

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2010.02107

甘肃省主要小麦生产品种(系)及抗源材料抗白粉病基因推导分析

曹世勤^{1,2} 骆惠生¹ 武翠平³ 金社林^{1,*} 王晓鸣³ 朱振东³ 贾秋珍¹
黄瑾¹ 张勃¹ 尚勋武²

¹ 甘肃省农业科学院植物保护研究所, 甘肃兰州 730070; ² 甘肃农业大学农学院, 甘肃兰州 730070; ³ 中国农业科学院作物科学研究所, 北京 100193

摘要: 选用 17 个致病力不同的小麦白粉病菌系, 对 64 个甘肃省主要生产品种(系)及抗源材料进行了苗期白粉病抗性鉴定, 并结合系谱分析推导这些品种(系)所含抗病基因。初步判断陇原 932 含有 *Pm5* 及未知抗病基因; 西峰 20 含有 *Pm6* 及未知抗病基因; 98 保 1-2 含有 *Pm8* 及未知抗病基因; 863-13 和石 7816 含有 *Pm19*; 天选 43 等 6 个品种(系)含有 *Pm21*; 兰天 13 等 18 个品种(系)对所有供试菌系均表现感病, 与其他 35 个供试品种(系)一致, 可能含有未知抗病基因或基因组合。聚类分析支持基因推导结果。

关键词: 小麦白粉病; 抗病基因; 基因推导; 甘肃省

Postulation of Powder Mildew Resistance Genes in 64 Wheat Varieties (Lines) in Gansu Province, China

CAO Shi-Qin^{1,2}, LUO Hui-Sheng¹, WU Cui-Ping³, JIN She-Lin^{1,*}, WANG Xiao-Ming³, ZHU Zhen-Dong³, JIA Qiu-Zhen¹, HUANG Jin¹, ZHANG Bo¹, and SHANG Xun-Wu²

¹ Institute of Plant Protection, Gansu Academy of Agricultural Sciences, Lanzhou 730070, China; ² College of Agronomy, Gansu Agricultural University, Lanzhou 730070, China; ³ Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China

Abstract: Combined with pedigree analysis, genes for resistance to powdery mildew (*Pm*) in 64 wheat varieties (lines) from Gansu Province were analyzed with 17 isolates which had different spectra of pathogenicity in seedling stage. The preliminary results showed that the line Longyuan 932 was postulated to possess *Pm5* and unknown resistant genes. The variety Xifeng 20 was postulated to possess *Pm6* and unknown resistant genes. The line 98 bao 1-2 was postulated to possess *Pm8* and unknown resistant genes. Gene *Pm19* was detected in two varieties (lines) 863-13 and Shi 7816. Six varieties (lines) Tianxuan 43, X9610, 95-111-3, Lantian 17, 92R137, and Guinong 22 were postulated to possess *Pm21*. Eighteen wheat varieties (lines) susceptible to all the tested powdery mildew isolates might possess unidentified genes. Unknown genes were found in other 35 wheat varieties (lines), which resistant types were different from the tested genes. Cluster analysis was in agreement these results.

Keywords: Wheat powdery mildew; Resistance gene; Gene postulation; Gansu Province of China

由专性寄生菌小麦白粉菌 [*Blumeria graminis* (DC.) E.O. Speer] 引起的小麦白粉病是甘肃省小麦生产上的重要病害^[1], 种植抗病品种是防治该病最经济有效且有利于保护环境的措施, 进行品种资源抗白粉病基因分析是抗白粉病育种、抗病基因合理布局等项研究的基础性工作。目前, 国内外学者已在利用寄主对病原菌的表型反应进行小麦锈病和白粉病的抗病基因推导的诸多研究^[2-9]。但针对甘肃省

小麦品种(系)材料的该研究还相对较少。明确生产品种(系)及抗源材料的抗病基因现状, 对有效指导抗白粉病育种、抗病基因合理布局和持续控制小麦白粉病的发生流行将起到积极的推动作用。

1 材料与方法

1.1 试验材料

64 个当前甘肃省小麦主要生产品种(系)及抗源

本研究由公益性(农业)行业科研专项(3-15)和国家科技支撑计划项目(2006BAD08A05)资助。

* 通讯作者(Corresponding author): 金社林, E-mail: jinshelin@163.com

Received(收稿日期): 2010-03-08; Accepted(接受日期): 2010-07-05.

