

研究报告

Research Reports

我国小麦地方品种蚂蚱麦、小白冬麦、游白兰、
红卷芒抗白粉病性遗传分析*

翟雯雯, 段霞瑜**, 周益林, 马慧乾

(中国农业科学院植物保护研究所, 植物病虫害生物学国家重点实验室, 北京 100094)

摘要 我国地方品种是小麦白粉病抗性的重要来源之一, 为了对地方品种抗源的利用奠定基础, 采用常规杂交方法, 以感病品种 Chancellor 分别与我国小麦抗病地方品种蚂蚱麦、小白冬麦、游白兰、红卷芒进行正交和反交, 获得 F_1 、 F_2 代。根据白粉菌菌株的毒谱选用 E09 菌株对 Chancellor 与小白冬麦、游白兰、红卷芒的杂交后代进行苗期抗性鉴定和统计分析, 选用 E30 菌株对 Chancellor 与蚂蚱麦的杂交后代进行苗期抗性鉴定和统计分析。结果表明 4 个品种在正、反交情况下均表现出由一对隐性基因控制的抗性, 说明这 4 个地方品种属于核遗传, 其抗性是由一对隐性基因控制的。

关键词 小麦白粉病; 地方品种; 抗病性; 遗传分析

中图分类号 S 435.121.46

Inheritance of resistance to powdery mildew in four Chinese landraces

Zhai Wenwen, Duan Xiayu, Zhou Yilin, Ma Huiqian

(State Key Laboratory for Biology of Plant Diseases and Insect Pests,
Institute of Plant Protection, CAAS, Beijing 100094, China)

Abstract The inheritance of resistance of the four wheat landraces Mazha, Xiaobaidong, Youbailan, Hongjuanmang to *Blumeria graminis* f. sp. *tritici* was analyzed by reciprocal crosses and test cross with a susceptible cultivar Chancellor, respectively. The resistance of Mazha and its hybrid progenies was analyzed genetically by artificial inoculation with isolate E30 of *B. graminis* f. sp. *tritici* at seedling stage, while the resistance of Xiaobaidong, Youbailan, Hongjuanmang and their hybrid progenies was analyzed genetically by artificial inoculation with isolate E09 of *B. graminis* f. sp. *tritici* at seedling stage. Chi-square tests were employed to analyze the inheritance of the four landraces. The results showed that the F_2 populations segregated at the ratio of 1R:3S, and the progenies segregated at the ratio of 1R:1S in test cross. These results ascertained that a single recessive gene conferred the resistance to powdery mildew in the landraces at seedling stage.

Key words powdery mildew; wheat landrace; resistance; inheritance

小麦白粉病是由布氏白粉菌 (*Blumeria graminis* f. sp. *tritici* Em. Marchal) 引起的真菌性气传病害, 在病害发生的一般年份可使小麦减产 5% ~ 19%, 严重年份减产高达 30%, 是我国小麦生产最重要的真菌病害之一。白粉病得以蔓延的主要原因之一, 是我国自 20 世纪 90 年代以来, 小麦对白粉病

的抗性主要依靠来自黑麦的抗白粉病基因 $Pm8^{[1]}$, 大面积种植单一抗病基因的品种使我国小麦生产面临严重的抗性危机, 故品种抗病基因的多样化是预防小麦白粉病的一项十分重要的措施。多年的研究表明我国小麦地方品种蕴含着丰富的抗病资源, 加强对我国小麦地方品种抗白粉病基因资源的研究和

收稿日期: 2007-05-16

修订日期: 2007-09-24

基金项目: 国家“863”项目 (2006AA10Z1C1); “十一·五”国家科技支撑计划课题 (2006BAD13B02); 公益性行业科研专项 (nyhyzx07-48); 中国农业科学院植物保护研究所基本科研业务费专项基金

* 致谢: 中国农业科学院植物保护研究所徐世昌研究员对本文提出建设性的修改意见, 特此致以诚挚的谢意。

** 通讯作者 E-mail: xyduan@ippcaas.cn

利用,将拓宽小麦抗白粉病育种中抗源的选择范围。在已报道的小麦抗白粉病基因中,*Pm5e*、*Pm24*、*mlxhd*均来自于我国小麦地方品种,其中*Pm24*已经在我国育种中应用^[2]。研究还发现小麦地方品种游白兰、红卷芒、小白冬麦、白蝴蝶条、笨三月黄、蚂蚱麦等一些珍贵的品种对小麦白粉病表现高抗或免疫,而且与已知的非中国地方品种的抗病基因不同。目前,前人已通过互交对游白兰、红卷芒和小白冬麦进行过等位性测定^[3],但未进行与感病品种的杂交及测交鉴定,而对蚂蚱麦未见有对其进行遗传分析的报道。为了加强对这些品种的利用和为进行分子标记辅助选育奠定基础,对这些地方品种进行了抗性遗传分析。

