

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2008.01193

小麦品种“唐麦 4 号”抗白粉病基因的分子标记与染色体定位

胡铁柱^{1,2} 李洪杰³ 解超杰¹ 尤明山¹ 杨作民¹ 孙其信¹ 刘志勇^{1,*}

(¹ 中国农业大学植物遗传育种系 / 农业生物技术国家重点实验室 / 农业部作物基因组学与遗传改良重点开放实验室 / 北京市作物遗传改良重点实验室 / 教育部作物杂种优势研究与利用重点实验室, 北京 100094; ² 河南科技学院小麦中心, 河南新乡 453003; ³ 国家农作物遗传资源与基因改良重大科学工程 / 中国农业科学院作物科学研究所, 北京 100081)

摘要: 唐麦 4 号是对小麦白粉病(*Blumeria graminis* f. sp. *tritici*)具有良好抗性的 T1BL·1RS 育成品种, 遗传分析结果表明, 唐麦 4 号携带 1 个抗白粉病半显性单基因, 暂命名为 *PmTm4*。采用唐麦 4 号为抗病亲本的杂交组合(唐麦 4 号/Clement)F₂ 代抗、感病分离群体和 F₃ 代家系, 利用集群分离分析法(BSA)建立了与 *PmTm4* 连锁的分子标记连锁图 *Xcau12—Xgwm611—PmTm4—XEST92—Xbarc1073—Xbarc82—Xwmc276*。根据小麦 7BL 连锁图的标记顺序和抗白粉病基因连锁标记在中国春缺体-四体、双端体和缺失系上的定位结果, 将 *PmTm4* 基因定位于小麦 7BL 染色体臂末端。以上研究结果为唐麦 4 号抗白粉病基因在育种中的利用、分子标记辅助选择和基因累加提供了便利。

关键词: 小麦; 唐麦 4 号; 抗白粉病基因; 分子标记

Molecular Mapping and Chromosomal Location of the Powdery Mildew Resistance Gene in Wheat Cultivar Tangmai 4

HU Tie-Zhu^{1,2}, LI Hong-Jie³, XIE Chao-Jie¹, YOU Ming-Shan¹, YANG Zuo-Min¹, SUN Qi-Xin¹, and LIU Zhi-Yong^{1,*}

(¹ Department of Plant Genetics & Breeding, China Agricultural University / State Key Laboratory for Agrobiotechnology / Key Laboratory of Crop Genomics and Genetic Improvement, Ministry of Agriculture / Beijing Key Laboratory of Crop Genetic Improvement / Key Laboratory of Crop Heterosis Research & Utilization, Ministry of Education, Beijing 100094; ² Wheat Center, Henan Institute of Science and Technology, Xinxiang 453003, Henan; ³ National Key Facility for Crop Gene Resources and Genetic Improvement / Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China)

Abstract: Powdery mildew, caused by *Blumeria graminis* f. sp. *tritici*, is one of the most important diseases in wheat (*Triticum aestivum* L.) worldwide. Breeding for resistance is the most economical and effective method for controlling the disease. Tangmai 4 carries a pair of T1BL·1RS wheat-rye (*Secale cereale* L.) translocated chromosomes and is resistant to a wide spectrum of wheat powdery mildew isolates. Genetic analysis indicated that a single semidominant gene in Tangmai 4 conferred resistance to powdery mildew, temporarily designated as *PmTm4*. Segregating F₂ population and their F₃ progenies derived from the cross between Tangmai 4 and Clement were used for bulked segregation analysis. Four SSR, one EST-SSR, and one EST-STS polymorphic markers were linked to the powdery mildew resistance gene *PmTm4* in an order of *Xcau12—Xgwm611—PmTm4—XEST92—Xbarc1073—Xbarc82—Xwmc276*. Gene *PmTm4* was physically mapped on the distal bin of chromosome 7BL using Chinese Spring nullisomic-tetrasomic, ditelosomic, and deletion lines. The results demonstrate that *PmTm4* gene may be either allele at the *Pm5* locus or else a member of closely linked cluster of genes.

