

# 普通小麦品种科成麦 2 号抗条锈病基因鉴定及分子作图

\*

杨宏<sup>1,2</sup>, 邓光兵<sup>2</sup>, 龙海<sup>2</sup>, 潘志芬<sup>2</sup>,  
唐建<sup>3</sup>, 彭云良<sup>4</sup>, 徐世昌<sup>5</sup>, 余懋群<sup>2</sup>

(1. 中国科学院研究生院, 北京 100039; 2. 中国科学院成都生物研究所, 四川成都 610041;

3. 四川省内江市农业科学院, 四川内江 641000; 4. 四川省农业科学院植物保护研究所, 四川成都 610066;

5. 中国农业科学院植物保护研究所/植物病虫害生物学国家重点实验室, 北京 100193)

**摘要:** 普通小麦品种科成麦 2 号(咸阳大穗/E10//多花 1 号/3/贵农 20/4/绵阳 26), 对我国目前流行的小麦条锈菌生理小种条中 32 和水源 11-4 表现免疫或近免疫, 而科成麦 2 号的近等基因系 CD1438 对条中 32 和水源 11-4 高感。为了给小麦抗条锈病育种提供参考依据, 对科成麦 2 号/CD1438 杂交组合的 F<sub>1</sub> 材料以及 F<sub>2</sub>、F<sub>3</sub> 群体进行了抗病性鉴定与遗传分析, 结果表明, 科成麦 2 号对条中 32 的抗性受细胞核内的显性单基因控制, 暂命名为 *YrKC2*。利用集群分离分析法(BSA)和简单重复序列(SSR)分子标记分析, 发现了 7 个与 *YrKC2* 连锁的 SSR 标记并构建连锁标记遗传图谱, 其中 *Xcfd65/Xgwm11* 紧邻 *YrKC2*, 遗传距离为 1.7 cM; *Xgwm18*, *Xbarc187/Xwmc406*, *Xwmc419*, *Xwmc216* 依次排列, 与 *YrKC2* 的遗传距离分别为 2.5、3.3、6.0、9.2 cM。根据 SSR 分子标记的遗传图谱, 将 *YrKC2* 定位在小麦的 1B 染色体短臂上。通过系谱分析和分子标记分析, 推测 *YrKC2* 可能来源于小麦品种贵农 20。基因等位性鉴定表明, *YrKC2* 可能与 *Yr26*、*Yr24* 和 *YrCH42* 互为等位基因。

**关键词:** 小麦; 条锈病抗性基因; SSR 标记; 遗传分析

中图分类号: S512.1; S330

文献标识码: A

文章编号: 1009-1041(2011)05-0978-05

## Identification and Genetic Mapping of a Stripe Rust Resistance Gene in Wheat Cultivar “Kechengmai 2”

YANG Hong<sup>1,2</sup>, DENG Guang-bin<sup>2</sup>, LONG Hai<sup>2</sup>, PAN Zhi-fen<sup>2</sup>, TANG Jian<sup>3</sup>,  
PENG Yun-liang<sup>4</sup>, XU Shi-chang<sup>5</sup>, YU Mao-qun<sup>2</sup>

(1. Graduate School of the Chinese Academy of Sciences, Beijing 100039, China; 2. Chengdu Institute of Biology, Chinese Academy of Sciences, Chengdu 610041, China; 3. Neijiang Academy of Agricultural Sciences, Neijiang 641000, China; 4. Institute of Plant Protection, Sichuan Academy of Agricultural Sciences, Chengdu 610041, China; 5. State Key Laboratory for Biology of Plant Disease and Insect Pests, Institute of Plant Protection, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100193, China)

