

六个小麦品系的抗叶锈性评价

孙一, 胡亚亚, 杨文香, 刘大群

(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)

摘要: 为探究供试的6个小麦品系对叶锈病的抗性状况及所含的抗叶锈基因, 利用苗期基因推导、成株期抗病鉴定和分子标记辅助检测进行综合鉴定。结果表明, 6个小麦品系中, cp02-62-8-1-1可能含有 *Lr3bg*、*Lr42* 和 *Lr44*; cp01-27-3-3-177可能含有 *Lr2c*、*Lr3bg*、*Lr16*、*Lr26* 和 *Lr42*; cp20-3-3-4-178和 cp02-39-2-4-377可能含有 *Lr16* 和 *Lr26*; cp20-30-1-5-218可能含有 *Lr3*、*Lr3bg*、*Lr11*、*Lr17* 和 *Lr26*; cp20-38-4-3-2具有很好的苗期和成株期抗性, 可能含有 *Lr16*、*Lr26*、*Lr37* 和其他抗叶锈基因。测试的6份小麦材料不含有 *Lr1*、*Lr9*、*Lr10*、*Lr12*、*Lr19*、*Lr20*、*Lr21*、*Lr24*、*Lr28*、*Lr29*、*Lr34*、*Lr35*、*Lr38*、*Lr41* 和 *Lr47*。结果表明, 这些小麦品系中含有比较丰富的抗叶锈病基因, 具有较好的抗叶锈性。

关键词: 小麦; 抗叶锈基因; 基因推导; 分子标记辅助选择

中图分类号: S512.1; S435.121.4⁺3 **文献标识码:** A **文章编号:** 1009-1041(2011)04-0762-07

Evaluation of the Resistance to Leaf Rust of 6 Wheat Lines

SUN Yi, HU Ya-ya, YANG Wen-xiang, LIU Da-qun

(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, Hebei 071001, China)

Abstract: In order to evaluate the leaf rust resistance of 6 wheat lines tested, we did the resistance identification in seedling and adult stages with 42 resistance gene lines as tester, inoculated by 8 pathotypes of *Puccinia triticina*. Combined gene postulation with the molecular assisted identification, we could concluded that *Lr3ka*, *Lr42* and *Lr44* were postulated in cp02-62-8-1-1; *Lr2c*, *Lr3bg*, *Lr16*, *Lr26* and *Lr42* were postulated in cp01-27-3-3-177; *Lr16* and *Lr26* were present in cp20-3-3-4-178; *Lr3*, *Lr3bg*, *Lr11*, *Lr17*, *Lr26* and *Lr42* were present in cp20-30-1-5-218 and cp02-39-2-4-377. cp20-38-4-3-2 may carry *Lr16*, *Lr26*, *Lr37* and other know or un-known resistance genes to leaf rust. However, the specific bands for resistant genes of *Lr1*, *Lr9*, *Lr10*, *Lr12*, *Lr19*, *Lr20*, *Lr21*, *Lr24*, *Lr28*, *Lr29*, *Lr34*, *Lr35*, *Lr38*, *Lr41* and *Lr47* were not be detected with the corresponding primers in the 6 lines. The results indicated that there were quite rich resistant genes to leaf rust in the 6 wheat lines.

Key words: Wheat; Resistant gene to wheat leaf rust; Gene postulation; Molecular marker-assisted selection

小麦叶锈病(wheat leaf rust)是小麦的主要病害之一, 严重发生时可造成 5%~44% 甚至更

大的产量损失^[1]。控制叶锈病最经济、最环保的方法是培育和种植抗病品种, 因此, 为提高小麦抗

* 收稿日期: 2011-01-11 修回日期: 2011-02-25

基金项目: 国家“十一五”支撑计划项目(2006BAD08A05); 国家公益性行业(农业)科研专项(200903035)。

作者简介: 孙一(1984-), 男, 在读硕士, 主要从事分子植物病理学研究。E-mail: herbert_sy@163.com

通讯作者: 杨文香(1966-), 女, 博士, 教授, 博士生导师, 主要从事分子植物病理学及植物病害生物防治研究。E-mail: wenxiangyang2003@163.com

刘大群(1958-), 男, 博士, 教授, 博士生导师, 主要从事分子植物病理学及植物病害生物防治研究。E-mail: ldq@hebau.edu.cn

锈性及合理利用抗病资源,明确我国小麦栽培品种及重要抗源材料的抗病基因组成是一项重要任务。迄今已有 39 个与抗叶锈病基因相关的分子标记被描述,从而为小麦抗叶锈基因的分子标记筛选奠定了基础。目前,小麦抗叶锈病基因 *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 标记已转化为稳定的 STS (sequence tagged site)、SCAR (sequence characterized amplified regions) 等标记,可以作为简单有效的分子辅助鉴定方案。小麦抗叶锈病基因 *Lr2c*^[21]、*Lr12*^[22]、*Lr16*^[23]、*Lr41*^[24]、*Lr42*^[25]等遗传距离较近的 SSR 标记,也可应用于分子辅助鉴定。利用这些标记,国内外已相继开展了抗叶锈病基因的鉴定^[26-28]。这些研究不仅明确了测试品种(系)的抗叶锈病基因情况,更为品种的合理布局及抗叶锈资源的有效利用提供了重要依据。本试验采用的 6 个品系是由中国农科院植物保护研究所培育的后备小麦品系,具有较好的丰产、早熟、抗倒伏性能,但其抗叶锈性尚不清楚。本研究利用基因推导及 25 个与抗叶锈病基因紧密连锁的特异性分子标记对这 6 个品种进行抗叶锈性分析,旨在明确这些后备品系的抗叶锈性及其包含的抗叶锈病基因,为小麦品种的审定及今后的推广提供重要依据,同时为小麦种质库的抗叶锈性评价提供基础信息。

