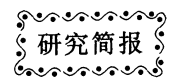


DOI: 10.3724/SP.J.1006.2012.01339



12 个小麦品种(系)白粉病抗性的遗传分析

宋风景¹ 肖明纲¹ 黄江^{1,2,3} 王晓鸣¹ 朱振东¹ 武小菲¹ 李洪杰^{1,*}

¹ 中国农业科学院作物科学研究所 / 农作物基因资源与基因改良国家重大科学工程, 北京 100081; ² 中国科学院遗传与发育生物学研究所农业资源研究中心农业水资源重点实验室, 河北石家庄 050021; ³ 中国科学院研究生院, 北京 100049

摘 要: 利用 17 个不同来源和毒力的白粉菌菌株对 12 个小麦品种(系)进行抗性鉴定和抗病性遗传分析, 同时利用 *Pm2* 和 *Pm8* 基因的特异分子标记检测了相应基因。供试的 12 个品种至少能够抗 11 个白粉菌菌株。用 E09、E20 和 Bg2 菌株接种 F_2 群体, 抗感植株分离比例和适合性测验证明这 12 个品种对不同白粉菌菌株的抗性均受 1 对显性基因控制。抗谱分析和基因紧密连锁分子标记(*Xcfd81*)分析表明良星 66 很可能含有 *Pm2* 或其等位基因。 ω -黑麦碱基因(1RS 染色体)和 *Glu-B1* 基因(1BS 染色体)特异分子标记分析结果证明, 山农 20 和郑麦 9962 含有 T1BL·1RS 易位染色体, 即可能携带 *Pm8* 基因。由于 *Pm8* 基因对大多数菌株表现感病, 所以这 2 个品种除 *Pm8* 外, 还具有其他抗病基因。偃展 4110 与天民 668 对参试菌株的反应型表现一致, 其他材料对不同菌株的反应型表现不同。

关键词: 小麦; 白粉病; 抗病基因; 遗传分析

Inheritance of Resistance to Powdery Mildew in 12 Wheat Varieties (Lines)

SONG Feng-Jing¹, XIAO Ming-Gang¹, HUANG Jiang^{1,2,3}, WANG Xiao-Ming¹, ZHU Zhen-Dong¹, WU Xiao-Fei¹, and LI Hong-Jie^{1,*}

¹ Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences / National Key Facility for Crop Gene Resources and Genetic Improvement, Beijing 100081, China; ² Key Laboratory of Agricultural Water Resources, Center for Agricultural Resources Research, Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Sciences, Shijiazhuang 050021, China; ³ Graduate School of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China

Abstract: Wheat powdery mildew, caused by the biotrophic parasitic fungus *Blumeria graminis* (DC.) f. sp. *tritici* E.O. Speer, is one of the most epidemic diseases in many wheat (*Triticum aestivum* L.) producing regions in China and other parts of the world. The information on inheritance of resistance to powdery mildew in commercial wheat cultivars is important for controlling the disease and developing new resistant cultivars. In the present study, 17 isolates of *B. graminis* were used to analyze test seedling reactions to powdery mildew in 12 wheat varieties (lines). Molecular detection was performed to detect the presence of *Pm2* and *Pm8* for powdery mildew resistance. All of the 12 wheat cultivars were resistant to at least 11 isolates tested. Isolates E09, E20, and Bg2 were used to test the F_2 populations for analyzing the inheritance of powdery mildew resistance in these wheat varieties (lines). The reactions to different isolates of *B. graminis* and analysis of amplification with *Pm2*-linked marker *Xcfd81* showed that *Pm2* or its allele was most likely present in Liangxing 66. Using ω -secalin gene- and *Glu-B1* gene-specific markers on chromosome arms 1RS and 1BS, respectively, the presence of T1BL·1RS translocation chromosome carrying *Pm8* was detected in Shannong 20 and Zhengmai 9962. Since *Pm8* was not effective against most isolates tested in this study, other unknown genes for powdery mildew resistance could be present in Shannong 20 and Zhengmai 9962 in addition to *Pm8*. The reaction patterns of Yanzhan 4110 and Tianmin 668 were identical. The remaining cultivars developed different patterns of reaction to the *B. graminis* isolates tested.

Keywords: Wheat; Powdery mildew; Resistance gene; Inheritance

本研究由中央级公益性科研院所基本科研业务费专项(20105), 国家现代农业产业技术体系建设项目(CARS-3-1)和国家转基因生物新品种培育重大专项(2009ZX08002-006B)的资助。

* 通讯作者(Corresponding author): 李洪杰, E-mail: hongjie@caas.net.cn

第一作者联系方式: E-mail: lcsfj1130@163.com

Received(收稿日期): 2011-12-30; Accepted(接受日期): 2012-04-16; Published online(网络出版日期): 2012-05-11.

