



刘文林,张宏纪,孙岩,等.俄罗斯春小麦抗白粉病基因检测及其组成分析[J].黑龙江农业科学,2024(1):1-6.

俄罗斯春小麦抗白粉病基因检测及其组成分析

刘文林¹,张宏纪¹,孙岩¹,唐婧泉¹,杨淑萍¹,李禹尧²,尚佳薇¹,刘英³

(1.黑龙江省农业科学院作物资源研究所,黑龙江哈尔滨150086;2.黑龙江省农业科学院,黑龙江哈尔滨150086;3.内蒙古自治区呼伦贝尔市特泥河农牧场有限公司试验站,内蒙古呼伦贝尔021024)

摘要:为了解俄罗斯春小麦抗白粉病基因的组成及分布规律,利用已开发的 *Pm2*、*Pm3b*、*Pm4*、*Pm8*、*Pm13* 和 *Pm21* 标记对外引俄罗斯 251 份春小麦品种进行了检测和分析。结果表明,在 251 份小麦品种中,分布 5 种抗白粉病基因,其中 *Pm2* 和 *Pm3* 分布频率较高,均为 90.44%;*Pm13* 为 57.77%,抗病基因 *Pm4* 分布频率为 10.36%,*Pm8* 基因的分布频率为 5.58%,抗病基因 *Pm21* 在引入的俄罗斯春小麦中没有分布,有 6 份材料没有检测出含有上述基因标记。俄罗斯 251 份春小麦品种中小麦抗白粉病基因组合共有 15 种类型,其中 116 份小麦品种以 *Pm2/Pm3/Pm13* 类型所占比例为 46.22%;其他 14 种类型所占比例依次为,*Pm2/Pm3* 类型比例为 23.90%;*Pm2/Pm3/Pm4* 类型比例为 4.78%;*Pm2/Pm3/Pm4/Pm13* 类型比例为 4.38%;*Pm2* 类型比例为 3.58%;*Pm3* 和 *Pm2/Pm13* 类型比例均为 2.79%;*Pm3/Pm13* 和 *Pm2/Pm3/Pm8* 类型比例均为 2.39%;*Pm2/Pm3/Pm4/Pm8* 和 *Pm2/Pm3/Pm8/Pm13* 类型比例均为 1.20%;*Pm13* 类型比例为 0.79%;*Pm2/Pm8*、*Pm3/Pm4/Pm13* 和 *Pm3/Pm8/Pm13* 比例为 0.40%;本研究明确了俄罗斯春小麦品种抗白粉病基因的组成和分布频率,可进一步利用外引材料开展抗白粉病育种。

关键词:小麦;白粉病;抗病基因;分子标记

黑龙江省是我国重要的春小麦产区,因其独特的地理环境的生态优势,有利于强筋小麦生产,被农业部区划为“大兴安岭沿麓强筋小麦产业带”^[1]。白粉病是本地区小麦生产中的四大病害之一,严重影响小麦的产量和品质,尤其近年来随着种植密度的加大和施肥水平的提高,生长期间雨水增多,该病频发,威胁小麦生产,抗白粉病已成为一个重要的育种目标之一^[2]。

建国以来,黑龙江省审定推广了 200 余份小麦品种,为国家商品粮生产作出了贡献。近年来通过抗性鉴定和抗病基因分子标记检测发现,大部分品种对白粉病属于感病和高感材料,没有高抗和免疫材料,且抗病基因类型比较单一^[3-4]。为尽快选育出抗白粉病的小麦品种,黑龙江省与俄罗斯农业单位合作,从俄罗斯引进了一批春小麦品种资源,这些品种主要来源于俄罗斯的远东和东南部小麦主产区,多为强筋小麦,兼具有抗旱、抗病等特点。经两年的田间和温室表型鉴定,发现其中有对白粉病表现免疫或高抗的品种。如将其抗性基因转入黑龙江省春小麦品种,既能提高

育成品种对白粉病的抗性水平,又能拓展本地区小麦品种的遗传多样性。

为此,本研究利用新近开发的抗白粉病基因 *Pm2*、*Pm3*、*Pm4*、*Pm8*、*Pm13* 和 *Pm21* 连锁分子标记对俄罗斯引进小麦品种进行分子检测,明确俄罗斯引进小麦中抗白粉病基因的组成及分布频率,结合温室和田间抗病表型鉴定,筛选出优异抗白粉病基因的品种,将其作为基因供体与省内主栽品种进行杂交。采用分子标记辅助技术选育抗病的强筋高产小麦新品种,为黑龙江省小麦生产提供技术支撑。

