

# 燕麦抗麦二叉蚜种质鉴定评价技术综述

赵彤<sup>1</sup>, 郭建国<sup>2</sup>

(1. 甘肃省农业信息中心, 甘肃 兰州 730000; 2. 甘肃省农业科学院植物保护研究所, 甘肃 兰州 730000)

**摘要:** 通过对麦二叉蚜生物型、燕麦种质资源对麦二叉蚜的排趋性、抗生性和耐害性鉴定、组合配置以及杂交后代群体抗性基因标记定位研究的分析, 对燕麦抗蚜性鉴定技术、燕麦抗蚜机制、燕麦耐蚜性鉴定、燕麦抗性基因的分子标记等方面的研究进展进行了评述, 旨在为燕麦抗蚜种质创制提供思路, 解决单基因抗蚜品系应用麦二叉蚜分化新生物型的问题。

**关键词:** 燕麦; 麦二叉蚜, 鉴定评价

**中图分类号:** S433.1 **文献标志码:** A **文章编号:** 1001-1463(2017)06-0064-04

[doi:10.3969/j.issn.1001-1463.2017.06.022](https://doi.org/10.3969/j.issn.1001-1463.2017.06.022)

## Identification and Evaluation Techniques of Germplasm of *Schizaphis graminum* on Oats

ZHAO Tong<sup>1</sup>, GUO Jianguo<sup>2</sup>

(1. Gansu Agricultural Information Center, Lanzhou Gansu, 730000, China; 2. Institute of Plant Protection, Gansu Academy of Agricultural Sciences, Lanzhou Gansu 730070, China)

**Abstract:** The research progress of oat aphid resistance identification technology, oat aphid resistance mechanism, oat aphid resistance identification and molecular markers of oat resistance genes are reviewed, thought biotypes of *Schizaphis graminum*, identification of antixenosis and antibiosis and tolerance of Oat Germplasm on *Schizaphis graminum*, and analysis on Mapping of population resistance gene markers in Hybrid Progenies. aimed to provide ideas for Oat Germplasm Resistant aphid, to solve the problem of differentiation of new biotypes of single gene aphid resistance lines with *Schizaphis graminum*.

**Key words:** Oats; *Schizaphis graminum*; Identification and evaluation

燕麦是禾本科燕麦属一年生粮饲兼用草本植物, 具有抗旱耐瘠与抗寒、耐盐等特性, 是农业

收稿日期: 2017-03-10; 修订日期: 2017-04-18

基金项目: 国家自然科学基金“六倍体燕麦抗麦二叉蚜种质创制与基因发掘”(31360444)部分内容。

作者简介: 赵彤(1990—), 女, 甘肃兰州人, 助理农艺师, 主要从事植物病虫害综合治理工作。联系电话: (0)15294191348。E-mail: 1358387500@qq.com。

通信作者: 郭建国(1977—), 男, 甘肃镇原人, 副研究员, 主要从事作物病虫害绿色管理工作。联系电话: (0)17789619745。E-mail: jguo1001@163.com。

[10] 程 序. 农牧交错带研究中的现代生态学前沿问题

[J]. 资源科学, 1999(5): 1-8.

[11] 徐 霞, 张 勇, 李 悦, 等. 我国北方农牧交错带土地适宜性评价研究[J]. 2010, 38 (32): 18289-18291, 18359.

[12] 侯 琼, 张秀峰. 农牧交错区农业可持续发展与政策调整[J]. 中国农业资源与区划, 2005, 26(3): 56-59.

[13] 赵哈林, 赵学勇, 张铜会. 我国北方农牧交错带沙漠化的成因、过程和防治对策[J]. 中国沙漠,

2000, 23(1): 107-111.

[14] 张胜利, 吴祥云. 水土保持工程学[M]. 北京: 科学出版社, 2012.

[15] 胡兵辉, 廖允成. 毛乌素沙地农业生态系统耦合研究[M]. 北京: 科学出版社, 2010.

[16] 王晓华, 张亚玲. 绥德县青草岭项目区水土流失综合治理实践与成效[J]. 陕西水利, 2014(4): 139-140.