**Abstract:** Stripe rust, caused by *Puccinia striiformis* f. sp. tritici (PST), is one of the most devastating diseases in common wheat (*Triticum aestivum* L.) worldwide. To explore resistant materials, identify resistance genes and construct genetic maps of resistance genes are important work of wheat breeding. Wheat cultivar “Kechengmai-2” was highly resistant to predominant Chinese PST race CRY32 and Shuiyuan11-4. A F<sub>2</sub> population of 246 individuals was established by crossing Wheat cultivar “Kechengmai-2” with its sibling susceptible line CD1438. Genetic analysis indicated that the resistance of “Kechengmai-2” was controlled by a single dominant gene, temporarily designated *YrKC2*. Seven SSR markers were found to be linked with *YrKC2* in the alignment of *YrKC2-Xcfd65/Xg-*

\* 收稿日期: 2011-03-14 修回日期: 2011-04-23

基金项目: 中国科学院知识创新工程重要方向项目(KSCX3-EW-N-02-2); 四川省育种攻关项目。

作者简介: 杨宏(1981-), 女, 博士, 主要从事作物抗病基因发掘及分子标记研究。E-mail: clearair1020@163.com

通讯作者: 余懋群(1957-), 男, 博士, 研究员, 主要从事麦类作物基因发掘与利用研究。E-mail: yumaoqun@cib.ac.cn

*wm11-Xgwm18-Xbarc187/Xwmc406-Xwmc419-Xwmc216*. *Xcfd65* and *Xgwm11* were 1.7 cM distal of *YrCD*, *Xgwm18*, *Xbarc187*, *Xwmc406*, *Xwmc419*, *Xwmc216* were linked to *YrCD* with 2.5, 3.3 cM, 3.3 cM, 6.0 cM and 9.2 cM, respectively. *YrKC2* was located on the short arm of 1B chromosome of wheat according to the locations of the seven markers. Pedigree and SSR analysis indicated that *YrKC2* might originate from wheat cv “Guinong 20”. An allelic test between “Kechengmai-2” and Chinese cultivar “Chuanmai 42” was performed and the relationship of *YrKC2*, *YrCH42*, *Yr24* and *Yr26* was also discussed.

**Key words:** Wheat; Stripe rust resistance gene; SSR marker; Genetic analysis

发掘和鉴定抗条锈病基因是小麦抗病育种的重要工作。迄今,已有超过 90 个抗条锈病基因被发现或利用,其中 48 个位点上(*Yr1-Yr48*)的 51 个基因被正式命名<sup>[1-2]</sup>。然而由于条中 32 等小麦条锈病菌新小种的不断出现,我国生产上使用的主要抗源及其衍生后代品种的条锈病抗性面临丧失的威胁<sup>[3]</sup>。目前仅有 *Yr5*、*Yr10*、*Yr15*、*Yr24*、*Yr26*、*YrCH42* 和 *YrH52* 等基因对条锈菌小种条中 32 仍保持抗性<sup>[4]</sup>。其中 *Yr10*<sup>[5]</sup>、*Yr15*<sup>[6-7]</sup>、*Yr24*<sup>[8]</sup>、*Yr26*<sup>[9]</sup>、*YrCH42*<sup>[10]</sup> 和 *YrH52*<sup>[11-12]</sup> 均位于小麦 1B 染色体,并且 *Yr24*、*Yr26* 和 *YrCH42* 为同一基因或等位基因<sup>[10]</sup>。

科成麦 2 号是中国科学院成都生物研究所以贵农 20 为亲本育成的一个高产、抗病、优质小麦新品种。贵农 20 是小麦育种中广泛使用的骨干亲本,具有良好的条锈病抗性,但对贵农 20 的抗条锈病基因还未开展过深入细致的研究。本研究以科成麦 2 号及其感病近等基因系 CD1438 为亲本构建遗传分析群体,对科成麦 2 号的抗条锈病基因进行遗传分析、抗谱分析,构建 SSR 分子标记遗传图谱,旨在为小麦抗条锈病育种发掘、鉴定抗性基因资源,并建立辅助选择的标记。

