

应用单体分析法对三个冬小麦品种(系) 进行抗白粉基因定位的研究*

李文胜** 唐伯让 沈克全 夏先春 杨作民

(中国农业大学植物科学技术学院,北京 100094)

摘要: 用单体分析法对3个冬小麦品种(系)进行了基因定位研究。结果表明:小白冬麦和复壮30对白粉病的抗性,分别由1个位于1A染色体、1个位于4D染色体上的隐性基因所控制。由于1A染色体上的两个已知Pm基因Pm3和Pm17的苗期抗性均不如小白冬麦的强,也由于已知Pm基因中没有位于4D染色体上者,故认为小白冬麦和复壮30所含隐性抗白粉基因可能是新的Pm基因。结果还表明,Fr81-8所含抗白粉基因很可能是Pm4b。对于关键组合F₂抗感分离比例偏离97:3标准比例的原因亦作了分析。

关键词: 小麦; 白粉病; 单体分析; Pm基因; 抗源多样化

中图分类号: S332.2; S432.21

小麦白粉病是威胁小麦稳产的重要病害之一。目前我国应用的白粉病抗源很少,生产上大多数品种所含有的Pm8基因已经失效。育种家正在使用的后备抗源也很有限,一般只有Pm2, Pm4, Pm6等。为了抗源多样化,寻找并使用新的白粉病抗源实为当务之急。

据多年观察鉴定,小白冬麦,复壮30和Fr81-8苗期和成株期均抗当前优势小种^[1]。为了研究其抗病基因的染色体位置,以判断它们是否是新的抗病基因,特采用单体分析对它们进行测定。

1 材料和方法

试验于1991年秋至1994年冬在中国医学科学院药物研究中心试验地及本校温室进行。供试材料三个:小白冬麦,由中国农科院植保所提供,是新疆景化农家品种的改良种;复壮30,由中国农科院品资所提供,陕西泾惠农场从泾惠30品种中系统选育而成,泾惠30的系谱为礼泉和尚头/华县气死风;Fr81-8引自法国,系谱为Novisad 138/4/(4) *Aegilops Ventricosa/Triticum Persicum/2/Marne * 3/3/Moisson*。三材料历年抗白粉病鉴定结果表明,苗期与成株期均为高抗型(表1)。

试验用单体系统为诺维萨特早熟一号(Novosadska Rana 1, 简称NSR-1)单体系(北京农业大学沈克全1983年从南斯拉夫引入)是由“中国春”单体系统与NSR-1杂交转育而成。NSR-1的亲本为:Bezostaia 1, NS-626, Mironovskaia 808和NS-435。该单体系列中秆、冬性、成熟期适中,宜在华北地区使用。舒文华^[2]等已成功利用它进行了抗条、叶锈基因的定位。

鉴定用菌种是由中国农科院植保所提供的15号生理小种分离出的单孢菌系。经接种试验核查其抗谱与原小种抗谱符合。

收稿日期:1995-07-19

*八五攻关、国家自然科学基金和北京市科委资助项目。 **我校94届硕士研究生,现为中国科学院遗传所博士生。

表1 小白冬麦、复壮30和Fr81-8历年抗白粉病鉴定结果(菌种:15号小种)

Table 1 Results of seedling and adult plant tests of Little White Winter, Fuzhuang 30 and Fr81-8 in different years(Race 15)

材料 Material	鉴定年代 Year								
	1989~1990		1990~1991		1991~1992		1992~1993		
	S*	A	S	A	S	A	S	A	
小白冬麦 Little White Winter		0	0	0	0	0	0	0	0
复壮30 Fuzhuang 30			0	0	0	0	0	0	0
Fr81-8	0	0	0	0	0	0	0	0	0

*“S”指苗期鉴定结果,“A”指成株期鉴定结果。 “S”=Seedling response, “A”=Adult plant response.