1 材料与方法

1.1 供试材料

我国抗白粉病小麦地方品种蚂蚱麦、小白冬麦、游白兰、红卷芒由中国农业科学院作物科学研究所李立会研究员、李秀全副研究员提供;感病品种Chancellor由中国农业科学院植物保护研究所白粉病组保存。

1.2 菌种

鉴定采用的菌种E09、E30由中国农业科学院植物保护研究所白粉病组分离、纯化、鉴定、保存。经过两次挑单孢子堆进一步纯化的菌株,在隔离的感病品种Chancellor上繁殖培养,繁殖好的新鲜小麦白粉菌用于接种鉴定,单株抗病分级指标参照盛宝钦的0~4级分级法^[4]。

1.3 抗白粉病鉴定

供试材料分别在大田种植和温室加代,获得的 F_1 、 F_2 代种子浸种萌发后分别种植在65 cm×45 cm的塑料方盒中,并进行隔离培养,待幼苗长到1叶1心期时进行接种鉴定。其中 F_1 代种子萌动后先进行春化处理,鉴定完毕后又移栽至大田,收获 F_2 代种子。

2 结果与分析

2.1 小麦地方品种蚂蚱麦抗性遗传分析

采用常规的杂交方法获得Chancellor与蚂蚱麦正反交的 F_1 、 F_2 代,接种E30进行苗期鉴定结果为,抗病亲本蚂蚱麦对E30小种表现抗病,侵染型为0~0型,Chancellor表现为感病,侵染型为4型。根据双亲及其 F_1 、 F_2 代侵染型的级别及侵染

型数目,将0~2型植株划分为抗病类型,将3~4型划分为感病类型。在以感病品种Chancellor为母本与蚂蚱麦杂交的组合中, F_1 代全部表现为感病,据此可以推断蚂蚱麦对E30的抗性可能是由隐性基因起主要控制作用;在对 F_2 的抗性鉴定中, F_2 代分离群体共215株,有54株表现抗病,侵染型为0~2型,161株表现感病,侵染型为3~4型,经卡方测验符合1R:3S的理论比例($\chi^2\{1:3\}=0.001, p=0.95\sim0.995$)。而蚂蚱麦与Chancellor杂交的 F_1 代也表现为感病,其 F_2 代分离群体共获得217株,其中53株表现抗病,164株表现感病,适合性卡方测验表明正反交的抗感单株均符合1R:3S的分离比(表1)。根据上述分析,可以推测蚂蚱麦对小麦白粉菌E30的抗性是受至少一对隐性基因控制的。

2.2 小麦地方品种小白冬麦、游白兰、红卷芒的抗性遗传分析

采用常规的杂交方法获得Chancellor与小白冬麦、游白兰、红卷芒正反交的 F_1 、 F_2 代。对亲本的抗病性鉴定表明,小白冬麦、游白兰、红卷芒对E09菌株表现为高抗(侵染型0/0型),Chancellor对E09菌株表现为感病(侵染型为4型)。根据双亲及其 F_1 、 F_2 代侵染型的级别及侵染型数目,将0~2型植株划分为抗病类型,将3~4型划分为感病类型。在以感病品种Chancellor为母本与小白冬麦、红卷芒、游白兰杂交的组合中, F_1 代全部表现为感病,据此可以推断这3个品种对小麦白粉菌E09的抗性可能是由隐性基因起主要控制作用。

Chancellor×小白冬麦 F_2 代分离群体共140株,有29株表现抗病侵染型为0~2型,111株表现感病,侵染型为3~4型,卡方测验符合1R:3S的理论比例($\chi^2\{1:3\}=1.15, p=0.25\sim0.50$),而小白冬麦与Chancellor反交的结果也符合1R:3S的理论比例,适合性卡方测验表明正反交的抗感单株也符合1R:3S的分离比($\chi^2\{1:3\}=0.35, p=0.50\sim0.75$)(表1),结合Chancellor与小白冬麦 F_1 代均为感病的鉴定结果,说明小白冬麦对小麦白粉菌E09的抗性是受至少一对隐性基因控制的。

Chancellor×游白兰 F_2 代分离群体共98株,有31株表现抗病侵染型为0~2型,67株表现感病,侵染型为3~4型,卡方测验符合1R:3S的理论比例($\chi^2\{1:3\}=0.17, p=0.50\sim0.75$),而Chancellor