## 1 材料与方 法

### 1.1 植物材料和条锈菌株

抗条锈病小麦品种科成麦 2 号(咸阳大穗/E10//多花-1/3/贵农 20/4/绵阳 26)与其感病近等基因系 CD1438 均由中国科学院成都生物研究所培育。科成麦 2 号与 CD1438 的正反交 F<sub>1</sub> 植株各 10 株、246 个 F<sub>2</sub> 单株以及 119 个 F<sub>3</sub> 株系用于遗传分析和 SSR 分析。科成麦 2 号和川麦 42 杂交所得 120 株 F<sub>2</sub> 群体用于抗性基因等位性分析。

用于抗谱分析的 2 个携带已知抗病基因的品系 *Yr26/3\** *AvocetS*、*Yr24/3\** *AvocetS* 由美国农

业部小麦病理研究室陈贤明博士提供。用于苗期和成株期鉴定的条锈菌优势小种条中 32 和水源 11-4 由四川省农科院植保所提供。用于抗病谱分析的 24 个条锈菌系由中国农业科学院植保所提供。

### 1.2 抗条锈病鉴定

#### 1.2.1 温室苗期鉴定

科成麦 2 号、CD1438、正反交 F<sub>1</sub> 植株、F<sub>3</sub> 株系苗期抗性鉴定均在四川省农科院植保所低温室进行。将供试小麦材料用 1% (v/v) H<sub>2</sub>O<sub>2</sub> 溶液浸种 24 h,用清水清洗 2 次,再去除多余水分,让种子保持在湿润的环境下萌发 24 h。科成麦 2 号、CD1438、正反交 F<sub>1</sub> 萌发种子 10 粒/盆种于塑料钵中,以铭贤 169 作对照品种。用条锈菌生理小种条中 32 和水源 11-4 分别接种科成麦 2 号、CD1438 各 10 株。条中 32 接种正反交 F<sub>1</sub> 植株各 10 株。F<sub>3</sub> 株系播于育秧盘上,每个株系 30~40 个单株,每盘种 5 株对照品种铭贤 169,用条中 32 接种。于第一叶完全展开时用涂抹法接种鉴定。接种后保湿 24 h 后在低温室白天 15~19℃、夜晚 11~15℃ 培养。待铭贤 169 充分发病后开展调查,分免疫(0)、近免疫(0;)、高度抗病(1)、中度抗病(2)、中度感病(3)、高度感病(4) 6 级,并加用“+”、“-”表示轻重程度,记载抗病性<sup>[13]</sup>。

科成麦 2 号的抗谱鉴定在中国农业科学院植保所植物病虫害生物学国家重点实验室进行,方法同上。

#### 1.2.2 田间成株期鉴定

科成麦 2 号、CD1438、科成麦 2 号×CD1438 F<sub>2</sub> 抗病性分离群体种子于 2007 年 10 月播种于四川省农科院植保所郫县基地田间试验地。每行播种约 25~30 粒,行长 1.5 m,行距 0.3 m。铭贤 169 为诱发行。2008 年 3 月用涂抹法以条中 32 接种,接种后覆塑料薄膜保湿 24 h。此时田间温度为 16~22℃。待田间对照品种铭贤 169 充分

发病并大面积传播后,记载抗病性。分免疫(0)、近免疫(0;)、高度抗病(1)、中度抗病(2)、中度感病(3)、高度感病(4)共6级,并加用“+”、“-”表示轻重程度。

### 1.3 DNA提取及抗病池和感病池的构建

参照 Rogers 和 Bendich 的 CTAB 抽提法<sup>[14]</sup>提取小麦基因组 DNA。选取 10 株反应型为(0;~0;+)的 F<sub>2</sub> 抗病单株的 DNA 等量混合构成抗病池(Rb),10 株 F<sub>2</sub> 感病(3<sup>+</sup>~4)单株的 DNA 等量混合构成感病池(Sb)。

