

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2010.01126

28 个小麦微核心种质抗叶锈性分析

丁艳红¹ 刘欢¹ 师丽红¹ 温晓蕾² 张娜¹ 杨文香^{1,*} 刘大群^{1,*}

¹ 河北农业大学植物病理学系 / 河北省农作物病虫害生物防治工程技术研究中心 / 国家北方山区农业工程技术研究中心, 河北保定 071001; ² 河北科技师范学院, 河北秦皇岛 066600

摘要: 选取在成株期表现高、中、低抗叶锈性的 28 个小麦微核心种质, 利用 39 个以 Thatcher 为背景的近等基因系(或单基因系)作为已知基因的鉴别寄主, 接种 8 个小麦叶锈菌致病型进行苗期抗叶锈基因推导, 结合成株期抗病鉴定, 初步明确了这些品种(系)的抗性和可能携带的抗病基因。利用 19 个与 *Lr* 基因紧密连锁或共分离的分子标记, 对 28 个微核心种质进行抗叶锈病基因的进一步鉴定, 推测新克旱 9 号可能含有 *Lr17*、*Lr2b*、*Lr14a* 和 *Lr33*; 兴义 4 号可能含有 *Lr26*、*Lr36* 和 *Lr37*; 紫皮可能含有 *Lr2b* 和 *Lr34*; 大白皮含有 *Lr1*; 毕红穗含有 *Lr1*、*Lr10* 和 *Lr34*; 中优 9507 含有 *Lr10*; 小白麦、红粒当年老、老麦、蝉不咬、苏麦 3 号和车辋子含有 *Lr1* 和 *Lr34*; 红花早可能含有 *Lr1*、*Lr34*、*Lr14a* 和 *Lr2b*; 江西早、泡子麦、三月黄、有芒扫谷旦、阜阳红、成都光头和酱麦可能含有 *Lr34*; 敦化春麦和甘肃 96 可能含有 *Lr28*; 欧柔可能含有 *Lr34*、*Lr16*、*Lr11*、*Lr3bg* 和 *Lr33*; 此外, 新克旱 9 号、兴义 4 号、红花早、红粒当年老、欧柔、有芒扫谷旦、成都光头、甘肃 96、小红皮、定兴寨、中优 9507 和红冬麦中可能含有未知抗病基因; 在这 28 份种质中, 不含 *Lr9*、*Lr19*、*Lr20*、*Lr21*、*Lr24*、*Lr29*、*Lr35*、*Lr38* 和 *Lr47* 基因。研究结果表明, 测试的微核心种质中含有比较丰富的抗叶锈病基因, 可为育种提供丰富的抗源。

关键词: 抗叶锈病基因; 基因推导; 成株期抗性; 分子标记辅助选择; 小麦微核心种质

Wheat Leaf Rust Resistance in 28 Chinese Wheat Mini-Core Collections

DING Yan-Hong¹, LIU Huan¹, SHI Li-Hong¹, WEN Xiao-Lei², ZHANG Na¹, YANG Wen-Xiang^{1,*}, and LIU Da-Qun^{1,*}

¹ Department of Plant Pathology, Agricultural University of Hebei / Biological Control Center of Plant Diseases and Plant Pests of Hebei Province / National Engineering Research Center for Agriculture in Northern Mountainous Areas, Baoding 071001, China; ² Hebei Normal University of Science & Technology, Qinhuangdao 066600, China

Abstract: Leaf rust of wheat caused by *Puccinia triticina* Eriks. is an important wheat disease worldwide. Application of resistant cultivars is considered as the most economical, environment-friendly, and effective way to control this disease. Wheat (*Triticum aestivum* L.) core collections act as an important germplasm resource for resistance breeding to leaf rust in China. To evaluate the leaf rust resistance of Chinese wheat mini-core collections, we chose 28 accessions with a wide range of leaf rust reaction (R, SR, MS, and S) were chosen for resistance identification in seedling and adult stages and gene postulation. Thirty-nine near isogenic lines (or single gene lines) in Thatcher background with known leaf rust resistance genes were used as differential hosts. All genotypes were inoculated with eight pathotypes of *P. triticina* at seedling stage. The results indicated that *Lr2b*, *Lr3bg*, *Lr10*, *Lr11*, *Lr14a*, *Lr16*, *Lr17*, *Lr20*, *Lr33*, and some unknown resistance genes might exist in the 28 accessions. As revealed by 19 molecular markers closely that are closely linked or co-segregated with part of the known *Lr* genes, the 28 accessions from wheat mini-core collections were postulated to carry 13 resistance genes, such as *Lr17*, *Lr2b*, *Lr14a*, and *Lr33* in Xinkehan 9; *Lr26*, *Lr36*, and *Lr37* in Xingyi 4; *Lr2b* and *Lr34* in Zipi; *Lr1* in Dabaipi; *Lr1*, *Lr10*, and *Lr34* in Bihongsui; *Lr10* in Zhongyou 9507; *Lr1* and *Lr34* in Xiaobaimai, Hongli Dangnianlao, Laomai, Chanbuzhi, Sumai 3, and Chejianzi respectively, *Lr1*, *Lr34*, *Lr14a*, and *Lr2b* in Honghuazao; *Lr34* in Jiangxizao, Paozimai, Sanyuehuang, Youmang Saogudan, Fuyanghong, Chengdu Guangtou, and Jiangmai; *Lr28* in Dunhua Chunmai and Gansu 96; *Lr34*, *Lr16*, *Lr11*, *Lr3bg*, and *Lr33* in Orofen; Besides, Xinkehan 9, Xingyi 4, Honghuazao, Hongli Dangnianlao, Orofen, Youmang Saogudan, Chengdu Guangtou, Gansu 96, Xiaohongpi, Dingxingzhai, Zhongyou 9507, and Hongdongmai may carry un-known resistance genes to leaf rust. However, the specific bands for *Lr9*, *Lr19*, *Lr20*, *Lr21*, *Lr24*, *Lr29*, *Lr35*, *Lr38*, and *Lr47* can not be detected with the corresponding primers in the 28 accessions. This indi-

本研究由国家“十一五”支撑计划项目(2006BAD08A05)和国家公益性行业(农业)科研专项项目(200903035)资助。

* 通讯作者(Corresponding authors): 杨文香, E-mail: wenxiangyang2003@163.com; 刘大群, E-mail: ldq@hebau.edu.cn

Received(收稿日期): 2010-03-05; Accepted(接受日期): 2010-04-22.

cated that *Lr9*, *Lr19*, *Lr20*, *Lr21*, *Lr24*, *Lr29*, *Lr35*, *Lr38*, and *Lr47* were not present in the 28 accessions. The occurrence degree of leaf rust at adult stage showed that 17 of 28 tested materials may carry slow rusting resistance genes and adult resistance genes. The results also indicated that the resistance genes in response to leaf rust disease is relatively richer in the 28 Chinese wheat mini-core collections, and the Chinese wheat mini-core collections can be applied in breeding programs of leaf rust resistance.

