

小麦抗白粉病种质“N9134”的抗性遗传分析*

王秋英, 吉万全, 王长有, 薛秀庄, 王亚娟

(西北农林科技大学 农学院, 陕西 杨凌 712100)

[摘要] 抗性种质“N 9134”含有野生二粒小麦(资源编号: AS 846)的抗白粉病基因。为了研究其白粉病抗性基因的遗传规律, 用感病品种阿勃、中国春、陕 160、陕优 225 与该种质正反交, 结果 F_1 白粉病感染 0~1 级, F_2 白粉病抗感比例为 3 : 1; 以小麦缺体系与其杂交, F_1 白粉病感染 0~1 级, F_2 白粉病抗感比例除“5B”偏离 3 : 1 外, 其余均为 3 : 1。表明 N 9134 的白粉病抗性由 1 对完全显性基因控制, 位于“5B”染色体上。

[关键词] N 9134; 白粉病; 遗传分析

[中图分类号] S512 103.4

[文献标识码] A

[文章编号] 1671-9387(2004)02-0014-03

小麦白粉病是危害小麦的主要病害之一。20世纪 70 年代以来, 随着矮秆、半矮秆品种的推广及水肥条件的提高, 小麦白粉病的发生在我国日趋严重。采用化学防治虽有一定效果, 但费时、费力、费钱, 且污染环境, 破坏生态^[1]。因此, 培育抗病品种是防治小麦白粉病的较为经济、有效、安全的途径。抗病品种的选育关键在于抗原的发掘和有效利用^[2]。从 20 世纪 80 年代开始, 本研究室就开展了对抗性种质的搜集、鉴定、筛选和利用, 目前已培育出了一批不同抗原的小麦抗性亲本及新品系。N 9134 就是从引进的 39 个野生二粒小麦中筛选出的抗白粉、抗条锈的野生二粒小麦(资源编号: AS 846)与普通小麦“阿勃”的非整倍体杂交选育而成的。该材料对关中地区白粉病混合菌种高抗至免疫, 株形紧凑, 半冬性, 叶短小而上挺, 长芒, 白粒, 是抗性育种的优良亲本。研究其抗白粉病遗传规律, 对于该亲本的快速应用及小麦抗白粉病育种具有重要意义。

1 材料与方法

1.1 材料

N 9134: 感病亲本: 阿勃 1A、1B、1D、2A、2D、3B、3D、4B、4D、5A、5D、6A、6B、6D、7A、7B 缺体, 扬麦 7D、2B 缺体, 中“7902”3A 缺体, 阿勃 4B、5B 单体; 阿勃, 中国春, 陕优 225, 陕 160。上述材料均由本室提供。

关中地区白粉病混合菌种由西北农林科技大学

植保学院白粉病组提供。

1.2 方法

用感病品种阿勃、中国春、陕 160、陕优 225 与 N 9134 正反交, 观察杂种 F_1 和 F_2 的抗病性, 分析 N 9134 白粉病抗性的遗传规律。

为研究 N 9134 白粉病抗性基因的缺体分析, 以小麦缺体单体系作母本与 N 9134 杂交, F_1 (单体杂交组合选单体株)自交套袋。杂种 F_1 、 F_2 每年 10-03 ~ 10-05 播种, 试验设置在与其他病原隔离的小网室内, 每年 9 月上旬种植白粉病诱发品种陕优 225, 9 月上旬移入采自西北农林科技大学植保学院白粉病模拟病圃的带菌苗, 使其成活形成病菌混合繁殖群体, 用以诱发供试材料自然传播感染发病。对白粉病混合菌种的感染反应型按照国际小麦种质资源鉴定圃 0、1、2、3、4、5、6、7、8、9 十级标准调查。

2 结果与分析

2.1 N 9134 白粉病抗性的遗传分析

不同小麦品种对白粉病混合菌种的感染反应型不同。N 9134 为 0~1 级, 阿勃为 6~7 级, 中国春为 6~7 级, 陕优 225 为 9 级, 陕 160 为 8~9 级。以 N 9134 作母本与阿勃、陕优 225、陕 160 杂交, 同时作父本与陕优 225、陕 160 杂交, F_1 白粉病混合菌种感染 0~1 级; F_2 抗感比例符合 3 : 1 的规律, 说明 N 9134 的抗白粉病性状由 1 对完全显性基因控制(见表 1)。

