 2 结果与分析

### 2.1 病小穗率表现

由表 1 可见,单花滴注接种条件下 14、28、42 d 时群体病小穗率显著高于土表接种条件下相同时

表 1 2 种接种方式下开花后不同时期群体的病小穗率表现

指标	单花滴注接种下病小穗率(%)			土表接种下病小穗率(%)		
	开花后 14 d	开花后 28 d	开花后 42 d	开花后 14 d	开花后 28 d	开花后 42 d
平均	28.36	56.71	73.50	19.20	29.27	46.51
方差	305.25	621.02	314.07	135.97	164.10	383.62
峰度	-0.77	-1.15	-0.68	18.75	7.66	-0.68
偏度	0.64	-0.02	-0.18	3.75	2.25	0.66
最小值	5.64	15.31	36.87	7.41	10.59	16.97
最大值	65.65	100	100	83.15	86.76	89.88

期的病小穗率。单花滴注接种条件下的 28 d 时病小穗率已有达到 100% 的家系,而土表接种条件下直到 42 d 时也没有病小穗率达到 100% 的家系。

由图 1 可知,单花滴注接种条件下,接种后 14 d 时的病小穗率小于 50% 的占多数,只有 8 个家系的病小穗率大于 50%;接种后 28 d 时的病小穗率大于 50% 的有 28 个家系;接种后 42 d 时病小穗率大于 50% 的达到 42 个,占 85.71%。由图 2 可知,土表接种下,开花后 14 d 时的病小穗率小于 50% 的占绝

多数,只有 1 个家系的病小穗率大于 50%;开花后 28 d 时病小穗率大于 50% 的也只有 3 个家系,开花后 42 d 时病小穗率大于 50% 的有 18 个,占 36.73%。

2.2 病小穗率相关性分析

将接种后各个时期群体病小穗率进行所有数据的相关性分析,发现单花滴注的不同时期病小穗率之间存在极显著正相关关系,土表接种的不同时期病小穗率之间存在极显著正相关关系;而单花滴注接种和土表接种的病小穗率之间相关性不显著(表 2)。

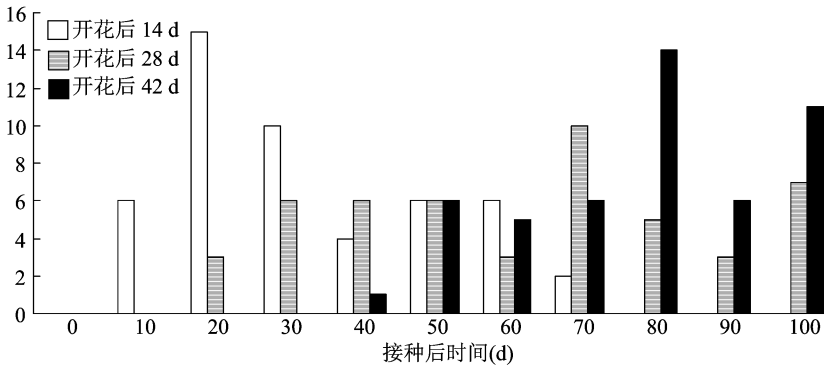


图1 单花滴注接种后不同时期群体的病小穗率表现

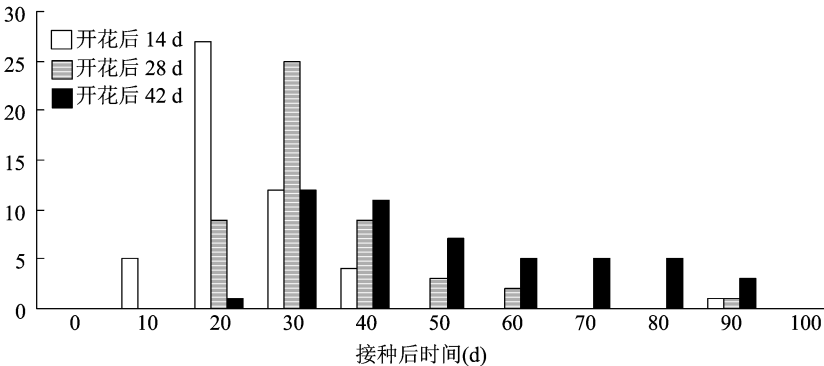


图2 土表接种后不同时期群体的病小穗率表现

2.3 赤霉病发展速度以及与小穗着生密度和株高的相关性分析

以单花滴注接种后 14 d 时的病小穗率为  $\Delta PSS1$  以表示第 1 个 14 d 群体赤霉病的发展速度,接种后 28 d 时的病小穗率与接种后 14 d 时病小穗