Keywords: Resistance gene to wheat leaf rust; Gene postulation; Adult resistance; Molecular marker-assisted selection; Wheat mini-core collection

由小麦叶锈菌(*Puccinia triticina* Eriks.)引起的小麦叶锈病是小麦生产上的一个重要病害, 严重发生可造成 5%~44%甚至更大的产量损失^[1]。培育和利用抗病品种是病害综合防治中经济有效的关键措施。加强小麦品种及其遗传资源的抗病性研究, 对病害的持续控制、确保小麦安全生产至关重要。

小麦抗叶锈病基因鉴定的方法主要包括常规杂交、染色体定位、基因推导及分子标记等方法。基因推导具有快速、方便的特点, 但往往受环境条件、人为因素及遗传背景的影响, 而分子标记鉴定具有快速、准确、不受环境条件限制的优点, 两种方法相结合有助于准确鉴定小麦品种的抗叶锈性。

目前, 抗叶锈病基因 *Lr1*^[2]、*Lr9*^[3-4]、*Lr10*^[5]、*Lr19*^[6]、*Lr20*^[7]、*Lr21*^[8]、*Lr24*^[9-10]、*Lr26*^[11-12]、*Lr28*^[13]、*Lr29*^[14]、*Lr34*^[15-16]、*Lr35*^[17]、*Lr37*^[18]、*Lr38*^[19] 和 *Lr47*^[20] 的 RFLP、RAPD、AFLP 标记已转化为稳定简便的 STS (sequence tagged site)、SCAR (sequence characterized amplified regions) 等标记, 可以应用于分子辅助鉴定, 为基因的检测开辟了简捷可靠的途径。魏新燕等^[21]用 *Lr35* 的 STS 及 SCAR 标记鉴定了 150 个农家品种, Lukasz 等^[22]用 8 个 STS 等标记鉴定了欧洲 59 个品种, Singh 等^[23]用 *Lr9* 和 *Lr24* 的 STS 标记检测了 10 个品种及其杂交后代, Tyryshkin 等^[24]利用 *Lr9*、*Lr19* 和 *Lr24* 的 STS 标记, 从 55 个俄罗斯普通小麦品种中也鉴定出上述基因的存在。

我国小麦遗传资源丰富, 为便于管理与应用这些遗传资源, 以最小的取样数量、最大程度地代表整个资源的遗传多样性为原则, 构建了小麦核心种质^[25]。因此核心种质可以作为种质资源群体研究和利用的基础。然而, 目前对建成的核心种质的评价研究主要集中在农艺性状遗传多样性的验证等方面, 而分子水平的验证较少。我国的小麦抗叶锈病基因鉴定与定位研究始于 2000 年后, 因此有关小麦核心种质的抗叶锈病基因信息还很匮乏。杨文雄等^[26]对部分核心种质进行了抗条锈病基因 *Yr18/Lr34* 的分子检测, 明确了 *Yr18/Lr34* 在测试材料中的分布, 对于条锈病的抗病育种具有重要的指导意义。我们在前期研究中发现, 在 263 个微核心种质中, 很多材料

在苗期表现高感叶锈病, 到成株期则表现中抗、慢锈到高抗。为探测这些材料抗叶锈病的遗传基础, 选取部分在成株期表现高、中、低抗叶锈性的 28 个小麦微核心种质为代表, 进行苗期及成株期叶锈病抗性鉴定和基因推导, 并利用 19 个与抗叶锈基因紧密连锁的特异性分子标记进行分子辅助鉴定, 旨在明确这些微核心种质的抗叶锈性及所包含的抗叶锈病基因, 为核心种质库的抗叶锈性评价提供基础资料, 同时为抗病育种及源于微核心种质育成品种的合理布局提供重要依据。

1 材料与方法

1.1 植物材料及叶锈菌种

28 个小麦微核心种质包括优质面条品质的资源、水溶性戊聚糖含量高、中类型, 兼具抗白粉病和条锈病且丰产性好, 成株期对小麦叶锈病表现高、中、低抗性的品种, 均由中国农业科学院作物科学研究所贾继增研究员提供。感病对照 Thatcher、郑州 5389 以及 39 个以 Thatcher 为背景的小麦抗叶锈近等基因系(或单基因系)以及 8 个叶锈菌致病类型 THDS、THST、PHGQ、THDN、PHLS、PHQR、PCQR 和 TCGT 均由河北农业大学小麦叶锈病研究中心提供。

1.2 苗期抗病性鉴定及基因推导

将所有小麦材料, 包括成套的鉴别寄主、待测品种(系)以及感病对照 Thatcher 共 68 份, 按顺序播种于 25 cm×40 cm 的铁盘中, 每个材料播种 5~8 粒, 共播种 8 套。待小麦长至第一叶完全展开时, 采用撒粉法接种叶锈病菌, 黑暗保湿 14~16 h 后移入温室内培养 12~14 d。按照 Roelfs 等^[27]提出的 9 级标准进行侵染型鉴定, 并根据 Dubin 等^[28]提出的原则进行抗病基因推导。

1.3 田间成株期抗性鉴定

将上述 68 份材料于 2008 年 10 月 18 日按照行距 30 cm、行长 2 m 播种于试验田, 垂直于播种行种植郑州 5389 作为接种行。在 4 月 18 日用混合菌种 (THDS、THST、PHGQ、THDN、PHLS、PHQR、PCQR、TCGT) 的孢子悬浮液(加入 0.03% 吐温 20),

对接种行进行喷雾接种。保湿 12~16 h 后, 在自然状态下发病。在小麦进入乳熟期时开始进行病害调查, 每份材料随机抽取 50 片旗叶, 记载严重度、侵染型, 计算病情指数; 10 d 后调查第 2 次。采用 9 级标准鉴定反应型^[27]。

1.4 抗叶锈病基因的分子鉴定

采用已被证明能够用于抗病基因鉴定^[29-30]的 15 个抗叶锈基因的 19 个 STS 和 SCAR 分子标记(表 1)进行抗叶锈基因分子鉴定, 引物由上海生工生物工程有限公司合成。扩增试验均独立重复 3 次。

