

刘宝磊, 房方, 杨国堂, 等. 抗白粉病小偃麦 1St 异附加系的分子细胞遗传学鉴定[J]. 山西农业科学, 2025, 53(2):67-74.

LIU B L, FANG F, YANG G T, et al. Molecular cytogenetic identification of wheat-*thinopyrum ponticum* 1St disomic addition line with powdery mildew resistance[J]. Journal of Shanxi Agricultural Sciences, 2025, 53(2):67-74.

doi:10.3969/j.issn.1002-2481.2025.02.09

抗白粉病小偃麦 1St 异附加系的分子细胞遗传学鉴定

刘宝磊¹, 房方¹, 杨国堂¹, 李兴锋¹, 于海涛², 鲍印广¹

(1. 山东农业大学农学院/小麦育种全国重点实验室, 山东泰安 271018; 2. 潍坊市农业科学院, 山东潍坊 261071)

摘要: 白粉病是小麦最主要的病害之一, 严重威胁小麦产量。挖掘新的抗病基因、创制并利用新的抗病种质, 是提高小麦抗病性的有效途径。十倍体长穗偃麦草蕴含丰富的优良基因, 是小麦遗传改良的宝贵基因库。对抗白粉病八倍体小偃麦 SNTE20 与普通小麦杂交选育出的小偃麦新种质 SN21147 白粉病抗性进行鉴定, 结果显示, SN21147 在苗期表现免疫, 成株期表现高抗; GISH-FISH 鉴定发现, SN21147 在 42 条小麦染色体的基础上, 附加了 1 对长穗偃麦草染色体, 且在其形成过程中, 6A、7A、7B、1D、2D 和 7D 等染色体发生了明显的结构变异。利用内含子靶向(IT)分子标记对 SN21147 及其亲本进行扩增, 获得 12 个外源特异标记, 其中 6 个来自拟鹅观草 St 基因组的第 1 部分同源群。因此, SN21147 为附加了 1 对长穗偃麦草 1St 染色体的双体异附加系; 此外, SN21147 的植株较矮(56.7 cm), 与普通小麦亲本 SN637 相比, 分蘖数和每穗粒数分别增加 44.4% 和 4.3%。综上, SN21147 可作为抗白粉病新种质应用于小麦遗传改良。

关键词: 长穗偃麦草; 白粉病; 原位杂交; 分子标记

中图分类号: S512.9 文献标识码: A 文章编号: 1002-2481(2025)02-0067-08

Molecular Cytogenetic Identification of Wheat-*Thinopyrum ponticum* 1St Disomic Addition Line with Powdery Mildew Resistance

LIU Baolei¹, FANG Fang¹, YANG Guotang¹, LI Xingfeng¹, YU Haitao², BAO Yinguang¹

(1. College of Agronomy, Shandong Agricultural University/National Key Laboratory of Wheat Breeding, Taian 271018, China; 2. Weifang Academy of Agricultural Sciences, Weifang 261071, China)

Abstract: Wheat powdery mildew, causing serious yield loss of wheat, is one of the major diseases in wheat-planting areas around the world. Mining new disease-resistant genes, creating and utilizing new disease-resistant germplasms are considered to be the most effective ways to improve the disease resistance of wheat. *Thinopyrum ponticum* carries many useful genes and serves as a valuable gene bank for wheat genetic improvement. In the present study, new *Trititrigia* germplasm SN21147 was developed by crossing wheat-*Th. ponticum* octoploid SNTE20 with common wheat. Disease evaluation showed that SN21147 was immune and high resistant to powdery mildew at the seedling and adult stage, respectively. Sequential GISH-FISH found that SN21147 had 42 wheat chromosomes plus a pair of *Th. ponticum* chromosomes. Furthermore, chromosome structural variations were also detected on the wheat chromosomes 6A, 7A, 7B, 1D, 2D, and 7D. Using IT (Intron Targeting) marker, twelve exogenous specific markers were obtained, six of which belonged to the St genome and homoeologous group one of *Pseudoroegneria spicata*. These results suggested that SN21147 was 1St disomic alien addition line. Besides, SN21147 had a lower plant height(56.7 cm), more tillers and grains per spike compared to its common wheat parent SN637, the two traits increased by 44.4% and 4.3%. Therefore, SN21147 could be utilized as a new germplasm with powdery mildew resistance in wheat genetic improvement.

Keywords: *Thinopyrum ponticum*; powdery mildew; in situ hybridization; molecular marker

收稿日期: 2025-01-09

基金项目: 山东省重点研发计划(重大科技创新工程)(2021LZGC009)

作者简介: 刘宝磊, 在读硕士, 研究方向: 小麦分子染色体工程, E-mail: 511164632@qq.com

通信作者: 鲍印广, 教授, 主要从事小麦遗传育种研究, E-mail: baoyingguang@163.com

于海涛, 高级农艺师, 主要从事小麦遗传育种研究, E-mail: sdauyuhaitao@126.com

小麦 (*Triticum aestivum* L., $2n=6x=42$, AABBDD) 是世界三大粮食作物之一, 全球约 35%~40% 的人口以小麦为主食^[1]。现代育种和栽培技术的共同进步使得小麦产量从 2000 年的 9 963.58 万 t 增加到 2024 年的 13 822 万 t^[2]。但小麦生长过程中容易受到病虫害的威胁, 其中, 小麦白粉病是由布氏白粉病菌 (*Blumeria graminis* f. sp. *tritici*) 引发的气传真菌性病害, 主要侵染小麦叶片, 进而影响小麦产量和品质^[3-5]。白粉病在我国小麦上每年的发生面积约为 600 万 hm^2 , 造成 5%~20% 的产量损失, 并且由于新的生理小种不断出现, 具有全生育期抗性的小麦品种数量急剧减少^[6]。大量理论研究和生产实践表明, 培育并推广持久抗病的小麦新品种是解决上述问题最直接且经济有效的措施之一。

