

文章编号:1000-8551(2019)05-0888-06

大麦白粉病抗性的遗传分析与 QTL 定位

费新茹^{1,2} 朱娟¹ 郭晖³ 郭红² 吕超¹ 郭宝健¹ 许如根^{1,*}⁽¹⁾扬州大学大麦研究所/江苏省作物遗传生理国家重点实验室/粮食作物现代产业技术协同创新中心/教育部植物功能基因组学重点实验室,江苏 扬州 225009;⁽²⁾盐都区农业科学研究所,江苏 盐城 224011;⁽³⁾江苏省农垦农业发展股份有限公司,江苏 南京 210008)

摘要:为探究大麦白粉病抗性遗传,定位其抗性 QTL,本研究以抗病品种 Gairdner 和感病品种扬饲麦 1 号杂交 F₁ 花药培养构建的 DH 群体及亲本为材料,对大麦白粉病抗性进行鉴定与遗传分析,并利用 91 对在亲本间多态性好的 SSR 标记构建了群体的遗传连锁图谱,采用 Windows QTL IciMapping 4.0 软件中的完备区间-加性模型对大麦白粉病抗性 QTL 进行定位。结果表明,DH 群体各系间存在丰富的大麦白粉病抗性遗传变异。共检测到 5 个与大麦白粉病抗性相关的 QTLs。其中 3 个时期均检测到 *qPM-2Ha* 位于 Bmag0711-AWBMS56 区间,可解释的表型变异为 7.48%~12.50%;*qPM-4Ha* 位于 EMac0906-HVM68 区间,可解释的表型变异为 23.07%~32.09%;2 个时期均检测到 *qPM-2Hb* 位于 Bmag0749-GBM1475 区间,可解释的表型变异为 6.22%~8.13%。*qPM-2Ha*、*qPM-4Ha* 及 *qPM-2Hb* 白粉病抗性基因均来源于抗病亲本 Gairdner, *qPM-3Ha* 和 *qPM-4Hb* 白粉病抗性基因来源于感病亲本扬饲麦 1 号,*qPM-2Hb* 和 *qPM-3Ha* 可能是 2 个新的大麦白粉病抗性 QTLs 位点。本研究结果为大麦白粉病抗性基因的发掘、精细定位、克隆及分子标记辅助选择育种奠定了基础。

关键词:大麦; DH 群体; 白粉病; QTL 定位

DOI:10.11869/j.issn.100-8551.2019.05.0888

大麦(*Hordeum vulgare* L.)为禾本科大麦属一年生草本植物,是世界第四大禾谷类作物,总产量和种植面积仅次于小麦、水稻和玉米^[1]。大麦因具有丰富的膳食纤维、高β-葡聚糖含量等营养成分,可作为饲料、粮食、啤酒工业原料和保健用品等,受到了人们广泛的关注^[2]。然而近年来,大麦白粉病(barley powdery mildew)的发生和传播严重影响了大麦的产量和品质。大麦白粉病是由大麦专化型活体寄生菌布氏白粉菌(*Blumeria graminis* f. sp. *hordei*, *Bgh*)引起的真菌病害,可造成 20%~30%的产量损失^[3],是世界大麦主产区的主要病害之一^[4]。因此,培育并推广抗白粉病品种是防治大麦白粉病最经济有效的手段。

目前已有关于大麦白粉病抗性遗传^[5-6]、基因定位^[7-8]的研究报道。如严隽析^[9]研究发现大麦白粉病

抗性由单个显性基因或 2 对基因控制;俞志隆等^[10]研究认为大麦白粉病田间抗性受多基因控制;黄金堂^[11]研究认为大麦白粉病抗性遗传符合加性-显性遗传模型,且加性效应作用更明显。大麦对白粉菌的抗性主要受专化性抗病基因的控制,目前已鉴定到 100 多个抗性基因,其中 22 个专化性抗病基因分布于不同的染色体上^[12]。研究表明,某些抗病基因存在多个不同的复等位基因,如 Weibull 等^[13]在 *Mla* 基因座共鉴定出 32 个抗性复等位基因。大麦野生型 *Mlo* 基因位点通过突变可以产生一系列不同的 *mlo* 隐性等位基因,*mlo* 基因介导大麦几乎对目前已知的所有 *Bgh* 生理小种都有抗性^[14]。