表 1 用于抗叶锈基因鉴定的分子标记
Table 1 Molecular markers used for the marker-assisted selection of leaf rust resistance genes

<i>Lr</i> 基因 <i>Lr</i> gene	标记类型 Marker type	引物 Primer	引物序列 Sequence of primer (5'-3')	退火温度 Annealing temp. (°C)	片段大小 Size of fragment (bp)	参考文献 Reference
<i>Lr1</i>	STS	WR003F	GGGACAGAGACCTTGGTGG	55	760	Qiu et al. ^[2]
		WR003R	GACGATGATGATTGCTGCTGG			
<i>Lr9</i>	SCAR	SCS5-550F	TGCGCCTCAAAGGAAG	65	550	Gupta et al. ^[3]
		SCS5-550R	TGCGCCCTCTGAACTGTAT			
<i>Lr9</i>	STS	J13/1	TCCTTTTATTCCGCACGCCGG	66	1100	Schachermayr et al. ^[4]
		J13/2	CCACACTACCCCAAAGAGACG			
<i>Lr10</i>	STS	F1.2245	GTGTAATGCATGCAGGTTCC	62	310	Schachermayr et al. ^[5]
		Lr10-6/r2	AGGTGTGAGTGAGTTATGTT			
<i>Lr19</i>	SCAR	SCS265-F	GGCGGATAAAGCAGAGCAGAG	65	512	Gupta et al. ^[6]
		SCS265-R	GGCGGATAAGTGGGTTATGG			
<i>Lr20</i>	STS	STS638-L	ACAGCGATGAAGCAATGAAA	60	542	Neu et al. ^[7]
		STS638-R	GTCCAGTTGGTTGATGGAAT			
<i>Lr21</i>	STS	D14-L	CGCTTTACCGAGATTGGTC	65	1360	Huang et al. ^[8]
		D14-R	TCTGGTATCTCACGAAGCCTT			
<i>Lr24</i>	STS	J09/1	TCTAGTCTGTACATGGGGC	60	350	Schachermayr et al. ^[9]
		J09/2	TGGCACATGAACTCCATACG			
<i>Lr24</i>	SCAR	S1302-609F	F:CGCAGGTTCCAATACTTTTC	54	607	Gupta et al. ^[10]
		S1302-609R	R:CGCAGGTTCTACCTAACGCAA			
<i>Lr26</i>	STS	ω-secalin	ACCTTCCTCATTTGTCCT CCGATGCCTATACCACTACT	65	1067	Chai et al. ^[11]
<i>Lr26</i>	STS	O11B5	GGTACCAACAACAACAAACCC	65	636	Froidmont ^[12]
		O11B3	GTTGCTGCTGAGGTTGGTTC			
<i>Lr28</i>	SCAR	SCS421 ₅₇₀ -F	CGCAGGTTCCAATACTTTTC	60	570	Cherukuri et al. ^[13]
		SCS421 ₅₇₀ -R	CGCAGGTTCTACCTAACGCAA			
<i>Lr29</i>	SCAR	OPY10/1	GTGACCTCAGGCAATGCA	59	850	Tar et al. ^[14]
		OPY10/2	GTGACCTCAGAACCGATG			
<i>Lr34</i>	STS	csLv34F	GTT GGT TAA GAC TGG TGA TGG	55	150	Lagudah et al. ^[15]
		csLv34R	TGC TTG CTA TTG CTG AAT AGT			
<i>Lr34</i>	STS	L34SPF	GGGAGCATTATTTTCCATCATG	55	751	Lagudah et al. ^[16]
		L34DINT13R2	ACTTTCTGAAAAATAATACAAGCA			
		L34DINT9F	TTGATGAAACCAGTTTTCTA			
		L34MINUSR	TATGCCATTAAACATAATCATGAA			
<i>Lr35</i>	STS	Sr39 F2	AGAGAGAGTAGAAGAGCTGC	65	900	Gold et al. ^[17]
		Sr39 R3	AGAGAGAGAGCATCCACC			
<i>Lr37</i>	STS	VENTRIUP	AGGGGCTACTGACCAAGGCT	55	259	Helguera et al. ^[18]
		LN2	TGCAGCTACAGCAGTATGTACACAAAA			
<i>Lr38</i>	SCAR	Y ₃₈ SCAR ₉₈₂	GCTGAATCTCGTATCGTCCC	68	982	Yan et al. ^[19]
			GACTTGTCTCGCGTGTG			
<i>Lr47</i>	STS	PS10R	GCT GAT GAC CCT GAC CGG T	55	282	Helguera et al. ^[20]
		PS10L	TCT TCA TGC CCG GTC GGG T			

PCR 体系为 20 μL , 含 10 \times buffer (含 Mg^{2+}) 2 μL 、dNTP 0.4 μL (10 mmol L^{-1})、每条引物 25 ng、模板 DNA 50 ng、1 U *Taq* 聚合酶。PCR 程序为 94°C 5 min; 94°C 1 min, 54~68°C 1 min, 72°C 2 min, 共 35 个循环; 72°C 延伸 10 min; 10°C 保存。扩增产物经 1.5% 琼脂糖凝胶电泳(5 V cm^{-1})后 Goldenview 染色, 用 UVitec 凝胶成像系统(英国剑桥 UVitec 公司)检测结果。

2 结果与分析

2.1 28 个小麦微核心种质的苗期抗病性鉴定和基因推导

毕红穗、小白麦、大白皮、小红皮、定兴寨、

老麦、中优 9507、江西早、蝉不咬、苏麦 3 号、车铜子、泡子麦、敦化春麦、中农 28、甘肃 96、三月黄、阜阳红、酱麦、红芒子、红冬麦在苗期对供试的 8 个菌株的侵染型均为“3”或“4”(表 2), 因此, 这些品系中不含有对接种小麦叶锈菌表现抗病反应的抗叶锈基因, 而近等基因系 *TcLr1*、*TcLr2c*、*TcLr3*、*TcLr26*、*TcLrB* 和 *TcLr25* 对供试的 8 个菌株均表现高度感病, 因此不能排除这些材料中含有这 6 个基因(表 3)。

红粒当年老、有芒扫谷旦和成都光头与测试的任何一个近等基因系的侵染型均不同, 推测这 3 份种质中含有未知抗病基因或多个抗叶锈基因。红花早与 *TcLr14a* 和 *TcLr2b* 表现相同模式的侵染型, 但