率的差值为  $\Delta PSS2$  以表示第 2 个 14 d 群体赤霉病的发展速度,接种后 42 d 时的病小穗率与接种后 28 d 时的病小穗率的差值为  $\Delta PSS3$  以表示第 3 个 14 d 群体赤霉病的发展速度。以土表接种条件下开花后 14 d 时的病小穗率为  $\Delta PSS1$  以表示第 1 个

表 2 2 种接种方式下开花后不同时期群体的病小穗率相关性分析

接种方式	时间	单花滴注			土表接种		
		开花后 14 d	开花后 28 d	开花后 42 d	开花后 14 d	开花后 28 d	开花后 42 d
单花滴注	开花后 14 d	1					
	开花后 28 d	0.768 **	1				
	开花后 42 d	0.711 **	0.817 **	1			
土表接种	开花后 14 d	0.001	-0.048	-0.164	1		
	开花后 28 d	0.165	0.060	-0.052	0.820 **	1	
	开花后 42 d	0.220	0.311	0.157	0.407 **	0.566 **	1

注：“\*\*”表示在 0.01 水平上差异显著,下表同。

14 d 群体赤霉病的发展速度,开花后 28 d 时的病小穗率与开花后 14 d 时的病小穗率的差值为  $\Delta PSS2$  以表示第 2 个 14 d 群体赤霉病的发展速度,开花 42 d 后的病小穗率与开花后 28 d 时的病小穗率的差值为  $\Delta PSS3$  以表示第 3 个 14 d 群体赤霉病的发展速度。将这六者与测量和计算得到的群体株高和小穗着生密度进行所有数据的相关性分析,结果如表 3 所示。单花滴注条件下  $\Delta PSS1$  和  $\Delta PSS3$ 、

$\Delta PSS2$  和  $\Delta PSS3$  分别存在极显著负相关关系,而土表接种下  $\Delta PSS1$ 、 $\Delta PSS2$  和  $\Delta PSS3$  之间均未达到显著性相关。小穗着生密度和株高之间存在极显著负相关关系;土表接种下赤霉病发展速度与小穗着生密度存在正相关关系,与株高存在负相关关系,但均未达到显著性水平;单花滴注接种下赤霉病发展速度与小穗着生密度和株高均无一致的相关性。

表 3 赤霉病发展速度之间以及与小穗着生密度和株高的相关性

接种方式	指标	单花滴注			土表接种			小穗着生密度	株高
		$\Delta PSS1$	$\Delta PSS2$	$\Delta PSS3$	$\Delta PSS1$	$\Delta PSS2$	$\Delta PSS3$		
单花滴注	$\Delta PSS1$	1							
	$\Delta PSS2$	0.103	1						
	$\Delta PSS3$	-0.447 **	-0.623 **	1					
土表接种	$\Delta PSS1$	0.001	-0.075	-0.118	1				
	$\Delta PSS2$	0.283	-0.032	-0.099	-0.156	1			
	$\Delta PSS3$	0.135	0.361	-0.280	-0.156	0.062	1		
	小穗着生密度	-0.198	0.235	0.029	0.053	0.070	0.209	1	
	株高	0.170	-0.244	0.052	-0.029	-0.062	-0.130	-0.383 **	1

