

小麦新种质 N9659 抗白粉病基因的遗传分析

桑利群^{1,2}, 刘素兰², 王长有², 吉万全²

(1. 西藏农牧学院, 林芝 860000; 2. 西北农林科技大学农学院, 杨凌 712100)

摘要: 抗性种质“N9659”携带来自野生二粒小麦(资源编号: AS846)的抗白粉病基因, 并对陕西关中地区白粉病优势小种表现为高抗。为了研究其白粉病抗性基因的遗传规律, 用高感品种辉县红、阿勃、陕 160 和阿勃 21 个缺(单)体系分别与 N9659 进行杂交, 并在苗期对 F₁ 和 F₂ 进行接种鉴定。鉴定结果表明, 辉县红×N9659、阿勃×N9659、陕 160×N9659 杂交组合的所有 F₁ 表现为高抗白粉病, F₂ 代的白粉病抗感分离比例均符合 3:1。阿勃 21 个单(缺)体系和 N9659 杂交组合的所有 F₁ 表现为高抗白粉病, F₂ 代的白粉病抗感比例除组合“阿勃 SBM×N9659”偏离 3:1 外, 其它组合均符合 3:1。表明 N9659 苗期白粉病抗性由 1 对完全显性基因控制。

关键词: 小麦; 白粉病; 基因定位

中图分类号: S512.103.4

文献标识码: A

文章编号: 1672-352X(2011)06-0931-04

Genetic analysis of the resistance gene in wheat germplasm N9659

SANG Li-qun^{1, 2}, LIU Su-lan², WANG Chang-you², JI Wan-quan²

(1. Tibet Agricultural and Animal Husbandry College, Linzhi 860000;

2. College of Agronomy, Northwest A & F University, Shaanxi 712100)

Abstract: The resistance gene to the powdery mildew (*Erysiphe graminis*f.sp.*tritici*) in common wheat germplasm N9659, which is highly resistant to the prevailing *Erysiphe graminis*f.sp.*tritici* race in Shaanxi Province, is derived from wild emmer wheat (*Triticum dicoccoides*) accession“AS846”. In the present study, we aimed to identify the resistance gene in N9659, and locate it on wheat chromosome. The F₁ and F₂ populations derived from crosses of N9659 and highly susceptible cultivars Abbondanza, Shaan 160 and Huixianhong, as well as Abbondanza nullisomic lines, were inoculated with the prevailing *Erysiphe graminis*f.sp.*tritici* race in Shaanxi Province at the seedling stage for resistance identification. The results showed that the F₁ between N9659 and three susceptible cultivars Abbondanza, Shaan 160 and Huixianhong, as well as Abbondanza nullisomic lines, were resistant to the powdery mildew. The ratio of resistant and Abbondanza5BM×N9659 indicated that the powdery mildew resistance of N9659 at seedling stage is controlled by a single dominant gene located on chromosome 5B.

Key words: *Triticum aestivum*; powdery mildew; genetic location

小麦白粉病(wheat powdery mildew)是由白粉菌 *Blumeria graminis* (DC.) E.O.Speer 引起的真菌性病害^[1], 遍布世界各大麦区, 也是影响我国小麦生产的主要病害之一。每年的发生面积达 1 200 万 hm², 给我国小麦生产造成严重的损失^[2]。对白粉病的防治来说, 化学防治虽有一定的成效, 但大面积应用尚存在许多困难, 不仅会增加人力、物力的投入, 而且还会引起环境污染等生态问题。因此, 培

育和推广抗病品种是防治小麦白粉病最为经济、安全和有效的途径, 而抗病品种的选育关键在于抗源的不断发掘和有效利用。经过育种家们多年的努力, 虽然目前已定位了 39 个抗白粉病基因, 但由于许多抗病基因抗性已丧失或与不良性状连锁, 在育种上的应用十分有限, 因此必须发掘新的抗病基因, 拓宽小麦遗传基础, 进一步培育新的抗病品种, 以便持续有效地控制小麦白粉病的发生。小麦野生近缘