Keywords: Wheat; Tangmai 4; Powdery mildew resistance gene; Molecular marker

小麦白粉病(*Blumeria graminis* f. sp. *tritici*)是世界性的小麦主要病害之一, 严重影响小麦安全生产。应用抗病品种是防治白粉病危害、保证小麦高产稳产最经济、有效的措施, 发掘和利用普通小麦

基金项目: 国家高技术研究发展计划(863 计划)项目(2006AA100102, 2006AA10Z1E9, 2006AA10Z1C4, 2006BAD01A02); 国家杰出青年科学基金项目(30425039); 教育部长江学者和创新团队发展计划项目; 高等学校学科创新引智计划项目(111-2-03)

作者简介: 胡铁柱(1975-), 男, 在职博士研究生, 在河南科技学院小麦中心从事小麦遗传育种工作。

* 通讯作者(Corresponding author): 刘志勇, 教授, 博士生导师。E-mail: zhiyongliu@cau.edu.cn

Received(收稿日期): 2008-01-11; Accepted(接受日期): 2008-01-24.

品种中的抗病基因是培育抗病品种的快捷途径。目前,已经有 36 个抗白粉病基因位点定位在小麦不同的染色体上 ($Pm1\sim Pm38$)^[1-3](<http://www.shigen.nig.ac.jp/wheat/komugi/genes/macgene/supplement2007>),其中 $Pm1$ 、 $Pm3$ 、 $Pm4$ 、 $Pm5$ 和 $Pm8$ 等位点上具有多个等位基因^[1]。

SSR (simple sequence repeat, SSR) 又称微卫星 (microsatellite), 随机分布于小麦的基因组中, 在染色体上具有明确的位置, 多是共显性标记。自 Röder 等^[4]1998 年构建了包含 279 个标记位点的小麦微卫星遗传图谱后, Somer 等^[5]、Pestsova 等^[6]、Song 等^[7]和 Gupta 等^[8]在此基础上进一步饱和了原有图谱, 已成为小麦遗传作图和基因发掘与定位的重要工具。许多小麦抗白粉病基因均建立了连锁的分子标记, 为抗病基因的标记辅助选择、基因累加和基因克隆奠定了基础。近年来根据小麦 EST (expressed sequence tagged) 序列开发的 EST-SSR 和 EST-STS 标记也被用于基因组作图与标记辅助选择^[9]。

唐麦 4 号为原河北省唐山市农科所于 1987 年选育的抗白粉病小麦优良品种, 20 年来一直保持对我国华北地区小麦白粉病菌优势小种的良好抗性^[10-11]。唐麦 4 号为小麦-黑麦 (*Secale cereale* L.) T1BL·1RS 易位系, 但在以洛夫林 10 号为代表的“洛类”抗源“丧失”白粉病抗性后仍然保持对我国华北麦区优势白粉病菌生理小种和加拿大白粉病菌优势小种良好的抗性^[12], 说明其抗白粉病基因来源与“洛类”抗源可能不同, 有可能位于易位黑麦 1RS 以外的染色体上。本研究通过对唐麦 4 号携带的抗白粉病基因进行遗传分析、建立分子标记及染色体定位, 为更好地利用这一优良抗病品种提供理论基础。

1 材料与方法

1.1 材料

利用抗白粉病品种唐麦 4 号与同为 T1BL·1RS 易位系的感白粉病品种 Clement (T1BL·1RS 易位系) 配制杂交组合, 对其 F_1 代、 F_2 代群体及 F_3 代家系进行抗白粉病鉴定。感病对照品种为薛早。中国春缺体-四体、双端体系和染色体缺失系材料由美国堪萨斯州立大学小麦遗传资源中心 (Wheat Genetics Resource Centre, Kansas State University, USA) Raupp 和 Gill 博士提供。

1.2 唐麦 4 号抗白粉病基因遗传分析

利用北京地区流行白粉病菌小种 E09 对唐麦 4 号/Clement 的 F_1 、 F_2 代分离群体和 F_3 代家系进行苗期抗病性鉴定, 该小种对 $Pm1a$ 、 $Pm3a$ 、 $Pm3c$ 、 $Pm5a$ 、 $Pm7$ 和 $Pm8$ 有毒性但对唐麦 4 号无毒性。接种后 15 d, 采用 6 级 (0, 0; , 1~4) 标准调查第一片叶的反应型 (IT), 其中 0 级无可见病斑; 0; 级有过敏性坏死斑; 1 级病斑表面菌丝稀薄透绿, 分生孢子很少; 2 级病斑表面菌丝发育中等, 分生孢子量较少; 3 级病斑表面菌丝发育中等到旺盛, 病斑多, 分生孢子量较多, 但病斑不连成片; 4 级病斑表面菌丝旺盛, 孢子量大, 病斑多连成片。0~2 级为抗病; 3~4 级为感病。用 χ^2 测验进行适合性检测。