3 讨论与结论

3.1 2 种接种方式下小麦赤霉病的发展程度和速度比较

群体在单花滴注接种条件下各个时期的赤霉病发展程度整体重于土表接种条件下。接种后 14~28 d 时,单花滴注接种条件下病小穗率大于 50%的家系增加了 20 个,28~42 d 时,大于 50%的家系增加了 14 个;开花后 14~28 d 时,土表接种条件下病小穗率大于 50%的家系增加了 2 个,28~42 d 时,病小穗率大于 50%的家系增加了 15 个。说明单花滴注接种下群体的赤霉病发生速度在接种后 14~28 d 时最快,往后到 42 d 时速度下降。土表接种条件下群体的赤霉病发生速度在开花后

14~28 d 时最慢,往后到 42 d 时速度上升。由表 1 可知,土表接种条件下的赤霉病发生程度始终轻于单花滴注条件下,单花滴注接种下的 28 d 时病小穗率已有达到 100%的,土表接种条件下直到 42 d 时也没有病小穗率达到 100%的家系,这与 Yan 等的研究结果<sup>[22]</sup>一致。这可能与试验材料抗病类型和遗传基础有关,有待进一步研究。

3.2 2 种接种方式下小麦赤霉病的发展程度相关性比较

相关性分析结果表明,同一接种条件下不同时期的病小穗率之间均存在极显著的正相关关系,而单花滴注接种和土表接种这 2 种方式的病小穗率之间不存在极显著相关性,说明这两者反映的小麦的抗赤霉病类型本质不同,前者只反映接种点在穗轴

上扩展的程度,无自然侵入的类型,后者在 14 d 时基本反映的是抗自然侵入能力,14 d 之后反映的是抗侵入和抗扩展的综合能力。已有报道表明,小麦赤霉病抗性受主效基因和微效基因共同控制<sup>[23-25]</sup>,抗扩展和抗侵染分别由不同的基因控制,控制抗扩展的主效基因有 *Fhb1*<sup>[26]</sup>、*Fhb2*<sup>[27]</sup> 等,控制抗侵染的主效基因有 *Fhb4*<sup>[28]</sup>、*Fhb5*<sup>[29]</sup> 等。

### 3.3 2 种接种方式下小麦赤霉病的发展速度之间及其与小穗着生密度和株高相关性比较

结果表明,单花滴注条件下  $\Delta$ PSS1 和  $\Delta$ PSS3、 $\Delta$ PSS2 和  $\Delta$ PSS3 分别存在极显著负相关关系,而土表接种下各个时期的赤霉病发展速度之间无显著相关性,说明在单花滴注接种方式下最后阶段赤霉病的发展速度可能受前面 2 个阶段速度的影响。以往大多通过病小穗率的绝对值来研究赤霉病抗性与小穗着生密度和株高的关系,陈士强等通过撒施病麦粒接种的方法研究表明株高较高的材料赤霉病抗性好,小穗密度与病小穗率呈正相关,但并没有达到显著水平<sup>[30]</sup>。本试验首次利用病小穗率在 3 个时期的差值作为赤霉病发展速度来研究赤霉病抗性与 2 个性状的关系,更加能够直观和准确地反映赤霉病的动态变化与株高和小穗着生密度的关系。结果发现,土表接种下赤霉病发展速度与小穗着生密度存在正相关关系,与株高存在负相关关系,但是均未达到显著水平;单花滴注接种下赤霉病发展速度与小穗着生密度和株高均无一致的相关性。

本试验选择扬麦 4 号和偃展 1 号杂交后的开花期一致的 49 份重组自交系材料为研究对象,分析单花滴注和土表接种后的病小穗率绝对值和动态变化情况。结果表明单花滴注接种下群体的赤霉病发生速度在接种后 14 ~ 28 d 时最快,接种后 28 ~ 42 d 时速度下降;土表接种条件下群体的赤霉病发生速度在开花后 14 ~ 28 d 时最慢,往后到开花后 42 d 的时候速度上升。该群体在土表接种条件下的赤霉病发生程度整体轻于单花滴注条件下。单花滴注条件下最后阶段赤霉病的发展速度可能受前面 2 个阶段速度的影响,土表接种条件下则无此显著规律,两者反映小麦的抗赤霉病类型本质不同。2 种接种方式下群体的赤霉病发展速度与株高和小穗着生密度均不存在显著性相关关系。

#### 参考文献:

[1] 李圣军. 世界小麦产销格局及演变分析[J]. 粮食问题研究,

2017(6):9-15.