与游白兰反交的结果也符合 1R:3S 的理论比例,适合性卡方测验表明正反交的抗感单株符合 1R:3S 的分离比($\chi^2\{1:3\}=1.96, p=0.10\sim0.25$)(表 1),结合 Chancellor 与游白兰 F_1 代均为感病的鉴定结果说明游白兰对小麦白粉菌 E09 的抗性是受至少一对隐性基因控制的。

Chancellor×红卷芒 F_2 代分离群体共 113 株,有 34 株表现抗病侵染型为 0~2 型,79 株表现感

病,侵染型为 3~4 型,卡方测验符合 1R:3S 的理论比例($\chi^2\{1:3\}=1.30, p=0.25\sim0.50$),而 Chancellor 与红卷芒反交的结果也符合 1R:3S 的理论比例,适合性卡方测验表明正反交的抗感单株符合 1R:3S 的分离比($\chi^2\{1:3\}=2.28, p=0.10\sim0.25$)(表 1),结合 Chancellor 与红卷芒 F_1 代均为感病的鉴定结果说明红卷芒对小麦白粉菌 E09 的抗性是受至少一对隐性基因控制的。

表 1 4 个小麦农家品种各个杂交的白粉病抗性遗传分析¹⁾

亲本及组合	F_1 代	F_2 代抗感分离情况			观察比值 (R:S)	理论比值 (R:S)	χ^2 值	p 值
		总数/株	抗病/株	感病/株				
Chancellor×蚂蚱麦	22	215	54	161	1:2.98	1:3	0.001	0.95~0.995
蚂蚱麦×Chancellor	17	217	53	164	1:3.09	1:3	0.038	0.75~0.900
Chancellor×小白冬麦	—	140	29	111	1:3.83	1:3	1.150	0.25~0.500
小白冬麦×Chancellor	—	138	31	107	1:3.45	1:3	0.350	0.50~0.750
Chancellor×游白兰	—	126	34	92	1:2.71	1:3	0.170	0.50~0.750
游白兰×Chancellor	—	98	31	67	1:2.16	1:3	1.960	0.10~0.250
Chancellor×红卷芒	—	113	34	79	1:2.32	1:3	1.300	0.25~0.500
红卷芒×Chancellor	—	123	38	85	1:2.24	1:3	2.280	0.10~0.250

1) $\chi^2_{0.05,1}=3.84$ 。

3 讨论

本研究对我国 4 个小麦地方品种蚂蚱麦、小白冬麦、游白兰、红卷芒的抗性进行遗传分析,采用常规的杂交方法获得正反交的 F_1 、 F_2 代,通过卡方测验结果表明,4 个小麦地方品种的白粉病抗感分离比均符合 1R:3S 的比率,说明蚂蚱麦对小麦白粉菌 E30 的抗性是由一对隐性基因控制的,小白冬麦、游白兰、红卷芒对小麦白粉菌 E09 的抗性也是由一对隐性基因控制的。

段霞瑜等曾将小白冬麦和游白兰与含有 $Pm2$ 基因的 Ulka/8cc 的杂交 F_2 代进行苗期接种鉴定^[3]。由于 $Pm2$ 基因是显性遗传的,其与感病亲本杂交组合的 F_2 代抗感比例应该是 3:1,而 Ulka/8cc 与小白冬麦、游白兰的杂交组合 F_2 代符合 13:3 的抗感比率,由于 $(3:1)(1:3)=13:3$,因此推算出小白冬麦和游白兰的抗性遗传符合 1:3 的比例,即这两个品种的白粉病抗性是由一对隐性基因控制的。本研究利用抗病品种小白冬麦和游白兰与感病品种 Chancellor 杂交获得 1:3 的抗感比例,对此推断进行了确认,即小白冬麦和游白兰所携带的抗病基因是由一对隐性基因控制的,其中游白兰携带有一对隐性抗白粉病基因的结果,与林志珊等的结果一致(未公开发表)。Huang 等研究表明,复壮 30 和小白冬麦含有的抗白粉病基因是 $Pm5$ 的等位基因,并将小

白冬麦的抗白粉病基因初步命名为 $mlxbd^{[3]}$,但游白兰所含的抗病基因是否为 $Pm5$ 的等位基因还不明确,故将该基因初步命名 $Pm_{youbailan}$ 。因此,段霞瑜等的结果^[3]是对 Huang 等的结果^[5]的印证和补充,即小白冬麦、游白兰、红卷芒与复壮 30 是等位的,它们对小麦白粉病的抗性是由一对隐性基因控制的。而本研究则通过小白冬麦、游白兰和红卷芒与感病品种的杂交后代分析,从另一个侧面对上述结果进行了验证。