表 2 39 个鉴别寄主及 28 份小麦微核心种质的苗期叶锈病反应
Table 2 Infection types in response to eight pathotypes of *P. tritici* of 39 *Lr* near isogenic lines (or single-gene lines) and 28 accessions from wheat mini-core collections in seedling stage

测试品系 Tester lines	<i>Lr</i> 基因或品种 <i>Lr</i> gene or genotype	致病类型 Pathotype							
		THDS	THST	PHGQ	THDN	PHLS	PHQR	PCQR	TCGT
RL6003	<i>Lr1</i>	3	4	3	3	3	3	3	3
RL6016	<i>Lr2a</i>	4	4	;1	3	X	1	;1	3
RL6047	<i>Lr2c</i>	3	4	4	3	3	4	4	3
RL6002	<i>Lr3</i>	3+	4	4	3	4	3	4	3
RL6010	<i>Lr9</i>	0	0;	0	0	0	0	0	0
RL6005	<i>Lr16</i>	3+	3	3	3	3	3	2	1
RL6040	<i>Lr24</i>	;	;1	;1	;	;1	;1	;1	;1
RL6078	<i>Lr26</i>	3	4	4	3	3	4	4	4
RL6007	<i>Lr3ka</i>	;1	4	;1	;1	3	3	3	;1
RL6053	<i>Lr11</i>	;	4	3	;1	2	4	3	3
RL6008	<i>Lr17</i>	4	4	2	4	2	2	2	2
RL6049	<i>Lr30</i>	1	Z	Z	Z	Z	Z	Z	Z
RL6051	<i>LrB</i>	4	4	4	4	4	3	3	3
RL6004	<i>Lr10</i>	3	4	4	1	3	3	4	3
RL6013	<i>Lr14a</i>	3	4	X	4	3	2	2	3
RL6009	<i>Lr18</i>	2	4	2	2	2	3	4	3-
RL6043	<i>Lr21</i>	1;	3-	3-	2	3-	2	2	2
RL6079	<i>Lr28</i>	0;	0	0	;	0	0	0	0;
KS91WGRC11	<i>Lr42</i>	1;	1+	1;	1	1	;1	;1	;1
RL6019	<i>Lr2b</i>	4	4	2	3	3	2	4	3
RL6002	<i>Lr3a</i>	2	2	2	2	1	1	;1	2
RL6042	<i>Lr3bg</i>	3	3	4	;1	4	3	4	3-
RL6052	<i>Lr15</i>	;1	;1	;	;1	;1	3	;	;1
RL6040	<i>Lr19</i>	;	0	;	0;	;	0	;1	;1
RL6092	<i>Lr20</i>	;	4	4	;1	;1	3	3	4
RL6012	<i>Lr23</i>	;	;	;1	;	3	2	2	;1
RL6084	<i>Lr25</i>	4	4	4	3	3	3	3	3
RL6080	<i>Lr29</i>	3	;	;1	;1	;1	1	;1	;

(续表2)

测试品系 Tester lines	Lr 基因或品种 Lr gene or genotype	致病类型 Pathotype							
		THDS	THST	PHGQ	THDN	PHLS	PHQR	PCQR	TCGT
RL5497	Lr32	4	;1	2	3	2	2	1	2
RL6057	Lr33	3	4	4	3	3	3	2	2
E84018	Lr36	;1	;1	1	;1	1;	1	;1	;1
RL6097	Lr38	;	;	;1	;1	;1	1;	;	;1
KS86WGRC02	Lr39	3-	3	3	;	3-	2	1;	2
KS86WGRC07	Lr40	1;	;1	0	1;	1;	1	1;	1;
KS92WGRC23	Lr43	;	;1	;1	;1	;1	;1	4	1;
RL7147	Lr44	2	2	2+	2	2	2	1+	2
RL6144	Lr45	4	4	3	3	4	1	1	3
Pavon76	Lr46	;1	3	;	;1	;1	;	1	1
KS96WGRC36	Lr50	3	4	4	;	3	;	4	3
	Thatcher	4	4	4	4	4	4	4	4
H5	毕红穗 Bihongsui	4	4	4	3	4	3	4	3
H6	小白麦 Xiaobaimai	4	4	4	4	4	4	4	4
H8	大白皮 Dabaipi	4	4	4	4	4	4	4	4
H9	小红皮 Xiaohongpi	4	4	4	4	4	4	4	4-
H10	定兴寨 Dingxingzhai	4	4	4	4	4	4	4	4
H11	红粒当年老 Hongli Dangnianlao	4	2+	Z	4	2	2+	2	2+
H32	老麦 Laomai	4	4	4	4	4	4	4	4
H34	中优 9507 Zhongyou 9507	4	4	4	4	4	4	4	4
H48	江西早 Jiangxizao	4	4	4	4	4	4	4	4
H49	红花早 Honghuazao	4	4	2	4	3	2	2	4
H55	蝉不吱 Chanbuzhi	4	4	4	4	4	4	4	4
H72	苏麦 3 号 Sumai 3	4	4	4	4	4	4	4	4
H64	车铜子 Chejianzi	4	4	4	4	4	3	4	3
H69	泡子麦 Paozimai	4	4	4	3	3	3	4	3
H80	敦化春麦 Dunhua Chunmai	4	4	4	3	3	3	4	4
H84	新克旱 9 号 Xinkehan 9	3	4	2	4	2	2	2-	2
H96	欧柔 Orofen	;	2	Z	;1	;1	3	1	;1
H105	中农 28 Villa Glori	3	4	3	3	3	3	3	3
H107	甘肃 96 Gansu 96	3	4	3-	3	3	3	3	3
H152	三月黄 Sanyuehuang	4	4	4	4	3	3	4	4
H159	有芒扫谷旦 Youmang Saogudan	4	4	4	3	3	2	4	4
H160	阜阳红 Fuyanghong	4	4	4	3	3	3	4	3
H222	兴义 4 号 Xingyi 4	1	1	;	;	;	1	;	;
H227	成都光头 Chengdu Guangtou	4	4	4	3	2	3	3	2+
H228	酱麦 Jiangmai	4	4	4	3	3	4	4	3
H235	紫皮 Zipi	4	4	2	4	4	2	3	3
H237	红芒子 Hongmangzi	4	4	4	4	4	4	4	4
H249	红冬麦 Hongdongmai	4	4	4	4	4	4	4	4-

“-”: 夏孢子堆较正常侵染型夏孢子堆略小; “+”: 夏孢子堆较正常侵染型夏孢子堆略大; “0”: 无症状; “;”: 不产生夏孢子堆, 产生枯死斑点或失绿反应; “1”: 夏孢子堆很小, 数量很少, 常不破裂, 周围有枯死反应; “2”: 夏孢子堆小到中等, 周围有失绿反应; “3”: 夏孢子堆中等大小, 周围组织无枯死反应, 但有轻微失绿现象; “4”: 夏孢子堆大而多, 周围组织无枯死或褪绿反应; “Z”: 不同大小的夏孢子堆规则排列, 大夏孢子堆排列在叶尖; “X”: 不同大小的夏孢子堆随机分布。

“-”: Uredinia are slightly smaller than normal; “+”: Uredinia are slightly bigger than the normal; “0”: No symptom or uredinia; “;”: hypersensitive flecks; “1”: small uredinia with necrosis; “2”: small uredinia with chlorosis; “3”: moderate size uredinia; “4”: larger uredinia with chloros; “Z”: uredinia in different sizes arranged with larger uredinia on the tip of leaves; “X”: uredinia in different sizes distributed on leaves randomly.