迄今为止, 在国际上已有 *Pm1*~*Pm71* 等抗白粉病基因被正式命名, 其中, *Pm1*~*Pm5*、*Pm8*、*Pm12*、*Pm13*、*Pm17*、*Pm21*、*Pm36*、*Pm24*、*Pm41*、*Pm46*、*Pm55*、*Pm57*、*Pm60* 和 *Pm69* 等被克隆^[7-17]。在已报道的抗白粉病基因中, 仅 *Lr34/Yr18/Sr57/Pm38*、*Lr34/Yr29/Sr58/Pm39* 和 *Lr67/Yr46/Sr55/Pm46* 兼抗多种病害^[18-20]。随着新型病原菌不断出现, 现有抗病基因的抗性正在逐步丧失。例如, 位于黑麦 1R 染色体短臂上的 *Pm8* 曾被广泛应用, 但现已对新的白粉病菌株丧失抗性^[21]。此外, 受人工选择的影响, 现代小麦育种的遗传多样性降低, 遗传资源短缺, 不利于持久抗病耐逆新品种的培育与推广, 急需发掘新的抗病基因, 拓宽小麦抗病育种资源。

小麦的野生近缘物种繁多且具有丰富的遗传多样性, 目前已有 20 多个小麦野生近缘物种与小麦远缘杂交成功^[22]。其中, 黑麦 (*Secale cereale* L., $2n=2x=14$, RR)、冰草 (*Agropyron cristatum* L., $2n=4x=28$, PPPP)、二倍体簇毛麦 (*Haynaldia villosa* L., $2n=2x=14$, VV) 和偃麦草属 (*Thinopyrum*) 等多个小麦近缘种对白粉病表现出良好的抗性^[23-25]。十倍体长穗偃麦草 (*Thinopyrum ponticum*, $2n=10x=70$, $E^aE^cE^bE^dE^eE^fE^gE^hE^iE^jE^kE^lE^mE^nE^oE^pE^qE^rE^sE^tE^uE^vE^wE^xE^yE^zE^{10}$ 或 JJJJJJ^sJ^sJ^sJ^s) 为多年生草本植物, 具有抗病、耐逆、多花多实等多种优良性状, 是改良小麦抗性、增强小麦环境适应性的重要基因资源。利用远缘杂交和染色体工程技术, 将长穗偃麦草中的抗病基因导入小麦中, 可以丰富小麦抗病育种的种质资源, 进而培

育出高产、抗病的小麦新品种。早在 20 世纪 50 年代, 我国就开始了利用长穗偃麦草改良小麦的研究工作。李振声院士利用长穗偃麦草与普通小麦杂交, 创制出一批八倍体小偃麦、异附加系、异代换系和易位系等^[26], 进而培育出以小偃 6 号为代表的一系列小偃麦新品种^[27]。

为发掘抗白粉病新基因、创制抗白粉病新种质, 山东农业大学农学院小麦育种国家重点实验室前期利用十倍体长穗偃麦草与烟农 15、山农辐 63 杂交、回交, 创制了抗白粉病八倍体小偃麦 SNTE20^[28]。本研究对八倍体小偃麦 SNTE20 与自育高代品系 SN637 杂交育成的异染色体系 SN21147 进行白粉病抗性鉴定、细胞遗传学鉴定、分子标记分析以及农艺性状评估, 旨在为其在小麦遗传改良中的进一步研究与利用提供参考。

1 材料和方法

1.1 试验材料

供试材料包括十倍体长穗偃麦草、八倍体小偃麦 SNTE20, 普通小麦山农辐 63、烟农 15、SN637, 小偃麦新种质 SN21147, 感病对照辉县红。它们均由山东农业大学小麦分子染色体工程研究团队创制或保存。白粉菌优势生理小种 E09 由中国农业科学院作物科学研究所李洪杰研究员惠赠。

1.2 白粉病抗性鉴定

1.2.1 白粉病苗期抗性鉴定 利用白粉菌生理小种 E09 对供试材料进行苗期抗病性鉴定, 辉县红作为感病对照, 具体操作方法参照 ZHAO 等^[29]的方法。将供试材料的种子种于 5 cm × 5 cm 的塑料托盘上, 每盘种植 10 株, 于一叶一心期进行接种。当辉县红充分发病后, 按 0~4 级记录反应型, 其中, 0~2 级为抗病, 3~4 级为感病。

1.2.2 白粉病成株期抗性鉴定 将感病对照辉县红、SN21147 及其亲本种植在山东农业大学农学实验站。试验采用随机区组设计, 设置 3 次重复, 每个材料按行长 1.5 m、行距 0.25 m 播种 3 行, 每 5 行种植 1 行感病对照辉县红, 并在供试材料两侧垂直播种辉县红作为诱发行。诱发行发病后利用扫拂法接种, 成株期白粉病鉴定具体操作标准参照 LI 等^[30]的方法。按 0~4 级记录反应型, 其中, 0~2 级为抗病, 3~4 级为感病。

1.3 细胞学鉴定

1.3.1 根尖取样 将待鉴定的种子于室温条件下

浸泡 12 h 后,布种于湿润的培养皿中,并转移至 25 °C 培养箱恒温培养,待根伸长至 2 cm 时加入 0.1 mmol/L 甲基胺草磷溶液浸泡 2 h。清水冲洗 3 次后,取根置于盖子打孔的离心管中,喷湿。将离心管置于一氧化二氮(N₂O)中,1.0 MPa 处理 2 h。处理结束后,冰上用 90% 冰醋酸固定 8 min,转移至 70% 乙醇中,4 °C 存放备用。

