

高产多抗弱筋小麦新品系扬 18465 标记辅助育种途径分析

万文涛,赵仁慧,陈甜甜,王玲,汪尊杰,张晓,朱冬梅,张晓祥,
张伯桥,吴宏亚,张勇,高德荣,别同德

(农业部长江中下游小麦生物学与遗传育种重点实验室/江苏里下河地区农业科学研究所,江苏扬州 225007)

摘要: 长江中下游麦区是中国最大的弱筋小麦优势产区。由于该麦区小麦生长中后期多雨潮湿,赤霉病和白粉病重发、频发,赤霉病还导致籽粒 DON 毒素增加,冷冬年份苗期易发生黄花叶病,给粮食和食品安全带来双重挑战。扬麦 15 是 21 世纪初育成的高产弱筋小麦品种,但综合抗病性较弱。为保持扬麦 15 弱筋品质并提高抗性,本课题组以扬麦 15 为轮回亲本,以兼抗白粉病、黄花叶病的软质小麦种质 92R137 和中抗赤霉病的高产弱筋小麦品种宁麦 9 号为供体亲本,构建回交聚合群体;低世代利用分子标记辅助选择将抗白粉病基因 *Pm21* 和抗黄花叶病主效位点 *QYm.nau-2D* 进行基因聚合,高世代进行赤霉病抗性、品质和产量鉴定,最终育成兼抗赤霉病、白粉病和黄花叶病的高产弱筋小麦新品系扬 18465,并进入长江中下游小麦国家区试。扬 18465 所采用的回交、聚合抗性基因的育种路线可为同类品种的选育提供参考。

关键词: 分子标记;赤霉病;白粉病;黄花叶病;弱筋小麦

中图分类号:S512.1;S330

文献标识码:A

文章编号:1009-1041(2025)01-0016-08

Analysis of a New Weak-Gluten and High-Yield Wheat Line Yang 18465 Conferring Multiple Resistances Through Marker-Assisted Pyramiding Breeding

WAN Wentao, ZHAO Renhui, CHEN Tiantian, WANG Ling, WANG Zunjie, ZHANG Xiao,
ZHU Dongmei, ZHANG Xiaoxiang, ZHANG Boqiao, WU Hongya, ZHANG Yong,
GAO Derong, BIE Tongde

(Key Laboratory of Wheat Biology and Genetic Improvement in Low and Middle Yangtze River Valley Winter Wheat Region/
Jiangsu Lixiahe Institute of Agricultural Sciences, Yangzhou, Jiangsu 225007, China)

Abstract: The middle and lower reaches of Yangtze River is the largest production belt of weak-gluten wheat in China. Due to the humid and rainy weather in the middle and late period of wheat growth, Fusarium head blight(FHB) and powdery mildew(PM) occur frequently and seriously, and FHB led to the accumulation of DON toxin in pathogen-infected grains. Wheat yellow mosaic virus(WYMV) often happens after a cold winter. These disasters threaten grain yield and food security. Yangmai 15 is an elite weak-gluten and high-yield cultivar bred at the beginning of 21 century, but its comprehensive resistance is weak. To keep the advantages of Yangmai 15 and improve disease resistance, a back-cross population was constructed with Yangmai 15 as the recurrent parent, and 92R137(a soft-grain cultivar with high resistances to PM and WYMV) and Ningmai 9(a soft-grain wheat cultivar conferring moderate resistance to FHB) as the donor parents. In lower generations, molecular markers were used to select plants pyramiding PM resistance gene *Pm21* and WYMV resistance QTL *QYm.nau-2D*. In high generations, FHB resistance was evaluated and the key quality indices were tested together

收稿日期:2024-02-21 修回日期:2024-03-23

基金项目:国家自然科学基金项目(32072065);江苏里下河地区农业科学研究所科研专项[SJ(21)102, SJ(22)114];扬州市“绿扬金凤计划”优秀博士项目

第一作者 E-mail:wentaowan2021@126.com(万文涛)

通讯作者 E-mail:bietd@126.com(别同德)

with grain yield. Finally, a new weak-gluten and high-yield wheat line Yang 18465 conferring resistance to FHB, PM and WYMV, was bred and introduced to the national wheat regional test in the middle and lower reaches of Yangtze River. The breeding procedures of Yang 18465 will provide a useful reference for the breeding of similar varieties.