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.1809.S.20120511.1821.033.html>

由小麦白粉菌[*Blumeria graminis* (DC.) f. sp. *tritici* E.O. Speer]引起的白粉病是影响我国小麦生产的重要病害之一。白粉病早年间在我国西南地区 and 东南地区偶有发生,目前在很多地区已从次要病害上升为主要病害,成为限制小麦丰产的重要因素之一^[1]。化学药剂防治虽有一定的效果,但利用寄主抗性不但可以有效地减轻白粉病的危害,而且还能减少化学药剂施用导致的环境污染,降低生产成本。因此,在白粉病危害严重的地区,白粉病抗性一直是小麦育种的一个重要的选择目标。

迄今,正式命名的抗白粉病基因包括 44 个位点上的 61 个基因或等位基因(<http://wheat.pw.usda.gov/>)。其中, *Pm2*、*Pm4a*、*Pm4b*、*Pm6*、*Pm8*、*Pm2+6* 和 *Pm21* 等抗病基因在我国小麦品种抗白粉病育种发挥了重要作用^[1-5]。这些抗病基因来源于普通小麦及其近缘种或近缘属植物。由于普通小麦的推广品种具有优良的遗传背景,没有或很少带有与抗病基因相连锁的不利性状基因,所以这样的品种所携带的抗病基因更容易被利用。另外,抗病性强的小麦品种既可以作为推广的品种,在生产上直接发挥防控白粉病的作用,又可以作为优良的抗病基因供体,为持续选育抗病品种提供优异的抗源。

我国生产上种植的小麦品种比较多,每年还有很多新品系参加区域试验,这些品种或品系的遗传背景不同,产量和农艺性状较好,为发掘抗病新种质提供了大量的优异材料^[6]。近年来,我们利用不同来源和毒力的白粉菌菌株对数千份(次)小麦品种和种质资源进行了白粉病抗性鉴定,从中发现一批具有良好抗病性的小麦品种或品系^[7]。本研究的目的是对前期研究所发现的 12 个优良小麦品种(系)的抗病性进行遗传分析,为进一步定位和利用其抗白粉病基因奠定基础。

1 材料与方法

1.1 材料

所用的小麦材料包括 12 个近年来培育的小麦新品种或新品系(表 1),感病对照品种为京双 16 和中作 9504, 31 个含有已知抗白粉病基因或抗病基因组合的品种或品系作为白粉菌毒力型分析的鉴别寄主。17 个不同毒力型的白粉菌菌株采自北京、河北、河南、山东、江苏、云南等地区,经单孢子堆分离培养后作为接种菌株。

1.2 小麦品种(系)的抗病性鉴定

2010 年 10 月至 12 月在中国农业科学院作物科学研

表 1 供试材料的系谱和来源

Table 1 Pedigrees and sources of the wheat varieties (lines) tested in this study

品种 Variety (line)	审定年份 Year of release	系谱 Pedigree	选育单位 Origin
冀麦 585 Jimai 585	2011 年国家审定 Released in 2011	太谷核轮回群体选择 Recurrent selection from Taigu nucleic sterile population PH82-2-2/954072	河北省农林科学院粮油作物研究所 Institute of Cereal Crops, Hebei Academy of Agricultural Sciences
山农 20 Shannong 20	2010 年国家审定 Released in 2010		山东农业大学 Shandong Agricultural University
良星 66 Liangxing 66	2008 年国家审定 Released in 2008	济 91102/济 935031 Ji 91102/Ji 935031	山东良星种业有限公司 Shandong Liangxing Seed Co., Ltd.
偃展 4110 Yanzhan 4110	2003 年国家审定 Released in 2003	89(35)-14/矮早 781-4 89(35)-14/Aizao 781-4	河南省豫西农作物品种展览中心 West Henan Crop Cultivar Exhibition Centre, Henan Province
汶农 14 Wennon 14	2010 年山东审定 Released in 2010	84139/9215/876161	泰安市大汶口农业科学技术研究所 Dawenkou Institute of Agricultural Science and Technology, Tai'an
陕垦 6 号 Shaanken 6	2009 年陕西审定 Released in 2009	兰考 906/小偃 22 Lankao 906/Xiaoyan 22	陕西省杂交油菜研究中心 Shaanxi Hybrid Oilseed Research Centre
郑麦 9962 Zhengmai 9962	2009 年河南审定 Released in 2009	太谷核小麦轮回选择 Recurrent selection from Taigu nucleic sterile population	河南省农科院小麦研究中心 Wheat Research Centre, Henan Academy of Agricultural Sciences
新麦 18 Xinmai 18	2004 年河南审定 Released in 2004	新麦 9 号/C5-3577/Vtm/新 3380 Xinmai 9/C5-3577/Vtm/Xin 3380	新乡市农业科学院 Xinxiang Academy of Agricultural Sciences
豫同 213 Yutong 213	未审定 Not commercialized	豫同 213-0-2 诱变后代 Progeny of mutation treated Yutong 213-0-2	河南省科学院同位素研究所有限责任公司 Henan Academy of Sciences Tongweisuo Research Institute Co., Ltd.
天民 668 Tianmin 668	未审定 Not commercialized	R81//百农 64/小偃 135 R81//Bainong 64/Xiaoyan 135	河南天民种业有限公司 Henan Tianmin Seed Co., Ltd.
中麦 155 Zhongmai 155	未审定 Not commercialized	济南 19/鲁麦 21 Jinan 19/Lumai 21	中国农业科学院作物科学研究所 Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences
中麦 5363 Zhongmai 5363	未审定 Not commercialized	济麦 19/丰优 3 号 Jimai 19/Fengyou 3	中国农业科学院作物科学研究所/棉花研究所 Institute of Crop Sciences / Institute of Cotton, Chinese Academy of Agricultural Sciences