1.3.2 染色体制片 将处理后的根取出,ddH₂O 冲洗 3 次,切下根尖放入 1% 果胶酶和 4% 纤维素酶的混合液中,37 °C 水浴 55 min 后,冰上用 70% 乙醇冲洗 3 次。碾碎、离心并倒掉上清,加入 100% 冰醋酸,滴片,镜检。

1.3.3 原位杂交 基因组原位杂交(GISH)参照 FU 等^[31]方法。以 Fluorescein-12-dUTP 标记的十倍体长穗偃麦草基因组 DNA 为探针,以烟农 15 基因组 DNA 为封阻。荧光原位杂交(FISH)参照 HUANG 等^[32]方法。8 个寡核苷酸组成的探针套包括 TAMRA(红色)修饰的 AFA1-4、AFA1-6、pAs1-1、pAs1-3、pAs1-4、pAs1-6 和 FAM(绿色)修饰的 pSc119.2-1、(GAA)₁₀,所有探针均由生工生物工程(上海)股份有限公司合成。在 Olympus BX60 型荧光显微镜下镜检并用 SPOT CCD (SPOT Cooled Color Digital Camera)拍照。

1.4 分子标记分析

利用 841 对 IT 引物(Intron targeting primers)^[33]对供试材料基因组进行 PCR 扩增。扩增体系为 10 μL,包括 40 ng 基因组 DNA,7.5 μL 的 2×Power Taq PCR MasterMix,正反向引物(2.5 μmol/L)各 1 μL,ddH₂O 补齐至 10 μL。PCR 扩增产物经 8% 聚丙烯酰胺非变性凝胶电泳检测后银染、显色,最后用 Tanon Gis-2010 型凝胶成像系统照相观察记录,分析扩增产物的片段大小。

1.5 农艺性状调查

于 2022 年在山东农业大学农学实验站对供试材料进行农艺性状调查。依据《小麦种质资源描述规范和数据标准》^[34],调查 SN21147、SNTE20 和 SN637 的株型、穗型、株高、穗长、分蘖数、小穗数等主要农艺性状,每个供试材料调查 10 株,3 次重复。

2 结果与分析

2.1 白粉病抗性鉴定

苗期对供试材料接种白粉菌生理小种 E09,当

感病对照辉县红完全发病时进行调查,结果显示(图 1-A、表 1),十倍体长穗偃麦草、SNTE20 和 SN21147 表现免疫(IT=0),而普通小麦亲本 SN637 表现中感(IT=3),烟农 15 和山农辐 63 均表现高感(IT=4)。说明 SN21147 的苗期白粉病抗性可能来源于十倍体长穗偃麦草。

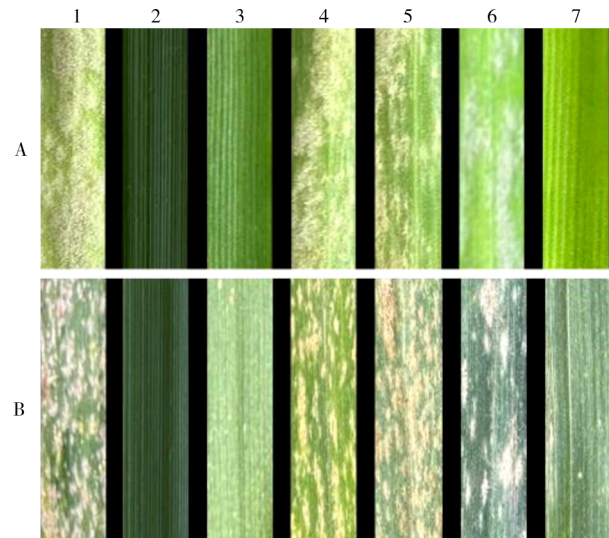


图 1 SN21147 及其亲本的白粉病抗性鉴定
Fig.1 Powdery mildew resistance identification of SN21147 and its parents
A. Identification of powdery mildew at the seedling stage; B. Identification of powdery mildew at the adult stage. 1-7. Huixianhong, *Th. ponticum*, SNTE20, Yannong 15, Shannongfu 63, SN637, and SN21147

表 1 SN21147 及其亲本的白粉病抗性级别鉴定
Tab.1 Identification of powdery mildew resistance of SN21147 and its parents

材料 Material	苗期 Seedling stage	成株期 Adult stage
十倍体长穗偃麦草 <i>Th. ponticum</i>	0	0
SNTE20	0	0
烟农 15 Yannong 15	4	3
山农辐 63 Shannongfu 63	4	4
SN637	3	3
SN21147	0	1
辉县红 Huixianhong	4	4

