

普通小麦抗条锈新种质——W T212 的 抗性及其遗传分析*

李春莲, 陈耀锋, 韩德俊, 郭东伟, 郭月霞

(西北农林科技大学 农学院, 陕西 杨凌 712100)

[摘 要] 对普通小麦抗条锈新种质——W T212 的抗锈性及遗传学特性进行了分析。结果表明, W T212 具有多小种抗性, 参试的 4 个条锈菌生理小种的抗性受 1 对显性基因控制; 细胞遗传学分析表明, W T212 所携带的抗源不同于以 1BL/1RS 易位系为基础的“洛类”抗源, 而是一种来自黑麦染色体组的抗条锈新抗源。初步断定 W T212 为可能只涉及 1 对染色体的小麦—黑麦易位系。

[关键词] 普通小麦; 抗条锈; 遗传学特性; 新抗源

[中图分类号] S512.103.4

[文献标识码] A

[文章编号] 1671-9387(2004)10-0005-04

条锈病是全世界小麦生产上的主要真菌病害, 几乎在所有麦区都有此病发生^[1]。在条锈病的防治上, 抗病品种的应用无疑是最经济、最安全的方法。而在抗病品种的选育上, 导入小麦近缘属物种的遗传物质是培育抗病小麦新材料的有效方法, 也是筛选新抗源的必经过程。西北农林科技大学细胞工程实验室通过小麦与小黑麦远缘杂交、多元回交及花培纯合的方法, 选育了一批田间农艺性状表现良好、对目前条锈菌流行小种具有不同抗性的普通小麦新种质^[2]。本研究对其中的优良种质——W T212 进行了抗锈性及遗传学特性分析, 以期了解该种质的抗条锈特性及遗传学特性, 并结合细胞遗传学手段初步推断其抗性基因来源, 为进一步研究打好基础。

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试材料为西北农林科技大学细胞工程实验室选育的优良抗条锈新种质——W T212 及实验田种植的原始材料——中国春(CS)、辉县红, 以及 W T212 与中国春、辉县红杂交的 F₁ 和 F₂ 代。

1.2 试验方法

1.2.1 抗锈性鉴定 参照李振岐等^[3]的鉴定方法及小麦品种对条锈病的反应型分级。将 W T212、辉县红、中国春, 及 W T212 与辉县红、中国春杂交的 F₂ 代种子, 分别按每盆 15 株左右播种于直径为 10

cm 的花盆内, 于温室中培育至第一叶展平、第二叶露尖时, 用扫抹法接种预先准备好的小麦条锈菌条中 32 号生理小种。接种后将小花盆放入保湿桶内保湿 24 h, 然后取出置于温室内(10~15℃)培育, 约 15 d 时统计发病情况。发病反应型划分为免疫(0)、近免疫(0₁)、高抗(1)、中抗(2)、中感(3)、高感(4) 6 级标准, 其中 0、0₁、1、2 计为抗病, 3、4 计为感病。

1.2.2 根尖细胞基本核型分析 采用醋酸洋红染色法对根尖细胞进行制片观察。将种子消毒后在室温条件下用水浸泡 24 h 至种子露白, 均匀置于铺有吸水纸的培养皿中, 腹沟向下, 在 20~24℃ 下培养 12 h, 转至 1~4℃ 冰箱中处理 12 h, 再移到培养箱中, 如此反复, 直至根长达到 1.5~2.0 cm。取根尖置于 0~4℃ 冰水混合物中预处理 36 h, 然后置于 V_{95%乙醇} : V_{冰乙酸} = 3 : 1 的卡诺固定液 I 中固定 24 h, 在体积分数 70% 乙醇中浸泡 24 h, 用体积分数 1.5% 醋酸洋红染色 12 h, 体积分数 45% 冰乙酸压片观察, 并记录染色体数目及其随体的数目。