研究所温室鉴定苗期抗病性, 将供试品种、鉴别寄主和感病对照品种按顺序播种于 5×10 孔的塑料育苗盘中, 每孔($5 \text{ cm} \times 5 \text{ cm}$)播 10 粒, 当植株第 1 片叶完全展开后, 采用扫拂法接种在感病品种中作 9504 上新繁殖的白粉菌分生孢子, 保湿 24 h, 然后在 $18 \sim 20^\circ\text{C}$ 条件下培养植株。接种后 10~15 d 待感病对照品种充分发病时, 采用 0~4 级标准调查第 1 片叶的反应型(IT), 其中 0~2 为抗病(R), 3~4 为感病(S) [8]。

在中国农业科学院作物科学研究所北京昌平试验站鉴定成株期抗病性, 每品种单行播种, 行长 1 m, 每行 50 粒, 两边各留 1 行感病对照, 同时在试验区四周播种中作 9504 作为接种行。小麦返青后, 在接种行和供试品种上接种 E09 (华北地区的优势菌株) 和 Bg2 (采自河南省郑州市) 混合菌株。乳熟期采用 0~9 级标准调查病害的反应型, 其中 0 级为免疫(IM), 1~2 级为高抗(HR), 3~4 级为中抗(MR), 5~6 级为中感(MS), 7~9 级为高感(HS) [8]。

1.3 小麦品种(系)抗病性的遗传分析

用 12 份供试材料分别与感病品种京双 16 或中作 9504 杂交, 产生 F_2 分离群体(分别为 212~306 株不等), 在苗期用 E09、E20 和 Bg2 菌株分别接种各 F_2 群体及感病对照中作 9504、京双 16, 待感病对照品种充分发病时调查每个 F_2 植株第 1 片叶的反应型 [8]。计算各群体抗、感个体的分离比例, 用 SAS 8.2 软件(SAS Institute, Raleigh, NC, USA)计算分离比例的 χ^2 值和概率值, 进行分离比例的适合性测验。

1.4 抗白粉病基因的分子检测

利用与抗白粉病基因 *Pm2* 紧密连锁的分子标记 (*Xcfd81F*: 5'-TATCCCCAATCCCCTCTTTC-3'; *Xcfd81R*: 5'-GTCAATTGTGGCTTGTCCT-3')检测供试小麦品种中 *Pm2* 基因的存在 [9]。*Pm8* 基因来自黑麦(*Secale cereale* L.), 位于小麦-黑麦易位染色体 T1BL·1RS 的黑麦 1RS 染色体上。1RS 染色体上的 ω -黑麦碱基因(ω -sec-P1: 5'-ACC TCCTCATCTTTGTCCT-3'; ω -sec-P2: 5'-CCGATGCCTATAC CACTACT-3')和 1BS 上的 *Glu-B1* 基因(011B3F: 5'-GTTGCT GCTGAGGTTGGTTC-3'; 011B3R: 5'-GTTGCTGCTGAGGT TGGTTC-3')的特异标记结合起来用于检测 T1BL·1RS [10]。

PCR 反应在 T3000 Thermocycler 多功能扩增仪 (Biometra 公司, 德国)上进行。PCR 反应混合液体积为 25 μL , 其中包含 50 ng 模板 DNA, 0.2 $\mu\text{mol L}^{-1}$ 引物, 150 $\mu\text{mol L}^{-1}$ dNTPs, 10 \times 缓冲液和 1 U *Taq* 酶。反应程序为 94°C 预变性 5 min; 94°C 1 min, $52 \sim 63^\circ\text{C}$ (因引物而异) 1 min, 72°C 1 min, 38 个循环; 最后 72°C 延伸 10 min。采用 8% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳和 1% 琼脂糖凝胶电泳分别检测 *Pm2* 和 T1BL·1RS 的 PCR 扩增产物。

2 结果与分析

2.1 小麦品种(系)苗期和成株期的抗性表现

苗期 17 个白粉菌菌株对 29 个鉴别寄主有不同的反应, 其中 E09、E16、E20、E21、Bg2 和 Bg32 对 12 个品

种都没有毒性, Bg24、Bg30、Bg37 和 Bg38 对半数以上的供试材料具毒性, 特别是 Bg37 菌株对 10 个品种都具有毒性。供试的鉴别寄主在 17 个白粉菌菌株之间产生不同的反应型(表 2)。感病对照京双 16 和中作 9504 对所有供试菌株都表现感病。