成株期白粉病抗性鉴定结果显示,十倍体长穗偃麦草和 SNTE20 对白粉病表现免疫(IT=0),SN21147 表现高抗(IT=1),而普通小麦亲本

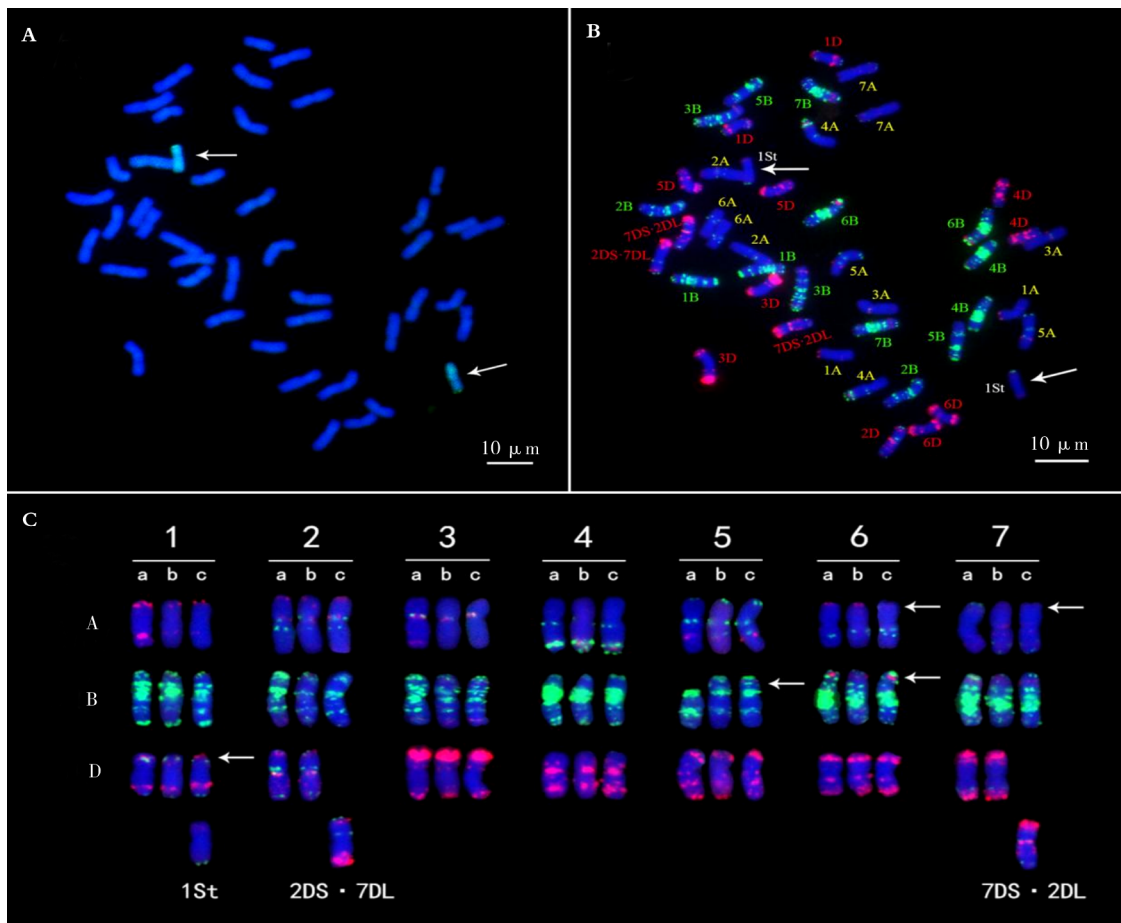
SN637 和烟农 15 表现为中感 (IT=3), 山农辐 63 表现高感 (IT=4) (图 1-B、表 1)。据此推测, SN21147 的成株期白粉病抗性可能来源于十倍体长穗偃麦草。

2.2 细胞学鉴定

以荧光标记的十倍体长穗偃麦草基因组 DNA 为探针、烟农 15 基因组 DNA 为封阻进行基因组原位杂交鉴定, 发现 SN21147 含有 42 条被 DAPI 复染成蓝色的普通小麦染色体和 2 条呈现绿色杂交信号的十倍体长穗偃麦草染色体 (图 2-A)。

去除 GISH 信号后, 利用 8 个寡核苷酸探针进行 FISH 分析, 发现 SN21147 含有小麦全套染色体

(1A~7A、1B~7B、1D~7D) 和 2 条十倍体长穗偃麦草染色体, 为小偃麦异附加系 (图 2-B)。将 SN21147 的 FISH 带型与其亲本进行对比, 发现 SN21147 的 6A 染色体短臂末端红色信号缺失, 1D 染色体短臂末端出现红色信号, 6B 染色体随体中部与 SNTE20 相同, 但与 SN637 相比缺失红色信号, 7A 染色体短臂末端与 SN637 相同, 但与 SNTE20 相比缺失绿色信号, 2D 与 7D 染色体长短臂发生易位, 形成 2DS·7DL、7DS·2DL 相互易位染色体, 表明这些染色体在异附加系形成过程中发生了染色体结构变异 (图 2-C)。



A. SN21147 的 GISH 分析; B. SN21147 的 FISH 分析; C. SNTE20(a)、SN637(b) 和 SN21147(c) 中小麦染色体对比。箭头表示 FISH 带型差异位点

A. GISH pattern of SN21147; B. FISH pattern of SN21147; C. Comparison of wheat chromosomes in SNTE20(a), SN637(b) and SN21147(c). Arrows indicated locations with different FISH bands