1 材料与amp;方法

1.1 材料

1.1.1 小麦材料 俄罗斯引进的春小麦品种(系)251 份(编号为 ZXM1-ZXM251),主要来源于俄罗斯的东南部和远东小麦产区。2014—2015 年于黑龙江省农业科学院现代农业科技园区集中种植重新整理与繁殖,行长 1 m、垄上双条行间距 0.35 m,株距 0.05 m。以携带 *Pm2*、*Pm3*、*Pm4*、*Pm8*、*Pm13*

收稿日期:2023-09-06

基金项目:黑龙江省外向型农业产业技术协同创新体系;“十四五”重点研发计划项目(2022YFD1200701);黑龙江省农业科学院院级科研项目(2021YYF003)。

第一作者:刘文林(1976—),男,硕士,助理研究员,从事小麦生物技术和遗传育种研究。E-mail:2533383054@qq.com。

通信作者:张宏纪(1969—),男,博士,研究员,从事小麦遗传育种研究。E-mail:fumai@163.com。

和 *Pm21* 的单个抗病基因阳性对照品种 Ulka、Sonara/8cc、KHapli/8cc、Kavkaz、R4A 和扬麦 5/Sub. 6v 为阳性对照。小麦 *Pm4* 和 *Pm13* 基因阴性对照品种为中国春。所有供试材料由黑龙江省农业科学院作物资源研究所小麦辐射与生物技术课题组

收集和保存。

1.1.2 供试引物 6 对小麦抗白粉病基因的 PCR 特异引物由生工生物工程(上海)股份有限公司合成(表 1)。

表 1 小麦抗白粉病基因引物序列表

引物	序列(5'~3')	扩增片段/bp	参考文献
<i>Pm2</i>	F:AGCTGTTTGGGTACAAGGTG R:GCCATCGTTTCTACTAG	498	[5]
<i>Pm3</i>	F:CGCCGTGAAGCCAAGAAGAAT R:CATTGAGATTGTAGGCTGCCCT	721	[6]
<i>Pm4</i>	F:GTGGTGTATCAAATGTCATCAGTACTAC R:TCCAGTGACCCCATCTGCTCATAC	470	[7]
<i>Pm8</i>	F:GGAGACATCATGAAACATTTG R:CTGTTGTTGGGCAGAAAG	1500	[8]
<i>Pm13</i>	F:CGCCAGCAATTATCTCCATGA R:AGCCATGCGCGGTGCATGTGAA	564	[9]
<i>Pm21</i>	F:CACTCTCTCCACTAACAGAGG R:GTTTGTTTACGTTGAATGAATTC	1260	[10]

1.2 方法

1.2.1 白粉病调查 温室调查白粉病自然发病情况^[4]。根据叶片的发病情况,确定小麦抗白粉病抗性级别。1 代表免疫(全株无病),3 代表高抗(仅植株基部叶片有少许病斑),5 代表中抗(植株叶片有一些病斑),7 代表感病(植株中上部叶片有较多病斑),9 代表高感(植株全部叶片发病及穗部也有病斑),具体抗病级别按 GB/T 19557.2-2004(小麦新品种 DUS 测试指南)进行。

1.2.2 DNA 的提取 采用 CTAB 法^[11] 分别提取各个供试材料的基因组 DNA。为了确保检测结果的准确性,每份材料至少提取 3 株叶片,用于检测其抗白粉病基因类型。

1.2.3 小麦抗白粉病基因分子标记检测 PCR 反应体系均为 25 μ L,模板 DNA 50 $\text{ng}\cdot\mu\text{L}^{-1}$,10 \times buffer 2 μ L,dNTP(25 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$)0.2 μ L,上游和下游引物(5 $\mu\text{mol}\cdot\text{L}^{-1}$)各 1 μ L,Taq DNA 聚合酶 1 U,用无菌蒸馏水补充反应体系至 25 μ L。PCR 反应程序为 94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 5 min;94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30~60 s,52 $^{\circ}\text{C}$ 退火 45~60 s,72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 30~90 s,35 个循环;72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 5 min;4 $^{\circ}\text{C}$ 保存。PCR 热循环仪为 TC-512(Techne,英国),扩增产物用 Sub-cel1R Model192 高通量电泳槽(BIO-RAD,美国)在 1.5%琼脂糖凝胶中进行电泳分离,缓冲体系为 1 \times TAE 溶液,120 V 电压电泳 30~50 min,

