

我国北方四省 52 个重要小麦品种 抗秆锈病基因推导分析

李天亚, 曹远银*, 李伟华, 朱桂清
(沈阳农业大学 植物免疫研究所, 辽宁 沈阳 110866)

摘要: 为了探明我国北方四省小麦品种的抗秆锈病基因情况及可能发现对秆锈病新小种 Ug99 (TTKSK) 抗病的基因型(品种), 选择 52 个重要的小麦生产、后备品种进行测定。依据待测小麦品种及 42 个抗秆锈病单基因品系与中国和美国 15 个秆锈菌致病型的互作信息, 结合系谱分析和基因遗传连锁关系推导待测 52 个品种的抗病基因。结果表明: 从其中 49 个待测品种中分别推导出含有 *Sr5*、*6*、*8a*、*9b*、*9e*、*11*、*12*、*16*、*17*、*19*、*21*、*23*、*29*、*31*、*32*、*33*、*35*、*Gt*、*Wld1* 等抗秆锈病基因中的 1 个或几个基因。此外, 有 2 个非 1B/1R 易位系谱的品种 G93 372 和新克旱 9 号对 15 个秆锈菌系一致表现高抗, 存在 Ug99 抗病基因 *Sr26* 或 *32* 的可能。

关键词: 小麦; 秆锈病; 抗病基因; 基因推导; 品种布局

中图分类号: S435.121.4⁺1 **文献标识码:** A **文章编号:** 1004-3268(2011)10-0084-04

Analysis of Resistance Genes to Stem Rust in 52 Wheat Cultivars in Four Provinces of North China

LI Tian ya, CAO Yuan yin*, LI Wei hua, ZHU Gui qing
(Institute of Plant Immunology, Shenyang Agricultural University, Shenyang 110866, China)

Abstract: The objectives of this study were to make known stem rust resistant genes contained in major wheat cultivars grown in four provinces of north China, and resistant cultivars to Ug99. The genes were postulated by the infection type analysis of 52 cultivars pedigree and gene linkages in north China. The 42 single *Sr* gene lines were combined with 15 pathotypes of *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* from China and United States. The result showed that 49 cultivars were inferred to contain one or more genes of *Sr5*, *6*, *8a*, *9b*, *9e*, *11*, *12*, *16*, *17*, *19*, *21*, *23*, *29*, *31*, *32*, *33*, *35*, *Gt*, *Wld1* and so on. In addition, 2 cultivars were non 1B/1R translocation lines resistant to all pathotypes. They were suspected to carry *Sr26* or *32* genes resistant to Ug99.

Key words: Wheat; Stem rust; Disease resistant gene; Gene postulation; Cultivar (gene) deployment

小麦秆锈病(*Puccinia graminis* f. sp. *tritici*) 是一种世界性的小麦病害, 对其最经济、有效且对环境友好的控制办法就是选用抗病品种, 充分利用抗病基因^[1]。东北、内蒙古及河北的部分地区是重要的秆锈病流行易发区, 在抗病品种使用中的重要问题是抗源单一化引起病菌变异造成抗病性丧失, 因此, 了解该区的小麦品种抗病基因信息可以有效避

免这种情况, 为品种的轮换和合理布局提供依据, 同时还有利于发掘新基因, 丰富基因库, 用于培育抗病品种。鉴于了解抗病基因的重要性, 在过去的几十年中对小麦锈病抗性方面做了大量的研究, 国内对小麦条锈病和叶锈病抗性基因推导的报道较多。如赵环环等对 43 个中国小麦品种(系)进行了抗叶锈性研究^[2], 并长勤等对我国 52 个小麦品种进行了抗

收稿日期: 2011 05 09

基金项目: 农业部“948”项目(2006 G2); 公益性行业(农业)科研专项(200903035)