Keywords: Molecular marker; Fusarium head blight; Powdery mildew; Wheat yellow mosaic virus; Weak-gluten

长江中下游麦区是中国第二大麦区。农业部 2003 年发布的《优质专用小麦优势区域发展规划》明确了长江中下游麦区为中国唯一的弱筋小麦优势产业带。江苏里下河地区农业科学研究所育成的扬麦系列弱筋品种一直是该麦区主栽品种。由于地理与气候影响,该麦区小麦生长中后期多雨潮湿,小麦赤霉病和白粉病易重发、频发,冷冬年份小麦黄花叶病危害严重,给粮食安全带来挑战。以扬麦 13、扬麦 15 和宁麦 13 等为代表的弱筋小麦品种综合抗病性较弱,难以满足绿色高效生产需求。选育多抗弱筋小麦新品种具有重要意义。

小麦赤霉病(FHB)是长江中下游麦区第一大病害。该病由禾谷镰刀菌引起,主要侵染小麦穗部,直接影响小麦产量和品质,还会在籽粒中产生 DON 毒素,严重威胁食品安全。在小麦品种审定中,赤霉病被定为该麦区最主要限制性病害。尽管 *Fhb1* 和 *Fhb7* 两个主效基因的克隆^[1-3]为抗赤霉病育种提供了重要选择,但单一抗病基因贡献有限,难以根本解决赤霉病难题^[4]。由于长期的自然和人工选择,以扬麦 158 为代表的扬麦系列品种大多具有较好的赤霉病抗性,其抗性主要来自于微效多基因集聚效应^[5]。现阶段,通过扩大鉴定群体和增加选择压仍是抗赤霉病育种的最直接有效途径。

小麦白粉病是由禾本科布氏白粉菌小麦专化型(*Blumeria graminis* f. sp. *tritici*, *Bgt*)引起的一种真菌性病害,长江中下游一直是该病重发区。2010 年前后,由于白粉菌优势菌株变迁及单一抗源长期大面积利用,*Pm2a* 和 *Pm4a* 两个主要抗病基因在长江中下游麦区逐步失效,需要挖掘更有效的抗病基因供育种利用。小麦-簇毛麦 T6V # 2S·6AL 易位系 92R137 携带的 *Pm21* 是目前已知抗性最强、抗谱最广的抗白粉病基因之一^[6-8],受到育种家青睐,育成品种数量快速增长。统计过去五年国家及江苏省小麦区试材料,超过 40% 的参试品系携带 *Pm21*,占全部抗白粉病材料的

95%^[9],*Pm21* 已成为继 *Pm2a* 和 *Pm4a* 之后该麦区最重要的抗白粉病基因源^[10]。

小麦黄花叶病是由小麦黄花叶病毒(WYMV)引起的土传性病害,目前没有有效的药剂干预手段,发病后一般产量损失 10%~30%,严重田块可达 80%^[11-12]。目前抗黄花叶病育种应用最普遍的是位于小麦 2D 染色体上的主效抗病基因 *QYm. nau-2D*^[13],存在于苏麦 6 号、镇麦 9 号等品种中,但 2010 年以前具有该位点的品种极少。其次为 5A 染色体上主效抗病基因 *QYm. njau-5A*^[14],源于日本品种西风,育成品种主要有宁麦 9 号及其衍生品种,如宁麦 18、扬麦 18、扬辐麦 4 号等。统计过去五年国家及江苏省小麦区试的 192 份材料,具有 *QYm. nau-2D* 基因品种的占比(61.5%)显著高于 *QYm. njau-5A* (4.7%)。

扬麦 15(苏审麦 200502)是江苏里下河地区农业科学研究所育成的高产优质弱筋小麦品种,在 2003 年全国优质专用小麦食品鉴评会饼干组中,得分超过对照美国软红麦。因其粉质率等关键指标极其稳定,扬麦 15 也是理想的白酒制曲原料,近年来被很多酒企订单生产。但该品种综合抗病性弱,对赤霉病、白粉病和黄花叶病均表现感病,影响了其推广应用。

本课题组以扬麦 15 为轮回亲本,以 92R137 作为抗白粉病基因 *Pm21* 与抗黄花叶病主效基因 *QYm. nau-2D* 的供体亲本,以宁麦 9 号(苏种审字第 283 号)作为抗赤霉病供体亲本,进行杂交并回交,形成回交育种群体,低世代利用分子标记进行基因聚合筛选,高世代进行抗性和品质鉴定以及农艺性状筛选,最终选育出高产、多抗、弱筋小麦新品系扬 18465,本研究就其育种方法进行总结,以期小麦抗性育种提供参考。

