

小麦抗纹枯病种质创新及 QTL 定位的初步研究

蔡士宾, 任丽娟, 颜伟, 吴纪中, 陈怀谷, 吴小有, 张仙义

(江苏省农业科学院, 南京 210014)

摘要: 【目的】纹枯病已成为影响中国小麦高产、稳产的主要病害之一, 创造抗纹枯病小麦种质, 并探讨其抗性遗传特点, 是启动小麦抗纹枯病遗传育种研究的基础。【方法】以中国育种中很少利用的 ARz 和 Niavt14 为纹枯病抗源, 以大面积推广品种扬麦 158 等为受体亲本, 通过复交组合, 聚合抗病基因; 用单粒传法构建含 137 个重组自交系 ARz/扬麦 158 遗传群体为材料, 以致病力较强的 R-46 菌株为纹枯病病原, 分别用沟带接菌法和牙签接菌法进行抗纹枯病的接菌鉴定。【结果】创造出 02P12、02P315 等兼抗纹枯病、赤霉病或白粉病的新种质; ARz/扬麦 158 群体在牙签接菌法中, 病情指数介于 29.8%~64.4%之间, 在沟带接菌法中, 病情指数介于 25%~75%之间, 病情指数均呈正态分布, 具数量遗传的特点; 单标记分析法对 97 个在抗感池或亲本间呈多态性的位点进行回归分析, 获得 Xgdm67 等 11 个与纹枯病抗性极显著相关的 SSR 标记, 能解释群体纹枯病病情指数变异的 5.0%~13.0%, 其中 Xgwm247、Xgdm67、Xwmc94 和 Xgwm437 在牙签接菌法和沟带接菌法的抗性资料中都能检测到; 用 MapManager QTXb17 建立了 14 条连锁区段, 并用区间作图法检测到与小麦纹枯病抗病相关的 2 个 QTL 位点, 其中, Xgdm67~Xbarc172 之间的 QTL 在两种接种条件下都能检测到, LOD 值分别为 4.0 和 3.63, 能够解释表型变异 14.36%和 12.3%; Xwmc94~Xwmc273.2 之间的 QTL 只能在牙签法中检测到, 其 LOD 值和贡献率分别为 2.3 和 14.68%。【结论】初步认为在 7D 上存在抗小麦纹枯病的主效 QTL。

关键词: 小麦; 纹枯病; 种质创新; QTL 分析

Germplasm Development and Mapping of Resistance to Sharp Eyespot (*Rhizoctonia cerealis*) in Wheat

CAI Shi-bin, REN Li-juan, YAN Wei, WU Ji-zhong, CHEN Huai-gu, WU Xiao-you, ZHANG Xian-yi

(Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing 210014)

Abstract: 【Objective】Sharp eyespot (*Rhizoctonia cerealis*) is one of the important diseases in wheat production in China. Due to lack of knowledge on the inheritance of resistance, little progress has been made in wheat breeding for sharp eyespot resistance. 【Method】In this study, the newly evaluated ARz and Niavt 14 were used as sharp eyespot resistant donors, and crossed with widely released cultivars such as Yangmai 158, respectively. At the meantime, ARz/Yangmai 158 genetic population was developed using SSD method with 137 F₆ RILs. The 137 RILs and the parents were inoculated with the fungi culture R-46 in F₆ using cultured toothpick method and seedbed method, respectively, in 2003. 【Result】Novel germplasms, such as 02P12 and 02P315, with multiple resistance and promising agronomic traits were developed. The RIL population showed normal distribution of disease index, with disease index 29.8%-64.4% in cultured toothpick method and 25%-75% in seedbed method, indicating the resistance is a quantitative trait. By using marker regression analysis, 11 SSR markers associated with resistant QTL were found based on the disease index data, explaining 5.0%-13% of phenotypic variance. Among them, Xgwm247, Xgdm67, Xwmc94, and Xgwm437 were detectable in both inoculating methods. QTL mapping of resistance to sharp eyespot was conducted using MapManager QTXb17, 14 linkage groups were established. Two QTLs on chromosome 7D related to the resistance were found by composite interval mapping analysis. One QTL between Xgdm67 and Xbarc172 could be detected, explaining 14.36% and 12.3% of the phenotypic variance, in cultured toothpick and seedbed inoculation conditions respectively. Whereas the another QTL between Xwmc94 and Xwmc273.2 was only

收稿日期: 2005-01-07; 接受日期: 2006-03-03

基金项目: 国家“十五”攻关项目(2004BA525B03)和江苏省自然科学基金资助项目(BK2004170)

作者简介: 蔡士宾(1956-)男, 江苏海门人, 研究员, 硕士, 研究方向为小麦种质资源。Tel: 025-84390312; Fax: 025-84390322; E-mail: caisb@jaas.ac.cn

been found under the toothpick inoculation, explaining 14.68% of the phenotypic variance. 【Conclusion】 It was deduced that there is a major QTL conferring to resistance to sharp eyespot on 7D in wheat.