1.2.3 W T212 与中国春杂交 F₁ 代 PMC 配对分析 参照陈耀锋等^[4]的方法, 于始花期选中国春生长发育健壮一致的穗整穗, 一般每穗保留 10 个小穗 20 朵小花。整穗后 2~3 d 内, 柱头呈接受态时用 W T212 授粉, 成熟期收获种子于秋季播种。翌年, 当旗叶与倒二叶叶耳间距 3~6 cm 时, 于上午 7:00~9:00 取幼穗, 用卡诺固定液 II (V_{95%乙醇} : V_{三氯甲烷}

* [收稿日期] 2004-03-01

[基金项目] 国家“863”高技术项目(2001AA241037); 2002 年西北农林科技大学青年基金资助项目

[作者简介] 李春莲(1970-), 女, 陕西澄城人, 讲师, 在读博士, 主要从事农业生物技术研究。

V 冰乙酸 = 6 3 1) 固定幼穗, 7 d 后置体积分数 70% 乙醇中于冰箱内保存, 取雄蕊花药用铁矾—苏木精染色压片观察。记录 W T 212PM C 染色体配对行为, 并统计异常细胞构型率。

异常细胞构型率/% = (非 21 II 的细胞数/观察细胞总数) × 100%

2 结果与分析

2.1 W T 212 对不同条锈生理小种的抗性

用目前流行的条锈生理小种条中 30, 31, 32 及弱势小种条中 131, 分别对 W T 212 及高感品种中国

春、辉县红进行苗期接种鉴定。表 1 结果表明, W T 212 对各生理小种的抗性均达到免疫级(0 级), 而对照品种中国春对各生理小种多表现为高感(4 级), 辉县红多表现为中感(3 级)。

2.2 W T 212 抗性基因的遗传分析

对 W T 212 与中国春、辉县红杂交的 F₂ 代单株进行抗条锈鉴定, 并对其抗、感分离比进行 χ^2 适合性测验, 结果(表 2, 表 3)表明, χ^2 均小于 $\chi^2_{0.05} = 3.84$, 即 W T 212 与中国春、辉县红 F₂ 代抗、感分离比符合 3 : 1, 说明 W T 212 对供试的 4 个生理小种的抗性均由 1 对显性基因控制。

表 1 W T 212 及辉县红、中国春对不同条锈生理小种的抗性

Table 1 Stripe rust resistance to different biological race of W T 212 and Hui xianhong, CS

材料 Material	统计株数 No. of statistical plant	反应级别(发病株数) Reaction order(No. of disease plant)			
		条中 30 Tiaozhong 30	条中 31 Tiaozhong 31	条中 32 Tiaozhong 32	条中 131 Tiaozhong 131
W T 212	40	0(40)	0(40)	0(40)	0(40)
中国春 Zhongguochun	40	4(40)	4(32), 3(8)	4(40)	4(40)
辉县红 Huixianhong	40	3(27), 4(13)	3(32), 4(8)	3(28), 4(12)	3(40)

表 2 W T 212 × 中国春 F₂ 代一对等位基因遗传的适合性测验

Table 2 W T 212 × CS F₂ genetic suitability test of one-allelic gene

生理小种 Biologic race		实际株数(O) Actual No. of plant(O)	理论株数(E) No. of theoretical plant(E)	O - E	$\frac{ O - E }{\sqrt{1/2}}$	χ^2
条中 32 Tiaozhong 32	抗病 Anti-disease	23	20.25	+ 2.75	2.25	0.25
	感病 Susceptible	4	6.75	- 2.75	2.25	0.75
	总数 Total number	27	27	0	1.00	
条中 31 Tiaozhong 31	抗病 Anti-disease	23	19.5	+ 3.5	3	0.15
	感病 Susceptible	3	6.5	- 3.53	0.46	
	总数 Total number	26	26	0	0.61	
条中 30 Tiaozhong 30	抗病 Anti-disease	21	19.5	+ 1.5	1	0.05
	感病 Susceptible	5	6.5	- 1.5	1	0.15
	总数 Total number	26	26	0	0.20	
条中 131 Tiaozhong 131	抗病 Anti-disease	20	21.75	+ 1.75	1.25	0.06
	感病 Susceptible	9	7.25	- 1.75	1.25	0.17
	总数 Total number	29	29	0	0.23	