作者简介: 李天亚(1985), 男, 甘肃临洮人, 在读硕士研究生, 研究方向: 小麦秆锈病。E-mail: litianya11@163.com

*通讯作者: 曹远银(1955), 男, 湖南澧县人, 研究员, 博士生导师, 主要从事小麦秆锈病与白粉病等方面的研究。

E-mail: caoy66@yahoo.com.cn

条锈基因推导^[3],而对我国小麦抗秆锈病基因的推导较少,仅有曹远银等对中国小麦品种进行了抗秆锈病基因推导^[4],张书坤等对 94 个小麦重要抗源品种进行了抗秆锈病基因的推导^[5]等不多的报道。而且,对小麦生产、后备品种抗秆锈病基因的情况报道较少。鉴此,根据基因对基因学说,运用 Statler^[6]的抗病基因推导方法,分析了我国北方 52 个重要小麦品种抗秆锈病基因情况,以期为广大育种工作者特别是抗秆锈病育种工作者提供抗源基因,从而更科学有效地控制小麦秆锈病。

1 材料和方法

1.1 供试材料

1.1.1 供试小麦品种(系) 待测品种(Host B)为从辽宁、黑龙江、内蒙古、河北 4 个省近 300 份试验材料中筛选出来的 52 个生产品种及后备品种。标准品种(Host A)是由沈阳农业大学植物免疫研究所保存的国际已知抗秆锈病单基因系(Near isofenic lines),包括 Sr5、6、7a、7b、8a、9a、9b、9d、9e、9f、9g、10、37、Gt、Wld 1、Tt 3 等共 42 份。

1.1.2 供试秆锈菌菌系 供试秆锈菌菌系包括我国主要流行的小麦秆锈菌小种 21C3、34C2 及稀有小种 34 等不同菌系以及美国禾谷锈病实验室提供的用 4 组单基因系鉴定并命名的 TTQS、HNLQ、TDMH、QSHS、MBCT、TPMK,总计共 15 个具有不同致病类型的菌系。

1.2 试验方法

将供试小麦品种和单基因系分别播种在口径 10 cm 的花盆里,并以 Little Club 为对照品种。于小麦一叶一心时剪取第一叶片置于培养皿中,用各种致病类型的秆锈菌分别接种,保湿 14~16 h,置于温度(21±1)℃、光照强度 5.8~6.0 klx 条件下培养,待充分发病后,调查 Host A 和 Host B 在苗期分别与 15 个供试菌系相互作用的侵染型,按 0、0、1、2、3、4 和混合型(X、Y、Z)7 级标准记载^[7,8],根据需要加上一些‘+’或‘-’的符号表示差异以及用字母 C 来表示有显著褪绿的情况。根据待测品种和已知单基因系与供试菌系互作的侵染型,参照 Roelfs 等^[7]的基因推导模式推导出待测品种中所含有的抗秆锈病基因。

关于抗源品种可能含有的抗病基因型的确定,根据 Flor^[9]的基因对基因学说和 Loegering^[10]提出的寄主-病原物相互关系作用机制,采用 Statler^[6]的推导方法进行推导。再根据基因互作侵染型标准将调查结果进行高(HIT)、低(LIT)归类,见表 1。

表 1 基因互作侵染型归类

标准品种	待测品种	
	低侵染型	高侵染型
低侵染型(LIT)	LIT : LIT	LIT : HIT
高侵染型(HIT)	HIT : LIT	HIT : HIT

“0”类:没有测到 LIT : HIT 的模式,表明被测试品种与已知 *Sr* 基因的品种有相同的抗病基因,而且被测试品种可能还含有不同于已知 *Sr* 基因品种的抗病基因;“-”类:没有测到 HIT : LIT 的模式,但有 LIT : HIT 的模式,表明被测品种不含有已知 *Sr* 基因品种的抗病基因;“-0”类:没有出现 HIT : LIT 和 LIT : HIT 的模式,表明被测品种和已知 *Sr* 基因品种两者携带的抗病基因至少是相同的;“+”类:有 HIT : LIT,也有 LIT : HIT 的模式,表明两者携带不同的抗病基因。

2 结果与分析

2.1 42 个单基因系(Host A)与秆锈菌 15 个致病型的相互作用

42 个单基因系(或品种)及 Little Club 对照与 15 个秆锈菌菌系互作的侵染型测定结果表明, Sr7b、9a、9f、9g、15、20、25、28、29、34 对所有供试菌株都高度感病,所以在本研究中无法确定被测品种中是否含有这些抗病基因。Sr26、30、31、38 与 15 个秆锈菌系互作的侵染型表现为一致的低反应型,其余单基因系与供试秆锈菌系相互作用的侵染型,既无表现一致的低反应型,也无表现一致的高反应型,其中 Sr9e、21、22、33、37 对所有供试的国内菌系一致表现为低反应型,说明其对国内供试菌系具有广谱抗性。对照品种 Little Club 高度感病,它对供试菌株来说是不含抗病基因的。