随着大麦白粉病病原菌生理小种的不断分化,新菌株可能导致原有抗病品种的抗性下降甚至丧失。为

收稿日期:2018-01-05 接受日期:2018-03-06

基金项目:国家重点研发计划项目(2018YFD1000703、2018YFD1000700),国家大麦青稞产业技术体系建设专项(CARS-05),江苏高校优势学科建设工程项目

作者简介:费新茹,女,主要从事大麦遗传育种研究。E-mail: ycfexinru@163.com

***通讯作者:**许如根,男,教授,主要从事大麦遗传育种及啤酒麦生产技术研究。E-mail: rgxu@yzu.edu.cn

确保大麦生产上应用品种的大麦白粉病抗性,必须不断鉴定发掘新的大麦白粉病抗性基因并在育种中加以利用^[15]。本研究以 1 个大麦白粉病抗感 DH 群体及其亲本为试验材料,对其大麦白粉病抗性进行遗传分析与 QTL 定位,以期为大麦白粉病抗性基因的精细定位及分子标记辅助选择育种奠定理论基础。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 供试材料 以含 173 个 DH 系的 DH 群体及其亲本为试验材料,该 DH 群体是以扬饲麦 1 号×Gairdner 杂交 F₁ 的花药经组织培养、染色体加倍等技术构建的,其中母本为感大麦白粉病六棱饲料大麦扬饲麦 1 号,父本为抗大麦白粉病二棱啤酒大麦 Gairdner,均由澳大利亚塔斯马尼亚大学周美学教授惠赠。

1.1.2 田间种植 于 2014 年秋季将试验材料播种于扬州大学大麦试验田。每材料人工点播两行,行长 1.2 m,株距 0.03 m,行距 0.2 m,每行点播 40 粒,并设 3 次生物学重复。田间管理同大田常规栽培方法。

1.2 方法

1.2.1 抗性鉴定方法 大麦白粉病病级调查参照 Li 等^[16]的方法,在大麦白粉病发病始期(抽穗期)开始调查,每隔 7 d 调查 1 次,连续调查 3 期。每个株系连续调查 10 株。根据叶片病斑的有无、大小及发病部位,将大麦白粉病病级分为 6 级(详见表 1)。2015 年 4 月上旬和中旬,扬州为多雨天气,随着气温逐渐上升(>15℃),田间温度和相对湿度较适宜大麦白粉病的发生,大麦白粉病的发病程度随着调查时期延长而加重。按照公式计算大麦白粉病病情指数(disease index, DI)^[11]:

$$DI = \frac{\sum nx}{\text{最高病情级数} \times N} \times 100\%$$

式中,x 代表每个调查植株抗性级别(0、1、2、3、4、5 级);n 代表各病级的植株数量;N 代表所调查的总植株数。

1.2.2 DH 群体遗传连锁图谱的构建方法 筛选亲本间多态性好的 SSR 标记,利用这些多态性标记对亲本及 173 个 DH 系进行基因型鉴定,与扬饲麦 1 号相同的带型记为 0,与 Gairdner 相同的带型记为 2,杂合或缺失记为 1。利用 JoinMap 4.0 软件构建 DH 群体的分子标记遗传连锁图谱。

1.2.3 QTL 定位方法 利用 1 年 3 个时期的数据,采

表 1 大麦白粉病病级划分

病情级数 The resistance level of barley powdery mildew	植株症状 The plant symptoms
0	全株无病
1	植株基部叶片有少量病斑
2	植株中下部叶片有一些病斑
3	植株中部叶片有一些病斑
4	植株中上部叶片有较多病斑
5	植株全部叶片发病及穗部也有病斑

用 Windows QTL IciMapping 4.0 软件^[17]中的完备区间-加性模型(inclusive composite interval-additive mapping, ICIM-ADD)定位方法,扫描步长为 1 cM,以 LOD 值 2.5 作为阈值^[18],QTL 的命名遵循 McCouch^[19]的原则。

1.3 数据分析

利用 Microsoft Excel 2016 对原始数据进行整理,利用 SPSS 16.0 数据统计软件对双亲及 DH 群体进行抗性差异的统计分析。亲本大麦白粉病抗性差异采用 *t* 测验分析,DH 群体大麦白粉病抗性差异采用方差分析。

