

分子标记辅助选择使得宁春4号等大面积推广小麦品种获得白粉病抗性

范春捆^{1,2},林志珊¹,王轲¹,张双喜³,杜丽璞¹,魏亦勤³,晏月明⁴,叶兴国¹

1. 中国农业科学院作物科学研究所,北京 100081
2. 西藏自治区农牧科学院农业研究所,拉萨 850032
3. 宁夏农林科学院农作物研究所,永宁 750105
4. 首都师范大学生命科学学院,北京 100048

小麦是中国最主要的粮食作物,主要分布在秦岭、淮河以北,长城以南,包括河南、河北、山东、陕西、山西、江苏、四川、安徽、湖北、黑龙江、新疆、甘肃、内蒙和西藏等省区。常年播种面积2400多万 hm^2 ,产量1.2亿t以上。但是目前随着全球气候变暖、水肥施用量的逐增以及栽培密度的加大等,小麦病害的发生和流行逐年加重,严重影响了小麦产量和粮食安全生产^[1]。

小麦白粉病(*Erysiphe graminis* D.C. f. sp. *Tritici*)是一种世界性的真菌性病害,造成小麦产量损失达7%~36%^[1,2]。近年来,小麦白粉病发病面积和范围不断扩大,危害也不断加重,尤其在降雨量大的潮湿地区,给小麦生产造成了很大影响^[1]。目前中国多数大面积推广的小麦品种对白粉病的抗性较差,限制了其推广应用的范围和年限。因此,选育高抗白粉病的小麦品种和改良目前推广优良小麦品种的白粉病抗性,是防治小麦白粉病,实现小麦安全生产最安全、有效的措施^[2]。迄今为止,在小麦农家品种和野生近缘种中已经发掘了多个白粉病抗性基因,包括 *Pm1a*、*Pm1b*、*Pm1d*、*Pm2*、*Pm3a*、*Pm3b*、*Pm3c*、*Pm3d*、*Pm3e*、*Pm3f*、*Pm3g*、*Pm4a*、*Pm4b*、*Pm5a*、*Pm5b*、*Pm5c*、*Pm5d*、*Pm5e*、*Pm6*、*Pm7*、*Pm8*、*Pm9*、*Pm10*、*Pm11*、*Pm12*、*Pm13*、*Pm14*、*Pm15*、*Pm16*、*Pm17*、*Pm18* (*Pm1c*)、*Pm19*、*Pm20*、*Pm21*、*Pm22* (*Pm1e*)、*Pm23*、*Pm24*、*Pm25*、*Pm26*、*Pm27*、*Pm28*、*Pm29*、*Pm30*、*Pm31*、*Pm32*、*Pm33*、*Pm34*、*Pm35*、*Pm36*、*Pm37*、*Pm38*、*Pm39*、*Pm40*、*Pm41*、*Pm42*、*Pm43*^[3-15],并开发了一些抗病基因的分子标记。其中,来源于簇毛麦(*Haynaldia villosa*)6VS染色体上的*Pm21*基因抗性最强^[16,17],抗谱最广,对所有小麦白粉病菌生理小种表现高抗或免疫,利用分子标记和原位杂交技术可对该基因进行跟踪检

测^[17]。利用携带*Pm21*基因的小麦-簇毛麦易位系作为抗源,已经培育了内麦11、内麦836、扬麦18号、扬麦21号、扬麦97G59、镇麦9号、石麦14、兰天27、金禾9123等小麦品种,并在生产中推广种植^[17]。

宁春4号是由宁夏小麦繁育所选育的优良春小麦品种,表现为综合农艺性状优良、适应性强,其高产、稳产、优质、抗逆、耐病等特点突出,自20世纪80年代初期审定以来,在宁夏、内蒙、甘肃和新疆等地区广泛种植,年均推广面积30多万 hm^2 ,累积推广面积1000多万 hm^2 。宁春47号和宁春50号是近几年宁夏农林科学院与中国农业科学院合作选育的小麦品种,同样具有高产、优质、适应性广等特点,正在宁夏引黄灌区及其周边地区推广种植。但这3个品种的共同缺点是不抗白粉病,一定程度影响了其种植区域的小麦产量。因此,改良宁春4号等小麦品种的白粉病抗性,对于进一步扩大种植面积、延长使用年限和提高小麦产量具有重要意义。