1.3 基因组 DNA 提取, SSR、EST-SSR 和 EST-STS 多态性分析

采用 CTAB 法^[13]提取 F_2 代分离群体 129 个单株的基因组 DNA。根据 F_3 家系抗病性鉴定结果, 采用 BSA 法分别取 10 株抗病单株 (IT=1) 等量 DNA 和 10 株感病单株 (IT=4) 等量 DNA 构建抗、感池^[14]。

根据 GrainGenes (<http://www.wheat.pw.usda.gov>) 公布的信息合成小麦 SSR 和 EST 引物 (表 1)。PCR 体系 10 μ L, 含 10 mmol L^{-1} Tris-HCl (pH 8.3) 50 mmol L^{-1} KCl, 1.5 mmol L^{-1} $MgCl_2$, 0.2 mmol L^{-1} dNTP, 每个引物各 25 ng, 50~100 ng 基因组 DNA 和 0.75 U *Taq* DNA 聚合酶。扩增程序为 94 $^{\circ}C$ 变性 5 min; 94 $^{\circ}C$ 变性 45 s, 50 $^{\circ}C$ 、55 $^{\circ}C$ 或 60 $^{\circ}C$ 复性 45 s, 72 $^{\circ}C$ 延伸 1.5 min, 40 个循环; 72 $^{\circ}C$ 延伸 10 min。对扩增产物用 8% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳, 经硝酸银染色后观察照相。

1.4 连锁分析

用 Mapmaker EXP 3.0 软件计算分子标记与抗白粉病基因之间的距离, 利用 Kosambi 函数将重组率转化为遗传图距 (cM), 构建抗病基因的分子标记连锁图谱。

1.5 分子标记的染色体定位

根据已发表的分子标记连锁图谱^[5,7,15] (<http://www.pw.usda.gov/>) 和唐麦 4 号抗白粉病基因连锁分子标记在中国春缺体-四体、双端体和缺失系 DNA 上的 PCR 扩增带型, 将抗白粉病基因及其连锁的分子标记定位于相应染色体臂及其染色体区间。

表 1 与唐麦 4 号抗白粉病基因连锁的分子标记引物序列和多态性片段

Table 1 Polymorphic fragments and primer sequences linked to the powdery mildew resistance gene in Tangmai 4

标记 Marker	正向引物 Forward primer (5-3)	反向引物 Reverse primer (5-3)	多态性片段 Polymorphic fragment (bp)	
			唐麦 4 号 Tangmai 4	Clement
<i>Xcau12</i>	CTGAGCCCTCTTTGCTATGC	TCGGTGAGATTGAAAGGTCC	195	220
<i>Xgwm611</i>	CATGGAACACCTACCGAAA	CGTGCAAATCATGTGGTAGG	190, 172, 162	null
<i>XEST92</i>	TTCAGACCCCGGTTATTGTC	TCCATCCCTGCTGATTAAGG	700	995
<i>Xbarc1073</i>	GCGGGCACAATATTCTAATGGACAAAGT	GCGCAGATGCAGAGGCCAGGGGTCA	170	296, 185
<i>Xbarc82</i>	CGACCCGAACACCTTTGATGACGAG	CCACCCTTGCCCTTCTTTGCTTTAT	205	210
<i>Xwmc276</i>	GACATGTGCACCAGAATAGC	AGAAGAACTATTCGACTCCT	190	195

2 结果与分析

2.1 唐麦 4 号抗白粉病基因遗传分析

用白粉菌 E09 小种苗期接种唐麦 4 号、Clement、唐麦 4 号/Clement 组合的 F₁、F₂ 代群体和 F_{2:3} 代家系, 唐麦 4 号表现高抗(IT = 1), Clement 表现高度感病(IT = 4); F₁ 代表现为中抗(IT = 2); F₂ 代群体抗感病单株符合 3 : 1 分离比例, F₃ 代家系符合 1 : 2 : 1 分离模式(表 2)。这表明唐麦 4 号的苗期抗白粉病基因为半显性单基因, 暂命名为 *PmTm4*。