### 1.4 SSR 分析

根据 Röder 等<sup>[15]</sup>、Somers 等<sup>[16]</sup>、Sourdille 等<sup>[17]</sup>和 <http://wheat.pw.usda.gov/>的报道,合成均匀分布于 21 条染色体上的 480 对 SSR 引物。PCR 反应在 Biometra T1 Thermocycler 上进行。反应体积为 25  $\mu$ L,其成分为:2.5  $\mu$ L 10  $\times$  buffer (50 mmol KCl, 10 mmol Tris-HCl, 1.5 mmol MgCl<sub>2</sub>, pH 8.3), 200  $\mu$ mol of each dNTP, 10 pmol 引物, 50~100 ng 基因组 DNA, 1.0 U *Taq* 酶。PCR 扩增程序为:94 $^{\circ}$ C 变性 3 min,35 个循环(94 $^{\circ}$ C 变性 45 s,50 $^{\circ}$ C、55 $^{\circ}$ C 或 60 $^{\circ}$ C 退火 45 s,72 $^{\circ}$ C 延伸 50 s),72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min。PCR 扩增产物采用 6.0% 的变性聚丙烯酰胺凝胶电泳检测,最后硝酸银染色观察,统计带型。

利用 Mapmaker3.0 软件<sup>[18]</sup>对分离群体的条锈病抗性和分子标记的分离数据进行连锁分析,并利用 Kosambi 函数将重组率转化为遗传图距(cM)。利用 Mapdraw V2.1 软件绘制遗传连锁

表 1 (科成麦 2 号/CD14382)F<sub>2</sub>、F<sub>3</sub> 群体对条锈病小种条中 32 的遗传分析

Table 1 Genetic analysis of stripe rust resistance of the F<sub>2</sub>, F<sub>3</sub> progenies of Kechengmai-2/CD1438 against CYR32

群体 Population	抗病株数 No. of resistant plants	感病株数 No. of susceptible plants	总数 Total	抗感比例 Ratio of segregation	$\chi^2$	$\chi^2_{0.05}$
F <sub>2</sub>	186	60	246	3 : 1	0.022	3.84
F <sub>3</sub>	29(61)*	29	119	1 : 2 : 1	0.076	5.99

反应型(IT)在 0~2 的单株定为抗病,反应型在 3~4 的单株定为感病。\*,F<sub>3</sub> 中的 61 株为抗感分离单株。

Plants with IT values from 0 to 2 were classified as resistant, and those of 3 to 4 were susceptible. \*, 61 plants in the F<sub>3</sub> generation were heterozygote.

### 2.3 连锁分析和遗传作图

选用均匀分布于小麦 21 条染色体上的 480 对 SSR 引物对亲本科成麦 2 号和 CD1438 进行筛选,其中 42 对引物在亲本间存在多态性。用 BSA (Bulked segregant analysis) 分析法研究发现,引物 *CFD65*、*GWM11*、*GWM18*、*BARC187*、*WMC406*、*WMC419*、*WMC216* 在抗感池中有多态性。用上述 7 个分子标记对 F<sub>2</sub> 群体中随机选取

图谱<sup>[19]</sup>。

## 2 结果与分析

### 2.1 科成麦 2 号对条锈病的抗性抗病谱

抗病性鉴定结果表明,科成麦 2 号在苗期和成株期对条锈菌生理小种条中 32 和水源 11-4 的反应型为免疫或近免疫(IT 0~0;)。抗谱分析表明,科成麦 2 号苗期对 23 个条锈菌小种(0E16、32E24、32E56、24E42、34E18、32E32、67E150、33E176、33E48、32E52、8E189、133E156、207E191、97E152、35E150、111E223、33E8、35E150、33E176、3E18、E16 和 0E17)均表现为免疫或近免疫,对小种 32E20 中抗(IT 2),具有较广的抗谱。