Key words: Wheat (*Triticum aestivum* L.); Sharp eyespot; Germplasm development; QTL analysis

0 引言

【本研究的重要意义】小麦纹枯病又称尖眼点病 (wheat sharp eyespot), 主要是由禾谷丝核菌 (*Rhizoctonia cerealis*) 的第一菌丝融合群 (CAG-1), 立枯丝核菌 (*Rhizoctonia solani*) 的第四和第五融合群 (AG-4, AG-5) 引起的一种土传病害^[1]。近年来随着小麦生产水平的不断提高, 氮肥的大量使用, 耕作制度的改变, 感病品种的大面积使用, 加之全球气候变暖的影响, 导致纹枯病菌大量累积, 纹枯病呈逐年加重的趋势。据《全国植保专业统计资料》统计, 全国小麦纹枯病发生面积 1990 年为 365 万 ha, 1998 年达到 1145 万 ha, 每年遭受纹枯病危害的麦田面积约占种植面积的五分之一^[3], 已成为长江流域及黄淮平原麦区的主要病害^[4]。纹枯病腐败了茎、鞘运输组织和机械组织, 影响了物质运输和植株的抗倒性, 导致严重减产, 小麦纹枯病引起的产量损失一般在 10% 左右, 重者可达 30%~40%、甚至更高, 给小麦产量带来了巨大损失^[2]。因此, 小麦纹枯病已成为影响小麦高产、稳产的主要因素。【前人研究进展】迄今为止, 全国各育种单位已对几千份普通小麦材料进行了抗纹枯病鉴定。结果一致认为: 在鉴定的众多材料中, 品种间抗性差异非常明显, 但无免疫材料, 高抗 (抗) 材料较少; 生产上广泛使用的小麦品种及其核心种质都不抗纹枯病, 缺乏抗病品种是小麦纹枯病大面积流行的一个重要原因^[5,6]。江苏省农业科学院粮食作物研究所连续 3 年对上千份国内外材料进行了抗性鉴定, 筛选出 Navit14、ARz 等一批高抗纹枯病小麦资源^[7]。但已筛选出的这些抗性种质农艺性状有严重缺陷。对这些材料进行加工改造, 创造抗性稳定, 农艺性状优良的新种质是当前小麦纹枯病抗病育种工作的重要任务。【本研究切入点】小麦纹枯病为腐生性病害, 受环境因素影响较大, 抗病遗传机制的复杂, 关于小麦抗纹枯病的遗传研究较少^[8,9]。生物技术的迅速发展为小麦抗纹枯病研究提供了新的途径。以 DNA 为基础的分子标记技术极大程度地揭示不同材料间 DNA 分子水平上的差异, 从而为基因的分子定位和标记提供了可能。近年来, 有关水稻纹枯病抗性基因的分子标记和 QTL 定位进展较快, 已找到了一些与抗性基因紧密连锁的

标记位点^[10,11]。【拟解决的关键问题】本研究在已筛选出抗纹枯病资源的基础上, 利用综合性状优良的农艺亲本对其改良, 以创造出可以供育种上直接利用的抗纹枯病新种质; 同时用 SSR 分子标记技术对小麦抗纹枯病基因进行连锁分析和 QTL 定位, 为小麦抗纹枯病育种提供亲本资源和选择依据。

1 材料与方法

1.1 材料

选用江苏省农业科学院鉴定出的 ARz、Niavt14 等作为小麦纹枯病抗性亲本, 望水白等为赤霉病抗源、CI12633 和 Maris Dove 为白粉病抗源^[7], 以大面积推广品种扬麦 158 等为受体亲本, 配制杂交、回交或复交组合, 聚合抗病基因, 改良抗源的农艺性状。同时, 用 SSD 法构建 ARz/扬麦 158 杂交组合的重组自交系群体, 直至 F₆, 得到 137 个株系。