2.2 52 个待测品种(Host B)与秆锈菌 15 个致病型的相互作用

对 52 个待测品种的反应型测定发现,阜 861 因缺少反应结果无法判断, G93 372 和新克旱 9 号 2 个品种对供试菌株表现免疫至近免疫,与单基因系 Sr5、9e、30、26、38 的抗病谱相同,且抗病作用比以上 5 个近等位基因系单独作用时都要强,推知这 2 个品种可能含有以上 5 个基因中的某个抗病基因或多个抗病基因,并可能含有国际上尚未命名的新基因。

其余 49 个小麦品种既没有一致表现高反应型的,也没有一致表现低反应型的,说明这些品种都可能含有有效的抗秆锈病基因,但却不具有广谱抗性。将以上 Host B 的 49 个品种对 15 个供试菌系的反应型和 Host A 的 42 个单基因系对 15 个供试菌系

的反应型相对高低进行比较,并结合系谱分析进行基因推导,根据侵染型的宽窄推导出的具体结果如表 2 所示。

对 49 个小麦品种(系)中的抗性基因推导可知,*Sr5*、*6*、*9e*、*11*、*17*、*21*、*32*、*35*、*Wld-1* 等基因是我国当前北方麦区小麦品种(系)含有的重要抗秆锈病

基因,其次还有 *Sr9d*、*21*、*36*、*Gt* 等。从推导出的品种所具有的 *Sr* 基因情况来看,供试小麦品种中所含有的抗秆锈病基因以 *Sr5* 所占的比例最大,52 个品种中有 39 个品种含有此基因,占供试品种的 75%。其次为 *Sr17*、*35*、*8a*、*11*,分别出现在供试小麦的 18、13、11、10 个品种中。

表 2 供试 49 个小麦品种可能含有的抗秆锈病基因

品种	Sr 基因		品种	Sr 基因	
	可能性大	可能性小		可能性大	可能性小
G93 363	35、Wld-1	33、11、5	90-05099	11、21	9e、22
垦红 7 号	5	35、12	龙 20	13、32	9b、9d、11
垦红 8 号	5	17	龙 95 杂 571	35、37	8a、9d、11、17
垦红 9 号	5、22	17	龙 95 杂 563-554	35、17	8a、10、32
垦红 10 号	5	17、35、10	龙 95 杂 548-50	35	9d、11、17
垦红 11 号	11、Gt	35、5、17	龙 95 杂 8452	21、17	5、9e、35
垦红 12 号	35、Wld-1	17、Gt	辽 92 鉴 74	6	5
辽南 600191 鉴 10	35	5、235	克 93 南 342 龙 21	11、Wld-117、19	5、17、G8a、11
永良 12		5	克丰 3 号	5、17	30、8a、18
龙麦 20		5、8a	龙麦 12	11、5	
垦红 12 号	35、Wld-1	17、Gt	克 93-39		5、8a、9d
94 系-3		5、8a、9d	克旱 10 号	21	5、12、9e
哲春 5 号		5、12	克 92-387	11、17	5、12、19
内麦 18	32	36、23	克 92-579		5、9d、Gt
94 系-14		5、8a	克 92-695	9d	5
92 鉴 86	5	6、17	克 92-750	35	12
克 93RF 1196	17、33	5、6、8a	克 92-779		9b、16
克 1368		5、9b	康选 9 号	16	5
95RF454-2		5、8a、9d	晋春 9 号	8a、9d	5
龙 23		9d、5、7a	沈免 92	17	5、9b
龙 15	32	9d、19、5	沈免 91	5、22	9d、9e
90-06388		5、6、17、Tt3	铁 86046		5、23
龙 22	27	5、9b、9d	辽 92 鉴 86		5、6、12
龙 19	5	35、9			