材料分别由兰州农业学校、天水农业学校、甘肃省农业科学院旱地农业研究所、甘肃省农业科学院生物技术研究所、甘肃省农业科学院植物保护研究所、陇东学院、天水市农科所、临洮农校、甘肃农业大学、定西旱农中心、陇南市农科所、南京农业大学、贵州农业大学、中国农业科学院作物科学研究所等相关单位提供(表1)。27个已知抗白粉病基因载体品种分别含有 *Pm1*、*Pm2*、*Pm3a*、*Pm3b*、*Pm3c*、*Pm3f*、*Pm4a*、*Pm4b*、*Pm5*、*Pm6*、*Pm7*、*Pm8*、*Pm12*、*Pm13*、*Pm17*、*Pm18*、*Pm19*、*Pm20*、*Pm21*、*Pm23*、*Pm24*、*Pm1+Pm2+Pm9*、*Pm2+Pm6*、*Pm5+Pm6*、*PmXBD* 共27个抗病基因或基因组合,均由中国农业科学院作物科学研究所检疫基地提供。

17个具有不同致病力的小麦白粉病菌致病菌系来自国内各生态区。所有致病菌系均经过单孢子堆分离而来,由中国农业科学院作物科学研究所检疫基地保存。

1.2 苗期抗病性鉴定

2009年3~5月在中国农业科学院作物科学研究所检疫基地,将64个供试品种(系)和27个已知基因载体品种顺序编号,以中作9504和京双16为对照,播于盛有营养土的10 cm × 10 cm塑料花盆中,每品种播5~7粒种子,每盆4个品种。播种前15 d左右分两批用对照品种中作9504繁殖供试菌系,待供试品种(系)第一叶片展开第二叶片露尖时,采用扫抹法分别接种供试新鲜菌系。将接种后的幼苗放入保湿桶内,在10~15℃下黑暗保湿24 h,然后转入温室培养(15~20℃,光照12~14 h d⁻¹,光照强度100~160 μmol m⁻² s⁻¹)。接种后12~15 d,待感病对照品种充分发病后,按0、0₁、1、2、3、4六级标准逐株调查记载反应型^[10]。其中0~2级为抗病(R),3级和4级为感病(S)。

根据基因对基因理论和寄主-病原物相互作用遗传学原理,通过比较分析待测品种(系)和已知基因对供试菌系相互作用产生的反应型,推导供试品种(系)可能含有的抗性基因^[7,11]。

1.3 成株期抗病性监测

2008—2009年度,分别在甘肃省农业科学院植物保护研究所甘谷试验站和天水市秦州区汪川良种场对供试品种(系)进行成株期抗白粉病田间自然诱发鉴定。每品种(系)种植1行,行长1 m,行距30 cm,四周播感病对照品种京双16作诱发行,试验地田间管理同当地大田。在小麦白粉病发病高峰期的5月

下旬(甘谷点)和6月上旬(汪川点),分别记载各品种(系)的发病病级。田间记载采用改进后的0~9级标准^[12],其中0级为免疫(IM),1和2级为高抗(HR),3和4级中抗(MR),5和6级中感(MS),7和8级为高感(HS),9级为极感(SS)。

1.4 聚类分析

利用苗期鉴定结果,将抗病反应记为“0”,感病反应记为“1”,采用DPS3.01软件及UPGMA法进行聚类分析。

2 结果与分析

2.1 抗性基因推导分析

苗期鉴定中,感病对照品种中作9504和京双16对接种的所有白粉病菌系均表现高度感病,说明接种成功。根据27个已知抗病基因品种(表2)及64个待测品种(系)的抗感反应类型(IT)(表3),对供试品种(系)所含抗白粉病基因进行推导。

陇原932与CI14125的抗性反应基本一致,但在供试菌系E03、E05、E20、E23及WH上有差异,陇原932表现抗病,CI14125表现感病,推测陇原932不仅含有*Pm5*,还含有未知抗病基因。