12 个供试品种(系)对 17 个白粉菌菌株表现不同的反应型组合(表 3)。这些品种至少能抗 11 个菌株, 山农 20 的抗性最好, 能够抗 16 个菌株, 只对毒性较强的 Bg37 菌株表现感病, 该品种与 *Pm2* (*Ulka/8*CC*)对 E18 菌株的反应不同。良星 66 对 15 个菌株表现抗病, 对 E18 和 Bg37 表现感病, 它的反应型与 *Pm2* 一致。汶农 14 对参试菌株的反应型与 *Mlxbd* 相似, 只对 Bg36 菌株的反应上存在差异(表 2 和表 3)。其他参试品种对白粉菌的反应型与已知抗病基因的反应型不同。偃展 4110 与天民 668 的反应型相同, 新麦 18 与这个品种在对 Bg38 菌株的反应型上不同, 但对其他菌株的反应相同。郑麦 9962 与豫同 213 除了对 Bg38 菌株的反应不同之外, 对其他菌株的反应相同; 而郑麦 9962 与陕肯 6 号的区别在于对 E11 菌株的反应(表 3)。其他材料的抗谱与已知抗病基因的抗谱均不相同(表 2 和表 3)。

田间接种 E09 和 Bg2 混合菌株, 12 个品种的反应型均为 1 或 2 级, 表现高抗(表 3)。

2.2 小麦品种(系)抗白粉病的遗传控制

12 个供试品种对 E09、E20 和 Bg2 菌株的反应型均表现为 0 或 0₁, 而感病亲本京双 16 和中作 9504 对这 3 个菌株的反应型均呈 3 级或 4 级。根据各供试品种与京双 16 或中作 9504 配制的杂种 F_2 植株对 E09、E20 和 Bg2 菌株的反应型, 这些群体对 3 个菌株的抗、感植株比例都符合 3:1 的分离比(表 4)。说明这些品种(系)对 E09、E20 和 Bg2 菌株的抗性均受 1 对显性单基因控制。

2.3 抗病基因的分子检测

分子标记 *Xcfd81* 检测结果表明, 山农 20、良星 66、汶农 14、中麦 155 和中麦 5363 与鉴别寄主 *Ulka/8*CC* (*Pm2*)的扩增片段相同, 其他 7 个小麦品种的扩增片段与 *Ulka/8*CC* (*Pm2*)均不同(图 1)。利用 1RS 上的 ω -黑麦碱基因特异引物在山农 20 和郑麦 9962 中获得 1 100 bp 的特异扩增片段, 而 1BS 上的 *Glu-B1* 基因特异引物没有扩增产物, 说明这 2 个品种具有 T1BL·1RS 易位染色体, 因此含有 *Pm8* 基因。其他 10 个品种的扩增结果则相反, 即 ω -黑麦碱基因的特异标记没有扩增片段, 而 *Glu-B1* 基因的特异引物扩增出 0.6 kb 的特异片段(图 2), 说明这些品种不具有 T1BL·1RS 易位染色体, 因此不含有 *Pm8* 基因。

3 讨论

抗病品种的培育 and 不同抗病基因的合理布局是持久控制小麦白粉病的一个重要措施。发现新的抗病品种, 发掘新的抗病基因是实现这一目标的关键。为此, 我们对近年来培育的一大批小麦品种或品系进行了大量的白粉病

表 2 含有已知抗白粉病基因的 29 个鉴别寄主苗期对 17 个小麦白粉菌菌株的反应型

Table 2 Infection types of differential sets including 29 known resistance genes to 17 isolates of wheat powdery mildew at seedling stage