供试的 52 个小麦品种中含有 *Sr17* 的品种有 18 个,其中垦红 9 号、克 93RF 1196、龙 95 杂 563-554、龙 95 杂 8452、龙 21、沈免 92 号、克 92-387 和克丰 3 号 8 个品种的反应型与 *Sr17* 的反应型相似,由此推导这些品种除含有 *Sr17* 外,还有其他主效基因。克旱 10 号、沈免 91、龙 95 杂 8452、90-05099 等对国内小麦秆锈菌系表现一致高抗,说明这些品种可能含有对我国菌系具有无毒性的单基因 *Sr9e*、*22*、*26*、*31*、*33* 中的 1 个或多个(或尚未报道的新基因)。垦红 8 号、垦红 10 号、龙 15、龙 95 杂 571、龙 95 杂 563-554、龙 95 杂 548-50 及克 92-750 等品种对小种 21C3 表现出低反应型,推导这些品种可能含有对我国 21C3 表现高抗的 *Sr5*、*32*、*35* 及 *37* 等基因中的 1 个或者多个。

3 讨论

本试验应用基因推导的方法分析了我国北方四省广大地区的生产及后备小麦品种所含抗秆锈病基

因情况。结果表明, *Sr5*、*6*、*8a*、*9b*、*9e*、*11*、*12*、*16*、*17*、*19*、*21*、*22*、*23*、*29*、*31*、*32*、*33*、*35*、*36*、*37*、*38*、*Gt*、*Wld-1* 和 *Tt3* 这些抗病基因都出现了,但是依据生产上已取得的对一些品种在抗秆锈病基因方面的表达情况,以及个别单基因系在我国生产及后备品种鉴定、推导及在遗传育种工作中表现出来的抗秆锈无效性,对一些出现可能性极小的基因进行了勘误工作,将 *Sr7a*、*7b*、*9f*、*9g*、*13*、*14*、*15*、*18*、*22*、*27*、*Tt3* 这些基因作为无效基因,而将推导出来的其他基因根据寄主品种与相应的单基因系反应型的一致程度分别作为可能性大的基因和可能性小的基因,如此以来本试验结果的可靠性大大提高。

Sr5 来源于普通小麦,是我国小麦秆锈菌国际标准鉴别寄主 Reliance 所具有的主要抗病基因,同时也存在于 Thatcher、Marquis 和其他著名的北美小麦品种中,并在国际玉米小麦改良中心、北美和欧洲许多国家的抗病育种中得到了广泛的利用,也将我国小麦秆锈菌小种 21 类群和 31 类群区分开来。

多年来,我国小麦秆锈菌以 21C3 为主要流行小种, *Sr5* 对其抗性是稳定的,具有很高的利用价值。在供试的小麦品种中大部分含有此基因,如肯红麦系列和克麦系列。追踪其系谱,在它们的亲本中都可以找到带有欧柔(*Sr5*、6)、如罗(*Sr6*、30)及来自黑麦抗源的 1B/1R(*Sr31*)血缘的材料,其抗病基因可能来自这些亲本。曹远银等在对我国 41 个小麦生产品种抗秆锈病基因推导及抗性稳定性分析中指出, *Sr5*、22、22、25、36 等基因是我国北方麦区小麦品种(系)含有的主要抗秆锈病基因,而且在北方麦区所含的秆锈病抗性基因愈往北愈多^[11]。邱永春等^[12]对我国北方麦区的 120 个小麦品种中可能含有的抗秆锈病基因进行研究,结果表明,我国北方麦区生产品种和后备品系中以含 *Sr5* 和 *Sr31* 的品种最为广泛,占总测试品种的 66.3%。

Sr17 是一个主动的隐性抗病基因,在纯合的状态下起抗病作用,在杂合或半纯合的状态下不起抗病作用,对我国生理小种 21 类群和 34 类群的部分小种(21、21C2、34、34C3、34C5)起抗病作用,是国际上普遍采用的单基因系鉴别寄主。肯红号小麦大多含有 *Sr5*、17 等基因,推测其系谱都有墨麦血缘,其中墨巴 66 在垦红号小麦品种的亲缘关系中占有主导地位。克 71F4 370 7 可谓是垦红号小麦的祖母,意大利品种阿夫则是克 71F4 370 7 的祖父。垦红号小麦高抗秆锈病的优点可能来自墨麦品种墨巴 66 和意大利品种阿夫的遗传。