1 材料与方法

1.1 供试材料

扬麦 15 是由江苏里下河地区农业科学研究所育成的优质弱筋小麦品种,感赤霉病、白粉病和

黄花叶病。宁麦 9 号是由江苏省农业科学院选育的高产弱筋小麦品种,中抗赤霉病,高抗黄花叶病(携有抗黄花叶病主效基因 *QYm. njau-5A*),高感白粉病。92R137 是由南京农业大学细胞遗传所育成的小麦-簇毛麦 T6VS·6AL 易位系^[6],高抗白粉病(携有抗白粉病基因 *Pm21*)和黄花叶病(携有抗黄花叶病主效基因 *QYm. nau-2D*)。

1.2 研究方法

1.2.1 杂交选育过程

从 2007 年开始,以扬麦 15 为母本,分别与宁麦 9 号和 92R137 配置杂交组合,将两个组合的 F_1 进行杂交,获得复交 F_1 群体。由于 *QYm. njau-5A* 基因对株高具有增效作用,会增加矮秆品种的选育难度。因此,筛选聚合 *Pm21* 和 *QYm. nau-2D*、不含有 *QYm. njau-5A* 的复交 F_1 单株与扬麦 15 回交,获得 BC_1F_1 代种子,成熟后混合收

获得 BC_1F_2 代自交种;筛选 *Pm21* 和 *QYm. nau-2D* 均纯合的单株。2009—2017 年,在大田持续进行单株及株行选择,直至形成稳定株系;进行赤霉病、白粉病和黄花叶病抗性评价,保留兼抗 3 种病害(赤霉病中抗以上)的株系进入鉴定圃和产量试验,并进行品质测试;最终选育出兼抗三种病害的高产弱筋小麦新品系扬 18465。

1.2.2 分子标记鉴定

利用标记 *MBH1* 追踪小麦抗白粉病基因 *Pm21*^[15],利用紧密连锁标记 *WXE1339* 和 *WMC415* 分别检测小麦抗黄花叶病基因 *QYm. nau-2D*^[13] 和 *QYm. njau-5A*^[14],三者均为共显性分子标记。本研究所用标记的引物序列见表 1。利用 8% 的非变性聚丙烯酰胺凝胶分离 PCR 产物,银染显色观察。



图 1 扬 18465 选育过程

Fig. 1 Breeding procedures of Yang 18465

表 1 抗病基因标记引物序列

Table 1 Primer sequences of molecular markers associated with resistance genes

标记名称 Molecular marker	基因 Gene	引物序列(5'-3') Primer sequence (5'-3')	退火温度 T _m /°C
<i>WMC415</i>	<i>QYm. njau-5A</i>	F: AATTCGATACCTCTCACTCACG R: TCAACTGCTACAACCTAGACCC	55
<i>WXE1339</i>	<i>QYm. nau-2D</i>	F: TGACAGCAGGAAAGAGTCCA R: AGCTGCCTGGAGAGCAAGAT	57
<i>MBH1</i>	<i>Pm21</i>	F: GCCATTATAGTCAAGAGTGCCTAGCTGT R: AGCTCCTCTCGTTCTCCAATGCT	58

1.2.3 抗病性鉴定

田间赤霉病抗性鉴定采用赤霉菌单花滴注法鉴定。选择毒性较强的赤霉菌株 F0301、F0609

和 F0980 混合制备悬浮孢子液。每个品系各选取 20 个同日开花的麦穗,在顶部第 5 小穗注入 10 μL 分生孢子悬浮液;接种后,白天采取弥雾保

湿;接种后 21 d 调查病小穗率。病小穗率即发病小穗数占总小穗数的比例。以苏麦 3 号、扬麦 4 号和安农 8455 分别作为抗(R)、中抗(MR)和感病(S)对照。其中,病小穗率小于或等于对照扬麦 4 号的视为赤霉病抗性达 MR 级或以上。

白粉病抗性采用温室人工接种鉴定。采用当地白粉菌混合菌种接种,以 92R137、扬麦 15 分别作为抗病、感病对照品种。当扬麦 15 充分发病时,调查待测材料的抗性表现,叶片出现分生孢子堆的视为感病(S),无分生孢子堆的为抗病(R)。

黄花叶病抗性采用病圃定点自然发病方式鉴定。在 2 月下旬至 3 月上旬,调查待测材料的抗性表现,出现叶片黄化、心叶细弱扭曲等症状的植株视为感病,无上述症状的视为抗病。

1.2.4 品质及产量鉴定

籽粒硬度、蛋白质含量和 SDS 沉淀值等品质指标检测参照张晓等^[16]方法,由国家小麦改良中心扬州分中心完成。扬麦 20 是江苏里下河地区

农业科学研究所育成的弱筋小麦,作为弱筋品质指标对照品种。

扬 18465 于 2019—2020 和 2020—2021 两年度参加长江中下游国家品种比较试验;于 2021—2022 和 2022—2023 年度参加国家区域试验,其产量性状数据采集自国家品比和区试年度总结。