熊恩惠等对红卷芒、蚂蚱麦和小白冬麦进行的遗传分析表明,这 3 个地方品种各含有 1 对显性抗病基因^[6],与本试验结果并不一致。熊恩惠等杂交所采用的感病品种为苏麦 3 号,而本试验杂交所采用的感病品种为 Chancellor,品种的不同,可能造成显隐性的不同;本试验获得的 F_1 代鉴定结果均为 4 型,完全为感病亲本类型,而熊恩惠等获得的蚂蚱麦与苏麦 3 号 F_1 代杂交组合的抗病侵染型为 1~2 型, F_1 代的侵染型高于蚂蚱麦的侵染型(0~1 型),说明感病亲本对 F_1 代有影响;本试验所采用的 E30 菌株对 $Pm1$ 、 $Pm3a$ 、 $Pm3b$ 、 $Pm3c$ 、 $Pm3e$ 、 $Pm3f$ 、 $Pm5$ 、 $Pm7$ 、 $Pm17$ 、 $Pm24$ 基因有毒性,而熊恩惠等接种采用的菌株则对 $Pm1$ 、 $Pm3a$ 、 $Pm3b$ 、 $Pm3c$ 、 $Pm3f$ 、 $Pm5$ 、 $Pm7$ 、 $Pm9$ 基因有毒性,对于不同的毒性谱,其相应的抗性基因表现型是会有所不同的;此

外,熊恩惠等苗期鉴定采用的是3叶期接种,而本试验是在小麦的1叶1心期接种,由于不同抗病基因的表达时期可能不同,如*Pm6*的抗性就是在3叶期以后才能充分表达^[7]。因此,也存在蚂蚱麦中有2个在不同时期表达的不同基因的可能性。

小白冬麦所含的抗病基因暂时被命名为*mlx-bd*^[3],是*Pm5*的等位基因,Hsam等证明*Pm5*为一复等位基因位点^[8],目前已经有*Pm5a*、*Pm5b*、*Pm5c*、*Pm5d*和*Pm5e*等5个复等位基因,其代表品种分别为Hope、Ibis、Kolandi,普通小麦IGV1~455和中国地方品种复壮30。研究表明小白冬麦、游白兰、红卷芒和复壮30所含的抗白粉病基因是等位的^[3,8],但是是否为同一个抗病基因还需要进一步的研究,现初步将游白兰、红卷芒、蚂蚱麦所含有的抗病基因命名为*Pmyoubailan*、*Pmhongjuanmang*、*Pmmazha*。

自20世纪80年代鉴定出以上中国地方品种的抗性以来^[9],这些地方品种基本上保持了稳定的抗性,为这些品种及其所携带的抗病基因在育种中的应用提供了良好的基础。由于这些抗病基因均为小麦来源,对它们的利用与利用近缘植物相比,有其自身的优势。因此本研究结果为蚂蚱麦、小白冬麦、游白兰、红卷芒等4个小麦地方品种在小麦抗白粉病育种中的合理使用提供了依据。我国小麦地方品种十分丰富,了解和发现我国小麦地方品种的抗病资源,有助于丰富我国小麦抗白粉病的基因资源和抗

病基因的基因组、抗性遗传多样性及其利用的研究,因而最终也更加有利于对小麦白粉病的防控策略的制定。

参考文献

- [1] 王立新,苏爱莲,徐民新.小麦品种复壮30抗白粉病基因RAPD标记的研究[J].农业生物技术学报,2000,8(4):373-376.
- [2] 邱永春,张书绅.小麦抗白粉病基因及其分子标记研究进展[J].麦类作物学报,2004,24(2):127-132.
- [3] 段霞瑜,向齐君,周益林,等.四个小麦农家品种所携抗白粉病基因的等位性测定[J].植物病理学报,2001,31(3)(增刊):32-35.
- [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] Huang X Q, Wang L X, Xu M X et al. Microsatellite mapping of the powdery mildew resistance gene *Pm5e* in common wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. Theor Appl Genet 2003, 106: 858-865.
- [6] 熊恩惠,朱伟.3个农家小麦品种白粉病抗性遗传初步分析[J].江苏农学院学报,1995,16(2):47-50.
- [7] Bennet F G A. Resistance to powdery mildew in wheat, a review of its use in agriculture and breeding programmes [J]. Plant Pathol, 1984, 33: 279-360.
- [8] Hsam S L K, Huang X Q, Zeller F J. Chromosomal location of genes for resistance to powdery mildew in common wheat (*Triticum aestivum* L. em. Thell.) 6. Alleles at the *Pm5* locus [J]. Theor Appl Genet, 2001(2):127-133.
- [9] 司权民,张新心,段霞瑜,等.小麦抗白粉病品种的基因分析与归类研究[J].植物病理学报,1992,22(4):349-355.