西峰20对供试菌系E09和XN-1表现抗病,Coker747表现感病,对其余15个供试菌系两品种抗感反应完全一致,推测其不仅含有*Pm6*,还含有未知抗病基因。

98保1-2与PI361879的抗性反应基本一致,但98保1-2对供试菌系E11和E15表现抗病,PI361879表现感病,推测98保1-2除含*Pm8*外,还含有未知抗病基因。

863-13和石7816对供试菌系的抗性反应与96-286完全一致,推测其含有*Pm19*。

兰天17、95-111-3、天选43、X9610、92R137、贵农22与R43的抗性谱完全一致,对供试菌系均表现抗病,分析其系谱,都有簇毛麦血缘,推测含有*Pm21*。

兰天13、陇鉴294、陇鉴19、花培764、LY935-BDNA-12、LY935BDNA-1、LY935BDNA-2、陇鉴9811、陇鉴9343、LY935SFDNA、中梁22、中梁23、中梁25、洮157、IR35、A3-5、里勃留拉、咸农4号对所有供试菌系均表现感病。根据系谱分析,发现这些品种(系)大多含有牛朱特、高加索、山前麦或洛夫林血缘。由于本试验中没有更好地识别*Pm8*的致病菌系,因此这18个品种(系)的抗感反应

表 1 供试小麦品种名称、系谱、来源及成株期抗病性表现

Table 1 Name, pedigree, sources of tested cultivars, and resistant scales on adult stage to powdery mildew in field

序号 No.	品种(系) Variety (line)	系谱 Pedigree	选育单位 Breeding institute	成株期病级 Adult stage scales
1	兰天 13	A21//832809/872121-7	LZAS, TSAS	7
2	兰天 15	兰天 10 号/Ibis	LZAS, TSAS	6
3	兰天 16	西峰 16//山前麦/6828-6-0-1-1	LZAS, TSAS	6
4	兰天 17	92R137/兰天 6 号	LZAS, TSAS	2
5	95-111-3	92R137/97-121	LZAS, TSAS	3
6	陇原 034	—	LZAS, TSAS	4
7	陇原 935	西峰 16/76-89-13	LZAS, TSAS	7
8	陇原 031	J015/兰天 10 号	LZAS, TSAS	6
9	陇原 932	西峰 16//山前麦/6828-6-0-1-1	LZAS, TSAS	5
10	陇原 992	西峰 16//山前麦/6828-6-0-1-1	LZAS, TSAS	6
11	陇原 011	8222-13-10/8476-12-3//兰天 10 号	LZAS, TSAS	6
12	96-43	Ibis/兰天 10 号	LZAS, TSAS	5
13	陇鉴 127	7402/吕 419//7415	IDAS, GAAS	4
14	陇鉴 294	晋农 134/6303-6304//原丰 2 号///xs117-0-29	IDAS, GAAS	7
15	陇鉴 102	临 87-4535/81168-4-3//陇原 932	IDAS, GAAS	5
16	陇鉴 101	9487/85-173-12-2	IDAS, GAAS	5
17	陇鉴 386	1321/陇鉴 127	IDAS, GAAS	4
18	陇鉴 338	陇鉴 46/陇鉴 14	IDAS, GAAS	6
19	陇鉴 19	济南 2 号/秦麦 4 号	IDAS, GAAS	5
20	4-8	永良 4 号无性系	IBT, GAAS	5
21	448-6	—	IBT, GAAS	5
22	花培 764	—	IBT, GAAS	4
23	会宁 18	奥博尔/雅安 745507//天蓝偃麦草	IBT, GAAS	4
24	陇春 21	太谷核不育综群 II-103 花药培养	IBT, GAAS	5
25	陇育 216	陇东 3 号//82(348)/9002-1-1	LDC	6
26	西峰 4 号	新乌克兰 83///蚰包麦//美麦 10 号/辛石 3 号	LDC	7
27	西峰 20	西峰 18/CA8055	LDC	7
28	LY935BDNA-3	陇原 935+豌豆 DNA	IPP, GAAS	7
29	LY935BDNA-12	陇原 935+豌豆 DNA	IPP, GAAS	8
30	LY935BDNA-1	陇原 935+豌豆 DNA	IPP, GAAS	7
31	T157MD	洮 157+玉米 DNA	IPP, GAAS	6
32	陇鉴 9811	洮 157+玉米 DNA	IPP, GAAS	7
33	LY935BDNA-2	陇原 935+豌豆 DNA	IPP, GAAS	6
34	陇鉴 9343	77-69/贵农 21	IPP, GAAS	7
35	LY935SFDNA	陇原 935+油菜 DNA	IPP, GAAS	7
36	93 保 4-4	77-69/贵农 21	IPP, GAAS	6
37	陇鉴 9821	洮 157+高粱 DNA	IPP, GAAS	7
38	98 保 1-2	洮 157+玉米 DNA	IPP, GAAS	8
39	中梁 17	ciemenp//马高利/抗引 655	TSIAS	7
40	中梁 21	加非乃/极早麦//Fr81	TSIAS	6
41	中梁 22	无芒中 4/S394//咸农 4 号	TSIAS	7
42	中梁 23	中梁 15/加非乃//3/8412///中梁 16//中梁 21/76234	TSIAS	7
43	中梁 24	中四/钱保德//82WR(96)	TSIAS	7
44	中梁 25	中梁 15/919-18-3	TSIAS	6