### 2.2 科成麦 2 号抗条锈病基因的遗传分析

品系 CD1438 对条中 32 和水源 11-4 高感(IT 3~4)。(CD1438 $\times$ 科成麦 2 号)F<sub>1</sub> 及(科成麦 2 号 $\times$ CD1438)F<sub>1</sub> 幼苗各 10 株对条中 32 的侵染型均为免疫或近免疫(IT 0-0;)。F<sub>2</sub> 植株的成株期抗性鉴定结果显示,在 246 株 F<sub>2</sub> 植株中,有 186 株表现为免疫或高抗,60 株感病,卡方测验符合 3 : 1 分离比( $\chi^2_{3,1} = 0.022, df=1, P>0.05$ ; 表 1)。在 119 个 F<sub>3</sub> 株系中,29 个株系全部抗病,61 个株系抗感分离,29 个株系全部感病,抗感比例符合 1 : 2 : 1 ( $\chi^2_{1,2,1} = 0.076, df=2, P>0.05$ ; 表 1)。以上结果表明,科成麦 2 号携带一个由核基因控制的显性全生育期抗条锈病基因,暂命名为 *YrKC2*。

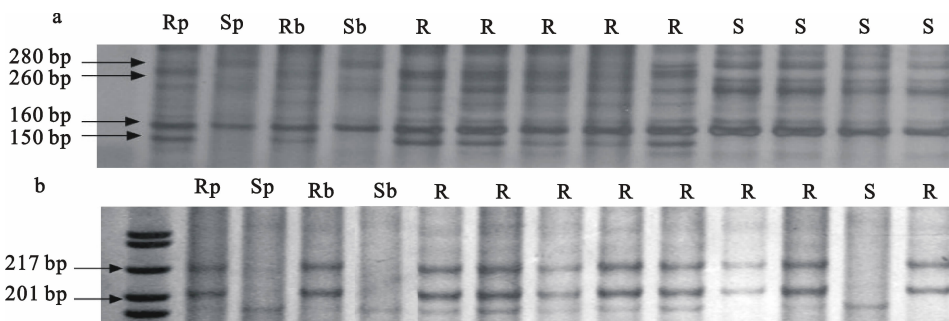
的 119 个单株进行电泳检测,结果显示这 7 个 SSR 标记与 *YrKC2* 基因连锁(图 1)。F<sub>2</sub> 代单株的基因型及其相应的标记位点带型见表 2。连锁分析和遗传图谱显示这 7 个标记位点均在抗条锈病基因 *YrKC2* 的同一侧,遗传距离在 1.7 cM 和 9.2 cM 之间,LOD 值为 3.0 (图 2)。标记 *Xcfd65*/*Xgwm11* 紧邻 *YrKC2*, 距离为 1.7 cM; *Xgwm18*、*Xbarc187*/*Xwmc406*、*Xwmc419*、

*Xwmc216* 依次排列,和 *YrKC2* 的遗传距离分别为 2.5、3.3、6.0 和 9.2 cM。根据这 7 个分子标记在染色体上的位置可知 *YrKC2* 位于 1BS 上靠近着丝粒的一端。

### 2.4 *YrKC2* 的来源

小麦品种科成麦 2 号的系谱为:咸阳大穗/E10//多花-1/3/贵农 20/4/绵阳 26。其中,咸阳

大穗、E10、多花-1、绵阳 26 均高感小麦条锈病,仅有贵农 20 是我国常用小麦育种抗源,对我国小麦条锈病具有较强的抗性。用 5 个 SSR 标记 *Xcfd65*、*Xgwm11*、*Xgwm18*、*Xbarc187*、*Xwmc406*、*Xwmc419* 检测结果表明,贵农 20 的带型与科成麦 2 号的带型一致(图 3)。这些结果显示,科成麦 2 号的抗条锈性可能来源于贵农 20。

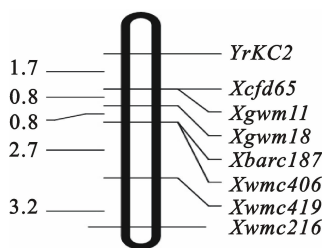


Rp:科成麦 2 号;Sp:CD1438; Rb:抗病池; Sb:感病池; R:部分抗病单株; S:部分感病单株。

Rp: Kechengmai-2; Sp: CD1438; Rb: resistant bulk; Sb: susceptible bulk; R: resistant plant; S: susceptible plant.