2 结果与分析

2.1 DH 群体及其亲本大麦白粉病病情指数的差异性分析

2.1.1 DH 群体及其亲本病情指数的表现 由表 2 可知,3 个调查时期大麦白粉病病情指数在亲本间均存在极显著差异,其中亲本及 DH 群体大麦白粉病病情指数平均值均以第三期最高。从 DH 群体变异系数和变幅来看,3 个调查时期白粉病病情指数在 DH 群体内存在广泛的变异,且存在不同程度的超高亲或超低亲遗传现象。

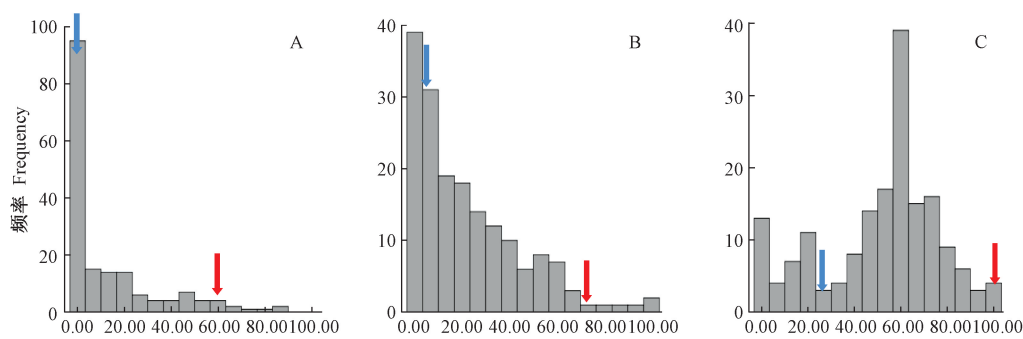
由图 1 可知,3 个时期 DH 群体的大麦白粉病病情指数均呈连续性分布,表明可进一步对大麦白粉病抗性进行 QTL 定位。

2.1.2 DH 群体病情指数的方差分析 由表 3 可知,白粉病病情指数在调查时期间、DH 系间及基因型与调查时期互作间的差异均达到极显著水平,表明白粉病病情指数在 DH 群体各系间存在丰富的遗传变异。同时,DH 群体发病程度还受不同调查时期气候条件的影响。

表 2 亲本及 DH 群体的病情指数
Table 2 DI of DH population and its parents

时期 Stage	亲本 Parents			DH 群体 DH population		
	扬饲麦 1 号 Yangsimai 1	Gairdner	t 值 t value	均值 Mean	变幅 Range	变异系数 CV/%
第一期 Stage I	60.00	0	5.20**	12.83	0~86.67	154.57
第二期 Stage II	73.40	6.60	4.47**	22.31	0~100.00	101.82
第三期 Stage III	100.00	26.60	5.50**	51.25	0~100.00	49.68

注: ** 表示在 0.01 水平差异显著。下同。
Note: ** indicates significant difference at 0.01 level. The same as following.



注: A: 第一期病情指数; B: 第二期病情指数; C: 第三期病情指数。红色箭头代表扬饲麦 1 号; 蓝色箭头代表 Gairdner。

Note: A: DI of stage I. B: DI of stage II. C: DI of stage III. The red arrow represents Yangsimai 1. The blue arrow represents Gairdner.

图 1 DH 群体白粉病病情指数频数分布

Fig.1 Frequency distribution of the DI in DH population

表 3 不同调查时期 DH 群体病情指数的方差分析

Table 3 ANOVA of DI of DH population in different survey stages

变异来源 Variation sources	自由度 df	均方 MS	F 值 F value
区组 Block	2	14 182.15	49.48**
时期 Stage	2	207 903.15	725.29**
基因型 Genotype	172	3 882.36	13.54**
基因型×时期 Genotype×stage	344	394.62	1.38**
误差 Error	1 036		

2.2 DH 群体遗传连锁图谱的构建与大麦白粉病抗性 QTL 定位

2.2.1 DH 群体遗传连锁图谱的构建 由表 4 可知,对扬州大学农学院大麦研究所保存的 1 008 个 SSR 标记在亲本间进行多态性筛选,获得 91 对多态性好的 SSR 标记。利用这些多态性标记对亲本及 173 个 DH 系进行基因型鉴定,构建了覆盖大麦全基因组 1 161.99 cM 的遗传连锁图谱,图谱包含 91 对 SSR 标