鉴别寄主 Differential variety	基因 Gene	E03	E09	E11	E16	E18	E20	E21	E22	Bg2	Bg5	Bg12	Bg24	Bg30	Bg32	Bg36	Bg37	Bg38
Festival	<i>Pm1a</i>	0	4	3	4	3	0	0	3	4	0	0	4	0	0	3	4	0
	<i>Pm1c</i>	0	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	2	0
Ulka/8*CC	<i>Pm2</i>	0;	0	0;	0	3	0	0	0	0;	0	0	0	0;	0	0;	3	0
Asosan	<i>Pm3a</i>	3	4	3	3	4	3	3	3	3	3	3	0	3	4	3	3	3
CI 14121	<i>Pm3b</i>	0	3	3	3	3	4	0	3	3	3	0	3	4	3	3	3	4
Sonora/8*CC	<i>Pm3c</i>	3	3	4	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3
Courtot	<i>Pm3g</i>	3	3	3	3	3	3	0	3	3	3	3	4	3	3	3	3	3
Khaphi/8*CC	<i>Pm4a</i>	0	0	1	0	0	3	0	3	0	0	0	3	3	1	3	3	4
Armada	<i>Pm4b</i>	0;	0	0	1+0;	0	3	1+0;	3	0;	0	3	3	3	0	3	3	3
	<i>Pm4c</i>	0	0	3	0	0	3	0	0	1	0;	0	3	3	4	3	3	3
CI 14125	<i>Pm5a</i>	4	4	3	4	3	3	3	3	4	3	3	4	3	0	4	4	4
Fuzhuang 30	<i>Pm5e</i>	0;	0	3	0	0;	3	0	3	0	0	0;	0;	0	3	0;	0	3
Coker 747	<i>Pm6</i>	0	3	4	3	4	3	0	3	0	0	0	4	0	3	0	0	3
CI 141879	<i>Pm7</i>	3	4	3	3	4	3	3	4	0	3	4	3	3	4	3	4	4
PI 361879	<i>Pm8</i>	3	4	0	3	4	3	3	4	0	3	3	0	3	4	3	3	0
CI 14119	<i>Pm12</i>	0	0	3	0	3	1	0	0	2	3	0;	0	3	0	0;	0	0
<i>Pm13</i> /*6 Bainong 3217 F ₄	<i>Pm13</i>	0	0;	0	0;	0	0;	2	0;	0;	0;	0	3	1	0	0	0	3
96-283	<i>Pm16</i>	0	1	0	0	0	0;	0	2	0	0	0;	0	2	0	0;	0	0
Amigo	<i>Pm17</i>	3	0	0	1	0	0	0	1	3	0	0	0	0	0	0	0	0;
96-286	<i>Pm19</i>	3	4	3	3	3	4	3	3	3	4	3	0	2	4	0	0	2
96-287	<i>Pm20</i>	1	0	0	2	0	0	0	1	0	0	0	3	0;	0	0;	0	3
R77/6* Bainong 3217	<i>Pm21</i>	0;	0	0;	0	0	0;	0	0	0;	0;	0	0	1+0;	0	0;	0	0;
Chiyacao	<i>Pm24</i>	1	0	0	1	0	0	0	0	1+0;	0	0	0	0	0;	0	0	0
2636-24R	<i>Pm33</i>	0	0	4	3	3	4	0	3	4	0	0	3	3	0	3	3	3
Hongquanmang	<i>PmH</i>	0	0	0	1+0;	0	3	0	1	0	0	0	3	2	0	1	0	0
Coker	<i>Pm5+6</i>	0	1	0	3	0	0	0	0	2+0;	0	0	1	0	0	0	0	0;
Normindia	<i>Pm1+2+9</i>	3	4	3	4	3	4	3	3	3	4	3	4	0	3	3	4	3
Xiaobaidongmai	<i>MIXBD</i>	0	1	3	0;	0	3	2+0;	0	1+0;	0	2+0;	0	0;	0	3	3	3
2654-25R	<i>PmDR147</i>	0	0	0;	3	4	3	0	0	2	0	0	3	0	1	0	1	3
Zhongzuo 9504		3	4	4	3	3	4	3	4	3	4	4	4	4	4	4	4	4
Jingshuang 16		4	4	4	4	4	4	3	4	4	4	3	4	4	4	3	4	4

中作 9504 和京双 16 为感病对照。Zhongzuo 9504 and Jingshuang 16 are used as the susceptible controls.

表 3 12 份小麦品种(系)苗期和成株期对白粉病的反应型
Table 3 Infection types in the 12 wheat varieties (lines) or lines to wheat powdery mildew at seedling and adult stages

品种(系)	苗期 Seedling stage																	成株期
Variety (line)	E03	E09	E11	E16	E18	E20	E21	E22	Bg2	Bg5	Bg12	Bg24	Bg30	Bg32	Bg36	Bg37	Bg38	Adult
冀麦 585 于 Jimai 585	3	0	3	0	3	0	0	3	0	3	0	0	0	0	0	0	3	2HR
山农 20 Shannong 20	0;	0	0;	0	0	0	0	0	0;	0	0	0	0;	0	0;	3	0	2HR
良星 66 Liangxing 66	0;	0	0;	0	3	0	0	0	0;	0	0	0	0;	0	0;	3	0	1HR
偃展 4110 Yanzhan 4110	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	3	3	0	0	3	3	1HR
汶农 14 Wennong 14	0	0;	3	0	0;	0	0;	0;	0;	0	0;	0	0;	0	0;	3	3	1HR
陕垦 6 号 Shaanken 6	0	0	0	1	0	0	0	0	0;	0	0;	3	3	0	3	3	3	1HR
郑麦 9962 Zhengmai 9962	0;	0	3	0	0	1	0	0	0	0	0	3	3	0;	3	3	3	1HR
新麦 18 Xinmai 18	0	0	0	0	0;	0	0	0	0;	0	0	3	3	0;	0	3	0	1HR
豫同 213 Yutong 213	0	0	3	0;	0	0	1	0	0	0;	0	3	3	0	3	3	0	1HR
天民 668 Tianmin 668	0	0	0;	0	0	0	0	0;	0	0	0	3	3	0	0;	3	3	1HR
中麦 155 Zhongmai 155	0	0;	3	0;	0	0	0;	3	0;	0;	3	0	0	0;	0	0;	3	2HR
中麦 5363 Zhongmai 5363	3	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	3	0	1	3	0	2HR

表 4 12 个 F₂ 群体对 E09、E20 和 Bg2 白粉菌菌株的反应
Table 4 Reactions of 12 F₂ populations to isolates E09, E20, and Bg2 of wheat powdery mildew