收稿日期: 2011-06-20

基金项目: 陕西省重大专项(2006KZ05-G3)和西北农林科技大学农学院遗传育种平台资助。

作者简介: 桑利群, 女, 硕士研究生。E-mail: sangliqun2869@163.com

* 通讯作者: 吉万全, 男, 博士, 教授, 博士生导师。E-mail: jiwanguan2003@126.com

种植物是小麦宝贵的基因资源库,将这些材料中的抗病基因导入普通小麦,选育新的抗病品种,将对小麦的生产起到很大的推动作用,目前许多学者利用遗传操作的方法将小麦近缘种植物中的抗病基因转移到普通小麦,从中选育抗病新品种,拓宽了小麦抗病基因的资源库。本实验室利用引自四川农业大学资源室对小麦白粉病免疫的野生二粒小麦 (*Triticum dicoccoides*,染色体组 AABB, $2n=28$)AS846 与高感白粉病品种超大 84 (+) 79-3-1 杂交,杂交后代 N9227B 再与高感白粉病品种陕优 225 杂交获得了陕西关中地区白粉病优势小种免疫的新种质 N9659。

本研究利用阿勃缺(单)体系对 N9659 抗白粉病基因进行染色体定位,为该抗性基因的进一步利用奠定基础。

1 材料与方法

1.1 材料

试验材料包括辉县红×N9659、阿勃×N9659、陕 160×N9659 和阿勃缺(单)体系×N9659 组合的 F₁ 和 F₂ 代。上述材料均由西北农林科技大学农学院小麦所生物室提供。白粉病菌菌种为陕西关中地区优势小种关中 4 号,由西北农林科技大学植保学院提供。

1.2 杂交组合的配制

以阿勃 21 个缺体系(无缺体系的用单体代替)

及二体为母本、N9659 为父本,分别配制杂交组合,每组合做 3 个杂交穗,对杂种 F₁ 幼穗进行 PMC 构型分析,以验证是否全为单体,令单体 F₁ 进行套袋自交结实,收获的种子为 F₂,用于 F₂ 代苗期抗病性鉴定。

1.3 单体系的染色体镜检

选取适当幼穗,洋红染色制片,花粉母细胞涂片法^[3]观察减数分裂中期 I,判断单体植株。

1.2 白粉病抗性鉴定方法

本研究中所有苗期抗性鉴定均在温室内进行。当幼苗长至三叶期时,人工弹拂接种。接种后 15 d 左右,待感病品种陕 160 充分发病后,根据盛宝钦的鉴定标准^[4]进行抗病性记载,0~2 级为抗病,3~4 级为感病,5 d 后重复调查 1 次。对获得的调查结果进行卡平方分析。

2 结果与分析

2.1 N9659 抗白粉病基因的遗传分析

采用关中地区白粉病优势小种关中 4 号对辉县红×N9659、阿勃×N9659、陕 160×N9659 组合 F₁ 代和 F₂ 代进行接种鉴定,鉴定结果显示 F₁ 代均表现为抗病,F₂ 代经卡平方检测显示抗感比例符合 3:1 的显性单基因孟德尔遗传分离比例(表 1)。这表明,N9659 苗期对陕西白粉病流行小种关中 4 号的抗性由 1 对完全显性基因控制。

表 1 N9659 与感病品种杂交的 F₁、F₂ 抗病性表现

Table 1 Powdery mildew resistance segregation in N9659 with the susceptible varieties

组合 Combination	F ₁		F ₂			抗感		χ^2
	总株数 Population	抗 感 R S	总株数 Population	抗 感 R S	期望比例 Expected ratio of S to R			
辉县红×N9659	29	29 0	130	93 37	97.5 : 32.5	0.755		
阿勃×N9659	16	16 0	138	100 38	103.5 : 34.5	0.473		
陕 160×N9659	20	20 0	127	92 35	95.25 : 31.75	0.417		

$$\chi^2_{0.05}=3.84; \chi^2_{0.01}=6.68$$

2.2 N9659 抗白粉病基因的染色体定位

采用关中地区白粉病优势小种关中 4 号对阿勃缺(单)体系与 N9659 组合的 F₁ 进行接种鉴定,结果表明 21 个组合的 F₁ 代均表现高抗。阿勃缺(单)体系与 N9659 的 F₁ 代套袋自交获得 F₂ 代种子,阿勃单体系和 N9659 组合 F₁ 代 PMC 染色体构型为 20 II + 1 I 的单体植株套袋自交获得 F₂ 代种子,21 个组合 F₂ 代白粉病抗性鉴定表明,阿勃 5BM × N9659 组合的 F₂ 代抗感比例严重偏离 3:1,其它 20 个组合