(续表 1)

序号 No.	品种(系) Variety (line)	系谱 Pedigree	选育单位 Breeding institute	成株期病级 Adult stage scales
45	中梁 26	兰天 1 号/8619-52///山农 8507/临汾 82-5015//Ciemenp/82WR	TSIAS	7
46	中梁 27	中梁 15/8619-52///中梁 12/中四//保加利亚 10 号/咸农 4 号	TSIAS	6
47	天选 43	8845-1-1-1/贵农 22	TSIAS	3
48	天 9412	878-(2)/武 893	TSIAS	5
49	Y9220-12	天 882/天选 37	TSIAS	4
50	863-13	咸农 4 号/天选 42	TSIAS	5
51	X9610	92R178/936-1	TSIAS	4
52	洮 157	—	LTAS	7
53	甘春 20	88-862/630	GSAU	8
54	武都白茧	地方品种	—	8
55	IR35	—	—	6
56	92R137	普通小麦/簇毛麦	NJAU	0
57	贵农 22	簇毛麦/Suwon 20	GZAU	3
58	A3-5	晋 2148///Fuhuko/R431//北京 837/2	ICS, CAAS	7
59	定鉴 3 号	84WR(21)/洛 8912	DXDAC	7
60	平原 50	地方品种	—	7
61	里勃留拉	—	-	6
62	咸农 4 号	地方品种	—	8
63	武都 12	F13/山前麦	LNIAS	7
64	石 7816	—	—	5
65	京双 16	—	—	8
66	中作 9504	—	—	8

Lanzhou Agricultural School (LZAS): 兰州农业学校; Tianshui Agricultural School (TSAS): 天水农业学校; Institute of Dryland Agricultural Sciences, Gansu Academy of Agricultural Sciences (IDAS, GAAS): 甘肃省农业科学院旱地农业研究所; Institute of Bio-technology, Gansu Academy of Agricultural Sciences (IBT,GAAS): 甘肃省农业科学院生物技术研究; Institute of Plant Protection, Gansu Academy of Agricultural Sciences (IPP, GAAS): 甘肃省农业科学院植物保护研究所; Longdong College (LDC): 陇东学院; Tianshui Institute of Agricultural Science (TSIAS): 天水市农业科学研究所; Lintao Agricultural School (LTAS): 临洮农业学校; Dingxi Dryland Agricultural Centre (DXDAC): 定西市旱农中心; Longnan Institute of Agricultural Sciences (LNIAS): 陇南市农业科学研究所; Gansu Agricultural University (GSAU): 甘肃农业大学; Nanjing Agricultural University (NJAU): 南京农业大学; Guizhou Agricultural University (GZAU): 贵州农业大学; Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences (ICS, CAAS): 中国农业科学院作物科学研究所。

虽然与 PI361879 一致,但不能推断出这些品种(系)含有 *Pm8*,仅推测可能含有未知抗白粉病基因或基因组合。

其他 35 个供试品种(系)对供试菌系抗感不一,不能与所用已知基因载体品种对供试菌系的抗感反应较好吻合,其 *Pm* 基因状况用供试的 17 个致病菌系难以确定,可能含有未知抗白粉病基因或基因组合。