1.2 抗性鉴定

用江苏省农业科学院植物保护研究所提供的具较强致病力菌株 R46 为纹枯病菌系^[5], 采用播种沟土壤接菌法和牙签接菌法两种方法人工诱发纹枯病。播种沟土壤接菌法是将纹枯菌在煮熟的麦粒上培养, 待麦粒表面长满菌丝后待用。小麦播种开行后, 先将培养好的带菌麦粒均匀撒与播种沟内, 每平方米接种带菌麦粒 3 g, 后播种试验材料, 再覆土、保湿 3~5 d; 牙签接菌法是将 0.8~1.0 cm 长的短牙签水浸 30 min, 铺于培养皿底部, 加入适量 MS 培养基, 经高温湿热灭菌后, 接种纹枯菌菌丝块, 25℃ 恒温培养 30 d, 待菌丝密集布满短牙签表面后待用。小麦拔节期将经上述方法处理的短牙签嵌入到基部第 1~2 叶鞘之间, 每株系接种 30 个茎秆, 喷水保湿 7 d^[11]。乳熟期分 0~4 级调查纹枯病病级^[2], 0 级: 无病; 1 级: 叶鞘有典型病斑, 但病菌未侵入茎秆; 2 级: 病斑宽度占茎秆周长的 1/2 以下; 3 级: 病斑宽度超过茎秆周长的 1/2, 小于 3/4; 4 级: 病斑宽度超过茎秆周长的 3/4, 茎秆软腐, 白穗。并计算病情指数^[5], 病情指数 = $\{(0 \times x_0 + 1 \times x_1 + 2 \times x_2 + 3 \times x_3 + 4 \times x_4) / [(x_0 + x_1 + x_2 + x_3 + x_4)] \times 4\} \times 100$, 式中: x_0, x_1, \dots, x_4 分别代表 0, 1, ..., 4 级的茎秆数。

同时, 对创新材料采用播种沟带接菌法人工诱发纹枯病, 扬花期用小花滴注法接种赤霉病混合菌株,

20 d 后分 4 级调查赤霉病病情；返青期诱发行接种白粉病天然混合菌种，5 月中旬分 9 级调查白粉病病情，进行抗病性和农艺性状鉴定和选择。

1.3 SSR 分析

用 CTAB 法^[12]提取 ARz/扬麦 158 杂交组合两个亲本和 137 个 F₆ 重组自交系株系幼叶的基因组 DNA。利用 276 对 SSR 引物，对抗感亲本 ARz、扬麦 158 进行多态性筛选。PCR 反应在 Perkin-Elmer 9600 上进行，反应体系为 20 μ l，包括 1 \times buffer，1.5mmol·L⁻¹ 的 MgCl₂，2.0 mmol·L⁻¹ 的 dNTPs，250 nmol·L⁻¹ 的引物，40~80 ng 的 DNA 和 1U 的 Taq 聚合酶。具体程序如下：反应体系先在 94℃ 预变性 5 min；然后在 94℃ 变性 1min，50℃，55℃ 或 60℃ 复性 1 min（根据不同引物的退火温度），72℃ 延伸 1 min 的程序下扩增，36 个循环；最后在 72℃ 保温 10 min，4℃ 保存。PCR 反应产物在 6% 的变性聚丙烯酰胺凝胶（0.4 mm）上进行电泳，恒功率 80W，电泳时间约 2 h 后银染，实验程序参照文献^[13]进行，最后干燥胶片进行带型统计。

1.4 数据分析

1.4.1 单标记方差分析 使用 MapManager QTXb17^[14] 的 Marker Regression 功能对 2 次的纹枯病病情指数和多态性位点的基因型进行回归分析， $P < 0.01$ 。

1.4.2 构建遗传连锁群与 QTL 定位 利用 MapMaker/Exp3.0b^[15] 对多态性位点进行遗传连锁图的构建：输入各标记谱带的赋值（赋扬麦 158 的基因型为“A”，ARz 为“B”，具有亲本任一基因型的赋为“A”或“B”，两者兼有或均无两者带型的定为“-”。由 Kosambi 函数计算遗传距离，以 LOD 值大于 3.0，最大遗传距离为 50 cM 建立连锁群。

利用 Windows QTL Cartographer Version 2.0 进行复合区间作图。以 2003 年的 2 次鉴定资料作为两个性状，杂交类型选择 RIL，遗传距离采用 Kosambi 函数计算，单位距离选择 Cent Morgan，分别输入标记的名称、位置、基因型和病情指数等参数，然后进行复合区间作图（composite interval mapping）。具体过程参照文献^[16]。