BIO-RAD 凝胶成像系统(BIO-RAD,美国)照相后统计结果。

2 结果与分析

2.1 供试小麦品种苗期白粉病抗病性评价

在温室条件下,调查苗期自然发病的情况,由表 2 可知,在 251 份俄罗斯春小麦供试材料中,19 份材料表现免疫,占供试材料的 7.57%;27 份材料表现高抗,54 份材料表现中抗,61 份材料表现为感病,90 份材料表现为高感,分别占供试材料的 7.57%、10.76%、21.51%、24.30%和 35.86%。

表 2 俄罗斯小麦抗白粉病表型抗性鉴定结果

抗性等级	1(免疫)	3(高抗)	5(抗病)	7(感病)	9(高感)
数量	19	27	54	61	90
比例/%	7.57	10.76	21.51	24.30	35.86

2.2 供试小麦品种抗白粉病标记基因型鉴定

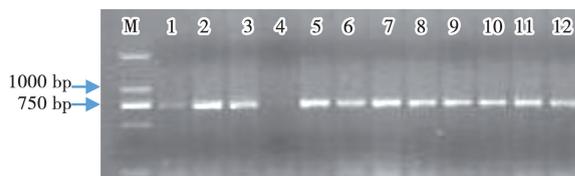
用与小麦抗白粉病基因 *Pm2*、*Pm3*、*Pm4*、*Pm8*、*Pm13* 和 *Pm21* 对 251 份俄罗斯小麦进行基因型鉴定。各基因在部分小麦品种的扩增结果见图 1~5。在 251 份俄罗斯小麦中,与抗病基因 *Pm2* 连锁的标记有 227 份(90.44%)扩增出条带,与抗病基因 *Pm3b* 连锁的标记有 227 份(90.44%)扩增出条带,与抗病基因 *Pm4* 连锁的标记有 26 份(10.36%)扩增出条带,与抗病基因 *Pm8* 连锁的标记有 14 份(5.58%)扩增出条带,与抗病基因

Pm13 连锁的标记有 145 份 (57.77%) 扩增出条带, 与抗病基因 *Pm21* 连锁的标记没有扩增出条带 (表 3)。



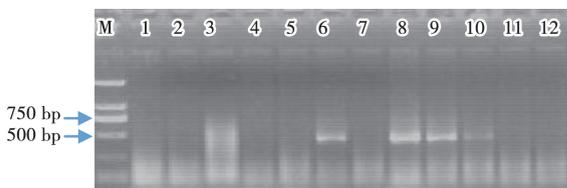
1. Ulka; 2. ZXM1; 3. ZXM3; 4. ZXM2;
5. ZXM5; 6. ZXM6; 7. ZXM7; 8. ZXM8;
9. ZXM9; 10. ZXM10; 11. ZXM11; 12. ZXM12。

图 1 部分小麦品种抗 *Pm2* 基因检测的电泳图谱



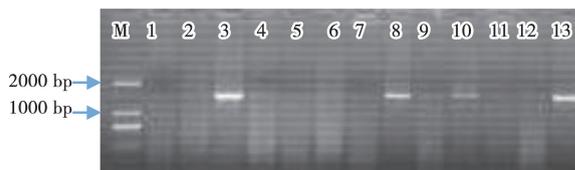
1. Sonara/8cc; 2. ZXM2; 3. ZXM3; 4. ZXM1;
5. ZXM5; 6. ZXM6; 7. ZXM7; 8. ZXM8;
9. ZXM9; 10. ZXM10; 11. ZXM11; 12. ZXM12。

图 2 部分小麦品种 *Pm3b* 基因检测的电泳图谱



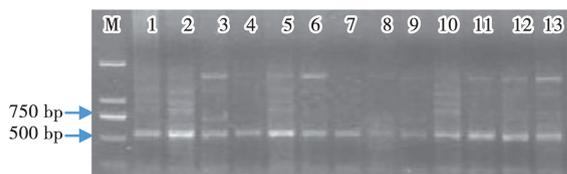
1. ZXM1; 2. ZXM2; 3. ZXM3; 4. ZXM4; 5. ZXM5;
6. ZXM6; 7. ZXM7; 8. ZXM8; 9. ZXM89;
10. ZXM91; 11. ZXM11; 12. ZXM12。