杂交组合 Cross	E09				E20				Bg2			
	R	S	χ^2	P	R	S	χ^2	P	R	S	χ^2	P
冀麦 585×京双 16 Jimai 585×Jingshuang 16	154	58	0.63	0.43	198	52	2.35	0.13	214	78	0.46	0.50
山农 20×中作 9504 Shannong 20×Zhongzuo 9504	219	65	0.68	0.41	230	75	0.03	0.87	211	78	0.61	0.43
良星 66×京双 16 Liangxing 66×Jingshuang 16	216	86	1.95	0.16	194	83	0.36	0.55	186	63	0.01	0.91
偃展 4110×京双 16 Yanzhan 4110×Jingshuang 16	224	66	0.78	0.38	195	72	0.55	0.46	195	72	0.55	0.46
汶农 14×京双 16 Wennong 14×Jingshuang 16	227	79	0.11	0.74	227	71	0.22	0.64	210	60	1.11	0.29
陕垦 6 号×京双 16 Shaanken 6×Jingshuang 16	188	76	2.02	0.16	205	63	0.31	0.57	219	69	0.17	0.68
郑麦 9962×中作 9504 Zhengmai 9962×Zhongzuo 9504	200	80	1.90	0.17	191	73	0.99	0.32	203	61	0.51	0.48
新麦 18×京双 16 Xinmai 18×Jingshuang 16	206	80	1.35	0.25	209	70	0.00	0.97	214	78	0.46	0.50
豫同 213×京双 16 Yutong 213×Jingshuang 16	213	84	1.71	0.19	225	59	2.70	0.10	210	72	0.04	0.84
天民 668×京双 16 Tianmin 668×Jingshuang 16	215	66	2.37	0.12	223	70	0.19	0.66	222	67	0.51	0.48
中麦 155×京双 16 Zhongmai 155×Jingshuang 16	219	71	0.04	0.84	204	72	0.17	0.68	197	65	0.01	0.94
中麦 5365×京双 16 Zhongmai 5365×Jingshuang 16	208	81	1.41	0.23	218	71	0.03	0.87	199	74	0.65	0.42

R: 抗(0≤IT≤2); S: 感(3≤IT≤4)。R: Resistant (0≤IT≤2); S: Susceptible (3≤IT≤4).

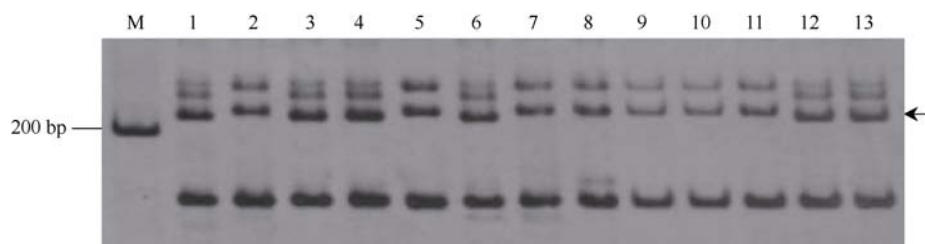


图 1 *Pm2* 连锁标记 *Xcfd81* 在小麦品种(系)的扩增图谱

Fig. 1 PCR products from wheat varieties (lines) with the marker *Xcfd81* closely linked to *Pm2*

M: 100 bp 分子量标记; 1: Ulka/8*CC (*Pm2*); 2: 冀麦 585; 3: 山农 20; 4: 良星 66; 5: 偃展 4110; 6: 汶农 14; 7: 陕垦 6 号; 8: 郑麦 9962; 9: 新麦 18; 10: 豫同 213; 11: 天民 668; 12: 中麦 155; 13: 中麦 5363。箭头示 *Pm2* 基因的特异扩增产物。

M: 100 bp DNA ladder; 1: Ulka/8*CC (*Pm2*); 2: Jimai 585; 3: Shaannong 20; 4: Liangxing 66; 5: Yanzhan 4110; 6: Wennong 14; 7: Shaanken 6; 8: Zhengmai 9962; 9: Xinmai 18; 10: Yutong 213; 11: Tianmin 668; 12: Zhongmai 155; 13: Zhongmai 5363. Arrow indicates the band linked to gene *Pm2*.