图 2 SN21147 的细胞学鉴定

Fig.2 Cytological identification of SN21147

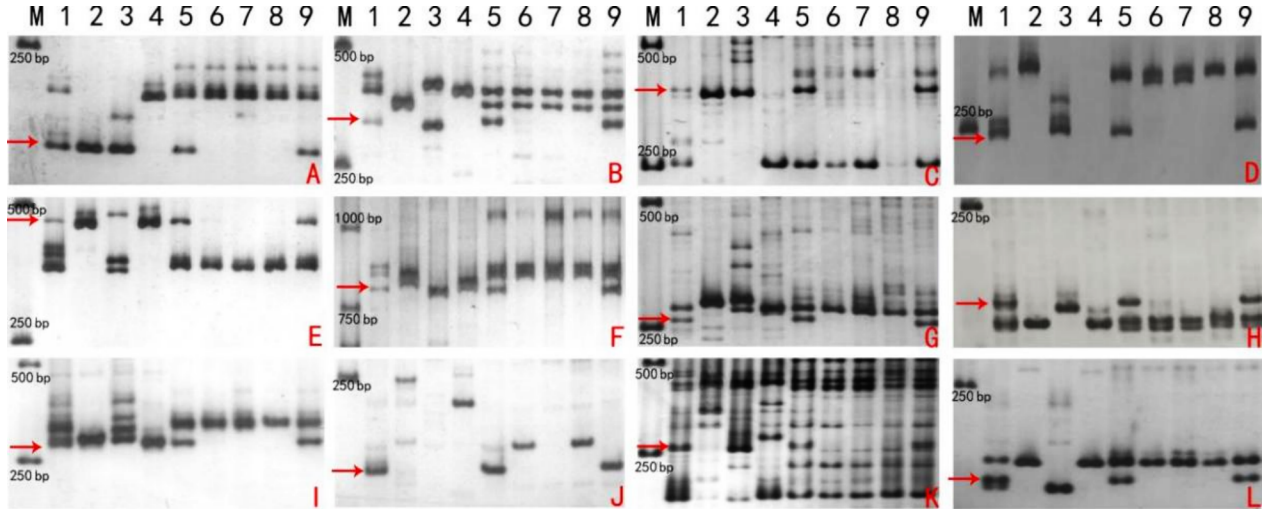
2.3 分子标记分析

为明确 SN21147 的外源染色体来源, 利用

841 对 IT 标记对 SN21147 及其普通小麦亲本基因组进行扫描, 共筛选获得 12 个能够在十倍体长穗

偃麦草、SNTE20 和 SN21147 中扩增出特异条带，但在普通小麦亲本 SN637 中无目标条带的标记(图 3)。进一步分析发现，在上述 12 个特异标记中，源于第一部分同源群的标记有 9 个，且其中 6 个

能够在十倍体长穗偃麦草的原始亲本拟鹅观草 St 基因组中得到特异扩增(图 3、表 2)。因此，推测 SN21147 携带的长穗偃麦草染色体为 1St，即 SN21147 为小麦-长穗偃麦草 1St 双体异附加系。



A~L. CINAU841, CINAU851, CINAU855, CINAU857, CINAU865, CINAU870, CINAU875, CINAU880, CINAU899, CINAU1090, CINAU1300, CINAU1403; M: DL 2000 Marker. 1~9. 十倍体长穗偃麦草、二倍体长穗偃麦草、拟鹅观草、百萨偃麦草、SNTE20、SN637、山农辐 63、烟农 15、SN21147; 箭头指示特异条带

A~L. CINAU841, CINAU851, CINAU855, CINAU857, CINAU865, CINAU870, CINAU875, CINAU880, CINAU899, CINAU1090, CINAU1300, and CINAU1403; M: DL 2000 Marker, 1~9. *Th. ponticum*, *Th. elongatum*, *Ps. spicata*, *Th. bessarabicum*, SNTE20, SN637, SNF63, YN15, and SN21147; Arrows showed specific bands

图 3 SN21147 的分子标记分析

Fig.3 Molecular marker analysis of SN21147

表 2 长穗偃麦草特异标记在原始亲本中的分布

Tab.2 Distribution of *Th. ponticum*-specific markers in the original parents

IT 标记 IT marker	部分同源群 Homoeologous group	二倍体长穗偃麦草 <i>Th. elongatum</i>	拟鹅观草 <i>Ps. spicata</i>	百萨偃麦草 <i>Th. bessarabicum</i>
CINAU841	1	+	+	
CINAU851	1		+	
CINAU855	1		+	
CINAU857	1		+	
CINAU865	1	+		+
CINAU870	1		+	
CINAU875	1		+	
CINAU880	1		+	
CINAU899	1			+
CINAU1090	2	+		
CINAU1300	4		+	
CINAU1403	5		+	

注：“+”表示特异标记。

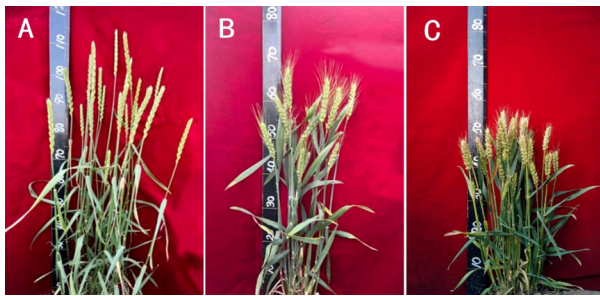
Note: "+" indicated a specific marker.

2.4 农艺性状分析

对 SN21147 及其亲本 SNTE20 和 SN637 的农

艺性状进行调查(图 4、表 3)发现, SN21147 的抽穗期和开花期与 SN637 相当, 均早于八倍体小偃麦

SNTE20。SN21147 和 SN637 株型为中间,不同于松散型的 SNTE20。SN21147 株高为 56.7 cm,明显矮于其亲本 SNTE20(113.3 cm)和 SN637(68.9 cm)。SN21147 穗长(8.6 cm)均短于 SNTE20(14.8 cm)和 SN637(9.1 cm)。SN21147 的每穗小穗数为 21.0 个,介于 SNTE20(20.8 个)和 SN637(22.1 个)之间。SN21147 的分蘖数(11.7 个)较 SNTE20 增加 13.6%,较 SN637 增加 44.4%。在每穗粒数方面,SN21147 为 67.5 粒,较 SNTE20 和 SN637 分别增加 7.0% 和 4.3%。上述结果表明,长穗偃麦草 1St 染色体不携带明显的遗传累赘。



A.SNTE20;B.SN637;C.SN21147

图4 SN21147及其亲本的植株形态

Fig.4 Plant morphology of SN21147 and its parents

表3 SN21147及其亲本主要农艺性状特点

Tab.3 Main agronomic trait characteristics of SN21147 and its parents

指标 Index	SNTE20	SN637	SN21147
抽穗期/(月-日) Heading date	04-26	04-16	04-18
开花期/(月-日) Anthesis date	05-05	04-22	04-23
穗型 Spike type	长方	长方	长方
株型 Plant type	松散	中间	中间
株高/cm Plant height	113.3±5.1a	68.9±1.2b	56.7±3.0c
穗长/cm Spike length	14.8±0.1a	9.1±0.1b	8.6±0.1b
穗数/株 Spikes per plant	10.3±2.3a	8.1±1.3b	11.7±2.1a
小穗数/(个/穗) Spikelets per spike	20.8±2.1b	22.1±1.2a	21.0±2.0b
穗粒数 Grain number per spike	63.1±5.7c	64.7±1.1b	67.5±3.1a

注:不同小写字母表示品系间差异显著($P < 0.05$)。

Note: Different lowercase letters represented significant difference between lines($P < 0.05$).