比 TcLr14a 和 TcLr2b 的侵染型更低, 推测红花早中可能含有 *Lrl4a* 或 *Lr2b* 基因, 或者含有其他抗叶锈基因。新克旱 9 号与 TcLr17 表现相同模式的高侵染型和低侵染型, 所以该品种中可能含有 *Lrl7*。同时, 新克旱 9 号表现出比 TcLr2b、TcLr14a 和 TcLr33 更低的侵染型, 推测新克旱 9 号中可能还含有基因 *Lr2b*、*Lrl4a* 和 *Lr33*, 或含有其他抗叶锈病基因。同理, 推测欧柔中可能含有 *Lrl6*、*Lrl1*、*Lrl0*、*Lr3bg*、*Lrl20* 和 *Lr33*, 或还有其他抗病基因。兴义 4 号对供

试菌株均表现高抗(IT= ; 或 1), 而 TcLr9 和 TcLr19 存在免疫的侵染型, 所以兴义 4 号中不含这两个基因。叶锈菌 THDS 对 TcLr24 和 TcLr38 的侵染型为“;”, 比兴义 4 号的侵染型“1”低, 所以兴义 4 号中不含这两个基因, 但 TcLr36 的侵染型比兴义 4 号的侵染型高, 所以不能排除其含有此基因。紫皮与 TcLr2b 表现相同模式的侵染型, 可能含有 *Lr2b* (表 3)。

2.2 田间成株抗病性鉴定

毕红穗、小白麦、小红皮、定兴寨、红粒当年

表 3 28 个小麦微核心种质的抗叶锈性
Table 3 Wheat leaf rust resistance of 28 cultivars of wheat mini-core collections

种质名称 Germplasm	苗期 Seedling stage		成株期 Adult stage		抗性评价 ^d Evaluation of resistance ^d	分子检测结果 Results of MAS	综合鉴定结果 Final results
	推导基因 ^a Putative gene ^a	侵染型 ^b IT ^b	病情指数 ^c DI ^c				
毕红穗 Bihongsui	N		4	29.0	SR	<i>Lrl</i> , <i>Lrl0</i> , <i>Lr34</i>	<i>Lrl</i> , <i>Lrl0</i> , <i>Lr34</i>
小白麦 Xiaobaimai	N		4	26.5	SR	<i>Lrl</i> , <i>Lr34</i>	<i>Lrl</i> , <i>Lr34</i>
大白皮 Dabapi	N		4	41.5	MS	<i>Lrl</i>	<i>Lrl</i>
小红皮 Xiaohongpi	N		4	2.7	SR	None	SR+
定兴寨 Dingxingzhai	N		4	20.0	SR	None	SR+
红粒当年老 Hongli Dangnianlao	+		4	25.0	SR	<i>Lrl</i> , <i>Lr34</i>	<i>Lrl</i> , <i>Lr34</i> , +
老麦 Laomai	N		4	1.9	SR	<i>Lrl</i> , <i>Lr34</i>	<i>Lrl</i> , <i>Lr34</i>
中优 9507 Zhongyou 9507	N	;	-	-	NIM	<i>Lrl0</i>	<i>Lrl0</i> , +
江西早 Jiangxizao	N		4	8.6	SR	<i>Lr34</i>	<i>Lr34</i>
红花早 Honghuazao	<i>Lr2b</i> , <i>Lrl4a</i> , +	3	10.6	SR	<i>Lrl</i> , <i>Lr34</i>	<i>Lrl</i> , <i>Lr34</i> , <i>Lrl4a</i> , <i>Lr2b</i> , +	
蝉不吱 Chanbuzhi	N		4	7.1	SR	<i>Lrl</i> , <i>Lr34</i>	<i>Lrl</i> , <i>Lr34</i>
苏麦 3 号 Sumai 3	N		4	0.8	SR	<i>Lrl</i> , <i>Lr34</i>	<i>Lrl</i> , <i>Lr34</i>
车铜子 Chejianzzi	N		4	13.0	SR	<i>Lrl</i> , <i>Lr34</i>	<i>Lrl</i> , <i>Lr34</i>
泡子麦 Paozimai	N		4	3.5	SR	<i>Lr34</i>	<i>Lr34</i>
敦化春麦 Dunhua Chunmai	N		1	-	R	<i>Lr28</i>	<i>Lr28</i>
新克旱 9 号 Xinkehan 9	<i>Lr2b</i> , <i>Lrl4a</i> , <i>Lrl7</i> <i>Lr33</i> , +	;	-	-	NIM	None	<i>Lrl7</i> , <i>Lr2b</i> , <i>Lrl4a</i> , <i>Lr33</i> , +
欧柔 Orofen	<i>Lr3bg</i> , <i>Lrl1</i> , <i>Lrl0</i> <i>Lrl6</i> , <i>Lrl20</i> , <i>Lr33</i> , +	;	-	-	NIM	<i>Lr34</i>	<i>Lr34</i> , <i>Lrl6</i> , <i>Lrl1</i> , <i>Lr3bg</i> <i>Lr33</i> , +
中农 28 Villa Gloria	N		4	96.0	S	None	None
甘肃 96 Gansu 96	N		3	4.5	SR	<i>Lr28</i>	<i>Lr28</i> , +
三月黄 Sanyuehuang	N		4	19.0	SR	<i>Lr34</i>	<i>Lr34</i>
有芒扫谷旦 Youmang Saogudan	+		4	47.0	MS	<i>Lr34</i>	<i>Lr34</i> , +
阜阳红 Fuyanghong	N		3	14.5	SR	<i>Lr34</i>	<i>Lr34</i>
兴义 4 号 Xingyi 4	<i>Lr36</i> , +	;	-	-	NIM	<i>Lr26</i> , <i>Lr37</i>	<i>Lr26</i> , <i>Lr37</i> , <i>Lr36</i> , +
成都光头 Chengdu Guangtou	+	;	-	-	NIM	<i>Lr34</i>	<i>Lr34</i> , +
酱麦 Jiangmai	N		4	0.2	SR	<i>Lr34</i>	<i>Lr34</i>
紫皮 Zipi	<i>Lr2b</i>	3	19.0	SR	<i>Lr34</i>	<i>Lr34</i> , <i>Lr2b</i>	
红芒子 Hongmangzi	N		4	86.0	S	None	None
红冬麦 Hongdongmai	N	;	-	-	NIM	None	+