试验方法是以NSR-1双体和21个NSR-1单体系为母本,以小白冬麦、复壮30和Fr81-8为父本,分别进行杂交,得到三套F₁材料。经细胞学鉴定后保留单体。第二年将各F₁单体植株套袋自交,所得种子于第三年在温室进行苗期抗病性鉴定。鉴定出的F₂代分离比例进行卡方检验。

细胞学鉴定单体的方法采用张玉兰的花粉母细胞减数分裂观察方法。于上午9~11时从田间采取旗叶与倒2叶间距4~5cm的幼穗,在Carnoy氏固定液中固定,24h后换入70%酒精,于0~4℃下保存。镜检时,用卡宝品红染色,在显微镜下找到中期I分裂相,当花粉母细胞分裂相中出现相当多的游离或落后单价染色体时,该材料即为单体。

温室苗期抗病性鉴定依常规方法进行。记载标准分为0,1,2,3,4共五级。

2 结果与分析

2.1 小白冬麦抗白粉基因的单体分析 双体NSR-1,小白冬麦,双体NSR-1/小白冬麦及NSR-1单体系/小白冬麦F₁代和F₂代对白粉菌15号小种的抗性反应分别见表2,3。从表2可见,双体NSR-1对15号小种表现高感,小白冬麦表现高抗。在双体NSR-1/小白冬麦及

表2 双体NSR-1/小白冬麦和21个NSR-1单体系/小白冬麦F₁代对白粉菌15号小种的抗性反应Table 2 Responses of the F₁'s of NSR-1/Little White Winter and 21 monosomics/LWW to powdery mildew race 15

材料 Material	鉴定株数 No. of pts tested	侵染型分布 Distribution of responses					材料 Material	鉴定株数 No. of pts tested	侵染型分布 Distribution of responses					
		0	1	2	3	4			0	1	2	3	4	
双体NSR-1	20				20		单体3B/小白	7					7	
小白冬麦	17	17					单体4B/小白	4					4	
双体NSR-1/小白	15				15		单体5B/小白	9					9	
单体1A/小白	8	5	2		1*		单体6B/小白	4					4	
单体2A/小白	17				17		单体7B/小白	8					8	
单体3A/小白	5				5		单体1D/小白	6				5	1	
单体4A/小白	7				7		单体2D/小白	13				12	1	
单体5A/小白	20			1*	17	2	单体3D/小白	2				2		
单体6A/小白	10				10		单体4D/小白	3				3		
单体7A/小白	6				6		单体5D/小白	25				20	4	
单体1B/小白	5				5		单体6D/小白	8				8		
单体2B/小白	12				10	2	单体7D/小白	7				7		

*可能为生物混杂 Probably mixture

21个NSR-1单体系/小白冬麦组合中,只有NSR-1单体1A/小白冬麦 F_1 代表现高抗,其他20个单体组合 F_1 代均表现高感。说明小白冬麦的抗性为隐性基因控制,也说明该基因可能位于1A染色体上。

从表3可见,双体NSR-1/小白冬麦与20个NSR-1单体系/小白冬麦组合 F_2 ,对15号小种的抗感反应明显地趋向两极,抗感反应分界线似乎在1,2级之间。若依此划分抗、感个体,其分离比例大体接近1:3,只有单体1A/小白冬麦的分离比例大大偏离1:3。说明小白冬麦抗白粉病基因属隐性遗传,可能位于1A染色体上,与 F_1 代结果相符。但单体1A/小白冬麦的分离比例不符合97:3,原因有待进一步研究。

表3 双体NSR-1和21个NSR-1单体系与小白冬麦杂交 F_2 代群体对白粉菌15号生理小种的抗感分离比例

Table 3 Segregation of the responses of the F_2 individuals of NSR-1/LWW and 21 monosomics/LWW to powdery mildew race 15