* [收稿日期] 2003-01-09

[基金项目] 国家“十五”科技攻关项目(2001BA511B03); 陕西省科技攻关项目(2002K03-G2-2); 杨凌生物技术育种中心项目(A 1999-2)

[作者简介] 王秋英(1957-), 女, 陕西杨凌人, 农艺师, 主要从事小麦遗传与育种及抗性材料选育研究。

表1 N 9134 与感病品种杂交的 F₁, F₂ 抗病性表现Table 1 F₁ and F₂ powdery mildew resistance segregation in the combinations of N 9134 with the susceptible varieties

组合 Combination	群体 Population	F ₁		F ₂		抗感期望比例 Expected ratio	χ^2
		抗 R	感 S	群体 Population	抗 R	感 S	
阿勃×N 9134 A bbondza ×N 9134	16	16	0	133	103	30	99.75 33.25 0.303
中国春×N 9134 Chinese spring ×N 9134	6	6	0	81	60	21	60.75 20.25 0.004
陕优225×N 9134 Shanyou 225 ×N 9134	29	29	0	134	94	40	100.50 33.50 1.432
陕160×N 9134 Shann 160 ×N 9134	15	15	0	51	38	13	38.25 12.75 0.006
N 9134 ×陕160 N 9134 ×Shann 160	25	25	0	57	42	15	42.75 14.25 0.005
N 9134 ×陕优225 N 9134 ×Shanyou 225	66	66	0	139	101	38	104.25 34.25 0.290

注: $\chi^2_{0.05,1} = 3.84$, $\chi^2_{0.01,1} = 6.63$ 。下表同。Note: $\chi^2_{0.05,1} = 3.84$, $\chi^2_{0.01,1} = 6.63$. The following table is the same.表2 18个缺体系及2个单体系×N 9134 的 F₁, F₂ 抗病性表现Table 2 F₁ and F₂ powdery mildew resistance segregation in the combinations (Nullisomic lines ×N 9134)

组合 Combination	群体 Population	F ₁		F ₂		抗感期望比例 Expected ratio	χ^2
		抗 R	感 S	群体 Population	抗 R	感 S	
阿1AN ×N 9134 1AN of A bb ×N 9134	4	4	0	121	137	44	90.75 30.25 0.024
阿IBN ×N 9134 IBN of A bb ×N 9134	4	4	0	197	148	49	148.5 49.5 0.001
阿IDN ×N 9134 IDN of A bb ×N 9134	6	6	0	192	146	46	144.48 0.062
阿2AN ×N 9134 2AN of A bb ×N 9134	29	29	0	188	143	45	141.47 0.063
阿2BN ×N 9134 2BN of A bb ×N 9134	7	7	0	196	144	52	147.49 0.170
阿2DN ×N 9134 2DN of A bb ×N 9134	5	5	0	228	177	51	171.57 0.560
“中”7902 3AN ×N 9134 3AN of Zhong 7902 ×N 9134	7	7	0	197	144	53	147.75 49.25 0.285
阿3BN ×N 9134 3BN of A bb ×N 9134	18	18	0	196	140	56	147.49 1.149
阿3DN ×N 9134 3DN of A bb ×N 9134	14	14	0	196	144	54	147.49 0.435
阿4AM ×N 9134 4AM of A bb ×N 9134	9	9	0	226	175	51	169.5 56.5 0.589
阿4BN ×N 9134 4BN of A bb ×N 9134	7	7	0	219	172	47	164.25 54.75 1.280
阿4DN ×N 9134 4DN of A bb ×N 9134	7	7	0	224	167	57	168.56 0.005
阿5AN ×N 9134 5AN of A bb ×N 9134	6	6	0	182	132	50	136.5 45.5 0.046
阿5BM ×N 9134 5BM of A bb ×N 9134	7	7	0	211	192	19	158.25 52.75 27.94**
阿5DN ×N 9134 5DN of A bb ×N 9134	7	7	0	183	147	36	137.25 45.75 2.493
阿6BN ×N 9134 6BN of A bb ×N 9134	1	1	0	136	96	40	102.34 1.186
阿6DN ×N 9134 6DN of A bb ×N 9134	12	12	0	207	146	61	155.25 51.75 2.449
阿7AN ×N 9134 7AN of A bb ×N 9134	8	8	0	188	147	41	141.47 0.858
阿7BN ×N 9134 7BN of A bb ×N 9134	1	1	0	197	156	41	147.75 49.25 1.626
扬7DN ×N 9134 7DN of Yang Mai ×N 9134	4	4	0	187	137	50	140.25 46.75 0.215

注: 阿勃6AN ×N 9134 组合 F₀ 未结实, 表中未列。

Note: Combination of A b6AN ×N 9134 was not fruitful and was not shown in this table.