^a N 表示未能推出; “+”表示未知基因; ^b 侵染类型描述同表 2; ^c “-”表示无病情指数; ^d R: 高抗; SR: 慢锈; MS: 中感; NIM: 近免疫; S: 感病

^a N means fail to postulation; “+” represents for unknown resistance gene; ^b Infection types (ITs) described as in Table 2. ^c “-” denotes absence of disease index (DI). ^d R: resistant; SR: slow rusting; MS: moderately susceptible; NIM: nearly immune; S: susceptible.

老、老麦、江西早、红花早、蝉不吱、苏麦 3 号、车辋子、泡子麦、甘肃 96、三月黄、阜阳红、酱麦、紫皮的侵染型为“4”或“3”，但病情指数小于 30%，属于慢锈类型；中优 9507、敦化春麦、新克旱 9 号、欧柔、兴义 4 号、成都光头、红冬麦的侵染型为“；”或“1”，属于近免疫到高抗类型；大白皮和有芒扫谷旦的侵染型为“4”，病情指数大于 30%，小于 65%，属于中感类型；中农 28 和红芒子的侵染型为“4”，病情指数大于 65%，属于高感类型(表 3)。

2.3 28 个小麦微核心种质的分子检测

本试验选用与 15 个 *Lr* 基因紧密连锁或共分离的 19 个特异分子标记对 28 份微核心种质进行了检测，结果在供试材料中扩增出了 *Lr1*、*Lr10*、*Lr26*、*Lr28*、*Lr34* 和 *Lr37* 的特异目的片段(图片未显示)，未检测到 *Lr9*、*Lr19*、*Lr20*、*Lr21*、*Lr24*、*Lr29*、*Lr35*、*Lr38* 和 *Lr47*。28 份种质的分子检测结果见表 3。

3 讨论

基因推导是在 20 世纪 80 年代便开始应用的一项简易推测抗性基因的方法，目前已经在很多的研究中应用。该方法操作简便、周期短，但基因推导结果的准确性易受环境条件、遗传背景和基因间互作以及使用菌株的鉴别能力等因素的影响。本试验采用的 8 个小麦叶锈菌致病类型虽然可以鉴定多个抗叶锈基因，但由于对近等基因系 *TcLr1*、*TcLr2c*、*TcLr3*、*TcLr26*、*TcLrB* 和 *TcLr25* 均表现高侵染型，因此不能确定测试品种毕红穗、小白麦、大白皮、小红皮、定兴寨、老麦、中优 9507、江西早、蝉不吱、苏麦 3 号、车辋子、泡子麦、敦化春麦、中农 28、甘肃 96、三月黄、阜阳红、酱麦、红芒子、红冬麦是否含有 *Lr1*、*Lr2c*、*Lr3*、*Lr26*、*LrB* 和 *Lr25*。同样，由于目前我国很少有对 *Lr9*、*Lr19*、*Lr24* 和 *Lr38* 有毒力的菌株，因此，一旦出现高抗的品种同样也不能确定是否含有这些基因。分子标记具有不受环境条件、遗传背景、鉴定菌株致病力差异的影响等特点，而且比基因推导的方法更高效，在抗病基因的鉴定中具有重要的作用^[14-21]。从表 3 可以看出，有一些不能用基因推导方法确定的抗叶锈基因，如 *Lr1* 和 *Lr26*，利用分子标记则可以确定其存在。两种方法相结合在一定程度上提高了抗叶锈性鉴定的准确性。但由于目前可用于抗叶锈基因鉴定的分子标记还有限，还有很多基因不能用该方法进行鉴定。因此，抗病基因的基因推导与分子标记鉴定仍

然是抗病性鉴定不可缺省的方法。

我国地方品种中普遍存在成株期慢锈基因 *Lr34*。在供试的 28 份小麦微核心种质中有 17 份可能携带 *Lr34*。与 *Lr34* 紧密连锁的分子标记 *cssfr5* 被称为高效诊断分子标记(hightly diagnostic molecular marker)，是根据已克隆的 *Lr34* 的核苷酸序列设计开发的^[16]，信息较准确可靠。在这 17 份种质中，毕红穗、小白麦、红粒当年老、老麦、江西早、红花早、蝉不吱、苏麦 3 号、车辋子、泡子麦、三月黄、阜阳红、酱麦和紫皮均在田间表现出慢锈性，这与分子检测结果吻合；欧柔和成都光头在田间呈现出“；”级反应，属近免疫类型，推测其可能还含有 *Lr34* 以外的抗病基因；有芒扫谷旦在田间病情指数达到 47，表现中感，推测其遗传背景对 *Lr34* 有一定的影响，例如存在抑制因子，也可能由于 *Lr34* 基因突变造成抗病表现型发生变化，有待于深入研究。*Lr34* 是一个成株期慢锈基因，具有一定的持久抗性，在一些国家应用数十年仍然保持一定的抗病性^[31]，已在全球范围内应用于育种。*Lr34* 不仅对小麦叶锈病有良好的抗性，对条锈病和白粉也具有一定的抗性，是一个十分重要的抗性基因。本研究鉴定出的部分种质可作为 *Lr34* 的供体。值得注意的是，该基因单独存在并不能完全抵抗或高抗叶锈病菌，但该基因与其他抗叶锈基因共同存在时，则可以表现出很强的抗病性^[30]。因此，建议育种时应聚合 *Lr34* 和其他抗叶锈基因。

Lr1 对我国目前流行的大部分小麦叶锈病生理小种已经丧失了抗性，但当该基因与其他基因复合存在时，可以提高寄主的抗病性，仍具有一定的利用价值。在测试的 28 份材料中有 9 份含有 *Lr1* 基因。其中，毕红穗除携带 *Lr1* 外，还携带 *Lr34* 和 *Lr10* (*Lr10* 目前已基本失去对国内叶锈病菌的抗性)，小白麦、红粒当年老、老麦、红花早、蝉不吱、苏麦 3 号和车辋子含有 *Lr1* 和 *Lr34* 基因，在成株期表现出慢锈性，能较好地抵抗叶锈病。