图 1 SSR 引物 *Xcfd65* (a) 和 *Xgwm11* (b) 扩增 F<sub>2</sub> 群体部分单株的电泳图谱

Fig. 1 Amplification pattern of F<sub>2</sub> individuals using SSR markers *Xcfd65* (a) and *Xgwm11* (b)

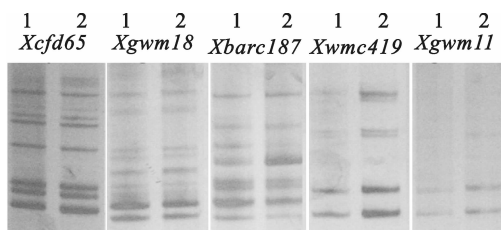


标记名称及其在连锁图上的位置标于右侧,标记之间的遗传距离(厘摩)标于左侧。

Locus names and corresponding locations on the genetic map are indicated on the right side. Map distances in centi-Morgans (Kosambi, 1944) are shown on the left side.

图 2 抗条锈基因 *YrKC2* 遗传连锁图谱

Fig. 2 Linkage map of stripe rust resistance gene *YrKC2*



1:科成麦 2 号;2:贵农 20

1: Kechengmai-2; 2: Guinong20

图 3 SSR 标记 *Xcfd65*、*Xgwm18*、*Xbarc187*、*Xwmc419* 和 *Xgwm11* 扩增科成麦 2 号和贵农 20 的 PCR 产物电泳图谱

Fig. 3 Electrophoresis of PCR product amplified with SSR marker *Xcfd65*、*Xgwm18*、*Xbarc187*、*Xwmc419* and *Xgwm11*

表 2 F<sub>2</sub> 代单株的基因型及其 SSR 标记分析

Table 2 F<sub>2</sub> genotypes inferred from seedling resistance of F<sub>3</sub> families and the corresponding alleles at 7 SSR loci

基因型 Genotypes	株数 Plant No.	<i>Xcfd65</i>			<i>Xgwm18</i>			<i>Xbarc187d</i>			<i>Xwmc419</i>			<i>Xwmc216</i>		
		A	H	B	A	H	B	A	H	B	A	H	B	A	H	B
RR	29	29	0	0	29	0	0	29	0	0	29	0	0	29	0	0
Rr	61	0	61	0	0	61	0	0	60	1	2	57	2	3	53	5
rr	29	0	2	27	0	3	26	0	3	26	0	3	26	0	3	26
总数 Total	119	29	63	27	29	64	26	29	62	28	31	60	28	32	56	31

RR:F<sub>3</sub> 家系的所有单株表现为全抗(IT 0-2);Rr:F<sub>3</sub> 家系中的单株表现为分离(0-4);rr:F<sub>3</sub> 家系的所有单株表现为全感(3-4)。A:带型同科成麦 2 号;B:带型同 CD1438;H:杂合带型。*Xgwm11* 与 *Xcfd65* ,及 *Xgwm406* 与 *Xbarc187* 等位点分析数据相同。

RR:Homozygous resistant F<sub>3</sub> families,Rr:Heterozygous resistant F<sub>3</sub> families,rr:Homozygous susceptible F<sub>3</sub> families;A:homozygous for the Kechengmai 2;B:homozygous for the CD1438;H:heterozygous. Alleles data of *Xgwm11* and *Xcfd65* are the same; Alleles date of *Xgwm406* and *Xbarc187* are the same.