图 3 部分小麦品种 *Pm4* 基因检测的电泳图谱



1. ZXM15; 2. ZXM16; 3. Kavkas; 4. ZXM17; 5. ZXM18;
6. ZXM19; 7. ZXM20; 8. ZXM17; 9. ZXM18; 10. ZXM21;
11. ZXM22; 12. ZXM24; 13. ZXM42。

图 4 部分小麦品种 *Pm8* 基因检测的电泳图谱



1. ZXM15; 2. ZXM16; 3. Kavkas; 4. ZXM17; 5. ZXM18;
6. ZXM19; 7. ZXM20; 8. ZXM17; 9. ZXM18; 10. ZXM21;
11. ZXM22; 12. ZXM24; 13. ZXM42。

图 5 部分小麦品种 *Pm13* 基因检测的电泳图谱

表 3 俄罗斯小麦抗白粉病基因组成

基因类型	<i>Pm2</i>	<i>Pm3b</i>	<i>Pm4a</i>	<i>Pm8</i>	<i>Pm13</i>	<i>Pm21</i>	无
数量	227	227	26	14	145	0	6
比例/%	90.44	90.44	10.36	5.58	57.77	0	2.39

2.3 抗白粉病基因在俄罗斯小麦品种中的分布

2.3.1 供试品种中抗白粉病基因的分布 由表 3 可知, 在供试的 251 份俄罗斯春小麦品种中, 抗白粉病基因分布频率不同。其中 *Pm2* 和 *Pm3b* 分布频率最高, 频率为 90.44%, 其次为基因 *Pm13*, 分布频率为 57.77%, 而基因 *Pm4*, 分布频率为 10.36%, *Pm8* 基因的分布频率为 5.58%, 而在俄罗斯春小麦中没有发现 *Pm21*, 另有 6 份材料没有检测出上述基因标记。

2.3.2 抗白粉病基因组合在俄罗斯小麦品种中的分布 由表 4 可知, 在俄罗斯 251 份春小麦品种中小麦抗白粉病基因组合共有 15 种类型, 其中 116 份小麦品种以 *Pm2/Pm3/Pm13* 类型所占比例最高, 为 46.22%; *Pm2/Pm3* 类所占比例为 23.90%; *Pm2/Pm3/Pm4* 类型所占比例为 4.78%; *Pm2/Pm3/Pm4/Pm13* 类型所占比例为 4.38%; *Pm2* 类型所占比例为 3.59%; *Pm3* 和 *Pm2/Pm13* 类型所占比例均为 2.79%; *Pm3/Pm13* 和 *Pm2/Pm3/Pm8* 类型所占比例为 2.39%; *Pm2/Pm3/Pm4/Pm8* 和 *Pm2/Pm3/Pm8/Pm13* 类型所占比例均为 1.20%; *Pm13* 类型所占比例为 0.79%; *Pm2/Pm8*、*Pm3/Pm4/Pm13* 和 *Pm3/Pm8/Pm13* 所占比例均为 0.40%; 另外有 6 份小麦中没有检测出上述基因组合, 其比例为 2.39%。

表 4 俄罗斯春小麦抗白粉病基因组合分布

基因组合类型	数量	比例/%
<i>Pm2</i>	9	3.58
<i>Pm3</i>	7	2.79
<i>Pm13</i>	2	0.79
<i>Pm2/Pm3</i>	60	23.90
<i>Pm2/Pm8</i>	1	0.40
<i>Pm2/Pm13</i>	7	2.79
<i>Pm3/Pm13</i>	6	2.39
<i>Pm2/Pm3/Pm4</i>	12	4.78
<i>Pm2/Pm3/Pm8</i>	6	2.39
<i>Pm2/Pm3/Pm13</i>	116	46.22
<i>Pm3/Pm4/Pm13</i>	1	0.40
<i>Pm3/Pm8/Pm13</i>	1	0.40
<i>Pm2/Pm3/Pm4/Pm8</i>	3	1.20
<i>Pm2/Pm3/Pm4/Pm13</i>	11	4.38
<i>Pm2/Pm3/Pm8/Pm13</i>	3	1.20
无	6	2.39