2.2 唐麦 4 号抗白粉病基因(*PmTm4*)的分子标记及其染色体定位

在唐麦 4 号/Clement 的 F₂ 抗、感池间筛选出一对多态性小麦 EST-SSR 引物 *Xcau12*, 经在 129 株

F₂ 代群体上验证, 发现该多态性标记与 *PmTm4* 连锁(图 1)。通过在中国春缺体-四体 DNA 上扩增, 将 EST-SSR 标记 *Xcau12* 定位于 7B 和 7D 染色体上; 进一步在中国春双端体和染色体缺失系 DNA 上扩增, 将抗、感多态性标记 *Xcau12* 定位于 7BL 染色体长臂末端 7BL-7 和 7DL-2 区间(图 2)。筛选第七同源群染色体末端区间的 SSR 标记和 EST 标记, 在 7BL 染色体上又发现 4 个多态性 SSR 标记(*Xgwm611*、*Xbarc1073*、*Xbarc82* 和 *Xwmc176*)和 1 个多态性 EST 标记(*XEST92*)在抗、感池间也存在多态性, 并与抗病基因连锁(图 3)。经过在唐麦 4 号/Clement F₂ 代分离群体 129 个单株上进行连锁分析, 构建了唐麦 4 号抗白粉病基因及其连锁分子标记的连锁图谱(图 4)。

表 2 唐麦 4 号、Clement、F₂ 代群体和 F₃ 代家系对小麦白粉菌 E09 小种的反应

Table 2 Reaction of Tangmai 4, Clement, F₂ population, and F₃ progenies derived from the cross Tangmai 4/Clement to powdery mildew isolate E09

亲本或组合 Parent or cross	F ₂				F _{2:3}				
	R	r	Ratio	χ^2	RR	Rr	rr	Ratio	χ^2
Tangmai 4	9	0							
Clement	0	8							
Tangmai 4/Clement	117	32	3:1	0.99	30	71	28	1:2:1	1.37

F₂ 代, $\chi^2_{0.05} = 3.84$; F₃ 代, $\chi^2_{0.05} = 5.99$ 。R: 抗病株; r: 感病株; RR: 纯合抗病株; Rr: 杂合抗病株; rr: 纯合感病株。

$\chi^2_{0.05} = 3.84$ for F₂ populaton; $\chi^2_{0.05} = 5.99$ for F₃ progeny. R: resistant plants; r: susceptible plants; RR: homozygous resistant plants; Rr: heterozygous resistant plants; rr: homozygous susceptible plants.

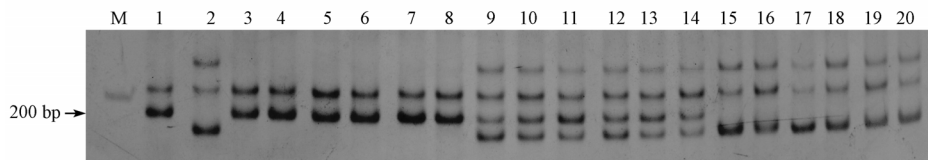


图 1 多态性 EST-SSR 标记 *Xcau12* 在唐麦 4 号/Clement F₂ 群体抗、感单株上的 PCR 扩增结果。

Fig. 1 Polymorphic DNA fragments detected by EST-SSR marker *Xcau12* in Tangmai 4/Clement F₂ population

M: 1 kb ladder; 1: 唐麦 4 号; 2: Clement; 3~8: 纯合抗病单株; 9~14: 杂合单株; 15~20: 纯合感病单株。箭头示多态性目标带。

M: 1 kb ladder; 1: Tangmai 4; 2: Clement; 3~8: homozygous resistant plants; 9~14: heterozygous resistant plants; 15~20: homozygous susceptible plants. The arrow indicates the polymorphic DNA fragments.