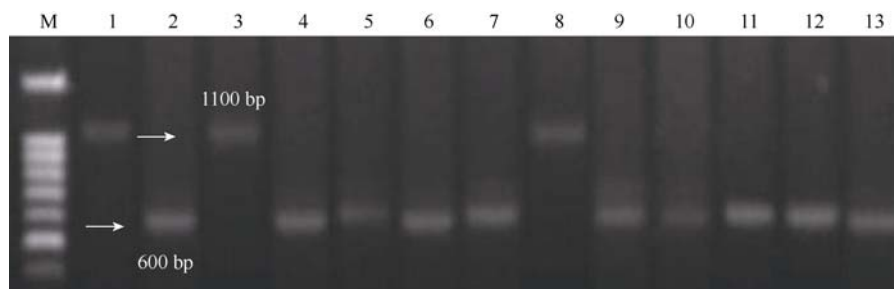


图 2 利用 ω -黑麦碱基因(1RS)和 *Glu-B1* 基因(1BS)检测小麦品种(系)T1BL·1RS 易位染色体

Fig. 2 PCR products from wheat varieties (lines) with the specific markers for ω -secalin and *Glu-B1* genes on chromosome T1BL·1RS

M: 100 bp 分子量标记; 1: PI 361879 (*Pm8*); 2: 冀麦 585; 3: 山农 20; 4: 良星 66; 5: 偃展 4110; 6: 汶农 14; 7: 陕垦 6 号; 8: 郑麦 9962; 9: 新麦 18; 10: 豫同 213; 11: 天民 668; 12: 中麦 155; 13: 中麦 5363。箭头分别示 ω -黑麦碱基因(1100 bp)和 *Glu-B1* 基因(600 bp)的特异扩增产物。

M: 100 bp DNA ladder; 1: PI 361879 (*Pm8*); 2: Jimai 585; 3: Shaannong 20; 4: Liangxing 66; 5: Yanzhan 4110; 6: Wennong 14; 7: Shaanken 6; 8: Zhengmai 9962; 9: Xinmai 18; 10: Yutong 213; 11: Tianmin 668; 12: Zhongmai 155; 13: Zhongmai 5363. Arrows indicate the bands for ω -secalin gene (1100 bp) and *Glu-B1* gene (600 kb), respectively.

抗性鉴定, 获得一批抗性优良的材料^[7]。本研究通过多菌株抗性鉴定, 分析了 12 份小麦品种(或品系)的苗期抗白粉病反应, 发现这些材料对不同菌株的抗性强、抗谱广, 并且成株期抗性较强。这些品种对白粉病的抗性均受显性单基因控制。由显性单基因控制且综合农艺性状优良的推广品种所具有的抗病基因往往是育种家的首选, 更容易在育种和生产上得到应用。因此, 这些材料不但可以作为生产上控制白粉病的优良品种, 而且也是培育新抗病品种的优异抗源。

根据多菌株抗性鉴定的结果, 良星 66 对大多数菌株都具有良好的抗性, 与 *Pm2* 基因的抗谱相同。分子分析也表明, 与 *Pm2* 紧密连锁的分子标记 *Xcfd81* (位于 5DS 染色体上)在良星 66 中扩增出相同的结果。通过分子标记定位技术, 良星 66 的抗病基因被定位于小麦 5DS 染色体上(黄江和李洪杰, 未发表结果)。因此, 良星 66 的抗白粉病基因很可能是 *Pm2* 或其等位基因。此外, *Xcfd81* 在山农 20、汶农 14、中麦 155 和中麦 5363 等品种上也扩增出大小与 *Pm2* 相似的 DNA 片段(图 1); 但山农 20 与 *Pm2* 和良星 66 的抗谱只在 E18 菌株上具有不同的反应型, 而汶农 14、中麦 155 和中麦 5363 与 *Pm2* 分别有 3、6 和 3 个菌株的

反应型有差异。这些品种的抗病性是否受 *Pm2* 控制, 抑或是受 *Pm2* 与其他抗病基因一起控制, 还应通过抗病基因的定位来确定。*Pm2* 基因引入我国较早, 利用也较普遍。虽然贵州等地的白粉菌菌株对 *Pm2* 的毒性频率较高, 但在其他地区该基因还是有效的^[1]。在另外 40 多个来自黄淮麦区的不同白粉菌菌株的抗性鉴定中, 良星 66 对绝大多数菌株都表现良好的抗性(未发表数据)。

偃展 4110 对 13 个菌株具有抗性, 在成株期也对 E09 和 Bg2 混合菌株表现较强的抗性, 但在一些地区小麦生产田中, 表现感病。在不同年份我们利用混合菌株进行田间成株期抗病鉴定, 偃展 4110 表现中抗至高感反应型, 在某些地区生产田中也表现感病。偃展 4110 苗期和田间成株期不同抗性反应的可能原因, 一是菌株的毒力不同, 二是苗期抗性和成株期抗性可能受不同基因控制。虽然天民 668 与偃展 4110 对参试的菌株表现相同的反应型, 但两者的抗性是否受同一基因控制也需精确的基因定位或等位基因测验来验证。

曹学仁等^[11]在对我国主要麦区的品种进行基因推导时发现, 陕垦 6 号与 *Pm4b* 的反应型一致, 因此推测该品种含有 *Pm4b* 基因。根据我们的抗性鉴定结果, 在陕垦 6