2 结果与分析

2.1 分子标记辅助聚合抗病基因

为聚合目的基因,将扬麦 15/宁麦 9 号的 F_1 与扬麦 15/92R137 的 F_1 杂交产生复交 F_1 。利用 *QYm.njau-5A* 共显性标记 *WMC415* 检测复交 F_1 ,扩增出目标条带的为携带 *QYm.njau-5A* 单株(图 2 中泳道 1、2、7、9、13、16、19 和 20),带型与感病亲本扬麦 15 一致的为 *QYm.njau-5A* 阴性单株(图 2 中泳道 3、4、5、6、8、10、11、12、14、15、17 和 18)。

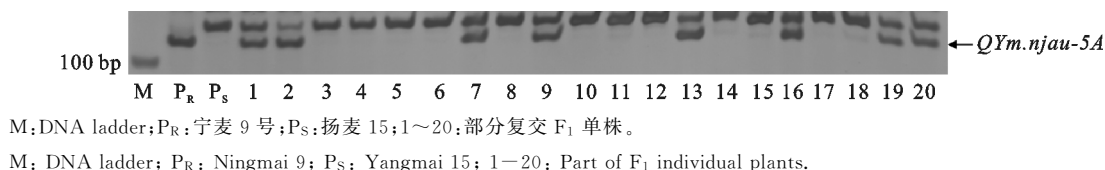


图 2 部分复交 F_1 单株的分子标记 (*WMC415*) 检测结果

Fig. 2 Molecular marker (*WMC415*) detection results of part of the F_1 individual plants

利用不携带 *QYm.njau-5A* 的复交 F_1 再与轮回亲本扬麦 15 回交,构建 BC_1F_2 群体。利用标记 *WXE1339* 检测 BC_1F_2 群体,筛选目标基因纯合单株。根据标记基因分型结果,与抗病亲本 92R137 带型一致的单株(图 3A 中泳道 3、5、9、12 和 14)为 *QYm.nau-2D* 纯合株,与轮回亲本扬麦 15 带型一致的单株(图 3A 中泳道 2、7、11 和 17)为 *QYm.nau-2D* 阴性株,表现抗感亲本组合带型的单株(图 3A 中泳道 1、4、6、8、10、13、15、16、18、19 和 20)为 *QYm.nau-2D* 杂合株。

利用标记 *MBH1* 检测 BC_1F_2 群体,与抗病亲本 92R137 带型一致的(图 3B 中泳道 2、5、7 和 11)为 *Pm21* 纯合株,与轮回亲本扬麦 15 一致的(图 3B 中泳道 4、9、10、14、16 和 18)为 *Pm21* 阴性株,表现抗感亲本组合带型的(图 3B 中泳道 1、3、6、8、12、13、15、17、19 和 20)为 *Pm21* 杂合株。

筛选 *QYm.nau-2D* 和 *Pm21* 均纯合的聚合单株(如图 2 中的 5 号单株),成株后剔除株高、结实性、穗数、熟期等农艺性状显著较差的单株,下一

代种成株行,然后进入“单株一株行”循环,逐代提升株行农艺水平,直至不再分离。

2.2 综合抗病性表现

白粉病病圃鉴定结果表明,扬 18465 高抗白粉病,叶片不出现孢子堆,与供体亲本 92R137 表现一致,而轮回亲本扬麦 15 表现为高感白粉病,叶片布满孢子堆(图 4A)。黄花叶病病圃鉴定结果表明,扬 18465 高抗黄花叶病,苗期青秀茁壮,而轮回亲本扬麦 15 高感黄花叶病,幼苗叶片有黄化、蜷曲症状(图 4D)。抗性鉴定结果与分子标记基因型一致(图 4B、C)。

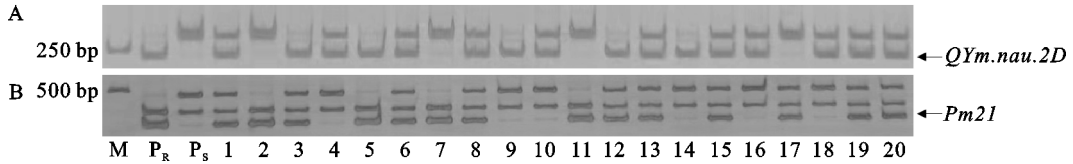
根据 2019—2020、2020—2021 年度长江中下游小麦国家品比试验报告及 2021—2022、2022—2023 年度国家区域试验报告,扬 18465 赤霉病抗性连续 4 年均达中抗水平。根据国家小麦改良中心扬州分中心 2019—2020 年度赤霉病单花滴注鉴定报告,扬 18465 病小穗率与扬麦 4 号无显著差异,赤霉病抗性属中抗水平(表 2),与国家品比与区试报告结果一致。