材 料 Material	鉴定株数 No. of pts tested	植株按侵染型的次数分布 Distribution of responses					观测比例* O. ratio		预期比例 E. ratio		卡方 X^2	P 值 P-value
		0	1	2	3	4	R	S	R	S		
							R : S		R : S			
双体 NSR-1/小白	115	30	1	5	50	29	31	84	1 : 3	0.143	0.25~0.50	
单体 1A/小白	111	39	42	20	4	6	81	30	97 : 3	212.028	极小	
单体 2A/小白	106	28	0	3	49	26	28	78	1 : 3	0.015	0.75~0.09	
单体 3A/小白	97	24	0	3	40	30	24	73	1 : 3	0.004	0.90~0.95	
单体 4A/小白	106	28	0	14	46	18	28	78	1 : 3	0.015	0.75~0.90	
单体 5A/小白	97	28	1	25	36	7	29	68	1 : 3	0.993	0.25~0.50	
单体 6A/小白	103	26	5	8	20	44	31	72	1 : 3	1.168	0.25~0.50	
单体 7A/小白	114	28	1	30	12	43	29	86	1 : 3	0	极大	
单体 1B/小白	114	28	2	28	30	26	30	84	1 : 3	0.047	0.75~0.90	
单体 2B/小白	112	25	1	9	14	63	26	85	1 : 3	0.107	0.50~0.75	
单体 3B/小白	111	22	1	20	20	48	23	88	1 : 3	0.868	0.25~0.50	
单体 4B/小白	117	29	3	11	24	50	32	85	1 : 3	0.231	0.50~0.75	
单体 5B/小白	115	25	0	0	45	45	25	90	1 : 3	0.489	0.25~0.50	
单体 6B/小白	122	26	0	12	22	62	26	96	1 : 3	0.699	0.25~0.50	
单体 7B/小白	109	30	2	13	41	23	32	77	1 : 3	0.884	0.25~0.50	
单体 1D/小白	108	32	2	8	30	36	34	74	1 : 3	2.087	0.10~0.25	
单体 2D/小白	107	29	2	7	22	47	31	71	1 : 3	0.701	0.25~0.50	
单体 3D/小白	101	24	10	15	11	41	34	67	1 : 3	3.595	0.05~0.10	
单体 4D/小白	111	26	9	31	17	28	35	76	1 : 3	2.189	0.10~0.25	
单体 5D/小白	112	29	11	16	22	34	40	72	1 : 3	6.297	0.01~0.03	
单体 6D/小白	105	30	9	10	17	39	39	66	1 : 3	7.623	0.005~0.01	
单体 7D/小白	109	24	11	17	22	35	35	74	1 : 3	2.572	0.10~0.25	

*“R”:0~1级,“S”:2~4级

$X^2_{0.05,1}=3.84$ 。单体1A/小白冬麦 F_2 群体按97:3的 X^2 值为212.028,不符合97:3的标准比例。

2.2 复壮30抗白粉基因的单体分析 双体NSR-1、复壮30,双体NSR-1/复壮30及21个NSR-1单体系/复壮30组合的 F_1 及 F_2 代对白粉菌15号小种的抗性反应分别见表4,5。从表4可见,双体NSR-1高感,复壮30高抗,在双体NSR-1/复壮30和21个NSR-1单体系/复壮30组合中,只有NSR-1单体4D/复壮30的 F_1 组合出现较多高抗个体,其他组合对15号小种均表现感染。说明复壮30的抗性为隐性遗传,抗病基因可能位于4D染色体上。

表4 双体NSR-1/复壮30和21个NSR-1单体系/复壮30 F₁代对白粉菌15号生理小种的抗性反应Table 4 Responses of the F₁'s of NSR-1/Fuzhuang 30 and 21 monosomics/F. 30 to powdery mildew race 15

材料 Material	鉴定株数 No. of pts tested	侵染型分布 Distribution of responses					材料 Material	鉴定株数 No. of pts tested	侵染型分布 Distribution of responses						
		0	1	2	3	4			0	1	2	3	4		
双体NSR-1	21				21		单体3B/复	11				11			
复壮30	18	18					单体4B/复	14				14			
双体NSR-1/复	25				25		单体5B/复	17				14	3		
单体1A/复	20				17	3	单体6B/复	25	2*			19	4		
单体2A/复	20			19	1		单体7B/复	12				12			
单体3A/复	21				21		单体1D/复	14				10	4		
单体4A/复	18	1*			17		单体2D/复	19				17	2		
单体5A/复	18				18		单体3D/复	30				30			
单体6A/复	23				20	3	单体4D/复	16	6	4		6			
单体7A/复	15	1*			14		单体5D/复	27				20	7		
单体1B/复	13				13		单体6D/复	13				13			
单体2B/复	28				25	3	单体7D/复	19				19			

*可能为生物学混杂 Probably mixture

表5 双体NSR-1和21个NSR-1单体系与复壮30杂交后代群体对白粉菌15号生理小种的抗感分离比例

Table 5 Segregation of the responses of the F₂ individuals of NSR-1/F. 30 and 21 monosomics/F. 30 to powdery mildew race 15