2.2 N 9134 白粉病抗性的缺体分析

以18(19)个缺体系和2个单体系作母本与N 9134 杂交所得的杂种F₁, 经抗病性鉴定, 所有组合均表现抗病。F₂代抗病性发生分离, 在20个组合中, 有19个组合的F₂代抗病与感病植株分离比例符合3:1的规律, 经 χ^2 测验符合度好, 只有5B单体组合的抗病植株192株, 感病植株19株, 偏离了3:1的分离比例, χ^2 测验达到了极显著水平(表2)。这一结果表明, N 9134 与5B单体组合为抗性基因

所在的关键组合, 也就是说, N 9134 的抗病基因位于5B染色体上。

3 讨论

小麦白粉病的抗性基因来自普通小麦及其近缘种属。1930年, 澳大利亚学者Waterhouse首次报道小麦品种Theew 携带一对显性抗病基因^[3]。此后, 各国科学家开始对小麦白粉病抗性基因遗传及染色体定位进行了广泛而深入的研究^[3]。到目前为止, 已

经正式定名的小麦抗白粉病基因有 30 (Pm 1 ~ Pm 30) 个。采用端体 单体 缺体- 四体和分子标记等分析方法, 已将这 30 个不同来源的小麦白粉病抗病基因进行了染色体定位, 它们分别被定位于 A , B, D 组共 16 条染色体上, 其中来自野生二粒小麦的 Pm 16, Pm 26, Pm 30 分别被定位在 4B , 2BS, 5BS

染色体上^[4~6], Pm 26 由一对隐性基因控制, Pm 16, Pm 30 为显性基因控制。N 9134 的抗白粉病基因来自于野生二粒小麦, 由一对显性基因控制。通过缺体分析, 抗性基因定位于 5B 染色体上。N 9134 的抗性基因是否与 Pm 30 相同, 需进一步研究。

[参考文献]

- [1] 姚景侠, 杨芳彬, 赵毓美 白免 3 号小麦抗白粉病基因单体分析[J]. 作物学报, 1982, 8(3): 214- 216
- [2] 朱文华, 任明见, 张庆勤 三个小麦新品系抗白粉病基因分析[J]. 植物病理学报, 2000, 30(1): 25- 29
- [3] 刘金元, 刘大均 小麦白粉病抗性基因研究进展[J]. 植物病理学报, 2000, 30(4): 289- 295
- [4] 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
- [5] 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
- [6] LIU Zhirong, SUN Qixian, NI Zhongfu, et al. Molecular characterization of a novel powdery mildew resistance gene Pm 30 in wheat originating from wild emmer[J]. Euphytica, 2002, 123: 21- 29

Genetic analysis of germplasm “N 9134” resistance to powdery mildew in Wheat

WANG Qiu-ying, JIWAN-quan, WANG Chang-you, XUE Xiu-zhuang

(College of Agronomy, Northwest Sci-Tech University of Agriculture and Forestry, Yangling, Shaanxi 712100, China)

Abstract: The resistance gene to the powdery mildew (*Erysiphe graminis* f. sp. *tritici*) in common wheat germplasm N 9134 is derived from wild emmer wheat (*Triticum dicoccoides*) accession “AS846”. In order to determine the inheritance of powdery mildew resistance in N 9134, the genetic analysis of N 9134 was done. The reciprocal crosses F_1 between N 9134 and four susceptible cultivars Abbondanza, Chinese Spring, Shaan 160 and Shaanyou 225 were resistant to the powdery mildew, the ratio of resistant and susceptible plants in F_2 progeny fitted the expected 3 to 1. All of F_1 generation between wheat nullisomic lines and N 9134 were resistant. The ratio of resistant and susceptible plants in (A bbondanza 5BM × N 9134) F_2 progeny fitted the 3 to 1, except 5B. The results indicated that the powdery mildew resistance of N 9134 at adult stage is controlled by a single dominant gene located on chromosome 5B.

Key words: N 9134; the powdery mildew; genetic analysis