表 3 W T 212 × 辉县红 F₂ 代一对等位基因遗传的适合性测验

Table 3 W T 212 × huixianhong F₂ genetic suitability test of one-allelic gene

生理小种 Biologic race		实际株数(O) Actual No. of plant(O)	理论株数(E) No. of theoretical plant(E)	O - E	$\frac{ O - E }{\sqrt{1/2}}$	χ^2
条中 32 Tiaozhong 32	抗病 Anti-disease	23	21	+ 2	1.5	0.11
	感病 Susceptible	5	7	- 2	1.5	0.32
	总数 Total number	28	28	0		0.43
条中 31 Tiaozhong 31	抗病 Anti-disease	18	20.25	- 2.25	1.75	0.15
	感病 Susceptible	9	6.75	+ 2.25	1.75	0.45
	总数 Total number	27	27	0		0.60
条中 30 Tiaozhong 30	抗病 Anti-disease	22	18.75	+ 3.25	2.75	0.40
	感病 Susceptible	3	6.25	- 3.25	2.75	0.21
	总数 Total number	25	25	0		1.61
条中 131 Tiaozhong 131	抗病 Anti-disease	21	17.25	+ 3.75	3.25	0.61
	感病 Susceptible	2	5.75	- 3.75	3.25	1.84
	总数 Total number	23	23	0		2.45

2.3 WT212 根尖细胞基本核型分析

试验对 WT212 进行了根尖染色体制片观察, 主要对根尖体细胞染色体数目变异情况及随体数目进行了统计。共统计了 35 个细胞, 发现体细胞染色体数目变异范围在 38~42 条, 其中具有 42 条染色体的细胞数为 31 个, 频率为 88.57%。根据全国第一届植物染色体学术讨论会达成的共识, 统计 30 个以上细胞, 其中 85% 以上的细胞具恒定一致的染色体数, 即可认为是该植物的染色体数目^[5]。同时, 对其根尖细胞染色体的随体数目进行了观察, 结果表明, 虽然观察的细胞不是每个都有 4 个随体, 但相当一部分出现了 4 个随体(图 1), 表明 WT212 所携带的抗源不同于以 IBL/IRS 易位系为基础的洛类抗



图 1 WT212 根尖染色体制片中出现的 4 个随体(箭头所示)

Fig.1 Four satellites of WT212 root tip's chromosome (as arrows indicate)

3 讨 论

小麦条锈病是世界范围内危害小麦的重要病害之一, 种植抗病品种已成为防治小麦条锈病的最有效和最经济的措施。小麦抗条锈性是由基因控制的, 因此, 研究小麦抗条锈遗传特性是培育抗病品种和合理使用抗病品种的先决条件。在孟德尔的遗传法则被重新发现后不久, 英国人 Biffen R H 于 1905 年首先发现小麦抗条锈性遵循孟德尔遗传法则^[6]。本研究证实, 抗条锈新种质 WT212 的抗条锈性遵循孟德尔法则, 且受 1 对显性基因控制。

有研究表明^[7], 小麦品种对条锈病的抗性可能在其被释放几年后, 由于新的毒性生理小种的迅速进化而使小麦品种失去抗病性, 而对单一抗源的利用可能在这种强的选择压力下, 加剧了新的毒性小

源(该类抗源体细胞中只有 1 对随体), 而是一种来自黑麦染色体组的抗条锈新抗源。

2.4 WT212 与中国春杂交 F₁ 减数分裂中期 I 染色体配对行为分析

试验对 WT212 与中国春杂交 F₁ 减数分裂中期 I 细胞进行了染色体制片观察, 对其染色体数目变异及配对行为进行了统计分析, 结果发现, 在统计的 30 个细胞中, 21 II 的细胞数为 18 个, 20 II + 2 I 的细胞数为 12 个(图 2), 异常细胞构型率为 40%, 结合抗病性鉴定以及根尖染色体数目变异, 可以初步断定 WT212 为小麦—黑麦易位系, 且易位可能只涉及 1 对染色体。



图 2 WT212×CS 杂交 F₁ 减数分裂中期 I 出现的 20 II + 2 I (箭头所示)