号的双亲中小偃 22 对大多数菌株都表现感病, 而兰考 906 (后定名为豫麦 66)对部分菌株具有抗性^[7,12], 所以陕垦 6 号的白粉病抗性可能遗传自兰考 906。根据抗谱的表现, Wang 等^[7]认为豫麦 66 的抗病基因可能是 *Pm4b*。但抗病基因定位的结果却显示兰考 906 的抗病基因可能位于 *Pm4* 基因座, 而有别于 *Pm4b*^[13-14]。在本研究中, 陕垦 6 号与 Armada (*Pm4b*)的抗谱不完全一致, 对 E20 和 E22 菌株的反应有差异(表 2 和表 3)。利用 *Pm4b* 连锁的分子标记在陕垦 6 号中也未扩增出与 Armada 相同的条带(未发表数据), 说明陕垦 6 号的抗病基因可能不同于 *Pm4b*。

References

- [1] Zhuang Q-S(庄巧生). Wheat Improvement and Pedigree Analysis in China (中国小麦品种改良及系谱分析). Beijing: China Agriculture Press, 2003 (in Chinese)
- [2] Zhan H-X(詹海仙), Chang Z-J(畅志坚), Yang Z-J(杨足君), Zhang H-J(张晖军), Li X(李欣). Sources and evaluation of powdery mildew resistance genes in wheat. *Chin Agric Sci Bull* (中国农学通报), 2010, 26(10): 42-46 (in Chinese with English abstract)
- [3] Wu X-H(吴先华), Luo P-G(罗培高), Yan B-J(晏本菊), Ren Z-L(任正隆). Researches on powdery mildew resistance genes and its breeding in wheat. *Chin Agric Sci Bull* (中国农学通报), 2006, 22(5): 346-351 (in Chinese with English abstract)
- [4] Zhang H-Q(张海泉). Research advances in molecular breeding of powdery mildew resistance of wheat. *Chin J Eco-Agric* (中国生态农业学报), 2008, 16(4): 1060-1066 (in Chinese with English abstract)
- [5] Li G P, Chen P D, Zhang S Z, Wang X E, He Z H, Zhang Y, Zhao H, Huang H Y, Zhou X C. Effect of the 6VS.6AL translocation on agronomic traits and dough properties of wheat. *Euphytica*, 2007, 155: 305-313
- [6] Wang Z L, Li L H, He Z H, Duan X Y, Zhou Y L, Chen X M, Lillemo M, Singh R P, Wang H., Xia X C. Seedling and adult plant resistance to powdery mildew in Chinese bread wheat cultivars and lines. *Plant Dis*, 2005, 89: 457-463
- [7] Li H-J(李洪杰), Wang X-M(王晓鸣), Song F-J(宋凤景), Wu C-P(伍翠平), Wu X-F(武小菲), Zhang N(张宁), Zhou Y(周阳), Zhang X-Y(张学勇). Response to powdery mildew and detection of resistance genes in wheat cultivars from China. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2011, 37(6): 943-954 (in Chinese with English abstract)
- [8] Wu Q-A(吴全安). Methods Used in the Evaluation of Pest Resistant Potentialities in Food Crop Germplasm Resources (粮食作物种质资源抗病虫鉴定方法). Beijing: China Agriculture Press, 1991 (in Chinese)
- [9] Qiu Y C, Sun X L, Zhou R H, Kong X Y, Zhang S S, Jia J Z. Identification of microsatellite markers linked to powdery mildew resistance gene *Pm2* in wheat. *Cereal Res Commun*, 2006, 34: 1267-1273
- [10] Chai J F, Zhou R H, Jia J Z, Liu X. Development and application of a new codominant PCR marker for detecting 1BL.1RS wheat-rye chromosome translocations. *Plant Breed*, 2006, 125: 302-304
- [11] Cao X-R(曹学仁), Zhou Y-L(周益林), Duan X-Y(段霞瑜), Song Y-L(宋玉立), He W-L(何文兰), Ding K-J(丁克坚), Wang B-T(王保通), Xia X-C(夏先春). Postulation of wheat powdery mildew resistance genes in commercial wheat cultivars and advanced lines from Gansu Province. *J Triticeae Crops* (麦类作物学报), 2011, 30(5): 948-953 (in Chinese with English abstract)
- [12] Li H J, Conner R L, Liu Z Y, Li Y W, Chen Y, Zhou Y L, Duan X Y, Shen T M, Chen Q, Graf R J, Jia X. Characterization of wheat-triticale lines resistant to powdery mildew, stem rust, stripe rust, wheat curl mite, and limitation on spread of WSMV. *Plant Dis*, 2007, 91: 368-374
- [13] Hu T-Z(胡铁柱), Li H-J(李洪杰), Liu Z-J(刘子记), Xie C-J(谢超杰), Zhou Y-L(周益林), Duan X-Y(段霞瑜), Jia X(贾旭), You M-S(尤明山), Yang Z-M(杨作明), Sun Q-X(孙其信), Liu Z-Y(刘志勇). Identification and molecular mapping of the powdery mildew resistance gene in wheat cultivar Yumai 66. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2008, 34(4): 545-550 (in Chinese with English abstract)
- [14] Niu J S, Wang B Q, Wang Y H, Cao A Z, Qi Z J, Shen T M. Chromosome location and microsatellite markers linked to a powdery mildew resistance gene in wheat line 'Lankao 90(6)'. *Plant Breed*, 2008, 127: 346-349