### 3 讨论

培育抗病品种是防治小麦条锈病的安全、有

效措施。开展小麦抗病基因的分子标记研究,一方面能够直接或间接地定位抗病基因,另一方面能够在基因型水平上对作物种质资源进行深入评

价和鉴定,为分子标记辅助育种提供有力的工具,可以大大缩短抗病育种进程。迄今为止,已有约29个抗条锈基因构建了分子标记连锁图谱<sup>[1-2]</sup>。

本研究发现普通小麦品种科成麦2号对中国优势条锈菌小种条中32和水源11-4具有全生育期抗性,且抗性由1对显性核基因 $YrKC2$ 控制。分子标记和连锁遗传分析表明, $YrKC2$ 与标记 $Xcfd65/Xgwm11$ 、 $Xgwm18$ 、 $Xbarcl87/Xwmc406$ 、 $Xwmc419$ 和 $Xwmc216$ 紧密连锁,呈线性排列,遗传距离分别为1.7、2.5、3.3、6.0和9.2 cM。 $YrKC2$ 的分子标记间相对遗传距离较小,分子标记遗传图谱较为精细和饱和,为今后 $YrKC2$ 在育种中的选择和利用奠定了基础。

根据7个分子标记在染色体上的位置<sup>[15-17]</sup>可知, $YrKC2$ 位于1BS上靠近着丝粒的一端。目前已知位于1B的条锈病抗性基因有 $Yr10$ <sup>[5]</sup>、 $Yr15$ <sup>[6,7]</sup>、 $Yr24$ <sup>[8]</sup>、 $Yr26$ <sup>[9]</sup>、 $YrCH42$ <sup>[10]</sup>和 $YrH52$ <sup>[11,12]</sup>。 $Yr10$ 位于1BS,与 $Xgwm11/Xgwm18$ 的遗传距离为27 cM<sup>[5]</sup>,而 $YrKC2$ 与 $Xgwm11$ 的遗传距离仅为1.7 cM,因此, $Yr10$ 与 $YrKC2$ 可能不属于同一位点。 $Yr15$ <sup>[6,7]</sup>、 $YrH52$ <sup>[11,12]</sup>均来源于野生二粒小麦,而 $YrKC2$ 来源于普通小麦,因此, $YrKC2$ 与 $Yr15$ 、 $YrH52$ 可能不是等位基因。 $Yr24$ 与 $Xgwm11$ 、 $xgwm273$ 连锁<sup>[21]</sup>, $Yr26$ 与 $Xgwm11/Xgwm18$ 的遗传距离为1.9 cM<sup>[9]</sup>, $YrCH42$ 与 $Xgwm11/Xgwm18$ 的遗传距离为2.2 cM<sup>[10]</sup>,且 $Yr24$ 、 $Yr26$ 、 $YrCH42$ 为等位基因<sup>[10]</sup>。由于 $YrKC2$ 与 $Xgwm11$ 、 $Xgwm18$ 紧密连锁,遗传距离为1.7和2.5 cM,因此, $YrKC2$ 与 $Yr24$ 、 $Yr26$ 、 $YrCH42$ 可能为等位基因。科成麦2号和川麦42杂交获得的110株 $F_2$ 植株于苗期温室接种条中32,待对照明贤169充分发病后未发现感病单株。因此, $YrKC2$ 和 $YrCH42$ 可能是等位基因。 $YrKC2$ 与 $Yr24$ 、 $Yr26$ 、 $YrCH42$ 是否为等位基因,还需要分别构建数量较大的 $F_2$ 群体来进行抗病鉴定,观察是否出现抗性分离现象;同时进一步扩充中国现有抗病谱鉴定的生理小种种类,通过比较这些基因的抗病谱的异同来确定是否为相同基因或等位基因。

#### 参考文献:

[1] McIntosh R A, Devos K M, Dubcovsky J, et al. Catalogue of genesymbols for wheat [OB/OL]. <http://www.wheat.pw.usda.gov>. 2008.

[2] McIntosh R A, Dubcovsky J, Rogers W J, et al. Catalogue of genesymbols for wheat [OB/OL]. <http://www.wheat.pw.usda.gov>. 2010 Supplement.

[3] 刘正德, 蒋滨. 四川小麦生产品种抗条锈性变异及对策[J]. 西南农业学报, 1999, 12(1): 87-91.