2.3.3 供试小麦品种白粉病抗性鉴定及其基因组合分布 供试的 251 份小麦品种在温室和田间自然发病条件下,经抗病性鉴定发现,共有 5 种抗病表型(表 5),即免疫(抗病等级为 1)、高抗(抗病等级为 3)、中抗(抗病等级为 5)、感病(抗病等级为 7)、高感(抗病等级为 9)。

表 5 不同抗白粉病组合在温室中抗性分析

基因组合	基因组数量	抗病等级数量				
		免疫	高抗	中抗	感	高感
<i>Pm2</i>	9	0	0	2	2	5
<i>Pm3</i>	7	1	0	1	1	4
<i>Pm13</i>	2	0	0	0	1	1
<i>Pm2/Pm3</i>	60	8	5	10	20	17
<i>Pm2/Pm8</i>	1	0	0	1	0	0
<i>Pm2/Pm13</i>	7	1	1	2	1	2
<i>Pm3/Pm13</i>	6	0	1	2	0	3
<i>Pm2/Pm3/Pm4</i>	12	0	5	2	3	2
<i>Pm2/Pm3/Pm8</i>	6	1	1	0	1	3
<i>Pm2/Pm3/Pm13</i>	116	6	13	30	21	46
<i>Pm3/Pm4/Pm13</i>	1	0	0	0	1	0
<i>Pm3/Pm8/Pm13</i>	1	0	0	0	1	0
<i>Pm2/Pm3/Pm4/Pm8</i>	3	2	0	1	0	0
<i>Pm2/Pm3/Pm4/Pm13</i>	11	0	0	2	5	4
<i>Pm2/Pm3/Pm8/Pm13</i>	3	0	0	0	1	2
无	6	0	1	1	3	1
合计	251	19	27	54	61	90

由表 5 可知,19 份抗性表现为免疫的品种基因组成为 *Pm3* 基因型的有 1 份、*Pm2/Pm3* 基因型 8 份、*Pm2/Pm13* 基因型 1 份、*Pm2/Pm3/Pm8* 基因型 1 份、*Pm2/Pm3/Pm13* 基因型 6 份、*Pm2/Pm3/Pm4/Pm8* 基因型 2 份。

27 份高抗白粉病品种的基因组成为 *Pm2/Pm3* 基因型的有 5 份、*Pm2/Pm13* 基因型 1 份、*Pm3/Pm13* 基因型 1 份、*Pm2/Pm3/Pm4* 基因型 5 份、*Pm2/Pm3/Pm8* 基因型 1 份、*Pm2/Pm3/Pm13* 基因型 13 份、不含抗病基因型 1 份。

54 份中抗白粉病品种的基因组成为 *Pm2* 基因型 2 份、*Pm3* 基因型 1 份、*Pm2/Pm3* 基因型 10 份、*Pm2/Pm8* 基因型 1 份、*Pm2/Pm13* 基因型 2 份、*Pm3/Pm13* 基因型 2 份、*Pm2/Pm3/Pm4* 基因型 2 份、*Pm2/Pm3/Pm13* 基因型 30 份、*Pm2/Pm3/Pm4/Pm8* 基因型 1 份、*Pm2/Pm3/Pm4/Pm13* 基因型 2 份、不含抗病基因型 1 份。

61 份感白粉病品种的基因组成为 *Pm2* 基因型 2 份、*Pm3* 基因型 1 份、*Pm13* 基因型 1 份、*Pm2/Pm3* 基因型 20 份、*Pm2/Pm13* 基因型 1 份、*Pm2/Pm3/Pm4* 基因型 3 份、*Pm2/Pm3/Pm8* 基因型 1 份、*Pm2/Pm3/Pm13* 基因型 21 份、*Pm3/Pm4/Pm13* 基因型 1 份、*Pm3/Pm8/Pm13* 基因型 1 份、*Pm2/Pm3/Pm4/Pm13* 基因型 5 份、*Pm2/Pm3/Pm8/Pm13* 基因型 1 份、不含抗病基因型 3 份。

90 份高感白粉病品种的基因组成为 *Pm2* 基因型 5 份、*Pm3* 基因型 4 份、*Pm13* 基因型 1 份、*Pm2/Pm3* 基因型 17 份、*Pm2/Pm13* 基因型 2 份、*Pm3/Pm13* 基因型 3 份、*Pm2/Pm3/Pm4* 基因型 2 份、*Pm2/Pm3/Pm8* 基因型 3 份、*Pm2/Pm3/Pm13* 基因型 46 份、*Pm2/Pm3/Pm4/Pm13* 基因型 4 份、*Pm2/Pm3/Pm8/Pm13* 基因型 2 份、不含抗病基因型 1 份。