2.3 关键品质指标表现

国家小麦改良中心扬州分中心对扬 18465 的多年多点品质测定结果表明,籽粒硬度 12.61%~25.10%,蛋白质含量 11.29%~14.06%,SDS 沉淀值 7.20~13.05 mL(表 3)。上述指标与弱筋小麦对照品种扬麦 20 无显著差异,与中强筋小麦对照品种镇麦 9 号差异显著,属于弱筋小麦范畴。

2.4 国家品比及区试产量表现

扬 18465 于 2019 年参加长江中下游小麦国家品比试验,2021 年进入国家区域试验,其产量连续 4 年显著高于对照品种扬麦 20,增产幅度 3.64%~5.27%,比对照增产 ≥2% 点次率达 68.4%~81.8%(表 4),表现出较好的高产稳产性。其产量构成合理,多年试验平均有效穗数、穗粒数、千粒重分别为 4.53×10^6 穗 · hm⁻²、38.7 粒

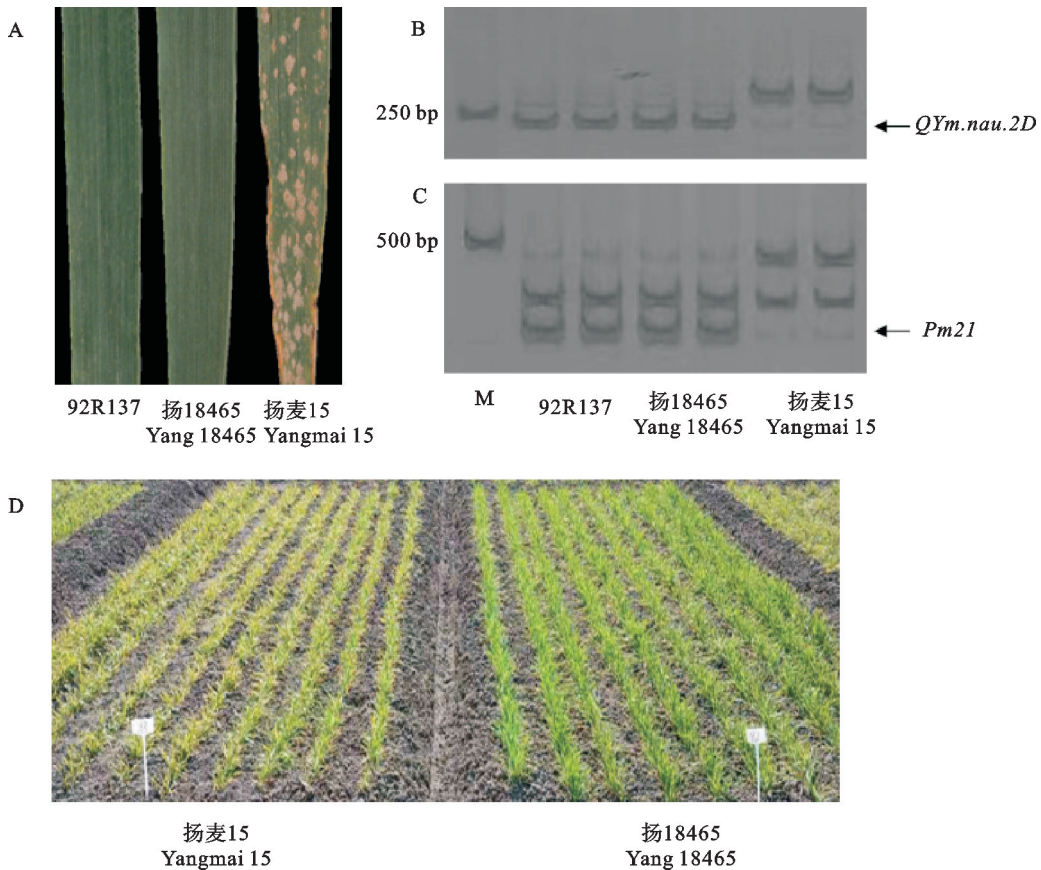


A: 利用标记 *WXE1339* 的检测结果; B: 利用标记 *MBH1* 的检测结果; M: DNA ladder; P_R: 92R137; P_S: 扬麦 15; 1~20: 部分 BC₁F₂ 单株。

A: Amplicons detected with *WXE1339*; B: Amplicons detected with *MBH1*; M: DNA ladder; P_R: 92R137; P_S: Yangmai 15; 1~20: Part of BC₁F₂ individual plants.