记,较均匀分布于大麦 7 条染色体上,标记间平均遗传距离为 12.77 cM,平均每条染色体上标记个数为 13 个。

表 4 大麦 DH 群体遗传图谱各染色体的长度及标记数

Table 4 The length of chromosome and number of marks in barley DH population

染色体 Chromosome	染色体长度 Chromosome length/cM	标记数 Number of marks
1	167.98	11
2	206.75	13
3	158.82	12
4	122.84	16
5	159.76	12
6	184.93	15
7	161.37	12

2.2.2 大麦白粉病抗性 QTL 定位 由表 5 可知,3 个

调查时期共检测到 5 个与大麦白粉病抗性相关的 QTLs, 分布于第 2、第 3 和第 4 号染色体上, 分别为 *qPM-2Ha*、*qPM-2Hb*、*qPM-3Ha*、*qPM-4Ha* 和 *qPM-4Hb*。第 2 号染色体上的 *qPM-2Ha* 在 3 个调查时期均被检测到, 位于 Bmag0711-AWBMS56 标记区间内, 可解释 7.48%~12.50% 的表型变异;*qPM-2Hb* 在第一期和第二期检测到, 位于 Bmag0749-GBM1475 标记区间内, 可解释 6.22%~8.13% 的表型变异。第 3 号染色体上的 *qPM-3Ha* 仅在第三期检测到, 位于 EBmac0705-HVLTPPB.2 标记区间内, 可解释 3.97% 的

表型变异。第 4 号染色体上的 *qPM-4Ha* 在 3 个调查时期均被检测到, 位于 EBmac0906-HVM68 标记区间内, 可解释 23.07%~32.09% 的表型变异;*qPM-4Hb* 仅在第三期检测到, 位于 GBM1388-HDAMYB 标记区间内, 可解释 13.34% 的表型变异。*qPM-2Ha*、*qPM-4Ha* 及 *qPM-2Hb* 的加性效应均为负值, 说明其白粉病抗性基因均来源于抗病亲本 Gairdner;*qPM-3Ha* 和 *qPM-4Hb* 的加性效应均为正值, 说明其白粉病抗性基因来源于感病亲本扬饲麦 1 号。

表 5 大麦白粉病抗性 QTLs 在染色体上的位置及效应分析
Table 5 The chromosome positions and effects analysis of barley powdery mildew resistance QTLs

时期 Stage	QTLs	染色体 Chr.	位置 Positions/cM	连锁区间 Interval	LOD 值 LOD value	贡献率 $R^2/\%$	加性效应 ADD
第一期 Stage I	<i>qPM-2Ha</i>	2	103.53	Bmag0711-AWBMS56	5.64	10.09	-0.35
	<i>qPM-2Hb</i>	2	206.75	Bmag0749-GBM1475	4.64	8.13	-0.28
	<i>qPM-4Ha</i>	4	34.67	EBmac0906-HVM68	11.85	23.07	-0.49
第二期 Stage II	<i>qPM-2Ha</i>	2	103.53	Bmag0711-AWBMS56	4.55	7.48	-0.35
	<i>qPM-2Hb</i>	2	206.75	Bmag0749-GBM1475	3.77	6.22	-0.28
	<i>qPM-4Ha</i>	4	34.67	EBmac0906-HVM68	16.22	32.09	-0.66
第三期 Stage III	<i>qPM-2Ha</i>	2	103.53	Bmag0711-AWBMS56	8.14	12.50	-0.51
	<i>qPM-3Ha</i>	3	20.68	EBmac0705-HVLTPPB.2	2.79	3.97	0.25
	<i>qPM-4Ha</i>	4	34.67	EBmac0906-HVM68	17.11	30.38	-0.72
	<i>qPM-4Hb</i>	4	112.13	GBM1388-HDAMYB	7.99	13.34	0.47