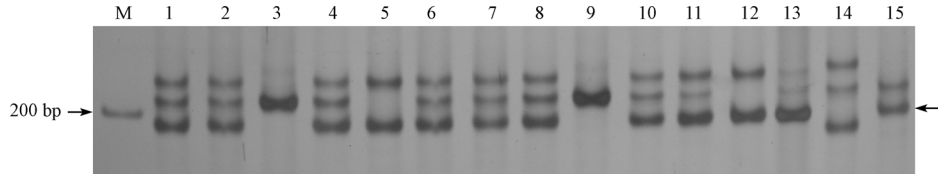


图 2 多态性 EST-SSR 标记 *Xcau12* 在中国春及其双端体和缺失系的扩增结果

Fig. 2 Amplification pattern of *Xcau12* in Chinese Spring (CS) and its ditelosomics and deletion lines

M: 1 kb ladder; 1: CS Dt7AS; 2: CS Dt7AL; 3: CS Dt7BS; 4: CS Dt7BL; 5: CS Dt7DS; 6: CS Dt7DL; 7: 7AL-11; 8: 7BS-1; 9: 7BL-7; 10: 7DS-4; 11: 7DS-5; 12: 7DL-2; 13: 中国春; 14: Clement; 15: 唐麦 4 号。箭头示目标带。

M: 1 kb ladder; 1: CS Dt7AS; 2: CS Dt7AL; 3: CS Dt7BS; 4: CS Dt7BL; 5: CS Dt7DS; 6: CS Dt7DL; 7: 7AL-11; 8: 7BS-1; 9: 7BL-7; 10: 7DS-4; 11: 7DS-5; 12: 7DL-2; 13: Chinese Spring; 14: Clement; 15: Tangmai 4. The arrow indicates the target DNA fragments.

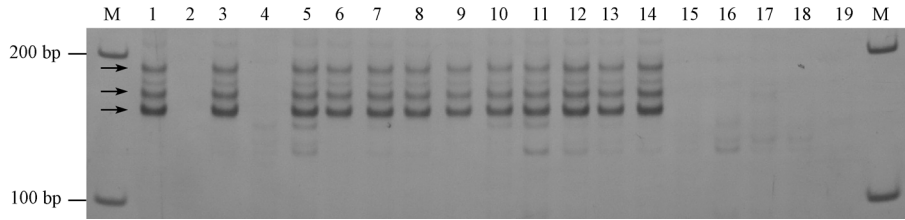


图 3 多态性 SSR 标记 *Xgwm611* 在唐麦 4 号/Clement F₂ 群体抗、感单株上的 PCR 扩增结果

Fig. 3 Polymorphic DNA fragments detected by SSR marker *Xgwm611* Tangmai 4/Clement F₂ population

M: 1 kb ladder; 1: 唐麦 4 号; 2: Clement; 3: 抗病池; 4: 感病池; 5~9: 纯合抗病单株;

10~14: 杂合单株; 15~19: 纯合感病单株。箭头示多态性带。

M: 1 kb ladder; 1: Tangmai 4; 2: Clement; 3: resistant pool; 4: susceptible pool; 5-9: homozygous resistant plants; 10-14: heterozygous plants; 15-19: homozygous susceptible plants. The arrows indicate the polymorphic DNA fragments.

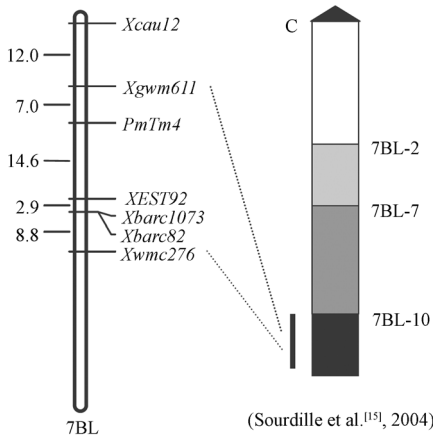


图 4 抗白粉病基因 *PmTm4* 分子标记连锁图谱和物理图谱

Fig. 4 Linkage and physical bin map of *PmTm4* and its linked markers

左侧标注的数值表示遗传距离(cM)。

The numbers on the left indicate the genetic distances (cM) between adjacent loci.