为此,本研究利用宁春4号、宁春47号和宁春50号小麦品种作为母本,与携带*Pm21*基因的春小麦品系CB037杂交,得到3个F1组合。杂种F1代植株抗病性没有分离,分别直接与对应亲本宁春4号、宁春47号和宁春50号回交,得到BC1代。利用*Pm21*基因特异的分子标记,结合白粉病抗性鉴定,筛选包含*Pm21*基因的BC1抗病植株。抗病植株再次分别与对应亲本宁春4号、宁春47号和宁春50号回交,得到BC2代。利用上述相同方法从BC2代中鉴定*Pm21*基因的抗病植株,继续分别与对应的3个轮回亲本进行回交。连续利用分子标记和白粉病抗性鉴定4次,回交5次,得到BC5植株,轮回亲本的遗传成分已恢复到99.83%。再次利用分子标记筛选包含*Pm21*基因的植株,结合温室中白粉病抗性鉴定,从抗

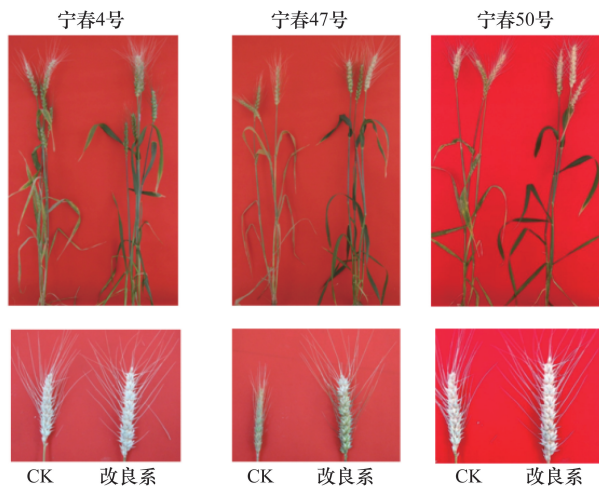
收稿日期:2015-12-21

基金项目:国家科技支撑计划项目(2011BAD35B03)

作者简介:范春捆,助理研究员,研究方向为小麦遗传育种,电子信箱:fanchunkun72@163.com;叶兴国(通信作者),研究员,研究方向为小麦生物技术育种,电子信箱:yexingguo@caas.cn

引用格式:范春捆,林志珊,王轲,等.分子标记辅助选择使得宁春4号等大面积推广小麦品种获得白粉病抗性[J].科技导报,2016,34(2):305-306;doi:10.3981/j.issn.1000-7857.2016.2.051

病植株上收获种子,得到BC5F1代。连续自交3代,结合抗病性鉴定,从BC5F3后代中共获得84个抗白粉病的改良系,其中,宁春4号改良系25个,宁春47号改良系36个,宁春47号改良系23个。分子标记、白粉病抗性、原位杂交和农艺性状综合鉴定结果表明,这些改良系全部携带Pm21基因,白粉病抗性和农艺性状优良且稳定遗传。在温室充分发病条件下,改良系对白粉病表现免疫,穗长、穗粒数、千粒重等性状值比其相应轮回亲本明显增加(图1)。通过进一步的适应性和产量鉴定,这些抗白粉病改良系可望代替宁春4号等小麦品种在西北春麦区推广种植,为粮食增产和农民增收做出贡献。有趣的是,在宁春47号和宁春50号改良系中均出现了株高比轮回亲本降低20 cm左右的株系,这可能与来自2个亲本株高基因的互作有关,在小麦矮化育种中具有潜在利用价值,其机制和遗传控制有待进一步探讨。



每张小图左侧样品依次为宁春4号、宁春47号和宁春50号的对照(简称CK),右侧样品依次为宁春4号、宁春47号和宁春50号抗病改良系(简称改良系)。对照品种白粉病感染严重(上图)、穗部发育不良(下图),改良系高抗白粉病(上图)、穗部发育正常(下图)

图1 宁春4号、宁春47号和宁春50号改良系灌浆后期白粉病抗性和穗部性状表现

Fig. 1 Powdery mildew resistance and spike appearance of improved wheat lines with the genetic backgrounds of Ningchun 4, Ningchun 47, and Ningchun 50 at late grain filling stage