3 讨论

大麦白粉病是由布氏白粉菌属大麦专化型活体寄生菌引起的真菌病害, 其流行程度主要与寄主抗病性、气候条件、栽培措施等密切相关^[5,15]。寄主抗病性一方面取决于是否具有抗病基因, 另一方面也受株型和群体结构的影响, 如抗病品种病菌形成缓慢, 且发病轻; 叶片直立生长、长且窄的品种通常发病也较轻^[20]。此外, 白粉病发病程度受温度、湿度、光照等气候条件影响较大^[20]。白粉病发生适温为 15~20℃, 低于 10℃ 时发病缓慢, 低于 0℃ 或高于 28℃ 不发病; 高湿条件有利于发病, 相对湿度大于 70% 有可能引起病害流行; 白粉病病菌的分生孢子对直射阳光较敏感, 散射光有利于病害发生^[20-21]。播种量大, 田间植株密度大会加重白粉病^[22]。若施用氮肥过多, 会造成植株贪青、徒长等利于白粉病的发生^[22]; 而水肥不足、土壤干旱、植株生长衰弱、抵抗力低也利于该病发生^[20]。本研究中

亲本和 DH 群体在 3 个调查时期白粉病发病程度呈逐渐加重的趋势, 这与发病期间气温逐渐上升、雨水匀和利于白粉菌侵染大麦相关。

大麦白粉病一般表现为多基因控制的数量性状, 同时受环境及基因与环境互作的影响^[10]。目前, 已有部分大麦白粉病抗性 QTLs 被定位^[23-24]、克隆^[25-26]并应用于大麦品种改良^[27-28]。本研究检测到的部分 QTLs 与已报道的基因可能是等位基因或同一基因, 如 *qPM-2Ha* 在染色体上的位置与 Hilbers 等^[29] 利用 Ris03S×Sultan 和 Alf×Vogelsanger Gold 2 构建的 2 套 DH 群体定位到的位于 RFLP 分子标记 cMWG660 与 MWG97 之间的抗白粉病基因 *MLa* 位置相近, 表明其可能是 *MLa* 的等位基因。*qPM-4Ha* 的位置与 Görg 等^[30] 利用大麦近等基因系定位到与 RFLP 分子标记 MWG032 共分离的抗白粉病基因 *Mlg* 位置相近, 即其可能是 *Mlg* 的等位基因。Hinze 等^[31] 利用 6 个不同基因型的大麦品种构建的回交群体定位到第 4 号染色体上, 与 RFLP 分子标记 bAL88/2 共分离的抗白粉病基

因 *mlo*, *qPM-4Hb* 与 *mlo* 位置相近,可能是其等位基因。第 2 号染色体上 *qPM-2Hb* 和第 3 号染色体上 *qPM-3Ha* 所在区域至今没有相关的白粉病 QTL 报道,可能是新的抗大麦白粉病 QTL 位点,但尚需进一步验证。

4 结论

本研究共检测到 5 个与大麦白粉病抗性相关的 QTLs,其中 *qPM-2Ha*、*qPM-4Ha* 和 *qPM-4Hb* 与已报道的基因可能是等位基因或同一基因,位于第 2 号染色体上 *qPM-2Hb* 和位于第 3 号染色体上 *qPM-3Ha* 所在区域目前尚没有相关的白粉病抗性位点报道,可能是新的抗大麦白粉病 QTL 位点。本研究结果为大麦白粉病抗性 QTL 的发掘、基因精细定位、基因克隆和分子标记辅助选择育种奠定了一定的理论基础。

参考文献:

- [1] Hua W, Zhang X Q, Zhu J H, Yang J M. A study of genetic diversity of colored barley (*Hordeum vulgare* L.) using SSR markers [J]. Genetic Resources and Crop Evolution, 2015, 62(3): 395-406
- [2] 栾海业, 臧慧, 沈会权, 张英虎, 乔海龙, 陶红, 陈健, 陈和. 大麦白化颖壳突变体的转录组学分析[J]. 核农学报, 2017, 31(12): 2332-2339
- [3] Jensen H R, Dreiseitl A, Sadiki M, Schoen D J. High diversity, low spatial structure and rapid pathotype evolution in Moroccan populations of *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* [J]. European Journal of Plant Pathology, 2013, 136(2): 323-336
- [4] Zhu J H, Wang J M, Jia Q J, Yang J M, Zhou Y J, Lin F, Hua W, Shang Y. Pathotypes and genetic diversity of *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* in the winter barley regions in China [J]. Journal of Integrative Agriculture, 2010, 9(12): 1787-1798
- [5] 陈升位, 王楠, 陈疏影, 刘新友, 吴细权, 郭华春. 不同大麦品种的白粉病抗性鉴定和生态适应性评价[J]. 麦类作物学报, 2013, 33(3): 600-603
- [6] 黄金堂, 郭媛贞, 陈德禄, 许国诚, 陈炳坤. 我国栽培大麦白粉病抗性特点分析[J]. 麦类作物学报, 2002, 22(1): 80-83
- [7] Backes G, Madsen L H, Jaiser H, Stougaard J, Herz M, Mohler V, Jahoor A. Localisation of genes for resistance against *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* and *Puccinia graminis* in a cross between a barley cultivar and a wild barley (*Hordeum vulgare* ssp. *spontaneum*) line [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2003, 106(2): 353-362
- [8] Giese H. Powdery mildew resistance genes in the *Mla* and *MLk* regions on barley chromosome 5 [J]. Hereditas, 2009, 95(1): 51-62
- [9] 严秀析. 大麦对大麦白粉病菌抗性遗传的初步研究[J]. 植物病理学报, 1996(1): 24-24
- [10] 俞志隆, 黄培忠. 大麦遗传与改良 [M]. 上海: 上海科学技术出版社, 1994: 321-334
- [11] 黄金堂. 大麦白粉病抗性的遗传分析 [J]. 麦类作物学报, 2011, 31(1): 35-40
- [12] Chelkowski J, Tyrka M, Sobkiewicz A. Resistance genes in barley (*Hordeum vulgare* L.) and their identification with molecular markers [J]. Journal of Applied Genetics, 2003, 44(3): 291-309
- [13] Weibull J, Walther U, Sato K, Habekuß A, Kopahnke D, Proeseler G. Chapter 8 Diversity in Resistance to Biotic Stresses [M]. Japan: Developments in Plant Genetics and Breeding, 2003: 143-178
- [14] 韩德俊, 李振岐, 曹莉, 陈耀锋. 大麦抗白粉病基因 *Mlo* 的研究进展 [J]. 西北植物学报, 2003, 23(3): 496-502
- [15] 朱靖环, 周益军, 杨建明. 大麦白粉病菌遗传学研究进展 [J]. 植物保护学报, 2014, 41(1): 109-117
- [16] Li H B, Zhou M X. Quantitative trait loci controlling barley powdery mildew and scald resistances in two different barley doubled haploid populations [J]. Molecular Breeding, 2011, 27(4): 479-490
- [17] 王建康. 数量性状基因的完备区间作图方法 [J]. 作物学报, 2009, 35(2): 239-245
- [18] 李慧慧, 张鲁燕, 王建康. 数量性状基因定位研究中若干常见问题的分析与解答 [J]. 作物学报, 2010, 36(6): 918-931
- [19] McCouch S R, Cho Y G, Yano P E, Blinstrub M, Morishima H, Kinoshita T. Report on QTL nomenclature [J]. Rice Genet Newslett, 1997, 11(14): 11-13
- [20] 李韬. 小麦白粉病小种特异抗性新基因 *Pm-M53* 的遗传分析 [D]. 扬州: 扬州大学, 2005
- [21] 陈厚德, 王彰明, 李清哈, 华松林. 大麦白粉菌无性阶段生物学特性研究 [J]. 大麦与谷类科学, 1987(4): 30-37
- [22] 杜娟, 王建军, 曾亚文, 杨涛, 普晓英, 杨树明. 高密度高氮肥对大麦白粉病抗病性及产量性状的影响 [J]. 浙江农业学报, 2011, 23(1): 117-121
- [23] Heun M. Mapping quantitative powdery mildew resistance of barley using a restriction fragment length polymorphism map [J]. Genome, 2011, 35(6): 1019-1025
- [24] Silvar C, Dhif H, Igartua E, Kopahnke D, Gracia M P, Lasa J M, Ordon F, Casas A M. Identification of quantitative trait loci for resistance to powdery mildew in a Spanish barley landrace [J]. Molecular Breeding, 2010, 25(4): 581-592
- [25] Büschges R, Hollricher K, Panstruga R, Simons G, Wolter M, Frijters A, van Daelen R, van der Lee T, Diergaarde P, Groenendijk J, Töpsch S, Vos P, Salamini F, Schulze-Lefert P. The barley *Mlo* gene: a novel control element of plant pathogen resistance [J]. Cell, 1997, 88(5): 695-705
- [26] Halterman D, Zhou F, Wei F, Wise R P, Schulze-Lefert P. The *MLA6* coiled-coil, NBS-LRR protein confers *AvrMla6*-dependent resistance specificity to *Blumeria graminis* f. sp. *hordei* in barley and wheat [J]. Plant Journal, 2001, 25(3): 335-348
- [27] 黄金堂, 李清华, 陈海玲. 大麦种质资源白粉病抗性鉴定与应用 [J]. 植物遗传资源学报, 2008, 9(1): 101-104
- [28] Zhou F, Schulze-Lefert P. Cell-autonomous expression of barley *Mla1* confers race-specific resistance to the powdery mildew fungus via a *Rar1*-independent signaling pathway [J]. Plant Cell, 2001, 13