(本文责编: 郑立龙)

脆弱生态区生产力恢复与畜牧业持续发展的必需作物。通常按外稃有无分为带稃型和裸粒型2种,按染色体组分为二倍体、四倍体和六倍体3种类型。全球北纬35~60°有40多个国家种植的燕麦以皮燕麦为主,而我国由于是大粒裸燕麦的起源地<sup>[1]</sup>,栽培上以裸燕麦为主,常年种植面积约100万hm<sup>2</sup>,主要分布于华北的冀、晋、蒙和西北六盘山麓的陕、甘、宁及西南地区的云、贵、川高寒山区。甘肃是中国西部内陆干旱省份,东南至西北降雨量依次递减,气候呈现东南湿润、中部干旱和西北高寒的特征,常年燕麦种植面积5.3万hm<sup>2</sup>,东南至西北均有分布,选育的“陇燕”和“定葆”及引进的“白燕”和“青永久”系列品种被广泛种植,并随着高效抗旱栽培技术模式的推广,燕麦单产已由过去的750 kg/hm<sup>2</sup>大幅提高至现在的5 250 kg/hm<sup>2</sup>,成为甘肃省干旱瘠薄地和退化草地广泛种植的麦类作物。然而,近年来,随着全球气候变暖和甘肃干旱年份的频繁出现,蚜虫种群发育速率逐渐加快,世代重叠为害和介体传播病毒造成的危害日益严重,严重影响着燕麦的产量和品质。国内外有关蚜虫种群演变动态的研究结果表明,植物的营养水平是蚜虫种群演变的重要生理因子<sup>[2]</sup>。麦二叉蚜是一种表型可塑性强的生物种群,单基因抗性品种应用是分化生物型的主要原因,国外已检测出11种生物型<sup>[3]</sup>,国内仅有北京地区检测到中国I型<sup>[4]</sup>,种群取食引起叶片褪绿与植株坏死及介体传播BYDV引起红叶病是其典型的危害特征。

基于麦二叉蚜是一种表型可塑性强、易克服单基因抗性的多型害虫,利用具有丰富抗逆基因的燕麦资源,选育抗性种质需在明确麦二叉蚜生物型结构组成后才有实际意义。我们分析评述了麦二叉蚜生物型、燕麦种质资源对麦二叉蚜的排趋性、抗生性和耐害性鉴定、组合配置以及杂交后代群体抗性基因标记定位研究的进展,旨在为燕麦抗蚜种质创制提供思路,解决单基因抗蚜品系应用麦二叉蚜分化新生物型的问题。

## 1 燕麦抗蚜性鉴定技术

国内外有关麦类作物抗蚜性选择方法的研究表明,田间自然感染蚜虫后的蚜量比值法是麦类

作物抗蚜性评价的一种简便方法,能在一定程度上说明某种麦类的抗蚜水平。但由于易受年份与地域间蚜虫分布型、严重度等因素的制约,致使抗性评价手段与评价结果缺乏准确性;而网罩释放蚜虫于麦类的排趋性、抗生性和耐蚜性试验方法<sup>[5]</sup>,可以避免年份、地域间蚜虫分布型与严重度等因素的制约,使麦类抗蚜性评价在初始蚜量相对一致的条件下进行,从根本上保证了抗蚜评价技术的科学性与评价结果的准确性,不仅是批量品种抗蚜性评价的快速有效方法,而且是单一品种抗蚜机制研究的主要手段。目前,该技术已广泛应用小麦品种的抗蚜性鉴定评价与抗性机制的研究中,并发现一批具有优良抗性的小麦品种<sup>[6]</sup>。但有关燕麦品系抗蚜性鉴定评价研究较少。2009—2012年我们调查发现,燕麦抗蚜种质资源匮乏,免疫和高抗材料较少,感蚜材料较多,已鉴定的169个栽培品种中仅有5个高抗,可见抗性种质创制迫在眉睫<sup>[7]</sup>。