3 结论与讨论

种质资源是小麦育种的基石,也是保障粮食^[35]

安全的基础。截至目前,在长穗偃麦草发现并正式命名的 11 个抗病基因中,来自第 2 部分同源群的有抗白粉病基因 *Pm51*^[36]、抗小麦条纹病毒基因 *Cmc2*^[37]和抗条锈病基因 *Yr69*^[38];来自第 3 部分同源群的抗叶锈病基因 *Lr24*^[39]和抗秆锈病基因 *Sr24*^[40];来自第 6 部分同源群的抗锈病基因 *Sr26*和 *Sr61*^[41];来自第 7 部分同源群的抗叶锈病基因 *Lr19*和 *Lr29*^[42]、抗秆锈病基因 *Sr43*^[43]和抗赤霉病基因 *Fhb7*^[44],尚无源于第 1、第 4 和第 5 部分同源群的抗病基因被正式命名。WANG 等^[45]创制了小麦-长穗偃麦草 1J^S(1D)异代换系 CH10A5,LI 等^[46]创制了小麦-长穗偃麦草 1J^S(1B)异代换系 SN19647,尽管 2 个代换系中的 1J^S染色体不同,但均对白粉病具有良好抗性。本研究中,SN21147 是利用八倍体小偃麦 SNTE20 与普通小麦杂交创制的 1St 双体异附加系,苗期和成株期均对白粉病具有抗性,依据分子标记扩增结果推断,其抗性可能源于十倍体长穗偃麦草 1St 染色体。与 CH7086^[36]、CH10A5^[45]、SN19647^[46]相比,SN21147 携带的白粉病抗性与其所属染色体组或部分同源群不同,说明长穗偃麦草 1St 染色体可能携带新的抗白粉病基因。

与普通小麦亲本相比,SN21147 还表现出矮秆、分蘖多、穗粒数多等优良特性,说明除抗白粉病基因外,1St 染色体还可能携带产量相关性状优异基因。KRUPPA 等^[47]将十倍体长穗偃麦草与中间偃麦草 (*Th. intermedium*, $2n=6x=42$, JJJ^SJ^SStSt 或 JJJ^SJ^SStSt) 的杂种 F₁ 与普通小麦杂交、回交,获得了一对具有 4StS·1J^SS 罗伯逊易位染色体的异附加系 GLA7,不仅对于干旱和盐胁迫表现出较高耐性,还高抗小麦叶锈病。此外,ZHU 等^[48]创制的小麦-长穗偃麦草 7St(7B)异代换系 CH1113-B13 在成株期对叶锈病表现免疫。SN21147 中的 1St 染色体是否具有抗旱、耐盐、抗锈病等其他优异性状,有待于进一步研究。

长穗偃麦草与普通小麦杂交可创制八倍体小偃麦、异附加系、异代换系、易位系和渐渗系等。其中,八倍体小偃麦一般含有 14 条外源染色体,综合农艺性状较差,通常作为桥梁亲本向小麦转移抗病、耐逆基因。异附加系与异代换系均携带整条外源染色体,将抗病等优异性状赋予小麦的同时,也可能因连锁累赘带来许多不利基因。创制仅含有目标基因的小片段易位系或渐渗系是提高

异附加系和异代换系应用价值的有效途径。由于异附加系含有小麦全套染色体,在创制易位系或渐渗系的过程中,小麦原有优异基因丢失的概率较低。因此,与异代换系相比,更适合用于小片段易位系或渐渗系创制。目前,本课题组正在利用辐射诱变、中国春 *ph1b* 突变体诱导等方法,创制 SN21147 的 1St 小片段易位系和渐渗系,以期选育出农艺性状更好的抗病新种质。

参考文献:

- [1] 何中虎,庄巧生,程顺和,等. 中国小麦产业发展与科技进步[J]. 农学学报,2018,8(1):99-106.
HE Z H, ZHUANG Q S, CHENG S H, et al. Wheat production and technology improvement in China[J]. Journal of Agriculture, 2018, 8(1): 99-106.
- [2] 国家统计局. 全国小麦产量[EB/OL]. [2024-07-12]. <http://www.stats.gov.cn/search>.
National Bureau of Statistics. National wheat yield[EB/OL]. [2024-07-12]. <https://www.stats.gov.cn/search>.
- [3] 靳玉丽,谷田田,柳洪,等. 小麦抗白粉病基因 *Pm2* 的研究进展[J]. 中国生态农业学报(中英文),2022,30(5):779-786.
JIN Y L, GU T T, LIU H, et al. Research progress on the wheat powdery mildew resistance gene *Pm2*[J]. Chinese Journal of Eco-Agriculture, 2022, 30(5): 779-786.
- [4] WICKER T, OBERHAENSLI S, PARLANGE F, et al. The wheat powdery mildew genome shows the unique evolution of an obligate biotroph[J]. Nature Genetics, 2013, 45(9): 1092-1096.
- [5] 司冠,赵智勇,包海柱,等. 小麦抗白粉病种质资源现状及抗性基因研究进展[J]. 宁夏农林科技,2022,63(6):14-20.
SI G, ZHAO Z Y, BAO H Z, et al. Advances in powdery mildew resistant germplasms and resistance gene[J]. Journal of Ningxia Agriculture and Forestry Science and Technology, 2022, 63(6): 14-20.
- [6] 李子萌,袁婵,张宇庆,等. 普通小麦 Arableu#1 白粉病成株抗性遗传解析[J]. 中国农业科学,2024,57(1):52-64.
LI Z M, YUAN C, ZHANG Y Q, et al. Genetic analysis of adult plant resistance to powdery mildew in common wheat Arableu#1[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2024, 57(1): 52-64.
- [7] SÁNCHEZ-MARTÍN J, WIDRIG V, HERREN G, et al. Wheat *Pm4* resistance to powdery mildew is controlled by alternative splice variants encoding chimeric proteins[J]. Nature Plants, 2021, 7(3): 327-341.
- [8] ZHU S Y, LIU C, GONG S J, et al. Orthologous genes *Pm12* and *Pm21* from two wild relatives of wheat show evolutionary conservation but divergent powdery mildew resistance[J]. Plant Communications, 2023, 4(2): 100472.
- [9] BRUNNER S, HURNI S, STRECKEISEN P, et al. Intragenic allele pyramiding combines different specificities of wheat *Pm3* resistance alleles[J]. The Plant Journal, 2010, 64(3): 433-445.
- [10] MOORE J W, HERRERA-FOESSEL S, LAN C X, et al. A recently evolved hexose transporter variant confers resistance to multiple pathogens in wheat[J]. Nature Genetics, 2015, 47(12): 1494-1498.
- [11] SINGH S P, HURNI S, RUINELLI M, et al. Evolutionary divergence of the rye *Pm17* and *Pm8* resistance genes reveals ancient diversity[J]. Plant Molecular Biology, 2018, 98(3): 249-260.
- [12] ZOU S H, WANG H, LI Y W, et al. The NB-LRR gene *Pm60* confers powdery mildew resistance in wheat[J]. The New Phytologist, 2018, 218(1): 298-309.
- [13] XIE J Z, GUO G H, WANG Y, et al. A rare single nucleotide variant in *Pm5e* confers powdery mildew resistance in common wheat[J]. The New Phytologist, 2020, 228(3): 1011-1026.
- [14] LI H H, MEN W Q, MA C, et al. Wheat powdery mildew resistance gene *Pm13* encodes a mixed lineage kinase domain-like protein[J]. Nature Communications, 2024, 15(1): 2449.
- [15] MOURAD A M I, AHMED A A M, STEPHEN BAENZIGER P, et al. Broad-spectrum resistance to fungal foliar diseases in wheat: recent efforts and achievements[J]. Frontiers in Plant Science, 2024, 15: 1516317.
- [16] ZHANG J D, YANG H, HAN G H, et al. Fine mapping of *Pm71*, a novel powdery mildew resistance gene from emmer wheat[J]. The Crop Journal, 2025, 132(3): 2214.
- [17] ZHANG Y, CHEN G, ZANG Y, et al. *Lr34/Yr18/Sr57/Pm38* confers broad-spectrum resistance to fungal diseases via transport of sinapyl alcohol for cell wall lignification in wheat. [J]. Plant Communications, 2024, 5(12): 101077.
- [18] HE H G, LIU R K, MA P T, et al. Characterization of *Pm68*, a new powdery mildew resistance gene on chromosome 2BS of Greek durum wheat TRI 1796[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2021, 134(1): 53-62.
- [19] LI Y H, WEI Z Z, SELA H N, et al. Dissection of a rapidly evolving wheat resistance gene cluster by long-read genome sequencing accelerated the cloning of *Pm69*[J]. Plant Communications, 2024, 5(1): 100646.
- [20] DONG Y, XU D A, XU X W, et al. Fine mapping of QPm.caas-3BS, a stable QTL for adult-plant resistance to powdery mildew in wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2022, 135(3): 1083-1099.
- [21] REN T H, TANG Z X, FU S L, et al. Molecular cytogenetic characterization of novel wheat-rye T1RS.1BL translocation lines with high resistance to diseases and great agronomic traits [J]. Frontiers in Plant Science, 2017, 8: 799.
- [22] 董玉琛. 小麦的基因源[J]. 麦类作物学报, 2000, 20(3): 78-81.
DONG Y C. Genepools of common wheat[J]. Acta Tritical Crops, 2000, 20(3): 78-81.
- [23] YANG G T, TONG C Y, LI H W, et al. Cytogenetic identification and molecular marker development of a novel wheat-*Thinopyrum ponticum* translocation line with powdery mildew resistance[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2022, 135(6): 2041-2057.
- [24] LI H H, JIANG B, WANG J C, et al. Mapping of novel powdery mildew resistance gene (s) from *Agropyron cristatum* chromosome 2P[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2017,