沈免 91 和沈免 92 含有抗病基因 *Sr5*、17、22、9e,追踪其系谱,可能来自松花江 2 号和高抗“三锈”的巴西品种弗朗坦那。克字麦系列的品种是原克山农科所在不同的时期采用复交、阶梯杂交和集合杂交等方法育成的。其亲本大多含有自 20 世纪 30 年代引入北美的二粒及硬粒秆锈病抗源,后期引自智力的如罗、欧柔及我国的松花江品种。其所含的 *Sr5*、9d、35、17、21 等基因可能来自这些亲本材料。智力品种如罗和欧柔抗秆锈性比较稳定,一直作为我国小麦秆锈病的辅助鉴别寄主。祁适雨等^[13]在东北麦区小麦育种 50a 小麦品种的演变及系谱分析中指出,东北麦区育成的小麦品种中大多含有松花江号小麦、他诺瑞小麦和黑麦的血缘。

不通过寄主杂交而区分寄主表现型,分析作物品种抗秆锈病基因型,与常见遗传分析方法相比,基因推导分析工作量极少,可以分析大量品种的抗病基因信息。在过去的几十年中,对小麦抗锈性方面做了大量的研究,尽管在某种意义上其准确性还赶不上传统遗传杂交分析方法,但是,在掌握正确抗病

基因低侵染型标准及完善推导体系(已知抗秆锈单基因系(标准品种)和病菌的独立基因系)后结合被测品种抗源亲本佐证,推导出的寄主品种基因型往往是可靠的。这些信息为进一步遗传分析中选取材料、确定分析目标提供主要的依据。基因推导方法的优越性更体现在,比遗传杂交分析工作量大大减少,并且加速了基因推导的进程(因其可以在温室连续播种,连续接种,连续分析),避免了因为遗传周期而造成的对时间的大量延误,大大提高了分析速度。再者,经过基因推导后,品种抗病基因需进行遗传杂交分析验证时,就不必要盲目地与大量感病品种进行杂交,而只需有目的地与 1 个至几个感病品种杂交即可,简化了遗传分析程序。

参考文献:

- [1] 金善宝. 中国小麦学[M]. 北京: 中国农业出版社, 1996: 787 793.
- [2] 赵环环, 杨作民, 孙其信, 等. 43 个中国小麦品种(系)抗叶锈性研究[J]. 植物病理学报, 2006, 36(6): 539 549.
- [3] 井长勤, 陈荣振, 冯国华, 等. 52 个小麦品种抗条锈基因的推导[J]. 江苏农业学报, 2005, 21(1): 30 34.
- [4] 曹远银, 姚平, 吴有三. 中国 41 个小麦生产品种抗秆锈基因推导及抗性稳定性分析[J]. 沈阳农业大学学报, 1994, 25(4): 392 397.
- [5] 张书坤, 邱永春, 姚平. 94 个小麦重要抗源品种抗秆锈病基因的推导[J]. 沈阳农业大学学报, 1998, 29(2): 117 122.
- [6] Statler G D. Probable genes for leaf rust resistance in several hard red spring wheat[J]. Crop Sci, 1984, 24: 883 886.
- [7] Roelfs A P, Martens J W. An international system of nomenclature for *Puccinia graminis* f. sp. *tritici*[J]. Phytopathology, 1988, 78: 526 533.
- [8] Roelfs A P, Long D L, Roberts J J. Races of *Puccinia graminis* in the United States during 1993[J]. Plant Dis, 1995, 79: 526 533.
- [9] Flor H H. Current status of the gene for gene concept [J]. Ann Rev Phytopath, 1997, 26: 351 367.
- [10] Loegering W Q. The relationship between host and pathogen in stem rust of wheat[J]. Hereditas 1966 (Supp 1/2): 167 177.
- [11] 曹远银, 姚平, 朱桂清, 等. 中国小麦品种抗秆锈病基因推导[J]. 中国农业科学, 1996, 29(6): 89 91.
- [12] 邱永春, 张书坤. 北方麦区 120 个小麦品种抗秆锈病基因的推导[J]. 沈阳农业大学学报, 1999, 30(3): 231 234.
- [13] 祁适雨, 肖步阳, 王进先, 等. 东北春麦区小麦育种 50 年 II. 小麦品种的演变及其系谱[J]. 黑龙江农业科学, 2003(3): 19 22.