- [2] 刘志勇,王道文,张爱民,等. 小麦育种行业创新现状与发展趋势[J]. 植物遗传资源学报,2018,19(3):430-434.
- [3] Buerstmayr H, Ban T, Anderson J A. QTL mapping and marker-assisted selection for *Fusarium* head blight resistance in wheat: a review[J]. Plant Breeding, 2009, 128(1):1-26.
- [4] 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, 16(4):242-248.
- [5] 史建荣,仇剑波,董飞,等. 小麦镰刀菌毒素及其发生风险研究进展[J]. 麦类作物学报, 2016, 36(2):129-135.
- [6] Yin Y, Liu X, Li B, et al. Characterization of sterol demethylation inhibitor-resistant isolates of *Fusarium asiaticum* and *F. graminearum* collected from wheat in China [J]. Phytopathology, 2009, 99(5):487-497.
- [7] 刘东军,宋维富,杨雪峰,等. 小麦 *Fhb1* 基因定位、克隆及其在抗赤霉病育种中利用的研究进展[J]. 作物杂志, 2020(4):16-20.
- [8] 苏双飞,许峰,张从宇,等. 145 份小麦品种(系)的赤霉病抗性评价[J]. 安徽科技学院学报, 2015, 29(2):13-19.
- [9] 程顺和,杨士敏,张伯桥,等. 小麦对赤霉病的抗扩展性鉴定方法的研究[J]. 中国农业科学, 1994, 27(2):45-49.
- [10] 张彬,李金秀,王震,等. 黄淮南片麦区主栽小麦品种对赤霉病抗性分析[J]. 植物保护, 2018, 44(2):190-194, 198.
- [11] Gong X A, He X Y, Zhang Y H, et al. Development of an evaluation system for *Fusarium* resistance in wheat grains and its application in assessment of the corresponding effects of *Fhb1* [J]. Plant Disease, 2020, 104(8):2210-2216.
- [12] 姜朋,何漪,张旭,等. 宁麦 9 号与扬麦 158 株高及其构成因素的遗传解析[J]. 作物学报, 2020, 46(6):858-868.
- [13] 孙阳阳,张勇,胡文静,等. 小麦“N553 × 扬麦 13”RIL 群体小穗密度、株高及赤霉病抗性 QTL 分析[J]. 麦类作物学报, 2017, 37(7):880-889.
- [14] Xue S L, Xu F, Li G Q, et al. Fine mapping *TaFLW1*, a major QTL controlling flag leaf width in bread wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2013, 126(8):1941-1949.
- [15] Yi X, Cheng J Y, Jiang Z N, et al. Genetic analysis of *Fusarium* head blight resistance in CIMMYT bread wheat line C615 using traditional and conditional QTL mapping [J]. Frontiers in Plant Science, 2018, 9:573.
- [16] 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):157-165.
- [17] 姚金保,葛永福,周朝飞,等. 小麦赤霉病抗性与若干农艺性状的相关性研究[J]. 江苏农业科学, 1995, 23(6):13-16.
- [18] 陆成彬,范金平,印娟,等. 小麦主要农艺性状对赤霉病抗性的影响[J]. 安徽农业科学, 2013, 41(3):1091-1092, 1095.
- [19] Emrich K, Wilde F, Miedaner T, et al. REML approach for adjusting the *Fusarium* head blight rating to a phenological date in inoculated selection experiments of wheat [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2008, 117(1):65-73.
- [20] Malhipour A, Gilbert J, Fedak G, et al. Characterization of

赵统利,王江英,葛金涛,等. 观食兼用百合生产技术规程[J]. 江苏农业科学,2022,50(6):112-115.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2022.06.018

# 观食兼用百合生产技术规程

赵统利<sup>1</sup>,王江英<sup>1</sup>,葛金涛<sup>1</sup>,朱朋波<sup>1</sup>,汤雪燕<sup>1</sup>,陈翠竹<sup>2</sup>,孙明伟<sup>1</sup>

(1. 连云港市农业科学院,江苏连云港 222006; 2. 连云港市耕地质量保护站,江苏连云港 222003)