3 讨论

唐麦 4 号系谱为 7201-1/74060-2-(3)-1//北京 5123^[12], 自育成至今 20 年来一直保持对我国华北地区小麦白粉病菌优势小种的良好抗性^[10-11]。Li 等^[12]指出唐麦 4 号对加拿大西部的小麦白粉病、叶锈病和秆锈病具有良好抗性, 同时对部分美国和加拿大

的条锈小种具有抗性, 染色体 C-分带和基因组原位杂交 (GISH) 结果表明, 唐麦 4 号是小麦-黑麦 T1BL·1RS 易位系。20 世纪 70—80 年代, 含有 T1BL·1RS 的“洛类”抗原在我国小麦育种中广泛应用, 唐麦 4 号的 T1BL·1RS 可能来源于北京 5123。北京 5123 原代号为 78-5123, 是有芒红 7 号/洛夫林 10 号的后代, 后正式定名为丰抗 8 号^[10]。但随着病原菌小种的变异, 以洛夫林 10 号为代表的“洛类”抗原已经“丧失”了对小麦白粉病、条锈病和叶锈病优势生理小种的抗性。唐麦 4 号亲本中 7201-1 和 74060-2-(3)-1 均为育种中间材料, 系谱不详。因此, 唐麦 4 号应该还含有不同于 T1BL·1RS 上 *Pm8* 的抗白粉病基因, 其来源及其所在染色体位置也不甚明确。本研究明确了唐麦 4 号含有一个苗期抗白粉病半显性单基因。

基于 PCR 技术的 SSR 标记由于其位点丰富、多态性高、使用简单和结果稳定而得到广泛利用。目前, 覆盖整个小麦基因组的微卫星图谱已经建立^[4-8], 能便利地对目标性状进行遗传定位。本研究建立的与抗白粉病基因 *PmTm4* 连锁的 4 个微卫星标记 *Xgwm611*、*Xbarc82*、*Xbarc1073* 和 *Xwmc276* 在连锁图谱上的顺序与已经发表的小麦 7BL 微卫星连锁图谱一致^[5,7](<http://www.pw.usda.gov/>), 均被定

位在 7BL 染色体末端^[15]。根据在中国春缺体-四体、双端体和缺失系上的扩增带型,与抗白粉病基因连锁的 EST-SSR 标记 *Xcau12* 和 EST-STS 标记 *XEST92* 在 7BL 末端有结合位点,因此, *PmTm4* 是位于小麦 7BL 染色体末端的抗白粉病基因。

目前定位于小麦 7BL 染色体上的抗白粉病基因有 *Pm5* 复等位基因位点。 *Pm5a* 为来源于栽培二粒小麦的隐性基因,代表性载体品种为 Hope。 *Pm5b* (Mli)可追溯到德国品种 Ibis 等,其对小麦白粉病菌的反应型与 *Pm5a* 相似,仅在个别菌系上存在差异; *Pm5a* 和 *Pm5b* 均已经不抗我国的主要白粉病菌系。 *Pm5c* 为来源于印度圆粒小麦(*T. sphaerococcum* var. *rodundatum*)的抗白粉病基因,对我国白粉病菌的抗性反应不详; *Pm5d* 来源于 CI 10904,是 1929 年从我国江苏原金陵大学引入美国的抗白粉病品种^[16]; *Pm5e* 为隐性或半显性抗白粉病基因,供体品种为复壮 30,来源于陕西泾惠农场从泾阳 30 系统选育的后代,对我国优势白粉病菌系表现良好的抗性;我国小麦地方品种小白冬麦和红蜷芒的抗白粉病基因也被定位于 7B 染色体;此外,原贵州农学院张庆勤教授培育的白粉病抗源节燕和斯燕的白粉病抗性也可能来源于 7B 染色体^[17]。Hsam 等^[16]研究表明 *Pm5a*—*Pm5d* 为等位基因,推测小麦 7BL 染色体上可能存在 *Pm5* 复等位基因系列或抗白粉病基因簇。但 Huang 等^[18]在 Hope(*Pm5a*)/复壮 30(*Pm5e*)的 61 个 F_3 代家系中发现 1 个感病系和 2 个分离系,表明 *Pm5e* 是与 *Pm5a* 紧密连锁的基因而非 *Pm5* 的等位基因。另外在小白冬(*Mlxbd*)/Splepk (*Pm5a*)杂交组合的 F_3 中发现 1 个感病系和 2 个分离系,说明 *Mlxbd* 可能是与 *Pm5a* 紧密连锁的不同基因;但在小白冬/复壮 30 的 277 株 F_2 代植株中没有发现感病单株, *Mlxbd* 可能与 *Pm5e* 具有等位关系。