2 结果与分析

2.1 抗纹枯病种质的创新

项目组自 1998 年起，利用鉴定出的纹枯病抗源与抗赤霉病或白粉病抗源互交，再与农艺性状优良的核心亲本复交，杂种后代用播种构土壤接菌法诱发纹枯

病、用单花滴注法接种赤霉病、用诱发行接种白粉病。经连续多年抗病性鉴定和农艺性状选择，获得了 02P315、03-885、02-193 等纹枯病和赤霉病病级在 1.5 以下，白粉病病级在 1 以下，综合农艺性状得到较大改善的新种质（表 1）。02P315（扬麦 158//Maris Dove/扬麦 3 号/3/ARz）F₇，纹枯病 1.2~1.4 级，白粉病 0 级，赤霉病 1.1 级。株高 88~90 cm，抽穗期 4 月 12 日，长芒、白壳、红粒，每穗结实 39.4 粒，千粒重 35~40 g；02P12（CI12633/宁 8026//望水白/扬麦 158）F₇，纹枯病 1.1~1.4 级，赤霉病 0.7 级，白粉病 1 级。株高 95~102 cm，抽穗期 4 月 12 日，长芒、白壳、红粒，主穗结实 40 粒，千粒重 30 g 左右；资 03-885（扬 94-124//宁麦资 18/Niavt 14）：纹枯病和赤霉病均为 1.1 级，白粉病近免疫、抽穗期 4 月 12 日，与大面积推广品种扬麦 158 相同，株高 95 cm，每穗 45.2 粒，千粒重 35.7 g；资 02-192（陕 1868//Compton/扬麦 6 号）：纹枯病 1 级、赤霉病 1.2 级、对白粉病免疫，抽穗期 4 月 12 日，株高 82 cm，每穗 38.3 粒，千粒重 38.4 g。

2.2 抗纹枯病性的遗传分析

2.2.1 ARz/扬麦 158 重组自交系群体纹枯病病情指数分布 亲本 ARz、扬麦 158 及其重组自交群体 F₆ 株系在 2003 年分别进行了牙签法和播种沟带菌麦粒接菌法的纹枯病抗性鉴定，ARz 二种接种条件下的病情指数分别为 34.0% 和 31.6%，而扬麦 158 分别为 65.0% 和 54.2%，表明牙签法的接种强度效果明显好于播种沟带菌麦粒接菌法，ARz 对纹枯病的抗性明显强于扬麦 158。重组自交系群体在沟带接菌法中平均病情指数为 39.0%，分布在 25.0~75.0 之间；在牙签接菌法中，平均病情指数为 45.2%，分布在 29.8~64.4 之间（图 1）。2 次鉴定资料的偏度和峰度均较小，符合正态分布，适合 QTL 区间作图。

2.2.2 单标记方差分析 本试验共分析了 276 个 SSR 引物，其中 158 个引物在抗感亲本间显示多态性。抗感亲本间多态性频率为 57.25%。为加快本研究的进程，根据 ARz/扬 158 重组自交系群体的纹枯病鉴定结果，利用 6 个极感株系和 6 个极抗株系构建抗感池，利用集群分离分析方法（BSA），对亲本之间有多态性的 158 对 SSR 引物在抗感池中进行筛选，找到了 32 对在抗感池间有多态性的 SSR 引物，并对上述在抗感池间呈多态性的位点进行了群体基因型分析。