材料 Material	鉴定株数 No. of pts tested	植株按侵染型的次数分布 Distribution of responses					观测比例* O. ratio		期测比例 E. ratio		卡方 X ²	P值 P-value
		0	1	2	3	4	R	S	R	S		
双体NSR-1/复	102	26	0	2	71	3	26	76	1	3	0	极大
单体1A/复	98	28	0	5	60	5	28	70	1	3	0.489	0.25~0.50
单体2A/复	114	26	0	10	63	15	26	88	1	3	0.187	0.50~0.75
单体3A/复	117	34	0	4	68	11	34	83	1	3	0.824	0.25~0.50
单体4A/复	115	32	1	14	64	4	33	82	1	3	0.652	0.25~0.50
单体5A/复	107	26	0	3	68	10	26	81	1	3	0.024	0.75~0.90
单体6A/复	108	30	0	4	74	0	30	78	1	3	0.083	0.50~0.75
单体7A/复	106	23	0	4	70	9	23	83	1	3	0.453	0.50
单体1B/复	103	26	0	11	61	0	26	77	1	3	0.003	极大
单体2B/复	95	26	0	3	63	3	26	69	1	3	0.172	0.50~0.75
单体3B/复	96	30	0	9	52	5	30	66	1	3	1.680	0.10~0.25
单体4B/复	101	27	1	5	64	4	28	73	1	3	0.267	0.50~0.75
单体5B/复	97	23	1	10	52	11	24	73	1	3	0.004	极大
单体6B/复	95	19	0	16	59	1	19	76	1	3	0.015	0.25~0.50
单体7B/复	98	28	0	11	52	7	28	70	1	3	0.489	0.25~0.50
单体1D/复	107	26	0	5	71	5	26	81	1	3	0.003	极大
单体2D/复	109	30	0	0	71	8	30	79	1	3	0.248	0.50~0.75
单体3D/复	99	22	1	14	59	4	23	76	1	3	0.084	0.25~0.05
单体4D/复	91	54	28	1	1	7	82	9	97	3	12.572	机率小
单体5D/复	94	18	2	24	50	0	20	74	1	3	0.511	0.25~0.50
单体6D/复	98	28	0	47	21	2	28	70	1	3	0.489	0.25~0.50
单体7D/复	100	26	0	17	57	0	26	74	1	3	0.013	0.90~0.95

*“R”:0~1级,“S”:2~4级 X² 0.05, 1=3.84

从表5可见,双体NSR-1/复壮30与20个NSR-1单体/复壮30组合 F_2 ,对15号小种的抗感分界线亦在1,2级之间,共抗感分离比例为1:3,说明复壮30的抗病性亦为隐性单基因决定。单体4D/复壮30的分离比例大大偏离1:3而接近97:3,说明其抗病基因可能位于4D染色体上,与 F_1 结果相符。但其抗感分离比例亦不符合97:3的标准比例,原因有待进一步探讨。

单体4D/复壮30 F_2 群体按97:3的 X^2 值为12.572,不符合97:3的标准比例。

2.3 Fr81-8抗白粉基因的单体分析 双体NSR-1、Fr81-8,双体NSR-1/Fr81-8及NSR-1单体系/Fr81-8的 F_1 和 F_2 代对白粉菌15号小种的抗性反应分别见表6,7。从表6可见,双体NSR-1对15号小种高感,Fr81-8表现高抗。在双体NSR-1/Fr81-8及NSR-1单体系/Fr81-8组合均一致表现高抗。说明Fr81-8的抗性为显性遗传,但抗病基因的染色体位置须根据 F_2 分离比例方能确定。

表6 双体NSR-1/Fr81-8和21个NSR-1单体系/Fr81-8 F_1 代对白粉菌15号小种的抗性反应

Table 6 Responses of the F_1 's of NSR-1/Fr81-8 and 21 monosomics/Fr81-8 to powdery mildew race 15

材 料 Material	鉴定株数 No. of pts tested	侵染型分布 Distribution of responses					材 料 Material	鉴定株数 No. of pts tested	侵染型分布 Distribution of responses					
		0	1	2	3	4			0	1	2	3	4	
双体 NSR-1	18				18		单体 3B/Fr	12	12					
Fr81-8	19	19					单体 4B/Fr	9	9					
双体 NSR-1/Fr	20	20					单体 5B/Fr	6	6					
单体 1A/Fr	4	4					单体 6B/Fr	5	5					
单体 2A/Fr	3	3					单体 7B/Fr	2	2					
单体 3A/Fr	5	5					单体 1D/Fr	4	4					
单体 4A/Fr	6	6					单体 2D/Fr	8	8					
单体 5A/Fr	4	4					单体 3D/Fr	2	2					
单体 6A/Fr	5	5					单体 4D/Fr	6	6					
单体 7A/Fr	7	7					单体 5D/Fr	9	9					
单体 1B/Fr	9	9					单体 6D/Fr	12	12					
单体 2B/Fr	10	10					单体 7D/Fr	11	11					