对 *Pm5* 复等位基因座位微卫星标记 *Xgwm611* 研究结果显示, *Xgwm611* 距 *Pm5d* 基因 2.1 cM,但 *Xgwm611* 在 Hope(*Pm5a*)、Kormoran(*Pm5b*)、Kolandi (*Pm5c*)、IGV1-455(*Pm5d*)、复壮 30(*Pm5e*)和小白冬(*Mlxbd*)上均无扩增产物,提示 *Pm5* 复等位基因座位在微卫星标记 *Xgwm611* 上可能具有相同的单倍型^[19]。在本研究中,微卫星标记 *Xgwm611* 距 *PmTm4* 基因 7.0 cM,在唐麦 4 号(*PmTm4*)上扩增出 190、172 和 162 bp 3 条 DNA 片段,但在感病亲本 Clement 上无扩增产物,表明 *PmTm4* 基因所在基因组区域可能不同于已经发现的 *Pm5* 位点抗白粉病基因。我国小

麦地方品种红蜷芒的抗白粉病基因 *PmH* 也被分子标记定位于 7BL 染色体上,距 *Xgwm611* 标记 5.9 cM^[20],与 *Pm5e* 对白粉病菌的反应型存在差异。由于供试群体的类型、大小和遗传背景不同,从遗传距离上尚难以推断 *PmTm4* 和 *Pm5d* 及 *PmH* 的关系。在小麦 7BL 染色体上目前依然有效的抗白粉病基因中,除 *Pm5c*(Kolandi)外, *Pm5d*(IGV 1-455)、 *Pm5e*(复壮 30)、 *Mlxbd*(小白冬)、 *PmH*(红蜷芒)、 *mljy*(节燕)、 *mly*(斯燕)和 *PmTm4*(唐麦 4 号)均来源于我国小麦品种或地方品种,且大部分表现为隐性或半显性遗传方式。据此推测,在小麦 7BL 染色体上抗白粉病基因 *Pm5* 位点及其附近位点可能存在着一个抗白粉病基因簇,我国小麦地方品种在该基因组区域可能存在着丰富的单倍型变异。由于唐麦 4 号抗白粉病基因的原始亲本系谱不详,根据 *Pm5* 基因位点在我国小麦品种和地方品种中广泛存在的事实^[21],推测唐麦 4 号的抗白粉病基因 *PmTm4* 很可能来源于我国地方品种,是 *Pm5* 或其邻近抗白粉病基因簇的成员,但尚需进一步的等位性测验和多生理小种精确鉴定。

4 结论

明确了小麦品种唐麦 4 号携带 1 个抗白粉病半显性单基因,建立了与其连锁的 SSR、EST-SSR 和 EST-STS 标记,将该抗白粉病基因定位于小麦 7BL 染色体臂末端区域,为更好地利用这一综合农艺性状优良的小麦品种,进行抗白粉病基因分子标记辅助选择育种和基因积聚提供了理论依据。

References

- [1] Huang X Q, Röder M S. Molecular mapping of powdery mildew resistance genes in wheat: a review. *Euphytica*, 2004, 137: 203–223
- [2] Miranda L M, Murphy J P, Marshall D, Leath S. *Pm34*: A new powdery mildew resistance gene transferred from *Aegilops tauschii* Coss. to common wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor Appl Genet*, 2006, 113: 1497–1504
- [3] Miranda L M, Murphy J P, Marshall D, Cowger C, Leath S. Chromosomal location of *Pm35*, a novel *Aegilops tauschii* derived powdery mildew resistance gene introgressed into common wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor Appl Genet*, 2007, 114: 1451–1456
- [4] Röder M S, Korzun V, Wendehake K, Plaschke J, Tixier M, Leroy P, Ganal M W. A microsatellite map of wheat. *Genetics*, 1998, 149: 2007–2023