为了进一步增加连锁群上标记的丰度和克服 BSA 对微效 QTL 检测率低的缺点，笔者先后增加了一些在亲本间呈多态性的标记位点进行群体基因

表 1 部分抗纹枯病新种质的主要性状表现

Table 1 Disease ratings and main agronomic traits in some enhanced germplasm

品系 Line	来源 Pedigree	纹枯病病级		赤霉病病级	白粉病病级	株高 Plant height (cm)	抽穗 Heading date (m/d)	穗粒数 Grain number
		Scale of sharp eyespot		Scale of scab	Scale of powdery mildew			
		2003	2004					
02P12	CI12633/宁 8026//望水白/扬麦 158 CI12633/Ning8026//Wangshuibai/Yangmai158	1.1	1.4	0.7	1	102	4/12	40.4
02P189	CI12633/扬麦 3 号//ARZ/扬麦 158 CI12633/Yangmai3//ARz/yangmai 158	1.3	1.7	1.3	0	96	4/12	28.8
02P279	Niavt14/淮麦 17 Niavt14/Huaimai17	1.1	1.3	0.9	0	102	4/20	41.7
02P288	Niavt14/淮麦 17//西风小麦/宁 9312 Niavt14/Huaimai17//Xifeng/Ning 9312	1.0	1.3	0.6	0	83	4/12	46.1
02P315	扬麦 158//Maris Dove/扬麦 3 号/3/ARz Yangmai 158//Maris Dove/ Yangmai3 /3/ARz	1.2	1.4	1.1	0	88	4/13	39.4
02P338	Niavt14/淮麦 17 Niavt 14/Huaimai 17	1.2	1.3	1.3	0	104	4/13	35.0
02-S280	ARz/扬麦 158 ARz/Yangmai 158	1.3	1.2	1.2	1	97	4/14	32.7
02-192	陕 1868//Compton/扬麦 6 号 Shan1868//Compton/Yangmai 6		1.0	1.2	0	82	4/11	38.4
03-885	扬 94-124//宁麦资 18/Niavt 14 Yang94-124//Ningmaizi18/Niavt14		1.1	1.1	0;	95	4/12	45.2
扬麦 158 Yangmai 158	对照 Check	2.8	2.6	1.7	7	90	4/12	40.2
ARz	供体, The Donor	1.0	1.2	3.0	9	110	4/18	26.3

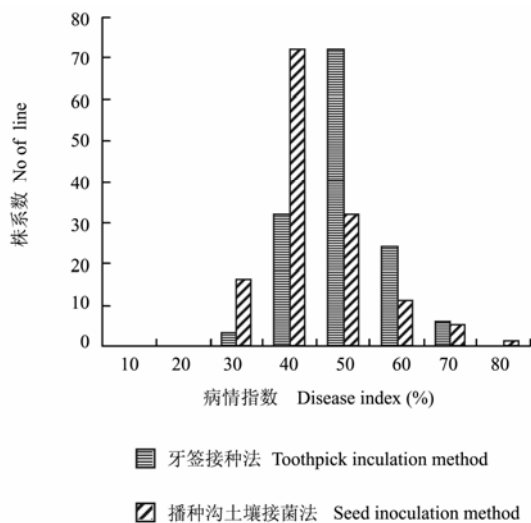


图 1 ARz/扬麦 158RIL 群体二种接种方法病情指数分布 (2003)

Fig. 1 Distribution of the disease index in ARz/Yangmai 158 RIL population under 2 inoculation methods in 2003

型分析, 总计获得 97 个位点。结合 2 次的纹枯病鉴定资料, 利用 Mapmanager QTXb17 软件对 97 个位点进行回归分析, $P < 0.01$, 获得与纹枯病抗性极显著相关

的 SSR 标记 11 个 (表 2), 它们解释群体纹枯病病情指数变化幅度介于 5.0%~13.0% 之间。其中 Xgwm247 (3B)、Xgdm67 (7D)、Xwmc94 (7D) 和 Xgwm437 (7D) 在两份纹枯病鉴定资料中都能检测到, 表明在染色体 3B 和 7D 上可能存在与纹枯病抗性相关的 QTL。

2.2.3 连锁图的构建与 QTL 分析 用 MapMaker/Exp3.0b 软件对 97 个多态性位点进行遗传作图, 获得了由 75 个位点构成 14 个连锁区段, 覆盖 1068 cM, 平均间距 14.25 cM。在这 14 个连锁群中, 以位于染色体 2D 上的连锁群的区段最长, 其遗传距离为 145.1 cM; 位于染色体 3D 上的连锁群上较为均匀地分布着 6 个标记, 标记顺序与 Roder 等构建的连锁图顺序一致, 长度 62.4 cM; 而位于染色体 7D 上连锁群上由 9 个标记位点组成, 前面 8 个较为密集, 两个标记间最小距离仅为 3.7 cM, 最后两个标记间有一较大的间距, 共覆盖长度 131.8 cM。其它连锁群的标记相对较少, 分布于染色体 2A、2B、3A、和 7B 上。另有 22 个位点是独立的, 不能归属于某一个连锁群。

使用 QTL Cartographer 软件对与群体纹枯病抗性显著相关的连锁群进行复合区间作图(CIM)。结果表明, 在 7D 染色体上 Xgdm67~Xbarc172 和 Xwmc94~

Xwmc273.2 之间存在二个抗性 QTL, 其中, Xgdm67~Xbarc172 之间的 QTL 在牙签法和土壤接种条件下都能检测到, LOD 值分别为 4.0 和 3.63, 能够解释表形变

异 14.36% 和 12.3%; Xwmc94~Xwmc273.2 之间的 QTL 只能在牙签法中检测到, 其 LOD 值和贡献率分别为 2.3 和 14.68% (表 3)。