3 讨论

本研究结果显示,在 251 个俄罗斯春小麦品种中,存在 5 种抗病基因类型和 15 种抗病基因组合。其中以 *Pm2* 和 *Pm3* 所占分布频率最高,分布频率均为 90.44%,其次为抗病基因 *Pm13*,分布频率为 57.77%,抗病基因 *Pm4*,分布频率为 10.36%,*Pm8* 基因,分布频率为 5.58%,而抗病基因 *Pm21* 在俄罗斯春小麦中没有发现,有 6 份材料没有检测出含有上述基因的标记。通过温室和田间自然发病的表型鉴定发现,有 19 份材料表现免疫,27 份材料表现高抗,54 份材料表现中抗,61 份材料表现为感病,90 份材料表现为高感,分别占供试材料 7.57%、10.76%、21.51%、24.30% 和 35.86%。上述俄罗斯春小麦品种抗白粉病基因组成和分布特点,与黑龙江本地品种存在明显差异,俄罗斯春小麦抗病基因及其组合高于黑龙江省小麦,俄罗斯小麦含有 *Pm4* 基因,黑龙江小麦不含有 *Pm4* 基因,俄罗斯小麦中 *Pm8* 基因比例也高于黑龙江省小麦,同时俄罗斯品种中存在免疫和高抗白粉病品种^[4,12]。与国内其他省份相比,俄罗斯品种含有 *Pm2* 和 *Pm3* 基因比例高于河北省和辽宁省小麦,抗病基因及其组合也比较丰富^[13-16]。表明在俄引小麦品种中具有丰富抗白粉病的资源,可以为黑龙江春小麦抗白粉病遗传改良提供良好的利用价值^[17-20]。

本研究结果显示,部分小麦材料携带 2 个或 2 个以上被检测基因,如 *Pm2/Pm3*、*Pm2/Pm3/Pm13*、*Pm2/Pm3/Pm4/Pm8*,白粉病抗性表现为高抗或者免疫的材料,可作为重要的多基因抗源加以利用,从而提高小麦的综合抗病性^[21-23]。但是,研究中发现,在被检测的同一种或同一组基因或基因组合类型中,同时拥有一定数量的免疫、高抗、感病和高感抗性材料,这表明具有本研究所检测的 6 个抗性基因标记的材料并不具有实际抗病性。如在 116 份中携带 *Pm2/Pm3/Pm13* 类型基因的中有 19 份表现为免疫或者高抗,有 97 份分别表现为中抗、感病或者高感,这一结果反映出两种情况:(1)表明本研究所检测的抗白粉病基因与表型抗性之间没有很好的相关性,这些抗白粉病基因可能对本地区白粉病流行小种并不具有抗性;(2)俄罗斯引进小麦品种中有对本地区白粉病流行小种免疫和高抗的品种,这些品种中存在着其他已命名的,或者是新型抗白粉病基因。这有待在以后的研究中进一步明确的验证。

近几年随着全球气候变暖,降雨带北移的变化,黑龙江省麦区白粉病有日益加重的趋势。有研究表明,由于对东北春麦区现在流行的白粉病小种群结构缺乏研究,应用的品种几乎都不抗病^[17-19]。长期集中利用少数优质育种亲本,导致育成小麦品种的遗传基础狭窄,遗传多样性逐渐缩小,抗性能力降低^[24-26]。俄罗斯春小麦品质类型以面包麦为主兼具抗旱抗病等特点,且其主产区地理纬度与黑龙江春小麦产区比较接近,因此,在利用其优异资源改良黑龙江省强筋春小麦白粉病抗性,相比冬小麦效率更高,因此,鉴定、评价和利用俄罗斯优异春小麦种质资源,是丰富黑龙江春小麦种质资源的多样性、拓宽小麦品种遗传基础的重要途径^[27-29]。

4 结论

本研究利用 6 个已知的抗白粉病基因标记对俄罗斯引进的春小麦品种检测,并结合抗性表型分析,发现供试品种中含有 5 种抗白粉病基因和 15 种抗病基因组合。其中,就单一基因而言,分布频率最高是 *Pm2* (90.44%),未检测到抗病基因 *Pm21*。基因组合类型方面,以 *Pm2/Pm3/Pm13* 组合类型所占比例最高(46.22%),*Pm2/Pm8*、*Pm3/Pm4/Pm13* 和 *Pm3/Pm8/Pm13* 比