## 2 燕麦抗蚜机制

作物的抗蚜性是作物与蚜虫长期协同进化的结果,形态抗蚜与理化抗性是作物抗蚜的主要机制,两种抗性对蚜虫定殖、取食和种群繁殖有深远影响,且随作物生长变化而表现的一种时间序列行为。研究表明,叶背茸毛与气孔数目、表面蜡质与叶肉细胞紧密度是形态抗蚜的物理因子<sup>[8-9]</sup>,对蚜虫定殖、取食和产卵有重要影响;叶片固有或取食诱导的挥发物和次生代谢物、防御蛋白是生理抗蚜的主要因子<sup>[10-12]</sup>,对蚜虫寄主定位、食物利用、种群繁殖、天敌生态位有深远影响。显微观测、电镜扫描及色谱技术是研究作物形态与理化抗蚜的有效方法,能深入反应作物表面微观特征及体内挥发物和次生代谢物的化学组成,揭示形态抗蚜与生化抗蚜机制;“Y”嗅觉仪和穿刺电位图是记录蚜虫对寄主嗅觉反应与口针刺探行为的有效工具<sup>[13]</sup>,反应寄主对蚜虫排趋性的强弱,得知蚜虫口针是否刺吸以及刺吸时间的长短,反应组织抗蚜水平,准确定位抗蚜部位。解毒酶是蚜虫排解不良环境制约的生理因子,其活性高低反应着蚜虫对寄主抗性的内在调控策略<sup>[14]</sup>。种群生命表是蚜虫在特定寄主上的生活周期,客观反应着特定寄主上蚜虫的繁殖策略<sup>[15]</sup>。这些技术已成

功应用于小麦形态和理化抗蚜机制的研究中, 阐明小麦对蚜虫的抗性以理化抗性为主, 苯并恶嗪类、总酚、生物碱和防御酶是抗蚜的重要生化物质, 部分成果用于燕麦抗病机制研究中, 但有关六倍体燕麦抗蚜机制的研究暂未见报道。

### 3 燕麦耐蚜性鉴定技术

作物的耐蚜性是植物遭遇蚜虫为害后的一种生理补偿特性, 反应的是作物受蚜虫为害后继续生长繁殖的一种能力, 超量补偿、等量补偿或不足补偿是主要的补偿类型, 3种补偿作用通过调节被害作物的经济产量和生物产量来弥补蚜虫危害造成的损失, 而对蚜虫的取食和种群繁殖无不良影响, 蚜虫不会因寄主选择压力增大而出现新生物型。但3种补偿作用受作物生长环境中的温度、CO<sub>2</sub>浓度、土壤营养水平和化学物质等非生物因子以及作物生育期、蚜虫生物型等生物因子的制约<sup>[16]</sup>。因此, 评价被害作物的补偿水平时必须明确作物的生育期和蚜虫的生物型, 保证被害作物生长环境温度、CO<sub>2</sub>浓度和土壤水肥水平的一致性, 才能有效避免生物因子与非生物因子的干扰, 提高作物补偿耐害评价机制的科学性。有关作物耐蚜性评价手段和耐蚜机理的研究结果表明, 植株被害率和叶片功能损失指数是耐蚜性评价的主要方法, 光合速率和细胞分裂素含量增加是作物耐蚜的主要机制<sup>[17]</sup>。

### 4 燕麦抗性基因的分子标记

作物抗蚜性是稳定遗传的生物学性状, 编码抗性物质的DNA序列或调节抗生物物质合成的生物酶通常是主要的抗蚜基因, 区别在于抗蚜性是由单基因控制的质量遗传性状, 而耐蚜性是由多个基因控制的数量遗传性状。燕麦染色体基因组较大, 缺乏全套非整倍体材料和足够的遗传标记, 遗传图谱构建较晚, 但目前已有不同标记类型的基因图谱。如1995年O'Donoghue等<sup>[18]</sup>用RFLP标记绘制了第1张燕麦连锁图谱, 该图谱包含561个基因位点, 38个连锁群, 每个连锁群上有2~51个位点, 图谱长度1482 cM; 2000年Jin等<sup>[19]</sup>用RFLP和AFLP标记发现, RFLP连锁图中36个连锁群有32个与AFLP标记相连, 二者结合使连锁图由原来1482 cM增加到2351 cM, 2001年Groh等<sup>[20]</sup>用RFLP和AFLP标记技术构建了燕麦