表 2 ARz/扬麦 158RIL 中与纹枯病抗性 QTL 有关的 SSR 标记 ($P<0.01$)

Table 2 SSR markers associated with sharp eyespot resistance in ARz/Yangmai 158 RILs ($P<0.01$)

标记 (染色体位置) Marker (Chromosome location)	牙签法 Toothpick inoculation		土表法 Seedbed inoculation	
	%	<i>P</i>	%	<i>P</i>
Xgwm102 (2D)	8	0.00174	-	-
Xgwm247 (3B)	6	0.00380	9	0.00065
Xbarc172.1 (7D)	9	0.00030	-	-
Xgdm67 (7D)	13	0.00001	6	0.00409
Xgwm190 (5D)	-	-	5	0.00573
Xwmc273 (7D)	-	-	5	0.00588
Xgwm32 (3A)	-	-	5	0.00894
Xwmc326 (3B)	-	-	6	0.00693
Xgwm314 (3D)	6	0.00520	-	-
Xwmc94 (7D)	6	0.00440	8	0.00053
Xgwm437 (7D)	10.1	0.0000947	5.0	0.005

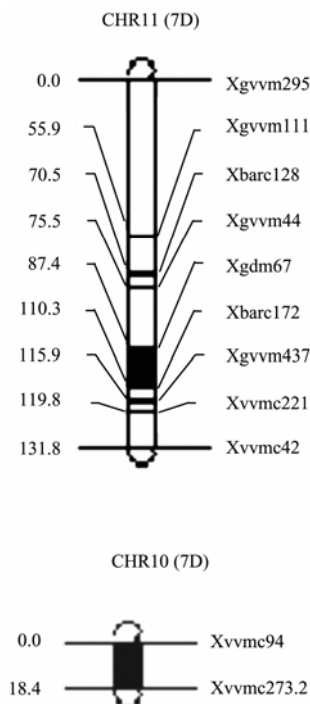


图 2 部分遗传连锁群及抗纹枯病性 QTL (黑色区域表示抗性 QTL)

Fig.2 Two linkage groups and sharp eyespot resistance QTL9 (Dark area indicates QTL)

3 讨论

3.1 小麦纹枯病抗性的鉴定方法

小麦纹枯病为一种腐生性病害, 其发病程度受环境影响较大, 准确评价实验材料对纹枯病的抗感表现是进行该性状遗传分析和育种研究的前提。纹枯病研究工作者尝试了不同的接种方法, 试图创造一个相对稳定的发病环境, 以获得较为可靠的抗性资料。史建荣等^[5]在小麦纹枯病研究中, 使用沟带接菌法, 将致病菌接种于灭菌的玉米砂, 再将布满菌丝的玉米砂均匀播种于小麦播种沟, 这样鉴定的株系在苗期至孕穗期一直处于真菌的侵染环境中, 提供一个相对稳定的接种条件。潘学彪等^[11]在水稻抗纹枯病遗传育种试验中, 发现嵌入法效果较好; 陈厚德等将嵌入法用于大麦纹枯病病菌的接种, 并与外贴法作了对比试验, 发现利用嵌入法接种的效果明显优于外贴法。本试验采用牙签法和沟带法的两种方法接种同一个自交系群体, 结果表明, 沟带法从播种到灌浆, 小麦植株一直处于诱发环境中, 病程长, 感病植株的病级高, 但同一材料的不同植株间病级变异较大。牙签嵌入法是在拔节期将病菌菌丝直接接种于叶鞘和茎秆之间, 同一材料的不同植株间病级变异较小, 但病程短, 感病植株的病级相对较低。两种方法之间的病情指数呈极显著相关 ($P<0.0001$), 表明牙签接菌法和沟带法都是评价小麦纹枯病抗性的较为可靠方法。但从本试验发现的 QTL 数量、LOD 值和遗传贡献率来看, 牙签接菌法的实验精度明显优于沟带法, 因此牙签接菌法较适合于对少量材料抗纹枯病遗传研究; 而沟带法更适

表 3 复合区间作图分析检测到的抗纹枯病 QTL

Table 3 QTLs associated with sharp eyespot resistance detected by composite internal mapping method

标记区间	染色体位置	接种方法	LOD 值	贡献率	抗性基因来源
Interval	Chromosome location	Inoculating method	LOD value	Var (%)	The donor of resistant QTLs
Xgdm67-Xbarc172	7D	土壤接种 Seedbed	3.63	12.3	ARz
		牙签接种 Cultured toothpick	4.00	14.36	ARz
Xgwmc94-Xwmc273.2	7D	牙签接种 Cultured toothpick	2.30	14.68	ARz