Lr26 来源于小麦-黑麦易位系(1BL/1RS)，20 世纪 70 年代后期引入我国并在育种中大规模应用。分子标记检测显示兴义 4 号中含有 *Lr26*，该结果从系谱分析中得到印证。兴义 4 号为高加索×毕麦 5 号后代，高加索来源于黑麦，具有 1B/1R 易位系的血缘，而毕麦 5 号没有 1B/1R 血缘，所以兴义 4 号中的 *Lr26* 位点极有可能来自高加索。*Lr37* 是成株期抗性基因，在苗期对供试菌株表现高感，而在田间表现

出高抗($IT=1$)。本试验在兴义 4 号中扩增出 *Lr37* 特异带, 这与该品种在成株期的高抗表现是一致的, 但该品种不仅成株期表现高抗, 在苗期也表现高抗反应($IT=1$ 或 1), 推测该品种中可能还含有未知的苗期抗病基因, 或者由于 *Lr37* 与 *Lr26* 的互作提高了品种的抗性, 具体原因尚需进一步试验确认。

分子检测发现敦化春麦和甘肃 96 中含有 *Lr28* 位点, 然而 Tc*Lr28* 在苗期表现高抗($IT=0$), 而敦化春麦和甘肃 96 在苗期表现高感($IT=3$ 或 4), 基因推导与分子检测的结果不一致, 可能有两个原因, 一是发生了遗传重组(SCS421₅₇₀ 距 *Lr28* 的遗传距离为 3.70 ± 0.02 cM), 二是在这两份种质中存在 *Lr28* 的抑制因子。

本试验未能用分子标记在小红皮、定兴寨、新克旱 9 号、中农 28、红芒子和红冬麦中检测到相关抗叶锈病基因, 但在这些种质中, 除中农 28 和红芒子表现高感外, 均表现不同程度的抗性, 说明它们有可能携带其他未知抗病基因。其中小红皮和定兴寨在苗期高感叶锈病($IT=4$), 但在成株期的病情指数分别为 2.7 和 20.0, 均小于 30.0, 属于慢锈类型, 推测其含有本试验未使用的慢锈基因; 新克旱 9 号在苗期表现中抗, 而在成株期表现高抗, 说明含有未知的成株抗性基因。中优 9507 和红冬麦在苗期表现高感($IT=4$), 而成株期表现高抗($IT=1$), 说明还有成株抗病基因起作用。

邓万洪等^[32]发现, 兴义 4 号、蝉不吱、中优 9507 等品种得总戊聚糖含量均高于 8.0%。本研究发现这些品种对小麦叶锈病具有很好的成株抗性, 说明这些品种可作为选育抗叶锈病兼有保健功能小麦品种的亲本材料。本研究对我国的部分微核心种质进行了抗叶锈性评价, 初步为微核心种质的深入研究奠定了基础, 同时对于这些微核心种质的有效利用也具有重要的指导意义。

4 结论

初步明确了我国的 28 份小麦微核心种质的抗叶锈性, 其中毕红穗、小白麦、小红皮、定兴寨、红粒当年老、老麦、江西早、红花早、蝉不吱、苏麦 3 号、车钩子、泡子麦、甘肃 96、三月黄、阜阳红、酱麦、紫皮具有慢锈性, 中优 9507、敦化春麦、新克旱 9 号、欧柔、兴义 4 号、成都光头、红冬麦具有成株抗性, 在育种上具有重大意义。测试的 28 份种质中可能含有 *Lr1*、*Lr2b*、*Lr10*、*Lr11*、*Lr14a*、

Lr16、*Lr17*、*Lr26*、*Lr28*、*Lr33*、*Lr34* 和 *Lr37*, 其中 *Lr34* 存在于 17 份种质中; *Lr1* 存在于 9 份种质中, 其余基因也在部分种质中被检测出; 另外, 有 12 份种质中可能含有未知抗病基因。说明我国小麦微核心种质中含有的较丰富的抗叶锈病基因, 且大部分为成株期抗病资源, 可在育种中选择利用, 但应注意聚合多个抗病基因。

致谢: 对中国农业科学院作物科学研究所贾继增研究员提供材料和无私帮助表示衷心感谢。

References

- [1] Kolmer J A. Genetics of resistance to wheat leaf rust. *Annu Rev Phytopathol*, 1996, 34: 435–455
- [2] Qiu J W, Schürch A C, Yahiaoui N, Dong L L, Fan H J, Zhang Z J, Keller B, Ling H Q. Physical mapping and identification of a candidate for the leaf rust resistance gene *Lr1* of wheat. *Theor Appl Genet*, 2007, 115: 159–168
- [3] Gupta S K, Charpe A, Koul S, Prabhu K V, Haq Q M R. Development and validation of molecular markers linked to an *Aegilops umbellulata*-derived leaf-rust-resistance gene, *Lr9*, for marker-assisted selection in bread wheat. *Genome*, 2005, 48: 823–830
- [4] Schachermayr G, Siedler H, Gale M D, Winzeler H, Winzeler M, Keller B. Identification and localization of molecular markers linked to the *Lr9* leaf rust resistance gene of wheat. *Theor Appl Genet*, 1994, 88: 110–115
- [5] Schachermayr G, Feuillet C, Keller B. Molecular markers for the detection of the wheat leaf rust resistance gene *Lr10* in diverse genetic backgrounds. *Mol Breed*, 1997, 3: 65–74
- [6] Gupta S K, Charpe A, Prabhu K V, Haq Q M R. Identification and validation of molecular markers linked to the leaf rust resistance gene *Lr19* in wheat. *Theor Appl Genet*, 2006, 113: 1027–1036
- [7] Neu C, Stein N, Keller B. Genetic mapping of the *Lr20-Pm1* resistance locus reveals suppressed recombination on chromosome arm 7AL in hexaploid wheat. *Genome*, 2002, 45: 737–744
- [8] Huang L, Gill B S. An RGA-like marker detects all known *Lr21* leaf rust resistance gene family members in *Aegilops tauschii* and wheat. *Theor Appl Genet*, 2001, 103: 1007–1013
- [9] Schachermayr G M, Messmer M M, Feuillet C, Winzeler H, Winzeler M, Keller B. Identification of molecular markers linked to the *Agropyron elongatum*-derived leaf rust resistance gene *Lr24* in wheat. *Theor Appl Genet*, 1995, 90: 982–990
- [10] Gupta S K, Charpe A, Koul S, Haque Q M R, Prabhu K V. Development and validation of SCAR markers co-segregating with an *Agropyron elongatum* derived leaf rust resistance gene *Lr24* in