2.2 苗期品种抗性聚类分析

聚类图显示,在连锁距离(λ)为 2.81 时,可将 64 个供试品种(系)分为两大类群。其中兰天 17 等 6 个品种(系)对所有供试菌系均表现抗病,在 λ 为 0.01 时聚为一个小类群,陇春 21 对 12 个供试菌系表现抗病,在 λ 为 2.23 时与 6 个完全抗病品种(系)集合

为第一个大的类群;兰天 13、陇鉴 294 等 18 个品种(系)对所有供试菌系均表现感病, λ 为 0.01 时聚为一个小类群,其余各品种(系)依据对供试菌系感病数量(6~16 个)的不同而划分为几个小的类群,在 λ 为 2.90 时集合为第二个大的类群(图 1)。

2.3 成株期抗病性监测结果

兰天 17 等 12 个品种(系)抗性表现稳定,在两地均表现抗病,其余 52 个材料表现感病。兰天 17、95-111-3、天选 43、X9610、92R137、贵农 22 成株期抗性 with 苗期一致。陇原 034、陇鉴 386、花培 764、会宁 18、Y9220-12、陇鉴 127 苗期对许多供试菌系表现感病,但成株期对两地自然诱发的白粉病均表现抗病,属成株抗性(表 1)。

Table 3 Putative *Pm* genes and resistant types expressed by the interaction between 17 isolates of powdery mildew and 64 wheat varieties (lines)

[illegible]

(续表 3)

序号 No.	品种(系) Variety (line)	推定基因 Putative gene	E01	E03	E05	E09	E11	E15	E20	E23	HN-1	Yzhan-1	WH	XN-1	YN	Xuzhou-1	Henan	HB	Taiy-1-3
55	IR35	+	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
56	92R137	21	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
57	贵农 22	21	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R
58	A3-5	+	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
59	定鉴 3 号	+	R	S	R	S	S	S	S	S	R	R	R	S	S	S	R	S	S
60	平原 5	+	S	S	S	R	S	R	R	R	R	S	S	S	S	S	R	S	S
61	Libelulla	+	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
62	咸农 4 号	+	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
63	武都 12	+	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	R	S	S	S	S
64	石 7816	19	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S

+: 未知抗性基因; R: 抗病(IT 0~2); S: 感病(IT 3~4)。+: resistance gene unknown; R: resistant (IT 0~2); S: susceptible (IT 3~4).