合于大量品种的筛选鉴定。沟带法和牙签法可以有效地互为补充。

3.3 小麦抗纹枯病性的遗传改良

由于缺乏抗源, 小麦抗纹枯病育种进展缓慢, 到目前为止生产上大面积推广的品种多为感病品种, 有利于纹枯病的发生、流行和危害, 以致近年来小麦纹枯病危害日趋严重^[6,7]。目前, 小麦纹枯病的防治主要是应用井冈霉素等化学药剂于春季喷雾防治, 但是由于病害发生的部位是在麦秆基部, 需要大水量喷药才能防治到位, 而麦田的旱作生态特点, 特别是在少水地区或南方春季多雨不易下田, 很容易错过防治适期, 会使春季大面积喷药防治的措施难以实施。而且大规模使用化学药剂还会对生态环境造成危害。本研究利用育种和生产很少利用的 ARz、Navit 14、CI12633 等纹枯病抗源, 创新获得了人工诱发条件下, 纹枯病稳定在 1.5 级以下, 兼抗其它主要病害, 农艺性状大为改善的新种质。加快这些材料的利用, 选育和推广抗纹枯病的小麦新品种, 将是解决纹枯病危害的最直接、有效、经济的途径。

4 结论

4.1 利用聚合改良技术, 将不同抗性基因导入核心亲本, 获得了 02P315、03-885、02-192 等纹枯病和赤霉病病级在 1.5 以下, 白粉病病级在 1 以下, 综合农艺性状得到较大改善的新种质。

4.2 分别用牙签法和沟带法鉴定了 ARz/扬麦 158 重组自交群体 137 个 F₆ 株系的纹枯病抗性, 群体的病情指数分布在 25%~75% 之间, 偏度和峰度均较小, 符合正态分布, 适合 QTL 区间作图。

4.3 利用 MapManager QTXb17 软件对 97 个多态性位点进行回归分析, 获得 Xgwm247、Xgdm67、Xwmc94 和 Xgwm437 等 11 个与纹枯病抗性极显著相关的 SSR 标记, 它们解释群体纹枯病病情指数表型变异的 5.0%~13.0%。

4.4 用复合区间作图分析法获得位于 7D 染色体上的二个抗性 QTL, 其中, Xgdm67~Xbarc172 之间的 QTL

在牙签和土壤接种条件下都能检测到, Xwmc94~Xwmc273.2 之间的 QTL 只能在牙签法中检测到。

References

- [1] 陈延熙, 唐文华, 张敦华, 简小鹰. 我国小麦纹枯病病原学的初步研究. 植物保护学报, 1986, 13(1): 39-44.
Chen Y X, Tang W H, Zhang D H, Jian X Y. A preliminary study on etiology of sharp-eyespot of wheat in China. *Acta Phytophylacica Sinica*, 1986, 13(1): 39-44. (in Chinese)
- [2] 王裕中, 吴志凤, 史建荣, 陈怀谷, 邵伯坤. 小麦纹枯病流行规律研究. 江苏农业科学, 1993, (麦类纹枯病专辑): 48-53.
Wang Y Z, Wu Z F, Shi J R, Chen H G, Shao B K. Study on epidemic regularity. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 1993, (Special issue): 48-53. (in Chinese)
- [3] 赵美琦, 毕可政. 小麦纹枯病流行预测的研究. 植物保护学报, 1997, 24(4): 303-308.
Zhao M Q, Bi K Z. Study on epidemic prediction of sharp eyespot in wheat. *Acta Phytophylacica Sinica*, 1997, 24(4): 303-308. (in Chinese)
- [4] 黄承彦, 杨平平, 楚秀生, 单承荣. 见: 庄巧生, 杜振华. 中国小麦育种研究进展. 北京: 中国农业出版社, 1996: 274-279.
Huang C Y, Yang P P, Chu X S, Shan C R. In: Zhuang Q S, Du Z H (ed). *Advance in Wheat Breeding Research in China*. Beijing: Chinese Agricultural Press, 1996: 274-279. (in Chinese)
- [5] 史建荣, 王裕中, 沈素文, 陈怀谷. 江苏省小麦纹枯病菌致病力研究. 江苏农业学报, 1997, 13(3): 188-190.
Shi J R, Wang Y Z, Shen S W, Chen H G. Pathogenicity of *Rhizoctonia cerealis* to wheat in Jiangsu Province. *Jiangsu Journal of Agricultural Sciences*, 1997, 13(3): 188-190. (in Chinese)
- [6] 王裕中. 小麦纹枯病发生与防治. 植保技术与推广, 2001, 21(8): 39-41.
Wang Y Z. Occurrence and control of sharp eyespot in wheat. *Plant Protection Technology and Extension*, 2001, 21(8): 39-41. (in Chinese)
- [7] Cai S B, Cao Y, Fang X W, Zhu Z. Study on resistance to sharp eyespot (*Rhizoctonia cerealis*) in wheat germplasm. In: Gao W D, Rao