图 3 部分 BC₁F₂ 单株的分子标记检测结果

Fig. 3 Molecular marker detection results of part of the BC₁F₂ individual plants



A: 白粉菌抗性鉴定,92R137 和扬麦 15 分别为抗病性和敏感对照; B 和 C: *MBH1* 和 *WXE1339* 分子标记检测; D: 黄花叶病抗性鉴定。

A: Identification of powdery mildew. 92R137 and Yangmai 15 are resistant and susceptible controls, respectively. B and C: Electrophoresis patterns of markers *MBH1* and *WXE1339*. D: Identification of Yang 18465 and Yangmai 15 to WYMV.

图 4 扬 18465 和轮回亲本扬麦 15 的白粉病、黄花叶病抗性比较

Fig. 4 Comparison of powdery mildew and WYMV resistance between Yang 18465 and Yangmai 15

表 2 扬 18465 赤霉病抗性鉴定结果

Table 2 Identification result of *Fusarium* head blight resistance of Yang 18465

品种(系) Cultivar(line)	病小穗数 Diseased spikelets per spike	总小穗数 Total spikelets per spike	病小穗率 Percentage of diseased spikelets/%
苏麦 3 号 Sumai 3	1.1	17.3	6.4a
扬 18465 Yang 18465	1.8	19.7	9.1b
扬麦 4 号 Yangmai 4	2.6	16.8	15.5b
安农 8455 Annong 8455	15.7	18.2	86.3c

同列数据后不同小写字母表示品种(系)间差异显著($P < 0.05$)。下同。

Different lower-case letters following data within same column indicate significant differences among different varieties(line) at 0.05 level. The same below.

表 3 扬 18465 的品质鉴定结果

Table 3 Identification result of quality of Yang 18465

品种(系) Cultivar(line)	蛋白质含量 Protein content/%	硬度 Hardness/%	SDS 沉淀值 SDS sedimentation value/mL	品质类型 Quality type
扬麦 20 Yangmai 20	12.43±0.58a	19.21±1.83a	7.50±0.93a	弱筋 Weak-gluten
扬 18465 Yang 18465	12.43±0.44a	18.22±2.53a	9.43±0.95a	弱筋 Weak-gluten
镇麦 9 号 Zhenmai 9	13.90±0.78b	55.68±2.18b	14.20±1.03b	中强筋 Mid-strong gluten

表 4 扬 18465 在长江中下游国家品种比较试验及区域试验中的产量

Table 4 Yield of Yang 18465 in comparative test and regional tests in the middle and lower reaches of Yangtze River

年度 Year	试验组别 Test group	试点个数 Test locations	产量 Yield/ (kg · hm ⁻²)	增产幅度 Increase rate/%	≥2%增产点次率 Frequency of locations with yield increase rate ≥2%/%
2019—2020	品种比较试验 Cultivar comparative test	23	6 940.5	4.38	81.8
2020—2021	品种比较试验 Cultivar comparative test	19	6 531.0	3.64	68.4
2021—2022	区域试验 Regional test	19	7 300.5	4.17	78.9
2022—2023	区域试验 Regional test	19	6 988.5	5.27	78.9

和 46.3 g。2023 年秋参加国家生产试验。

3 讨论

弱筋小麦是饼干、糕点和酒曲等的重要原料。长江中下游麦区一直是弱筋小麦优势产区,涌现出宁麦 9 号、扬麦 13 和扬麦 15 等一批优异弱筋小麦品种。其中,扬麦 15 是 21 世纪初育成的超高产小麦,具有矮秆抗倒、多穗、高结实率等特征,其籽粒硬度、粉质率、SDS 沉淀值等弱筋品质指标表现突出,受到饼干和酿酒企业青睐,至今仍有大面积种植。但扬麦 15 综合抗病性弱,限制了其推广应用。为提高其抗性并保持弱筋品质优势,本研究采用的轮回亲本扬麦 15、抗病供体亲本

92R137 和宁麦 9 号均为软质小麦,其硬度基因型均为 *Pina-D1a/Pinb-D1a* 野生型,保证了整个育种群体的籽粒软质特征,显著提高了育种效率。