群体的AFLP连锁图, 发现121个AFLP标记, 32个连锁群; 2001年Portyanko等<sup>[21]</sup>用136个重组近交家系, 构建一张含441个基因座位的分子图谱; 2009年徐微<sup>[22]</sup>用92个AFLP标记、3个SSR标记和1个形态标记绘制了一张全长为1544.8 cM的裸燕麦遗传连锁图谱。这些图谱的构建为分子辅助育种与抗性基因标记研究提供了有力工具, 为抗性基因标记开发奠定了基础。由于历史上欧美国家燕麦锈病和白粉病发生较为严重, 抗病基因发掘较早, 如目前已标记的91个抗锈基因<sup>[23]</sup>、5个抗白粉基因<sup>[24]</sup>, 抗蚜基因标记多见于小麦抗麦双尾蚜(*Dn*)和麦二叉蚜(*Gb*)基因的标记定位中。如在小麦上已发现10个抗麦双尾蚜基因, 其中*Dn1*、*Dn2*、*Dn5*、*Dn8*、*Dnx*位于小麦7D上, *Dn4*和*Dn9*位于1D上, *Dn7*位于小麦1RS上<sup>[25]</sup>; 发现9个抗麦二叉蚜基因, 其中*Gb2*和*Gb6*位于小麦1A上, *Gb3*、*Gb4*和*Gbz*位于小麦7D上, *Gb5*和*Gby*位于小麦7A上, *Gb1*和*Gbx*的位置还待确定<sup>[26-27]</sup>。

燕麦染色体基因组较大, 缺乏全套非整倍体材料和足够遗传标记, 遗传图谱构建较晚, 有关燕麦抗蚜基因标记暂未见报道。因此, 利用分子生物学手段辅助选育抗蚜品系将成为今后燕麦抗蚜种质创制的研究热点。

### 参考文献:

- [1] 郑殿升, 张宗文. 大粒裸燕麦(莜麦)(*Avena nuda* L)起源及分类问题的探讨[J]. 植物遗传资源学报, 2011, 12(5): 667-670.
- [2] WILKINSON T L, KOGA R, FUKATSU T. Role of host nutrition in symbiont regulation: impact of dietary nitrogen on proliferation of obligate and facultative bacterial endosymbionts of the pea aphid *Acyrtosiphon pisum* [J]. Applied and Environmental Microbiology, 2007, 73(4): 1362-1366.
- [3] ZHU L C, SMITH C M, REESE J C. Categories of resistance to greenbug (Homoptera: Aphididae) biotype K in wheat lines containing *Aegilops tauschii* genes [J]. Journal of Economic Entomology, 2005, 98(6): 2260-2265.
- [4] 刘旭明, 金达生. 北京地区麦二叉蚜生物型鉴定研究初报[J]. 昆虫学报, 1998, 41(2): 141-144.
- [5] DOGRAMACI M, MAYO Z B, WRIGHT R, et al. Categories of resistance, antibiosis and tolerance, to bio-