- 130(1):109-121.
- [25] LI G R, WANG H J, LANG T, et al. New molecular markers and cytogenetic probes enable chromosome identification of wheat-*Thinopyrum intermedium* introgression lines for improving protein and gluten contents[J]. *Planta*, 2016, 244(4): 865-876.
- [26] 张学勇, 陈淑阳, 李振声. 普通小麦异代换系的产生和利用[J]. *遗传*, 1990, 12(4): 40-44.
ZHANG X Y, CHEN S Y, LI Z S. Production and utilization of alien substitution lines of common wheat[J]. *Hereditas*, 1990, 12(4): 40-44.
- [27] 郭忠峰, 陶飞, 田玮, 等. 小偃6号 TaWRKY45 基因在高温抗条锈病中的功能研究[J]. *麦类作物学报*, 2017, 37(10): 1318-1326.
GUO Z F, TAO F, TIAN W, et al. Functions of TaWRKY45 on the high-temperature resistance to stripe rust in Xiaoyan 6 [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2017, 37(10): 1318-1326.
- [28] HE F, WANG Y H, BAO Y G, et al. Chromosomal constitutions of five wheat-*Elytrigia elongata* partial amphiploids as revealed by GISH, multicolor GISH and FISH[J]. *Comparative Cytogenetics*, 2017, 11(3): 525-540.
- [29] ZHAO Z H, SUN H G, SONG W, et al. Genetic analysis and detection of the gene MILX99 on chromosome 2BL conferring resistance to powdery mildew in the wheat cultivar Liangxing 99[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2013, 126(12): 3081-3089.
- [30] LI G Q, COWGER C, WANG X W, et al. Characterization of Pm65, a new powdery mildew resistance gene on chromosome 2AL of a facultative wheat cultivar[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2019, 132(9): 2625-2632.
- [31] FU S L, LV Z L, QI B, et al. Molecular cytogenetic characterization of wheat-*Thinopyrum elongatum* addition, substitution and translocation lines with a novel source of resistance to wheat *Fusarium* head blight[J]. *Journal of Genetics and Genomics*, 2012, 39(2): 103-110.
- [32] HUANG X Y, ZHU M Q, ZHUANG L F, et al. Structural chromosome rearrangements and polymorphisms identified in Chinese wheat cultivars by high-resolution multiplex oligonucleotide FISH[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2018, 131(9): 1967-1986.
- [33] ZHANG X D, WEI X, XIAO J, et al. Whole genome development of intron targeting (IT) markers specific for *Dasyphyrum villosum* chromosomes based on next-generation sequencing technology[J]. *Molecular Breeding*, 2017, 37(9): 115.
- [34] 李立会, 李秀全. 小麦种质资源描述规范和数据标准[M]. 北京: 中国农业出版社, 2006: 73.
LI L H, LI X Q. Descriptions and data standard for wheat (*Triticum aestivum* L.) [M]. Beijing: China Agriculture Press, 2006, 73.
- [35] 代资举, 李文旭, 杨会民, 等. 480 份小麦种质条锈病抗性鉴定与评价[J]. *河南农业科学*, 2024, 53(9): 1-15.
DAI Z J, LI W X, YANG H M, et al. Identification and evaluation of resistance to stripe rust of 480 wheat germplasms[J]. *Journal of Henan Agricultural Sciences*, 2024, 53(9): 1-15.
- [36] ZHAN H X, LI G R, ZHANG X J, et al. Chromosomal location and comparative genomics analysis of powdery mildew resistance gene *Pm51* in a putative wheat-*Thinopyrum ponticum* introgression line[J]. *PLoS One*, 2014, 9(11): e113455.
- [37] LI H J, WANG X M. *Thinopyrum ponticum* and *Th. intermedium*: the promising source of resistance to fungal and viral diseases of wheat[J]. *Journal of Genetics and Genomics*, 2009, 36(9): 557-565.
- [38] HOU L Y, JIA J Q, ZHANG X J, et al. Molecular mapping of the stripe rust resistance gene *Yr69* on wheat chromosome 2AS[J]. *Plant Disease*, 2016, 100(8): 1717-1724.
- [39] HART G E, MCMILLIN D E, SEARS E R. Determination of the chromosomal location of a glutamate oxaloacetate transaminase structural gene using *Triticum-Agropyron* translocations[J]. *Genetics*, 1976, 83(1): 49-61.
- [40] MAGO R, BARIANA H S, DUNDAS I S, et al. Development of PCR markers for the selection of wheat stem rust resistance genes *Sr24* and *Sr26* in diverse wheat germplasm[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2005, 111(3): 496-504.
- [41] ZHANG J P, HEWITT T C, BOSHOFF W H P, et al. A recombined *Sr26* and *Sr61* disease resistance gene stack in wheat encodes unrelated NLR genes[J]. *Nature Communications*, 2021, 12(1): 3378.
- [42] MCINTOSH R, DUBCOVSKY J, ROGERS J. Catalogue of gene symbols for wheat[J]. *Annual Wheat Newsletter*, 2017, 53: 1-20.
- [43] NIU Z, KLINDWORTH D L, YU G, et al. Development and characterization of wheat lines carrying stem rust resistance gene *Sr43* derived from *Thinopyrum ponticum*[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2014, 127(4): 969-980.
- [44] WANG H W, SUN S L, GE W Y, et al. Horizontal gene transfer of *Fhb7* from fungus underlies *Fusarium* head blight resistance in wheat[J]. *Science*, 2020, 368: eaba5435.
- [45] WANG Y Z, CAO Q, ZHANG J J, et al. Cytogenetic analysis and molecular marker development for a new wheat-*Thinopyrum ponticum* 1J^S(1D) disomic substitution line with resistance to stripe rust and powdery mildew[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2020, 11: 1282.
- [46] LI M Z, WANG Y Z, LIU X J, et al. Molecular cytogenetic identification of a novel wheat-*Thinopyrum ponticum* 1J^S(1B) substitution line resistant to powdery mildew and leaf rust[J]. *Frontiers in Plant Science*, 2021, 12: 727734.
- [47] KRUPPA K, TÜRKÖSI E, HOLUŠOVÁ K, et al. Genotyping-by-sequencing uncovers a *Thinopyrum* 4StS·1J^SS Robertsonian translocation linked to multiple stress tolerances in bread wheat[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2024, 138(1): 13.
- [48] ZHU C, WANG Y Z, CHEN C H, et al. Molecular cytogenetic identification of a wheat-*Thinopyrum ponticum* substitution line with stripe rust resistance[J]. *Genome*, 2017, 60(10): 860-867.