长江中下游麦区是赤霉病重发频发区,经过长期的自然选择和育种演化,大部分品种具有一定的赤霉病抗性,其中宁麦和扬麦系列品种最具代表性。以宁麦 9 号及其衍生系为代表的宁麦系列品种很多含有 *Fhb1* 基因,而以扬麦 158 为代表的扬麦系列品种大多没有 *Fhb1*,但均表现出较好的赤霉病抗性。系谱溯源显示二者在早期具有相对独立的演化进程,在株型、叶型、穗型等农艺性状各具系统性特征,推测其赤霉病抗性具有较好的互补性,抗赤霉病品种扬麦 33 的育成即其中的

范例^[4,17]。

本研究中,受限于育种初期*Fhb1* 功能标记的缺乏,育成品系扬 18465 未能引入宁麦 9 号中的*Fhb1* 基因,但其赤霉病抗性仍稳定且达到中抗水平,推测其抗性基础主要来自于微效多基因的加性效应。前期对扬麦 18(含*Fhb1*)与扬麦 22(无*Fhb1*)为双亲的重组自交系群体研究发现,*Fhb1* 对赤霉病抗性的贡献约提高一个等级,如从 MS 到 MR。同时观察到*Fhb1* 阳性组群中存在一定比例的感病家系(S 级),而*Fhb1* 阴性组群中存在少量的抗病家系(R 级),说明在抗赤霉病育种中不能忽视对微效多基因加性效应的利用^[4]。因此,在数量众多的微效基因尚不明确阶段,利用传统扬麦和宁麦的抗性互补,构建较大的育种群体,同时重视对*Fhb1* 主效基因的选择,是当前抗赤霉病育种的有效途径。

小麦-簇毛麦 T6V#2S·6AL 易位系是抗白粉病基因*Pm21* 的重要供体,近年来由于含有该易位的扬麦 18、镇麦 9 号等骨干亲本的广泛利用,长江中下游麦区含有*Pm21* 基因的育成品种数量急剧增长。考查近 5 年来长江中下游国家区试和江苏省区试材料,抗白粉病品系占比高达 42%,其中超过 95% 含有*Pm21*^[9]。但需要注意的是,T6V#2S·6AL 易位容易带来株高增加和穗数减少的连锁累赘效应。本研究中,育成的小麦新品系扬 18465 为中秆大穗型,而受体亲本扬麦 15 为矮秆多穗型,其株型上的显著差异主要来自于该易位的影响。

在标记辅助选择策略上,共显性标记的利用有利于目标基因的快速纯合。本研究中,抗白粉病基因*Pm21* 功能标记*MBH1* 和抗黄花叶病*QYm. nau-2D* 紧密连锁标记*WXE1339* 均为共显性标记,从而在 BC₁F₂ 代就完成了聚合两个纯合抗病基因的育种群体的构建。该策略的意义在于免去了高世代大量的标记选择工作,让育种者更侧重于农艺性状、产量和赤霉病抗性数量性状的选择,极大提高了育种效率。

长江中下游麦区常年受小麦赤霉病、白粉病、黄花叶病和锈病等危害,抗病基因聚合是提高品种综合抗性的重要途径。自 2010 年以来,本团队针对抗赤霉病基因*Fhb1*、抗白粉病基因*Pm21* 和*PmV*、抗黄花叶病位点*QYm. njau-5A* 和*QYm. nau-2D*、抗条锈病基因*Yr26* 等开展了抗病基因聚合育种工作,已初见成效。育成聚合*Fhb1*、*Pm21*

和*QYm. njau-5A* 的弱筋小麦新品系扬 17J103 和扬杂麦 1 号^[4],聚合*Pm21* 和*Yr26* 的新品种扬麦 38^[10],均在保持赤霉病中抗以上前提下同时高抗其它两种病害。本研究育成的聚合*Pm21* 和*QYm. njau-2D* 的扬 18465 中抗赤霉病,高抗白粉病和黄花叶病毒病,是潜在的多抗绿色品种。上述标记辅助聚合多基因抗病育种工作的成功对于提升本麦区品种综合抗性水平具有重要参考价值。

随着饼干、酿酒等行业对弱筋小麦原粮需求增大以及人们对绿色健康食品需求的日益增长,培育绿色多抗弱筋小麦品种尤显意义重大。随着小麦抗病功能基因的陆续克隆和解析,兼顾长江中下游麦区其它主体病害(条锈病、叶锈病等)抗性的分子聚合育种正在成为现实,这将带来新一轮的品种革新和弱筋小麦相关产业链的新业态。

参考文献:

- [1] LI G, ZHOU J, JIA H, et al. Mutation of a histidine-rich calcium-binding-protein gene in wheat confers resistance to Fusarium head blight [J]. *Nature Genetics*, 2019, 51(7): 1106.
- [2] SU Z, BERNARDO A, TIAN B, et al. A deletion mutation in *TaHRC* confers *Fhb1* resistance to Fusarium head blight in wheat [J]. *Nature Genetics*, 2019, 51(7): 1099.
- [3] WANG H, SUN S, GE W, et al. Horizontal gene transfer of *Fhb7* from fungus underlies Fusarium head blight resistance in wheat [J]. *Science*, 2020, 368(6493): 822.
- [4] 蒋正宁, 赵仁慧, 陈甜甜, 等. 分子标记辅助选育兼抗赤霉病、白粉病和黄花叶病毒病的小麦新品系[J]. *江苏农业学报*, 2021, 37(5): 1100.
JIANG ZN, ZHAO RH, CHEN TT, et al. Molecular marker-assisted breeding of new wheat lines with resistances to Fusarium head blight, powdery mildew and wheat yellow mosaic virus [J]. *Jiangsu Journal of Agricultural Sciences*, 2021, 37(5): 1100.
- [5] JIANG P, ZHANG X, WU L, et al. A novel QTL on chromosome 5AL of Yangmai 158 increases resistance to Fusarium head blight in wheat [J]. *Plant Pathology*, 2020, 69(2): 249.
- [6] CHEN PD, QI LL, ZHOU B, et al. Development and molecular cytogenetic analysis of wheat-*Haynaldia villosa* 6VS/6AL translocation lines specifying resistance to powdery mildew [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 1995, 91(6-7): 1125.
- [7] HE H, ZHU S, ZHAO R, et al. *Pm21*, encoding a typical CC-NBS-LRR protein, confers broad-spectrum resistance to wheat powdery mildew disease [J]. *Molecular Plant*, 2018, 11(6): 879.
- [8] XING L, HU P, LIU J, et al. *Pm21* from *Haynaldia villosa* encodes a CC-NBS-LRR protein conferring powdery mildew resistance in wheat [J]. *Molecular Plant*, 2018, 11(6): 874.

- [9] WAN W, ZHAO R, CHEN T, *et al.* Rapid development of wheat-*Dasyphyrum villosum* compensating translocations resistant to powdery mildew using a triple marker strategy conducted on a large *ph1b*-induced population [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2023, 136(7): 148.
- [10] 赵仁慧, 陈甜甜, 王玲, 等. 分子标记结合表型鉴定选育兼抗赤霉病、白粉病和条锈病弱筋小麦新品种扬麦 38[J]. 麦类作物学报, 2022, 42(4): 407.
- ZHAO R H, CHEN T T, WANG L, *et al.* Breeding of weak-gluten wheat cultivar Yangmai 38 resistant to *Fusarium* head blight, powdery mildew and stripe rust using a combined method of marker-assisted selection and phenotyping [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2022, 42(4): 407.
- [11] MISHINA K, SUZUKI T, OONO Y, *et al.* Wheat *Ym2* originated from *Aegilops sharonensis* and confers resistance to soil-borne wheat yellow mosaic virus infection to the roots [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2023, 120(11): e2214968120.
- [12] 刘伟华, 何震天, 耿波, 等. 小麦对黄花叶病的抗性鉴定及典型品种的遗传分析[J]. 植物病理学报, 2004, 34(6): 542.
- LIU W H, HE Z T, GENG B, *et al.* Identification of resistance to yellow mosaic disease of wheat and analysis for its inheritance of some varieties [J]. *Acta Phytopathologica Sinica*, 2004, 34(6): 542.
- [13] XIAO J, CHEN X, XU Z, *et al.* Validation and diagnostic marker development for a genetic region associated with wheat yellow mosaic virus resistance [J]. *Euphytica*, 2016, 211(1): 91.
- [14] ZHU X, WANG H, GUO J, *et al.* Mapping and validation of quantitative trait loci associated with wheat yellow mosaic by movement resistance in bread wheat [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2012, 124(1): 177.
- [15] 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): 189.
- [16] 张晓, 李曼, 江伟, 等. 小麦品种扬麦 16 品质及其稳定性分析[J]. 江苏农业科学, 2016, 44(12): 138.
- ZHANG X, LI M, JIANG W, *et al.* Quality and stability analysis of wheat variety Yangmai 16 [J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2016, 44(12): 138.
- [17] 吕国锋, 别同德, 王慧, 等. 长江下游麦区新育成品种(系)3 种主要病害的抗性鉴定及抗病基因/QTL 的分子检测[J]. 作物学报, 2021, 47(12): 2335.
- LV G F, BIE T D, WANG H, *et al.* Evaluation and molecular detection of three major diseases resistance of new bred wheat varieties(lines) from the lower reaches of the Yangtze River [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2021, 47(12): 2335.