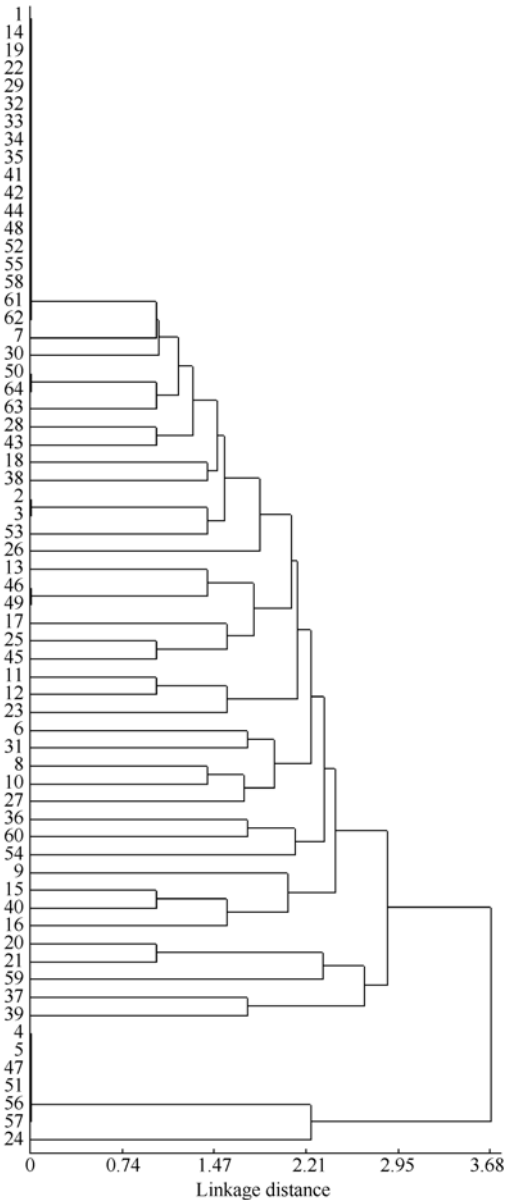


图 1 供试品种(系)对白粉病菌的聚类分析
Fig. 1 Cluster analysis of 64 wheat varieties (lines) based on powdery mildew resistance
品种序号同表 1。Numbers of varieties (lines) given in Table 1.

3 讨论

3.1 基因推导法的特点

基因推导法是 20 世纪 70 年代末至 80 年代初发展起来的一种小麦抗病性遗传研究新方法,该方法较经典遗传学方法省时省力,较分子检测方法省钱,一次分析数量多、所用时间短,而且结果也相对准确可靠,目前在抗病遗传研究中普遍利用,得到国际小麦遗传和育种界认可^[9]。在该方法的基础上,利用现已开发出的相关抗病基因的 SCAR 及 STS 标记,进行分子检测,将会更为准确地分析供试品种(系)所含的抗病基因。对重要抗病材料的抗性基因,应在此基础上,结合常规遗传分析和 SSR 技术开展相关研究,为深入开展新基因的标记和定位研究打下良好基础。

3.2 影响基因推导法准确性的主要因素分析

虽然基因推导法在短期内可获得较为理想的结果,但在病原菌—寄主的抗感反应研究中,会出现诸多偏差,主要表现在以下几个方面:

(1) 供试品种遗传背景的差异。虽然从最初始的系谱看,绝大多数品种来自为数不多的几个亲本材料,但绝大多数是在利用一个或多个骨干亲本材料的基础上,以常规杂交方法,逐步复合杂交而来,聚合了诸多新的抗病基因,因此品种抗病基因较为复杂。同时,由于供试品种大量存在基因间互补、累加、抑制和上位等各种互作,可能会在不同试验者或不同批次条件下对同一品种推导出不同抗病结果。

(2) 环境条件的影响。Dyck 等^[13]发现,在 10℃和 15℃及 15℃和 20℃条件下,小麦叶锈病抗性基因 *Lr3*、*Lr17* 和 *Lr23* 的侵染型明显不同。李伯宁等^[14]也发现,在不同温度下不同白粉病菌菌系对同一品

种的潜育期和终期严重度显著不同。因此在试验过程中,若室内温度条件变化较大,必将出现同一品种、同一菌系在不同重复条件下终期病情反应不一的现象。同时,由于试验中水、肥等条件的差异,特别是显症期及发病期水分的供应和接种后土壤中氮肥含量的高低,光照时间的剧烈变化,也会影响幼苗的生长状况、发病程度和终期病情的表达。

(3) 人为因素的影响。由于调查者对病情判别的尺度不同,也会出现一些偏差。特别是在反应型为2、2⁺和3的记载上,部分品种差异不显著,在一些弱苗和黄化苗上,表现更为明显,初次调查者的尺度更难把握。

(4) 供试菌系的影响。研究发现,供试菌系数量越多、菌系间毒性差异越大,对供试品种的推测结果越准确可靠。本试验中,有18个品种(系)与*Pm8*抗病基因抗谱完全一致,对17个供试菌系均表现感病,但无法推测出其所含的抗病基因。这与试验中缺乏对*Pm8*具有较好识别作用的菌系有关,同时也与供试菌系数量相对较少有关,今后研究中进一步增加和筛选具有不同致病力的白粉病菌菌系,将会更为准确地推测供试品种(系)的抗病基因。刘瞳和张学博^[15]认为,通过病菌小种接种试验来推断抗病品种的抗病基因来源,小种的选择是关键。本试验选择的白粉病菌菌系不仅来自全国不同生态区,而且选择了甘肃省和国内出现频率高、毒力强的E05、E09作为供试菌系,这对有效评价供试品种(系)的抗病性和推断抗病基因来源具有现实意义。