从表7可见,双体NSR-1/Fr81-8与20个NSR-1单体系/Fr81-8组合 F_2 ,对15号小种的抗感分界线在2,3级之间。据此划分抗感个体,可见双体NSR-1/Fr81-8及20个NSR-1单体/Fr81-8组合 F_2 代,抗感分离比例均符合3:1,只有2A单体系/Fr81-8组合 F_2 代抗感分离比例极大地偏离3:1,高度符合97:3的标准分离比例,说明其抗白粉基因位于2A上,且呈显性遗传。

单体2A/Fr81-8 F_2 群体按97:3比例测定极符合。

3 讨论

①小麦白粉病侵染型抗感类型的划分,一般在2,3级之间,即将0~2级划为抵抗型,3~4级划为感染型。本文则采用了较为灵活的方式,即将抗感类型分界线,划在 F_2 群体分布中株数最少的地方,似乎更为合理。至于抗感峰值之所以从4级前移至3级,很可能与存在微效基因有关。

表7 双体NSR-1和21个NSR-1单体系与Fr81-8杂交F₂代对白粉菌15号生理小种的抗感分离比例Table 7 Segregation of the F₂ individuals of NSR-1/Fr81-8 and 21 monosomics/Fr 81-8 to powdery mildew race 15

材料 Material	鉴定株数 No. of pts tested	植株按侵染型的次数分布 Distribution of responses					观测比例* O. ratio		期测比例 E. ratio	卡方 X ²	P值 P-value	
		0	1	2	3	4	R	S	R : S			
双体NSR-1/Fr	115	83	0	0	2	30	83	32	3 : 1	0.351	0.50~0.75	
单体1A/Fr	119	53	22	15	2	27	90	29	3 : 1	0.003	极大	
单体2A/Fr	108	98	6	0	1	3	104	4	97 : 3	0.022	极大	
单体3A/Fr	118	68	12	5	3	30	85	33	3 : 1	0.407	0.50~0.75	
单体4A/Fr	116	56	33	0	27	0	89	27	3 : 1	0.103	0.50	
单体5A/Fr	86	60	3	1	1	21	64	22	3 : 1	0	极大	
单体6A/Fr	102	38	28	7	0		29	73	29	3 : 1	0.471	0.25~0.50
单体7A/Fr	105	80	0	0	2	23	80	25	3 : 1	0.029	0.90	
单体1B/Fr	100	61	10	2	7	20	73	27	3 : 1	0.121	0.50~0.75	
单体2B/Fr	105	73	4	3	2	23	80	25	3 : 1	0.029	0.75~0.90	
单体3B/Fr	95	52	9	9	0	25	70	25	3 : 1	0.031	0.75~0.90	
单体4B/Fr	92	36	23	9	11	13	68	24	3 : 1	0.014	0.90~0.95	
单体5B/Fr	94	44	24	0	2	24	68	26	3 : 1	0.227	0.50~0.75	
单体6B/Fr	108	78	1	0	2	27	79	29	3 : 1	1.111	0.50~0.75	
单体7B/Fr	77	54	1	1	0	21	56	21	3 : 1	0.181	0.50~0.75	
单体1D/Fr	108	69	8	4	2	25	81	27	3 : 1	0.012	极大	
单体2D/Fr	110	77	8	0	19	6	85	25	3 : 1	0.194	0.50~0.75	
单体3D/Fr	105	67	5	10	3	20	82	23	3 : 1	0.384	0.50~0.75	
单体4D/Fr	106	68	10	6	7	15	84	22	3 : 1	0.805	0.25~0.75	
单体5D/Fr	90	37	30	2	18	3	69	21	3 : 1	0.059	0.75~0.90	
单体6D/Fr	108	45	33	0	4	26	78	30	3 : 1	0.309	0.50~0.75	
单体7D/Fr	101	49	16	7	0	29	72	29	3 : 1	0.558	0.25~0.75	