例最低(0.40%)。发现的抗白粉病免疫或高抗品种的抗病性与 6 个基因标记不存在相关性,这些免疫或高抗品种可以作为白粉病抗性育种的杂交亲本。下一步将对免疫或高抗材料的抗性基因进行新基因的鉴定与挖掘。

参考文献:

- [1] 肖步阳. 春小麦生态育种[M]. 北京:中国农业出版社, 2006:25-30.
- [2] 李祥羽,孙连发,陈立君,等. 小麦白粉病抗源筛选及抗源分布规律研究[J]. 黑龙江农业科学, 2009(3):45-46.
- [3] 邹景伟,邱丹,孙艳玲,等. *Pm52*:小麦品种良星 99 抗白粉病基因的有效性[J]. 作物学报, 2017,43(3):332-342.
- [4] 刘文林,张宏纪,孙岩,等. 建国以来黑龙江省春小麦抗白粉病基因检测及其组成分析[J]. 核农学报, 2019,33(1):39-47.
- [5] MOHLER V, JAHOOOR A. Allele-specific amplification of polymorphic sites for the detection of powdery mildew resistance loci in cereals[J]. Theoretical and Applied Genetics, 1996,93(7):1078-1082.
- [6] TOMMASINI L, YAHIAOUI N, SRICHUMPA P, et al. Development of functional markers specific for seven *Pm3* resistance alleles and their validation in the bread wheat gene pool[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2006,114(1):165-175.
- [7] 刘金元,刘大钧,陶文静,等. 小麦白粉病抗性基因 *Pm4a* 的 RFLP 标记转化为 STS 标记的研究[J]. 农业生物技术学报, 1999,7(2):113-116.
- [8] FRANCIS H A, LEITCH A R, KEOBNER R M D. Conversion of a RAPD-generated PCR product, containing a novel dispersed repetitive element, into a fast and robust assay for the presence of rye chromatin in wheat[J]. Theoretical and Applied Genetics, 1995,90(5):636-642.
- [9] CENCI A, D'OVIDIO R, TANZARELLA O A, et al. Identification of molecular markers linked to *Pm13*, an *Aegilops* longissima gene conferring resistance to powdery mildew in wheat[J]. Theoretical and Applied Genetics, 1999,98(3):448-454.
- [10] QI L L, CAO M S, CHEN P D, et al. Identification, mapping, and application of polymorphic DNA associated with resistance gene *Pm21* of wheat[J]. Genome, 1996,39(1):191-197.
- [11] 张宏纪,刁艳玲,孙连发,等. 航天诱变新品种龙辐麦 18 的选育及其主要特征特性分析[J]. 核农学报, 2008,22(3):243-247.
- [12] 宋维富,杨雪峰,赵丽娟,等. 引进俄罗斯小麦种质资源的应用价值分析[J]. 黑龙江农业科学, 2019,1(8):161-162.
- [13] 延荣,耿妙苗,李晓静,等. 河北省小麦品种和种质资源抗白粉病鉴定与抗病基因分子标记检测[J]. 植物遗传资源学报, 2020,21(3):683-705.