从总体上说,抗病基因的作用和表达是极其复杂的,基因互作、环境条件、品种遗传背景、人为因素等对基因的表达和调查结果均有一定影响,在一定程度上降低了结果的准确度。

3.3 苗期基因推导及成株期抗性监测在生产中的利用价值

本试验利用基因推导法所推测出的抗性基因仅适用于苗期。由于接种用病原菌繁殖量和工作量较大;选用国外菌系在田间进行试验时会造成病菌的扩散,危险性高;田间接种前后易受外来菌源影响;温室或生长箱对成株期鉴定的面积受限,因此成株期抗病基因的推导工作实际上不能开展。甘肃陇南白粉病菌群体毒性结构复杂,毒性基因丰富,是自然的白粉病菌毒性基因库。结合生产实际,在该区开展品种(系)成株期抗性鉴定和监测,可准确评价其抗病性,有效指导今后抗病品种的选育和利用,

提高抗病育种效率和品种抗性水平。

本试验结果发现,兰天17和陇原034等12个品种(系)分别表现苗期(全生育期)抗性和成株抗性,陇春21苗期对12个供试菌系表现抗病,但成株期表现感病,表明苗期、成株期具有不同的抗性特点,因此对这些具有不同抗性特点的品种(系)利用地域也应有所区别。甘肃陇南麦区小麦白粉病秋苗期菌源量对当地和甘肃中部、沿黄灌区和河西地区翌年发病程度影响较大,在该区推广利用苗期抗性品种(系),慎用或少种成株抗性品种,在成株期病害流行区的甘肃其他地区种植具有成株抗性的品种(系),将会充分发挥供试品种(系)抗性特点,对甘肃省小麦白粉病的持续控制具有积极推动作用。

3.4 *Pm21* 抗病基因的过度利用及在生产上潜在的危机

近年来,含有簇毛麦血缘的抗源材料如贵农21、贵农22、92R137、92R178等,在小麦抗病育种中作为抗条锈和抗白粉病的热门亲本材料被广泛利用,目前已在甘肃省及我国不同生态区选育出了一大批适于当地种植的生产品种和高代品系。热门抗源材料的过度利用及其子代材料的大面积推广种植,必将加速病原菌定向选择的步伐和抗病基因抗性丧失的速度。近年来经监测发现,甘肃省小麦白粉病菌对*Pm21*的毒性频率已由20世纪初的0上升为2009年的20.8%,对*Pm8*的毒性频率一直保持在95%以上(未发表资料),这与大面积推广种植含有这些抗病基因的品种(系)有很大关系。因此若条件适宜,小麦白粉病必将在甘肃省大面积流行,应引起育种和生产部门的高度关注。在今后的工作中,应进一步加强抗白粉病的育种和抗病品种推广工作,充实甘肃省抗病基因丰富度和抗病品种遗传多样性,以解除潜在的危机。

3.5 基因推导法与聚类分析相结合在生产实践中的意义

本试验将基因推导与聚类分析相结合,可较好地分析品种抗病基因。这与乔奇等^[16]关于聚类分析方法和基因推导分析方法相互补充,弥补使用同一种方法的局限性的结果相一致。为丰富和实现甘肃省小麦品种抗白粉病基因的多样化,生产和育种中可依据供试品种(系)连锁距离的不同,在不同生态区进行品种合理搭配、布局并进行抗病育种,为小麦白粉病的持续控制和抗病品种的更好利用打下良好基础。

4 结论

采用苗期基因推导法, 明确了甘肃省当前主要生产品种(系)和抗源材料的抗白粉病基因现状, 共推导出 *Pm5*、*Pm6*、*Pm8*、*Pm19*、*Pm21* 等 5 个抗病基因分布于 11 个小麦品种(系)中, 另有 53 个品种(系)含有未知抗病基因。为指导今后甘肃省抗白粉病品种选育和抗源材料利用、抗病基因合理布局奠定了基础。