Fig.2 The 20 II + 2 I from WT212×CS F₁ meiosis intermediate phase I (as arrows indicate)

种的进化过程。因而, 在小麦条锈病的防治上, 抗性品种和多元化抗源的利用可能是重要的。本研究发现, 抗条锈新种质 WT212 不仅抗目前的流行小种条中 30, 31 和 32, 而且抗弱势小种条中 131, 说明抗条锈新种质 WT212 的抗条锈性为多小种抗性, 但对其抗病机理还需作进一步研究。

已知的条锈病抗性基因主要来自普通小麦和普通小麦的近缘种, 如来自黑麦的“洛类”抗源, 曾在我国小麦抗条锈育种中起了重要作用, 并培育了 300 多个抗性品种。但条中 29 号小种的出现, 使带有“洛类”抗源的品种全部丧失了抗病性。目前流行的条中 30, 31, 32 号和水源系统的小种, 由于附加有新的毒性基因, 因此它们不仅可浸染“洛类”品种, 同时还侵染含有繁 6 血缘的绵阳、川育、川农等系统及许多推广品种, 毒性谱更宽, 使我国目前有 0.133 亿多 hm²

的小麦处于条锈病的威胁之中^[8]。因此,目前选育具有广谱性抗条锈的新抗源非常重要。“洛类”抗源是以 IBL/IRS 易位系为基础的,其体细胞中只有 1 对随体。而在本研究中,对 W T 212 的根尖体细胞染色体制片观察发现,在相当一部分细胞中出现了 4 个

随体,结合抗病性鉴定,有理由相信,抗条锈新种质 W T 212 所携带的抗性基因不同于 IBL/IRS“洛类”系统,而是一种来自黑麦染色体组的新的抗条锈抗源。

[参考文献]

- [1] Zadoks J C. Yellow rust on wheat studies in epidemiology and physiologic specialization[J]. Tijdschr Plantenziekten, 1961, 67: 69- 75
- [2] 陈耀锋,李振岐,韩德俊,等.条锈病多小种抗性基因导入普通小麦的研究[A].21世纪小麦遗传育种展望——小麦遗传育种国际学术讨论会文集[C].北京:中国农业出版社,2001.339- 341.
- [3] 李振岐,商鸿生.小麦锈病及其防治[M].上海:上海科学技术出版社,1989.
- [4] 陈耀锋,宋运贤,亢福仁,等.小麦抗条锈新种质的创制 II.六倍体小黑麦与普通小麦杂交的细胞遗传学研究[J].西北农林科技大学学报(自然科学版),2003,31(5): 1- 4.
- [5] 李懋学,张赞平.作物染色体及其研究技术[M].北京:中国农业出版社,1996.
- [6] Biffen R H. Mendel's law of inheritance and wheat breeding[J]. Agric Sci, 1905, 1: 4- 48.
- [7] Chen X M, Roland F L. Gene action in wheat cultivars for Durable, high-Temperature, Adult-Plant Resistance and interaction with race-specific, Seeding Resistance to Puccinia Striiformis[J]. Genetics, 1995, 85(5): 567- 572.
- [8] 吴立人,牛永春.我国小麦条锈病持续控制策略[J].中国农业科学,2000,33(5): 46- 54.

Strip rust resistance and genetic property of new common wheat gemplasm ——W T 212 with strip rust resistance

L I Chun-lian, CHEN Yao-feng, HAN De-jun, GUO Dong-wei, GUO Yue-xia

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

Abstract: Analysis on strip rust resistance and genetic property of wheat new gemplasm ——W T 212 with strip rust resistance was carried out. The result showed that W T 212 has resistant characteristics to multiple strip rust physiological races. And the resistance to four pilot physiological races is controlled by one dominant gene; The result of cytogenetic identification is that the source of strip rust resistance of W T 212 is one new source from Triticale chromosome, different from “luolei” source which is based on IB/IR translocation line. It is preliminarily concluded that W T 212 may be a wheat-Triticale translocation line related to one couple of chromosome.

Key words: common wheat; strip rust resistance; genetic property; new resistance source