*“R”:0~2级,“S”:3~4级 X² 0.05, 1=3.48

②小白冬麦和复壮30在抗性的显隐性和关键单体组合上,F₁和F₂代结果一致。但关键组合的抗感分离比例不符合97:3,其原因可能与我们去雄时不够十分严格,以致个别小花自交或被外来花粉沾染,致使F₂代感染植株增多。这种个别增多虽然对1:3的分离影响不大,但对抗感悬殊的97:3的分离比例却有很大干扰,致使X²值大增。因此,我们认为1A单体系/小白冬麦和4D单体系/复壮30组合的F₂代分离比例虽不符合97:3,令人遗憾,但从总的趋势看,这种干扰显然不能全盘否定F₁,F₂代的共同结果。仍然表明1A单体系和4D单体系是关键单体系。

③试验结果表明,小白冬麦的抗白粉基因位于1A染色体上;复壮30的位于4D染色体上。从已知Pm基因位点看,位于1A染色体上的有Pm3和Pm17。从我校历年抗性鉴定结果看,含有Pm3a,3b,3c等的材料大多苗期对15号小种表现3级以上感染,Pm17苗期为1-2级,而小白冬麦苗期一直表现0级。此外,已知Pm基因中没有一个是位于4D染色体上^[3]。因此,小白冬麦和复壮30所含隐性抗白粉基因,均可能是新的Pm基因。

试验结果也表明,Fr81-8的显性抗白粉基因位于2A染色体上,且Fr81-8又含有VPMM血缘,因此所含抗白粉基因很可能是来自波斯小麦的Pm4b基因。

④司权民等^[4]认为小白冬麦的抗白粉基因为一对显性基因控制。向齐君等^[5]认为由一对隐性基因控制。本试验结果与向齐君等结论一致。

上述三个品种(系)抗白粉基因的测定,尤其是小白冬麦、复壮30新基因的鉴定,将对品种抗源多样化有积极意义^[6]。

参 考 文 献

- 1 唐伯让. 小麦抗白粉病资源的筛选及几个抗源F₁代的抗性表现. 北京农业大学学报, 1993, 19(4): 1~4
- 2 舒文华等. 抗条锈小麦品系绿七轴和抗叶锈小麦品种 Yantar 的抗病基因定位研究. 作物学报, 1990, 16(4): 289~297
- 3 McIntosh R A et al. Catalogue of gene symbols for wheat. Proc. 8th Genetic Sym, 1993, Beijing, China, 1333~1451
- 4 司权民等. 小麦白粉病菌生理小种鉴定. 中国农业科学, 1987, 20(5): 64~70
- 5 向齐君等. 对小麦白粉病菌生理小种三个鉴别寄主的抗性基因分析(待发表)
- 6 杨作民等. 小麦抗病育种的战略问题——小麦对锈病、白粉病二线抗源的建立和应用. 作物学报, 1994, 20(4): 385~394

Determination of the Chromosome Locations of the Mildew Resistance Genes of Three Winter Wheat Varieties (Lines) with Monosomic Analysis

Li Wensheng Tang Borang Shen Kequan Xia Xianchun Yang Zuomin
(College of Plant Science and Technology, CAU, Beijing 100094)

Abstract: The chromosome locations of the mildew resistance genes of 3 winter wheat varieties (lines) were studied with monosomic analysis. The results indicated that the mildew resistance of Little White Winter and Fuzhuang 30 were conferred each by a recessive mildew resistance gene located on chromosomes 1A and 4D respectively. Since neither the seedling reaction of Pm3, nor that of Pm17, both located on chromosome 1A, were as resistant as that of Little White Winter; and since none of the known Pm genes were located on chromosome 4D, the recessive mildew resistance genes of Little White Winter and Fuzhuang 30 were suggested to be new Pm genes. The mildew resistance gene of Fr81-8 was found located on chromosome 2A. This chromosome location, together with the pedigree that involves VPMM, indicated that the dominant mildew resistance gene carried by Fr81-8 is presumably Pm 4b. The reason of the deviation from the standard segregating ratio of the critical combinations, 97 : 3, was also discussed.

Key words: wheat; powdery mildew; monosomic analysis; Pm gene; diversification of sources of resistance