**摘要:**观食兼用型百合作为新产业、新业态、新模式的特色产业,其种植面积不断扩大,有力地助推了富民强县和乡村振兴工程的发展,可有效促进农民持续增收,生态环境健康发展。因观食兼用百合的研究起步较晚,种植户只能根据食用百合或观赏百合的种植技术进行生产,导致产品质量参差不齐、商品性差等情况,严重影响生产者种植效益。通过研究总结观食百合的生长特性及采收过程,在多年观食兼用型百合生产技术研究与示范的基础上,总结出观食兼用百合生产的土壤和种球选择,定植,田间管理,病虫害防治,切花采收、分级与包装,花后管理,商品球收获、贮藏与运输各环节的标准生产技术。

**关键词:**观食兼用型百合;技术规程;农民增收;乡村振兴

**中图分类号:**S682.2<sup>+</sup>65.04;S682.2<sup>+</sup>65.09

**文献标志码:**A

**文章编号:**1002-1302(2022)06-0112-04

观食兼用型百合属于百合科百合属(*Lilium* L.),具有观赏价值高且抗性强等特性,经过食用性评价,可作为食品开发应用的种或品种<sup>[1]</sup>。观食兼

用型百合花和鳞茎含有丰富的蛋白质、磷脂、氨基酸等营养成分,具有提高免疫、滋阴养肺、安神补脑等功效<sup>[2-3]</sup>;同时因其花姿雅致,寓意吉祥,广泛应用于切花及盆栽等方面销往世界各地<sup>[4-5]</sup>。观食兼用型百合其地上部分可作切花销往各地,地下鳞茎可作食用百合商品进行开发销售,从而提高了百合的利用率,提升了附加值,进一步提升了百合市场的竞争力。观食兼用百合作为新产业、新业态、新模式的特色产业,有力地助推了富民强县和乡村振兴工程的发展,为美丽乡村建设提供了实施样板,可有效促进农民持续增收、生态环境健康发展<sup>[6-8]</sup>,

收稿日期:2021-08-25

基金项目:江苏省政策引导类计划(苏北科技专项)(编号:SZ-LYG202039);江苏省农业科技自主创新资金项目[编号: CX(20)3025]。

作者简介:赵统利(1967—),男,江苏连云港人,硕士,研究员,主要从事花卉选育和栽培技术研究。E-mail:zt1696@sina.com。  
通信作者:孙明伟,硕士,副研究员,主要从事百合育种及种球繁育研究。E-mail:sunmingweihappy@163.com。

agronomic traits in a population of wheat derived from *Triticum timopheevii* and their association with *Fusarium* head blight [J]. European Journal of Plant Pathology, 2016, 144 (1): 31-43.

[21] Yu J B, Bai G H, Cai S B, et al. Marker-assisted characterization of Asian wheat lines for resistance to *Fusarium* head blight [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2006, 113 (2): 308-320.

[22] Yan H S, Li G Q, Shi J X, et al. Genetic control of *Fusarium* head blight resistance in two Yangmai 158-derived recombinant inbred line populations [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2021, 134 (9): 3037-3049.

[23] Bal G. Scab of wheat: prospects for control [J]. Plant Disease, 1994, 78 (8): 760.

[24] Mardi M, Buerstmayr H, Ghareyazie B, et al. QTL analysis of resistance to *Fusarium* head blight in wheat using a 'Wangshuibai'-derived population [J]. Plant Breeding, 2005, 124 (4): 329-333.

[25] 薛树林, 安霞, 李国强, 等. 一种同时评价小麦抗赤霉病侵入和扩展的策略 [J]. 分子植物育种, 2010, 8 (3): 478-482.

[26] 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): 1465-1472.

[27] 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): 429-437.

[28] Xue S L, Li G Q, Jia H Y, 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): 147-156.

[29] Xue S L, Xu F, Tang M Z, 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): 1055-1063.

[30] 陈士强, 张容, 王建华, 等. 小麦赤霉病抗性与其株高及穗部性状的相关性研究 [J]. 江西农业学报, 2020, 32 (6): 23-29.