- [14] 曹世勤,贾秋珍,孙振宇,等. 贵农系列小麦种质资源在甘肃陇南的抗条锈病研究[J]. 植物遗传资源学报, 2021, 22(4):1048-1053.
- [15] 陈秀梅,曹远银,宋晶晶,等. 我国部分麦区 2011—2012 年小麦白粉病菌小种及毒力分析[J]. 麦类作物学报, 2013, 33(3):584-588.
- [16] 张眉,郭霞,辛志梅,等. 山东省小麦白粉病菌群体毒性鉴定和分析[J]. 山东农业科学, 2020, 52(7):95-100.
- [17] 刘可杰,王丽娟,王英杰,等. 26 份辽宁小麦区试品种对白粉病和叶锈病的田间表型抗性鉴定[J]. 辽宁农业科学, 2021(2):41-43.
- [18] 李玮,宋国琦,李吉虎,等. 小麦四个多效抗病基因的分子检测[J]. 麦类作物学报, 2020, 40(4):395-400.
- [19] 刘理森,张倩,任妍,等. 241 份小麦品种(系)白粉病抗性鉴定与分子标记检测[J]. 分子植物育种, 2016, 14(3):619-637.
- [20] 周军,徐如宏,谢鑫,等. 小麦抗白粉病及分子标记研究进展[J]. 湖北农业科学, 2020, 59(6):10-15.
- [21] 秦娜娜. 小麦品系 20828 抗条锈病主效位点的鉴定和验证[D]. 雅安:四川农业大学, 2019.
- [22] 王鑫,宋鹏博,王笑笑,等. 305 份国内外小麦种质条锈病与白粉病抗性鉴定与评价[J]. 麦类作物报, 2021, 41(6):689-698.
- [23] 刘易科,朱展望,陈冷,等. 基于 SNP 标记揭示我国小麦品种(系)的遗传多样性[J]. 作物学报, 2020, 46(2):307-314.
- [24] 杨淑萍,张宏纪,张举梅,等. 俄引及黑龙江春小麦黄色素含量相关基因分析[J]. 麦类作物学报, 2015, 35(10):1347-1354.
- [25] 杨淑萍,张宏纪,张举梅,等. 俄引与黑龙江春小麦多酚氧化酶活性基因类型的比较[J]. 核农学报, 2015, 29(12):2268-2275.
- [26] 费新茹,朱娟,郭晖,等. 大麦白粉病抗性的遗传分析与 QTL 定位[J]. 核农学报, 2019, 33(5):888-893.
- [27] 迟文娟. 东北小麦白粉病菌群体遗传结构与分子检测技术研究[D]. 沈阳:沈阳农业大学, 2009.
- [28] 王振,常迺滔,赵达,等. 东北春麦区 54 份小麦品种的抗病性评价[J]. 华北农学报, 2007, 22(S):33-37.
- [29] 王掌军,刘妍,王姣,等. 小麦种质资源农艺性状遗传分析及白粉病抗性鉴定[J]. 西南农业学报, 2018, 31(7):1338-1348.

Detection and Composition Analysis of Powdery Mildew Resistance Genes Introduced from Russian Spring Wheat

LIU Wenlin¹, ZHANG Hongji¹, SUN Yan¹, TANG Jingquan¹, YANG Shuping¹, LI Yuyao², SHANG Jiawei¹, LIU Ying³

(1. Crop Resource Institute, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin 150086, China; 2. Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin 150086, China; 3. Tenihe Co. Ltd, Hulunbuir State Farm Group, Hulunbuir 021024, China)

Abstract: In order to understand the composition and distribution of powdery mildew resistance genes in Russian spring wheat, 251 spring wheat cultivars introduced from Russia were detected and analyzed by using the markers *Pm2*, *Pm3b*, *Pm4*, *Pm8*, *Pm13* and *Pm21*. The results showed that 5 powdery mildew resistance genes are distributed in 251 wheat varieties, and the distribution frequencies of *Pm2* and *Pm3* were 90.44%. The second gene was *Pm13* (57.77%), then the disease resistance gene *Pm4* (10.36%), and the lowest gene was *Pm8* (5.58%). The disease resistance gene *Pm21* was not distributed in Russian spring wheat, and 6 materials were not detected to contain the above gene markers. There were 15 powdery mildew resistance gene combinations among 251 spring wheat varieties. Among 116 wheat varieties, *Pm2/Pm3/Pm13* had the highest proportion (46.22%). The proportions of the other 14 types were as follows: *Pm2/Pm3* type accounted for 23.90%; *Pm2/Pm3/Pm4* accounted for 4.78%; The proportion of *Pm2/Pm3/Pm4/Pm13* was 4.38%; *Pm2* type accounted for 3.58%; *Pm3* and *Pm2/Pm13* accounted for 2.79%. *Pm3/Pm13* and *Pm2/Pm3/Pm8* accounted for 2.39%. The proportion of *Pm2/Pm3/Pm4/Pm8* and *Pm2/Pm3/Pm8/Pm13* was 1.20%. *Pm13* types accounted for 0.8%; The proportions of *Pm2/Pm8*, *Pm3/Pm4/Pm13* and *Pm3/Pm8/Pm13* were all 0.40%. This study clarified the composition and distribution frequency of powdery mildew resistance genes in Russian spring wheat, providing theoretical guidance for wheat powdery mildew resistance breeding.

Keywords: wheat; powdery mildew; resistance gene; molecular marker