References

- [1] Li J-P(李继平), Jin S-L(金社林), Chen Y-R(陈怡蓉), Cao S-Q(曹世勤), Guo Z-J(郭致杰), Jia Q-Z(贾秋珍). Identification of resistance to powdery mildew in wheat varieties (lines). *Gansu Agric Sci Technol* (甘肃农业科技), 1998, (11): 35–36 (in Chinese)
- [2] Chen W-Q(陈万权), Wang J-X(王剑雄). Genes for leaf and stem rust resistance in 76 wheat genetic resources. *Acta Agron Sin* (作物学报), 1997, 23(6): 655–663 (in Chinese with English abstract)
- [3] Niu Y-C(牛永春), Qiao Q(乔奇), Wu L-R(吴立人). Postulation of resistance genes to stripe rust in commercial wheat cultivars from Henan, Shandong and Anhui provinces. *Acta Phytopathol Sin* (植物病理学报), 2000, 30(2): 122–128 (in Chinese with English abstract)
- [4] Wang F-L(王凤乐), Wu L-R(吴立人), Wan A-M(万安民), Song W-Z(宋位中). Analysis of resistance genes to stripe rust in commercial wheat cultivars from Shanxi, Gansu and Sichuan provinces. *Acta Agron Sin* (作物学报), 1994, 20(5): 589–594 (in Chinese with English abstract)
- [5] Chen W-Q(陈万权), Qin Q-M(秦庆明), Chen Y-L(陈扬林), Wu Z-X(吴支行), Ma Z-Q(马志强), Liao Q(廖琴). Leaf rust resistance of 40 wheat cultivars in China. *Acta Phytopathol Sin* (植物病理学报), 2001, 31(1): 16–25 (in Chinese with English abstract)
- [6] Yuan J-H(袁军海), Liu T-G(刘太国), Chen W-Q(陈万权). Postulation of leaf rust resistance genes in 47 new wheat cultivars (lines) at seedling stage. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2007, 40(9): 1925–1935 (in Chinese with English abstract)
- [7] Dubin H J, Johnson R, Stubbs R W. Postulated genes for resistance to stripe rust in selected CIMMYT and related wheats. *Plant Dis*, 1989, 73: 472–475
- [8] Loegering W Q, Burton C H. Computer generated hypoythetical genotypes for reaction and pathogenicity of wheat cultivars and cultures of *Puccinia graminis tritici*. *Phytopathology*, 1974, 64: 1380–1384
- [9] Zhou Y-L(周益林), Duan X-Y(段霞瑜), Chen G(陈刚), Sheng B-Q(盛宝钦), Zhang Y(张莹). Analysis of resistance genes of 40 wheat cultivars lines. *Acta Phytopathol Sin* (植物病理学报), 2002, 32(4): 301–305 (in Chinese with English abstract)
- [10] Sheng B-Q(盛宝钦). Identification powdery mildew of infection type at seedling stage. *Plant Prot* (植物保护), 1988, 14(1): 49 (in Chinese)
- [11] Browder L E. Specificity of the *Puccinia recondita* f. sp. *tritici*: *Triticum aestivum* “Bulgaria 88” relationship. *Phytopathology*, 1973, 63: 524–528
- [12] Sheng B-Q(盛宝钦), Duan X-Y(段霞瑜). Improving the technology of identification using “0–9 seals” at adult stage. *Beijing Agric Sci* (北京农业科学), 1991, (1): 38–39 (in Chinese)
- [13] Dyck P L, Johnson R. Temperature sensitivity of genes for resistance in wheat to *Puccinia recondita*. *Can J Plant Pathol*, 1983, 5: 229–234
- [14] Li B-N(李伯宁), Zhou Y-L(周益林), Duan X-Y(段霞瑜). Effects of temperature on wheat powdery mildew. *Plant Prot* (植物保护), 2008, 34(3): 22–25 (in Chinese)
- [15] Liu T(刘瞳), Zhang X-B(张学博). Genetic studies of blast disease resistance in rice-gene analysis of major resistant *indica* rice resources in Fujian. *Acta Phytopathol Sin* (植物病理学报), 1990, 20(1): 41–46 (in Chinese with English abstract)
- [16] Qiao Q(乔奇), Niu Y-C(牛永春), Wan A-M(万安民), Wu L-R(吴立人). Cluster analysis of seventy-eight important wheat cultivars for stripe rust resistance in seedling stage. *Acta Phytophy-lacica Sin* (植物保护学报), 2002, 29(3): 210–216 (in Chinese with English abstract)