F₂ 代抗感植株分离比例均符合 3:1 (表 2),表明 N9659 的抗白粉病基因位于 5B 染色体上。

3 讨论

野生二粒小麦是普通小麦的野生四倍体祖先种,与普通小麦杂交比较容易,杂种后代与普通小麦回交的结实率较高,对小麦条锈病、叶锈病和白粉病有良好抗性,是小麦抗病育种的重要资源库^[5]。目前,39 个抗白粉病基因(*Pm1*~*Pm39*),56 个主效基因已被正式命名^[6-14],其中来自野生二粒小麦的

表 2 15 个阿勃缺体系和 6 个单体系与 N9659 杂交 F₂ 代的白粉病抗性分离结果Table 2 The segregation for reaction to powdery mildew in F₂ seedlings from crosses between 15 nullisomic lines and 6 monosomic lines of Abbondanza and N9659

组合 Combination	总株数 Population	抗感观察比例 Observed ratio	抗感期望比例 Expected ratio	χ^2
1AM×N9659	145	101:44	108.75:36.25	1.933
2AN×N9659	137	98:39	102.75:34.25	0.703
3AM×N9659	136	93:43	102.00:34.00	2.833
4AN×N9659	149	109:42	111.75:37.25	0.647
5AN×N9659	143	103:40	107.25:35.75	0.524
6AN×N9659	150	105:45	112.50:37.50	1.743
7AN×N9659	145	100:45	108.75:36.25	2.503
1BN×N9659	146	102:44	109.50:36.50	0.789
2BN×N9659	140	104:36	105.00:35.00	0.009
3BM×N9659	195	149:46	146.25:48.75	0.138
4BM×N9659	148	101:47	111.00:37.00	3.252
5BM×N9659	136	132:40	102.00:34.00	34.128
6BN×N9659	141	104:37	105.75:35.25	0.059
7BN×N9659	146	110:36	109.50:36.50	0.000
1DN×N9659	133	98:35	99.75:33.25	0.060
2DN×N9659	152	113:39	114.00:38.00	0.009
3DN×N9659	145	102:43	108.75:36.25	1.437
4DN×N9659	152	113:39	114.00:38.00	0.009
5DN×N9659	143	102:41	107.25:35.75	0.841
6DN×N9659	145	103:42	108.75:36.25	1.014
7DM×N9659	146	103:43	109.50:36.50	1.315

$\chi^2_{0.05}=3.84$; $\chi^2_{0.01}=6.68$; N: 缺体 Nullisome, M: 单体 Monosome.

有 *Pm16*、*Pm26*、*Pm30* 和 *Pm31*，它们分别被定位在 4B、2BS、5BS 和 6A 染色体上^[15-17]。其中，*Pm26* 为隐性基因，*Pm16*、*Pm30* 和 *Pm31* 为显性基因。本研究根据对 N9659 的 3 个相关亲本的白粉病抗性分析得知，超大 84 (+) 79-3-1 和陕优 225 高感白粉病，AS846 对白粉病免疫，所以该抗性基因也来源于 AS846，经过抗病性鉴定，发现研究中所用抗病分离群体的分离比例符合 3:1 的显性单基因孟德尔分离率，此结果证实该基因为显性单基因。通过缺(单)体分析将其定位于 5B 染色体上。该抗病基因的定位和转移在抗病育种中具有一定的利用价值，但该研究还未将该抗白粉病基因具体定位于染色体的某一臂上，应用于分子标记辅助育种比较困难，需要利用分子标记技术筛选与该抗性基因紧密连锁或共分离的标记，使该抗性基因的标记利用更可行。同时该抗病基因是否与 *Pm30* 相同需进一步研究。

参考文献:

- [1] 庄巧生. 中国小麦品种改良及系谱分析[M]. 北京: 中国农业出版社, 2003: 469.
- [2] 金善宝. 中国小麦学[M]. 北京: 中国农业出版社, 1996: 48-7489.
- [3] 薛秀庄, 吉万全. 染色体工程[M]. 石家庄: 河北科学技术出版社, 1993: 45-48.
- [4] 盛宝钦. 用反应型记载小麦苗期白粉病[J]. 植物保护, 1988(1): 49.
- [5] Nevo E. Genetic resources of wild emmer, *Triticum dicoccoides* for wheat improvement: news and views[C]//Li Z S, Xin Z Y. Proc 8th Int Wheat Genet Symp. Bingjing, China, China Agricultural Scien-tech Press, 1993: 79-87.
- [6] 张海泉, 符晓棠, 郝晨阳. 小麦白粉病白抗性基因的研究进展[J]. 沈阳农业大学学报, 2003, 31(1): 68-71.
- [7] Miranda L M, Murphy J P, Marshall D. *Pm34*: a new powdery mildew resistance gene transferred from *Aegilops tauschii* Coss to common wheat (*Triticum aestivum* L) [J]. Theor Appl Genet, 2006, 113(8): 1497-1504.
- [8] 吉万全, 薛秀庄, 王秋英, 等. 野生二粒小麦抗白粉基因的转移及其 RAPD 分析[J]. 西北植物学报, 1999, 19(6): 31-36.
- [9] Reader S M. 野生二粒小麦抗白粉病基因向普通小麦的转入[J]. 国外农学—麦类作物, 1992, 13(2): 1-3.
- [10] Miranda L M, Murphy J P, Marshall D, et al. Chromosomal location of *Pm35*, a novel *Aegilops tauschii* derived

- powdery mildew resistance gene introgressed into common wheat(*Triticum aestivum* L.)[J]. *Theor Appl Genet*, 2007, 114: 1451-1456.
- [11] Blanco A, Gadaleta A, Cenci A, et al. Molecular mapping of the novel powdery mildew resistance gene Pm36 introgressed from *Triticum turgidum* var. *dicoccoides* in durum wheat[J]. *Theor Appl Genet*, 2008, 117: 135-142.
- [12] Perugini L D, Murphy J P, Marshall D, et al. Pm37, a new broadly effective powdery mildew resistance gene from *Triticum timopheevii*[J]. *Theor Appl Genet*, 2008, 116: 417-425.
- [13] Spielmeier W, McIntosh R A, Kolmer J, et al. Powdery mildew resistance and *Lr34/Yr18* genes for durable resistance to leaf and stripe rust cosegregate at a locus on the short arm of chromosome 7D of wheat[J]. *Theor Appl Genet*, 2005, 111:731-735
- [14] Lillemo M, Asalf B, Singh R P, et al. The adult plant rust resistance loci Lr34/Yr18 and Lr46/Yr29 are important determinants of partial resistance to powdery mildew in bread wheat line Saar[J]. *Theor Appl Genet*, 2008, 118: 1155-1166.
- [15] Rong J K, Millet E, Manisterski J. A new powdery mildew resistance gene: introgression from wild emmer into common wheat and RFLP-based mapping [J]. *Euphytica*, 2000, 115: 121-126.
- [16] LIU Z Y, SUN Q X, NI Z F, et al. Molecular characterization of a novel powdery mildew resistance gene *Pm30* in wheat originating from wild emmer[J]. *Euphytica*, 2002, 123: 21-29.
- [17] 解超杰, 倪中福, 孙其信, 等. 利用小麦微卫星标记定位一个来自野生二粒小麦的抗白粉病基因[J]. *遗传学报*, 2001, 28(11): 1034-1039.

本刊顾问 陈宗懋院士

陈宗懋 (1933 -), 茶学专家。出生于上海市, 原籍浙江省海盐县人。1954年毕业于沈阳农学院植保系。曾任中国农业科学院茶叶研究所所长、中国茶叶学会理事长。现任中国农业科学院茶叶研究所研究员、博导、中国茶叶学会名誉理事长和国际茶叶协会副主席。

20世纪60年代陈宗懋院士开创茶叶农残研究, 提出各类农药在茶树上降解规律和预测模型、18项国标和5项部标。首次探明空气漂移是茶叶农残徘徊不降的原因, 研究居国际前沿水平。其实验室被欧盟确认为中国茶出口唯一认可检验机构。近年对降低我国茶叶农残有突出贡献, 3年全国超标率由80%降至20%。90年代开拓昆虫化学生态学新领域, 从茶树-害虫-天敌化学通讯机制着手, 明确害虫和天敌定位的化学生态机制, 具创新性。论文在《*J Chem Ecol*》, 《*J Agricul Food Chem*》等重要刊物上发表。培养多名博士生和管理人才, 对我国茶业起到推动作用。

2003年当选为中国工程院院士。