- [5] Somers D J, Isaac P, Edwards K. A high-density microsatellite consensus map for bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor Appl Genet*, 2004, 109: 1105–1114
- [6] Pestsova E, Ganal M W, Röder M S. Isolation and mapping of microsatellite markers specific for the D genome of bread wheat. *Genome*, 2000, 43: 689–697
- [7] Song Q J, Shi J R, Singh S, Fickus E W, Costa J M, Lewis J, Gill B S, Ward R, Cregan P B. Development and mapping of microsatellite (SSR) markers in wheat. *Theor Appl Genet*, 2005, 110: 550–560
- [8] Gupta P K, Balyan H S, Edwards K J, Isaac P, Korzun V, Röder M, Gautier M F, Joudrier P, Schlatter A R, Dubcovsky J, de la Peña R C, Khairallah M, Penner G, Hayden M J, Sharp P, Keller B, Wang R C-C, Hardouin J P, Jack P, Leroy P. Genetic mapping of 66 new microsatellite (SSR) loci in bread wheat. *Theor Appl Genet*, 2002, 105: 413–422
- [9] Yu J K, Dake T M, Singh S, Benscher D, Li W, Gill B, Sorrells M E. Development and mapping of EST-derived simple sequence repeat markers for hexaploid wheat. *Genome*, 2004, 47: 805–818
- [10] Zhuang Q-S (庄巧生). Wheat Improvement and Pedigree Analysis in China (中国小麦品种改良及系谱分析). Beijing: China Agriculture Press, 2003. p 470 (in Chinese)
- [11] Gao S-G (高胜国), Fu Q-F (付秋舫). Identification of the adult plant resistance to powdery mildew in wheat cultivars and lines. *J Hebei Agric Sci* (河北农业科学), 1995, (2): 16–18 (in Chinese)
- [12] Li H J, Conner R L, McCallum B D, Chen X M, Su H, Wen Z Y, Chen Q, Jia X. Resistance of Tangmai 4 wheat to powdery mildew, stem rust, leaf rust, and strip rust and its chromosome composition. *Can J Plant Sci*, 84: 1015–1023
- [13] Saghai-Marouf M A, Soliman K M, Jorgensen R A, Allard R W. Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, chromosomal locations and population dynamics. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1984, 81: 8014–8018
- [14] Michelmore R W, Paran I, Kesseli R V. Identification of markers linked to disease-resistance genes by bulked segregant analysis: a rapid method to detect markers in specific genomic regions by using segregating population. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1991, 88: 9828–9832
- [15] Sourdille P, Singh S, Cadalen T, Gina L, Brown-Guedira G L, Gay G, Qi L, Gill B S, Dufour P, Murigneux A, Bernard M. Microsatellite-based deletion bin system for the establishment of genetic-physical map relationships in wheat (*Triticum aestivum* L.). *Funct Integr Genomics*, 2004, 4: 12–25
- [16] Hsam S L K, Huang X Q, Zeller F J. Chromosomal location of genes for resistance to powdery mildew in common wheat (*Triticum aestivum* L. em Thell.): 6. Alleles at the *Pm5* locus. *Theor Appl Genet*, 2001, 102: 127–133
- [17] Huang X Q, Hsam S L K, Zeller F J. Chromosomal location of genes for resistance to powdery mildew in Chinese wheat lines Jieyan 94-1-1 and Siyan 94-1-2. *Hereditas*, 2002, 136: 212–218
- [18] Huang X Q, Hsam S L K, Zeller F J. Chromosomal location of powdery mildew resistance genes in Chinese wheat (*Triticum aestivum* L. em. Thell.) landraces Xiaobaidong and Fuzhuang 30. *J Genet Breed*, 2000, 54: 311–317
- [19] Nematollahi G, Mohler V, Wenzel G, Zeller F J, Hsam S L K. Microsatellite mapping of powdery mildew resistance allele *Pm5d* from common wheat line IGV1-455. *Euphytica*, 2008, 159: 307–313
- [20] Zhou R H, Zhu Z D, Kong X Y, Huo N X, Tian Q Z, Li P, Jin C Y, Dong Y C, Jia J Z. Development of wheat near-isogenic lines for powdery mildew resistance. *Theor Appl Genet*, 2005, 110: 640–648
- [21] Huang X Q, Hsam S L K, Zeller F J. Identification of powdery mildew resistance genes in common wheat (*Triticum aestivum* L. em. Thell.): IX. Cultivars, landraces and breeding lines grown in China. *Plant Breed*, 1997, 116: 233–238