参考文献(References)

[1] 王晓宇, 冯伟, 王永华, 等. 小麦白粉病严重度与植株生理性状及产量损失的关系[J]. 麦类作物学报, 2012, 32(6): 1192-1198.
 [2] Zeller F, Kong L, Hartl L, et al. Chromosomal location of genes for resistance to powdery mildew in common wheat (*Triticum aestivum* L. em Thell.) 7. gene Pm29 in line Pova[J]. Euphytica, 2002, 123(2): 187-194.
 [3] Huang X Q, Röder M S. Molecular mapping of powdery mildew resistance genes in wheat: A review[J]. Euphytica, 2004, 137(2): 203-223.
 [4] Miranda L M, Murphy J P, Leath S, et al. Pm34: A new powdery mil-

dew resistance gene transferred from *Aegilops tauschii* Coss. to common wheat[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2006, 113(8): 1497-1504.
 [5] Miranda L M, Murphy J P, Marshall D S, et al. Chromosomal location of Pm35, a novel *Aegilops tauschii* derived powdery mildew resistance gene introgressed into common wheat[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2007, 114(8): 1451-1456.
 [6] 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]. Theoretical and Applied Genetics, 2008, 117(1): 135-140.
 [7] Perugini L D, Murphy J P, Marshall D, et al. Pm37, a new broadly effective powdery mildew resistance gene from *Triticum timopheevii*[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2008, 116(3): 417-425.
 [8] Luo P G, Luo H Y, Chang Z J, et al. Characterization and chromosomal location of Pm40 in common wheat: A new gene for resistance to powdery mildew derived from *Elytrigia intermedium*[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2009, 118(6): 1059-1064.
 [9] Li G Q, Fang T L, Zhang H T, et al. Molecular identification of a new powdery mildew resistance gene Pm41 on chromosome 3BL derived from wild emmer (*Triticum turgidum* var. *dicoccoides*) [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2009, 119(3): 531-539.
 [10] Wei H, Liu Z Z, Zhu J, et al. Identification and genetic mapping of pm42, a new recessive wheat powdery mildew resistance gene derived from wild emmer (*Triticum turgidum* var. *dicoccoides*) [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2009, 119(2): 223-230.
 [11] He R L, Chang Z J, Yang Z J, et al. Inheritance and mapping of powdery mildew resistance gene Pm43 introgressed from *Thinopyrum intermedium* into wheat[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2009, 118(6): 1173-1180.
 [12] Li B C, Frederic C, Heng Y F, et al. Wheat centromeric retrotransposons: The new ones take a major role in centromeric structure[J]. The Plant Journal, 2013, 73(6): 952-965.
 [13] Mohler V, Bauer C, Schweizer G, et al. Pm50: A new powdery mildew resistance gene in common wheat derived from cultivated emmer[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2013, 54(3): 259-263.
 [14] Petersen S, Lyerly J, Woerhinfon, et al. Mapping of powdery mildew resistance gene Pm53 introgressed from *Aegilops speltoides* into soft red winter wheat[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2015, 128(2): 303-312.
 [15] 董玉琛, 郑殿升. 中国小麦遗传资源[M]. 北京: 中国农业出版社, 2000: 129-193.
 Dong Yuchen, Zheng Diansheng. Genetic resources for wheat in China [J]. Beijing: China Agriculture Press, 2000: 129-193.
 [16] 任天恒, 陈放, 张怀琼, 等. 小麦抗白粉病基因Pm21的抑制基因[J]. 植物病理学报, 2012, 42(1): 57-64.
 Ren Tianheng, Chen Fang, Zhang Huaiqiong, et al. Genetic suppression of the powdery mildew resistance gene Pm21 in common wheat [J]. Acta Phytopathologica Sinica, 2012, 42(1): 57-64.
 [17] Bie T, Zhao R, Zhu S, et al. Development and characterization of marker MBH1 simultaneously tagging genes Pm21 and PmV conferring resistance to powdery mildew in wheat[J]. Molecular Breeding, 2015, 35(10): 1-8.

(责任编辑 吴晓丽)