- (2): 337–350
- [29] Hilbers S, Fischbeck G, Jahoor A. Localization of the *Laevigatum* resistance gene *MILa* against powdery mildew in the barley genome by the use of RFLP markers[J]. Plant Breeding, 1992, 109(4): 335–338
- [30] Görg R, Hollricher K, Schulze-Lefert P. Functional analysis and RFLP-mediated mapping of the *Mlg* resistance locus in barley[J]. Plant Journal, 1993, 3(6): 857–866
- [31] Hinze K, Schulze-Lefert P. Restriction fragment length polymorphism-mediated targeting of the *mlo* resistance locus in barley (*Hordeum vulgare* L.)[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 1991, 88(9):3691–3695

Genetic Analysis and QTL Mapping of Resistance to Powdery Mildew in Barley (*Hordeum vulgare* L.)

FEI Xinru^{1,2} ZHU Juan¹ GUO Hui³ GUO Hong² LYU Chao¹ GUO Baojian¹ XU Rugen^{1,*}

(¹ Key Laboratory of Plant Functional Genomics of the Ministry of Education/Co-Innovation Center for Modern Production Technology of Grain Crops/Jiangsu Key Laboratory of Crop Genetics and Physiology/Barley Research Institution of Yangzhou University, Yangzhou, Jiangsu 225009; ²Yandu District Agricultural Science Research Institute, Yancheng, Jiangsu 224011; ³Jiangsu Provincial Agricultural Reclamation and Development Corporation, Nanjing, Jiangsu 210008)

Abstract: In order to explore the inheritance of resistance to barley powdery mildew and locate its resistance QTLs, in the present study, a total of 173 doubled-haploid (DH) lines generated from a cross between a disease-resistant cultivar Gairdner and a susceptible Chinese landrace barley Yangsimai 1 were used to identify the resistance to barley powdery mildew and analyzed its genetic characteristics. A genetic linkage map including 91 pairs of SSR markers with obvious polymorphism between the parents was constructed. QTL mapping for barley powdery mildew was carried out by using the complete interval-additive model (Inclusive Composite Interval-Additive Mapping, ICIM-ADD) method in Windows QTL IciMapping 4.0 software. The results showed that there were abundant genetic variations of barley powdery mildew resistance in the DH population. Five QTLs for the disease index of barley powdery mildew were identified, among which two QTLs (*qPM-2Ha* and *qPM-4Ha*) were detected in all three stages. *qPM-2Ha* was located in the Bmag0711 ~ AWBMS56 interval, explained 7.48% ~ 12.50% of barley powdery mildew resistant variation; *qPM-4Ha* was located in the EBmac0906 ~ HVM68 interval, explained 23.07% ~ 32.09% of barley powdery mildew resistant variation; *qPM-2Hb* was detected in the first and second stages, located in the Bmag0749 ~ GBM1475 interval, explained 6.22% ~ 8.13% of barley powdery mildew resistant variation. *qPM-2Ha*, *qPM-4Ha* and *qPM-2Hb* that enhance the resistance to powdery mildew were derived from Gairdner, the resistant parent, while *qPM-3Ha* and *qPM-4Hb* were derived from the susceptible parent Yangsimai 1. Two putative QTLs, *qPM-2Hb* and *qPM-3Ha* likely represent new loci for barley powdery mildew resistance. The results have laid a foundation for further exploration, fine mapping, gene cloning and molecular-marker-assisted selection breeding of barley powdery mildew.

Keywords: barley, DH population, barley powdery mildew, QTL mapping