- type I greenbug [*Schizaphis graminum* (Rondani) Homoptera: Aphididae] in four sorghum [*Sorghum bicolor* (L) Moench. Poales: Gramineae] hybrids [J]. Journal of the Kansas Entomological Society, 2007, 80(3): 183-191.
- [6] MOJAHED S, RAZMJOU J, GOLIZADEH A, et al. Resistance of wheat cultivars and lines to *Schizaphis graminum* (Hemiptera: Aphididae) under laboratory conditions [J]. Applied Entomology and Zoology, 2013, 48(1): 39-45.
- [7] 郭建国, 郭满库, 赵桂琴, 等. 燕麦抗蚜性和抗 BYDV 病毒病鉴定及利用评价 [J]. 中国农业科学, 2012, 45(3): 575-583.
- [8] 林凤敏, 陆宴辉, 吴孔明, 等. 棉花叶片茸毛性状与绿盲蝽抗性的关系 [J]. 植物保护学报, 2010, 37(2): 165-171.
- [9] 刘勇, 陈巨莲, 程登发. 不同小麦品种(系)叶片表面蜡质对两种麦蚜取食的影响 [J]. 应用生态学报, 2007, 18(8): 1785-1788.
- [10] 蔡晓明, 孙晓玲, 陈宗懋. 虫害诱导植物挥发物 (HIPVs): 从诱导到生态功能 [J]. 生态学报, 2008, 28(8): 3969-3980.
- [11] ELEK H, SMART L, MARTIN J, et al. The potential of hydroxamic acids in tetraploid and hexaploid wheat varieties as resistance factors against the bird-cherry oat aphid, *Rhopalosiphum padi* [J]. Annals of Applied Biology, 2013, 162(1): 100-109.
- [12] SUN Y P, ZHAO L J, SUN L, et al. Immunolocalization of odorant-binding proteins on antennal chemosensilla of the peach aphid *Myzus persicae* (Sulzer) [J]. Chemical Senses, 2013, 38(2): 129-136.
- [13] MORRIS G, FOSTER W A. Duelling aphids: electrical penetration graphs reveal the value of fighting for a feeding site [J]. Journal of Experimental Biology, 2008, 211(9): 1490-1494.
- [14] FRANCIS F, VANHAELEN N, HAUBRUGE E. Glutathione S-transferases in the adaptation to plant secondary metabolites in the *Myzus persicae* aphid [J]. Archives of Insect Biochemistry and Physiology, 2005, 58(3): 166-174.
- [15] KIM J S, LEE J H, KIM T H, et al. Life table of the greenbug, *Schizaphis graminum* (Rondani) (Homoptera: Aphididae) on barley, *Hordeum vulgare* L. [J]. Korean Journal of Applied Entomology, 2007, 46(1): 37-42.
- [16] STRAUSS S Y, MURCH P. Toward an understanding of the mechanisms of tolerance: compensating for herbivore damage by enhancing a mutualism [J]. Ecological Entomology, 2004, 29(2): 234-239.
- [17] TIFFIN P. Mechanisms of tolerance to herbivore damage: what do we know [J]. Evolutionary Ecology, 2000, 14(4-6): 523-536.
- [18] O'DONOUGHUE L S, KIANIAN S F, RAYAPATI P J. A molecular linkage map of cultivated oat [J]. Genome, 1995, 38(2): 368-380.
- [19] JIN H, DOMIER L L, SHEN X. Combined AFLP and RFLP mapping in two hexaploid oat recombinant inbred populations [J]. Genome, 2000, 43(1): 94-101.
- [20] GROH S, ZACHARIAS A, KIANIAN S F, et al. Comparative AFLP mapping in two hexaploid oat populations [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2001, 102(6-7): 876-884.
- [21] PORTYANKO V A, HOFFMAN D, LEE M, et al. A linkage map of hexaploid oat based on grass anchor DNA clones and its relationship to other oat maps [J]. Genome, 2001, 44(2): 249-265.
- [22] 徐微. 裸燕麦种质资源遗传多样性及遗传图谱构建研究 [D]. 北京: 中国农业科学院, 2009.
- [23] MCCARTNEY C A, STONEHOUSE R G, ROSS-NAGEL B G, et al. Mapping of the oat crown rust resistance gene Pc91 [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2011, 122(2): 317-325.
- [24] MOHLER V, ZELLER F J, HSAM S L K. Molecular mapping of powdery mildew resistance gene Eg-3 in cultivated oat (*Avena sativa* L. cv. Rollo) [J]. Journal of applied genetics, 2012, 53(2): 145-148.
- [25] LIU X M, SMITH C M, GILL B S. Identification of microsatellite markers linked to Russian wheat aphid resistance genes Dn4 and Dn6 [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2002, 104(6-7): 1042-1048.
- [26] BOYKO E, STARKEY S, SMITH M. Molecular genetic mapping of Gby, a new greenbug resistance gene in bread wheat [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2004, 109(6): 1230-1236.
- [27] ZHU L C, SMITH C M, FRITZ A, et al. Genetic analysis and molecular mapping of a wheat gene conferring tolerance to the greenbug (*Schizaphis graminum* Rondani) [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2004, 109(2): 289-293.