- wheat. *Euphytica*, 2006, 150: 233–240
- [11] Chai J F, Zhou R H, Jia J Z, Liu X. Development and application of a new co-dominant PCR marker for detecting 1BL·1RS wheat-rye chromosome translocations. *Plant Breed.*, 2006, 125: 302–304
- [12] Froidmont D D. A co-dominant marker for the 1BL·1RS wheat-rye translocation via multiplex PCR. *J Cereal Sci.*, 1998, 27: 229–232
- [13] Cherukuri D P, Gupta S K, Charpe A, Koul S, Prabhu K V, Singh R B, Haq Q M R. Molecular mapping of *Aegilops speltoides* derived leaf rust resistance gene *Lr28* in wheat. *Euphytica*, 2005, 143: 19–26
- [14] Tar M, Purnhauser L, Csösz L, Mesterházy A, Gyulai G. Identification of molecular markers for an efficient leaf rust resistance gene (*Lr29*) in wheat. *Acta Biol Szegediensis*, 2002, 46: 133–134
- [15] Lagudah E S, McFadden H, Singh R P, Huerta-Espino J, Bariana H S, Spielmeyer W. Molecular genetic characterization of the *Lr34/Yr18* slow rusting resistance gene region in wheat. *Theor Appl Genet*, 2006, 114: 21–30
- [16] Lagudah E S, Krattinger S G, Herrera-Foessel S, Singh R. P., Huerta-Espino J, Spielmeyer W, Brown-Guedira G, Selter L L, Keller B. Gene-specific markers for the wheat gene *Lr34/Yr18/Pn38* which confers resistance to multiple fungal pathogens. *Theor Appl Genet*, 2009, 119: 889–898
- [17] Gold J, Harder D, Townley-Smith F, Aung T, Procunier J. Development of a molecular marker for rust resistance genes *Sr39* and *Lr35* in wheat breeding lines. *Electron J Biotechnol*, 1999, 2(1), DOI: 10.2225/vol2-issue1-fulltext1
- [18] Helguera M, Khan I A, Kolmer J, Lijavetzky D, Zhong-Qi L, Dubcovsky J. PCR assays for the *Lr37-Yr17-Sr38* cluster of rust resistance genes and their use to develop isogenic hard red spring wheat lines. *Crop Sci.*, 2003, 43: 1839–1847
- [19] Yan H-F(闫红飞), Yang W-X(杨文香), Chu D(褚栋), Liu D-Q(刘大群). A new marker tagged to the leaf rust resistance gene *Lr38*. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2008, 41(11): 3604–3609 (in Chinese with English abstract)
- [20] Helguera M, Khan I A, Dubcovsky J. Development of PCR markers for the wheat leaf rust resistance gene *Lr47*. *Theor Appl Genet*, 2000, 100: 1137–1143
- [21] Wei X-Y(魏新燕), Yang W-X(杨文香), Liu D-Q(刘大群), Kong J-Y(孔俊英). MAS for leaf rust resistance gene *Lr35* in 150 wheat cultivars. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2004, 37(12): 1951–1954 (in Chinese with English abstract)
- [22] Lukasz S, Lidia G, Jerzy C. Leaf rust resistance genes of wheat: identification in cultivars and resistance sources. *J Appl Genet*, 2003, 44: 139–149
- [23] Singh R, Datta D, Priyamvada, Singh S, Tiwari R. Marker-assisted selection for leaf rust resistance genes *Lr19* and *Lr24* in wheat (*Triticum aestivum* L.). *J Appl Genet*, 2004, 45: 399–403
- [24] Tyryshkin L G, Gul'tyaeva E I, Alpat'eva N V, Kramer I. Identification of effective leaf-rust resistance genes in wheat (*Triticum aestivum*) using STS markers. *Russ J Genet*, 2006, 42: 662–666
- [25] Hao C-Y(郝晨阳), Dong Y-C(董玉琛), Wang L-F(王兰芬), You G-X(游光霞), Zhang H-N(张洪娜), Ge H-M(盖红梅), Jia J-Z(贾继增), Zhang X-Y(张学勇). Establishment of core collections in Chinese common wheat and analysis of genetic diversity. *Chin Sci Bull* (科学通报), 2008, 53(8): 908–915 (in Chinese)
- [26] Yang W-X(杨文雄), Yang F-P(杨芳萍), Liang D(梁丹), He Z-H(何中虎), Shang X-W(尚勋武), Xia X-C(夏先春). Molecular characterization of slow-rusting genes *Lr34/Yr18* in Chinese wheat cultivars. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2008, 34(7): 1109–1113 (in Chinese with English abstract)
- [27] Roelfs A P, Singh R P, Saari E E. Rust Diseases of Wheat: Concepts and Methods of Disease. Mexico: CIMMYT, 1992. pp 7–14
- [28] Dubin H J, Johnson. Postulated genes for resistance to strip rust in selected CIMMYT and related wheats. *Plant Dis*, 1989, 73: 472–475
- [29] Liu L(刘莉), Chen Y-F(陈云芳), Liu H-L(刘华梁), Yang W-X(杨文香), Zhang T(张廷), Liu D-Q(刘大群). Verification of STS molecular markers for leaf rust resistance genes *Lr24* and *Lr35* in near-isogenic lines of wheat cv. Thatcher. *Mol Plant Breed* (分子植物育种), 2008, 6(3): 471–474 (in Chinese with English abstract)
- [30] Vida G, Gál M, Uhrin A, Veisz O, Syed N H, Flavell A J, Wang Z L, Bedő Z. Molecular markers for the identification of resistance genes and marker-assisted selection in breeding wheat for leaf rust resistance. *Euphytica*, 2009, 170: 67–76
- [31] Krattinger S G, Lagudah E S, Spielmeyer W, Singh R P, Huerta-Espino J, McFadden H, Bossolini E, Selter L L, Keller B. A putative ABC transporter confers durable resistance to multiple fungal pathogens in wheat. *Science*, 2009, 323: 1360–1363
- [32] Deng W-H(邓万洪). The Research on Biochemistry Character Related to Noodle Quality of Chinese Core Collections Germplasm Resource. MS Thesis of Sichuan Agricultural University, 2007 (in Chinese with English abstract)