[4] 任强, 刘慧娟, 陈洋, 等. 人工合成小麦CI91抗条锈病基因的鉴定及分子标记定位[J]. 作物学报, 2010, 36(5): 721-727.

[5] Wang L F, Ma J X, Zhou R H, et al. Molecular tagging of the yellow rust resistance gene  $Yr10$  in common wheat, P. I. 178383 (*Triticum aestivum* L.) [J]. Euphytica, 2002, 124: 71-73.

[6] Peng J H, Fahima T, Röder M S, et al. High-density molecular map of chromosome region harbouring stripe-rust resistance genes  $YrH52$  and  $Yr15$  derived from wild emmer wheat [J]. Genetis, 2000, 109: 199-210.

[7] Sun G L, Fahima T, Korol A B, et al. Identification of molecular markers linked to the  $Yr15$  stripe rust resistance gene of wheat originated in wild emmer wheat, *Triticum dicoccoides* [J]. Theoretical and Applied Genetics, 1997, 95: 622-628.

[8] McIntosh R A, Lagudah E S. Cytogenetical studies in wheat. XVIII. Gene  $Yr24$  for resistance to stripe rust [J]. Plant Breeding, 2000, 119: 81-83.

[9] Ma J X, Zhou R H, Dong Y S, et al. Molecular mapping and detection of the yellow rust resistance gene  $Yr26$  in wheat transferred from *Triticum turgidum* L. using microsatellite markers [J]. Euphytica, 2001, 120: 219-226.

[10] Li G Q, Li Z F, Yang W Y, et al. Molecular mapping of stripe rust resistance gene  $YrCH42$  in Chinese wheat cultivar Chuanmai 42 and its allelism with  $Yr24$  and  $Yr26$  [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2006, 112: 1434-1440.

[11] Peng J H, Fahima T, Röder M S, et al. Microsatellite tagging of the stripe rust resistance gene  $YrH52$  derived from wild emmer wheat, *Triticum dicoccoides*, and suggestive negative crossover interference on chromosome 1B [J]. Theoretical and Applied Genetics, 1999, 98: 862-872.

[12] Peng J H, Fahima T, Röder M S, et al. Microsatellite high-density mapping of the stripe rust resistance gene  $YrH52$  region on chromosome 1B and evaluation of its marker-assisted selection in the  $F_2$  generation in wild emmer wheat [J]. New Phytologist, 2000, 146: 141-154.

[13] 刘孝坤. 小麦抗源对条锈病抗性遗传研究初报[J]. 植物保护学报, 1988, 15(1): 33-39.

[14] Rogers S, Bendich A. Extraction of DNA from milligram amounts of fresh, herbarium and mummified plant tissues [J]. Plant Molecular Biology, 1985, 5(2): 69-76.

[15] Röder M S, Korzun V, Wendehake K, et al. A microsatellite map of wheat [J]. Genetics, 1998, 149: 2007-2023.

[16] Somers D J, Isaac P, Edwards K A. high-density microsatellite consensus map for bread wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2004, 109: 1105-1114.

[17] Sourdille P, Gandon B, Chiquet V, et al. Microsatellite-based deletion system for the establishment of genetic-physical map relationships in wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. Functional and Integrative Genomics, 2004, 4: 12-25.

[18] Lander E S, Green P, Abrahamson J, et al. Mapmaker: an interactive computer package for constructing primary genetic linkage maps of experimental and natural populations [J]. Genomics, 1987, 1: 174-181.

[19] 刘仁虎, 孟金陵. MapDraw, 在 Excel 中绘制遗传连锁图的宏 [J]. 遗传, 2003, 25(3): 317-321.

[20] 李振岐, 曾士迈. 中国小麦锈病 [M]. 北京: 中国农业出版社, 2002: 290-318.

[21] 刘亚萍, 曹双河, 王献平, 等. 小麦抗条锈病基因  $Yr24$  的 SSR 标记 [J]. 植物病理学报, 2005, 35(5): 478-480.