- V R, Zhou M D (ed). *Plant Genetic Resources Conservation and use in China, Proceedings of National Workshop on Conservation and Utilization of Plant Genetic Resources*, 25-27 Oct. 1999 Beijing, China. Beijing: IPGRI Office for East Asia, 2001: 135-136.
- [8] 刘朝晖, 张旭, 李浩兵, 姚景侠. 小麦品种纹枯病抗性遗传的初步研究. *南京农业大学学报*, 1999, 22(3): 5-8.
Liu Z H, Zhang X, Li H B, Yao J X. A preliminary study on inheritance of the resistance to sharp eyespot in wheat. *Journal of Nanjing Agricultural University*, 1999, 22(3): 5-8. (in Chinese)
- [9] 张怀琼, 任正隆. 小麦纹枯病抗性及其抗性遗传的初步研究. *植物病理学报*, 1999, 29(3): 199-202.
Zhang H Q, Ren Z L. A preliminary study on resistance to sharp eyespot in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Acta Phytopathologica Sinica*, 1999, 29(3): 199-202. (in Chinese)
- [10] 国广泰史, 钱前, 佐藤宏之, 藤胜, 曾大力, 藤本宽, 朱立煌. 水稻纹枯病抗性 QTL 分析. *遗传学报*, 2002, 29(1): 50-55.
Kunihiro Y, Qian Q, Sato H, Teng S, Zeng D L, Fujimoto K, Zhu L H. QTL analysis of sheath blight resistance in rice (*Oryza sativa* L.). *Acta Genetica Sinica*, 2002, 29(1): 50-55. (in Chinese)
- [11] 潘学彪, 邹军煌, 陈宗祥, 陆驹飞, 于恒秀, 李海涛, 王子斌, M C Rush, 朱立煌. 水稻品种 Jasmine 85 抗纹枯病主效 QTLs 的分子标记定位. *科学通报*, 1999, 44(15): 1629-1635.
Pan X B, Zou J H, Chen Z X, Lu J F, Yu H X, Li H T, Wang Z B, Rush M C, Zhu L H. Molecular mapping of major QTLs resistant to *Rhizoctonia solani* in rice cultivar Jasmine 85. *Chinese Science Bulletin*, 1999, 44(15): 1629-1635. (in Chinese)
- [12] 萨姆布鲁克, 拉塞尔著. 黄培堂译. 分子克隆实验指南(第三版). 北京: 科学出版社, 2002.
Sambrook J, Russell D W (ed). Translated by Huang P T. *Molecular cloning: A Laboratory Manual (3rd ed)*. Beijing: Chinese Science Press, 2002. (in Chinese)
- [13] 任丽娟, 沈晓蓉, 周森平, 张旭, 马鸿翔, 陆维忠, Paul Nichoson. 3 个小麦重组自交系群体抗赤霉病 QTL 的 SSR 分析. *中国农业科学*, 2003, 36(10): 1150-1155.
Ren L J, Shen X R, Zhou M P, Zhang X, Ma H X, Lu W Z, Nichoson P. SSR markers for Fusarium head blight resistance QTLs in three wheat populations. *Scientia Agricultura Sinica*, 2003, 36(10): 1150-1155. (in Chinese)
- [14] Manly K F, Cudmore J R H, Meer J. M. Map manager QTX, cross-platform software for genetic mapping. *Mammalian Genome*, 2001, 12: 930-932.
- [15] Lander E S, Green P, Abrahamson J, Barlow A, Daley M J, Lincoln S E, Newburg L. MAPMAKER: an interactive computer package of constructing primary genetic linkage maps of experimental and natural populations. *Genomics*, 1987, 1: 174-181.
- [16] Zeng Z. Precision mapping of quantitative trait loci. *Genetics*, 1994, 136: 1457-1468.

(责任编辑 王红艳)