1 材料与方 法

1.1 小麦材料及叶锈菌种

小麦品系 cp20-38-4-3-2、cp20-3-3-4-178、cp02-62-8-1-1、cp20-30-1-5-218、cp01-27-3-3-177、cp02-39-2-4-377 为后备小麦品系,由中国农科院植物保护研究所提供。感病对照 Thatcher、42 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(THTT、PHTP、PHKS、PHTT、FHHT、NHMT、THPT、THTS)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

在温室中,将含有 *Lr* 的近等基因系、待测品系以及感病对照 Thatcher 共 48 个小麦品种(系)按顺序播种于 25 cm×25 cm 的铁盘中,每个材料播种 7~9 粒,共播种 8 套。在小麦第一叶片完全

展开时,采用撒粉法接种 8 个相应的叶锈病菌,黑暗保湿 14~16 h 后转移到(25±5)℃温室内培养 12~14 d。按照 Roelfs 等^[29]提出的 9 级标准进行侵染型鉴定,并根据 Dubin 等^[30]提出的原则进行抗病基因推导。

1.3 抗叶锈病基因分子鉴定

随机采取不同品种的幼苗,采用 CTAB 法提取幼苗 DNA。用已被证明的能够用于抗叶锈基因鉴定的 15 个抗叶锈基因的 20 个 STS、SCAR 分子标记和 5 个遗传距离在 2.0 cM 以内的 SSR 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。扩增实验均独立重复 3 次。

在 PTC-100 中进行 PCR 反应,PCR 总反应体系为 20 μL,其中 10× buffer (Mg²⁺) 2 μL、dNTP 1.2 μL (10 mmol·L⁻¹)、每条引物 4 ng、模板 DNA 50 ng、Taq 聚合酶 1U。PCR 反应程序为 95℃ 5 min;95℃ 1 min, 50~65℃ 1 min, 72℃ 2 min,共 35 个循环;72℃ 延伸 10 min;10℃ 保存。扩增产物经 2.0% 琼脂糖凝胶电泳(5 V·cm⁻¹)后用 Goldenview 染色,通过 UVItc 凝胶成像系统(英国剑桥 UVItc 公司)检测结果。

1.4 田间成株期抗性鉴定

6 个测试小麦品系及 42 个近等基因系(或已知基因品系)于 2008 年 10 月按照行距 30 cm、行长 2 m 播种于试验田,垂直于播种行种植 Thatcher 作为接种行。在 4 月 18 日用混合菌种(THTT、PHTP、PHKS、PHTT、FHHT、NHMT、THPT、THTS)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)。

2 结果与分析

2.1 6 个小麦品系的苗期抗病性鉴定和基因推导

cp20-3-3-4-178、cp02-39-2-4-377 在苗期对供试的 8 个菌株的侵染型均为“3”或“4”(表 2),因此,这两个品系不含有对所接种小麦叶锈菌的抗性基因,而含有 *Lr2c*、*Lr16*、*Lr26*、*Lr30*、*LrB*、*Lr14a*、*Lr21*、*Lr14b*、*Lr23*、*Lr25*、*Lr29*、*Lr32*、*Lr36*、*Lr37*、*Lr50* 基因的近等基因系也对供试的

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15个基因(表2),需要用特异分子标记进行辅助鉴定。

表1 用于抗叶锈基因鉴定的分子标记

Table 1 Molecular markers used for identification of resistance genes to wheat leaf rust

Lr 基因 Lr gene	标记类型 Marker type	引物名称 Primer name	片段大小 Size of fragment /bp	参考文献 Reference
Lr1	STS	WR003	760	[2]
Lr2c	SSR	Xgwm261	176	[21]
Lr9	SCAR	SCS5-550	550	[3]
Lr9	STS	J13	1 100	[4]
Lr10	STS	Fl. 2245 Lr10-6/r2	310	[5]
Lr12	SSR	Xgwm251	120	[22]
Lr16	SSR	WMC764	156	[23]
Lr19	SCAR	SCS265	512	[6]
Lr19	SCAR	SCS253	736	[6]
Lr20	STS	STS638	542	[7]
Lr21	STS	D14	669	[8]
Lr24	STS	J09	310	[9]
Lr24	SCS	S1302-609	607	[10]
Lr26	STS	<i>ωsecalin</i>	1 076	[11]
Lr26	STS	<i>Glu-B3</i>	636	[12]
Lr28	SCAR	SCS421-570	570	[13]
Lr29	SCAR	OPY10	850	[14]
Lr34	STS	<i>csLV34</i>	150	[15]
Lr34	STS	L34	751	[16]
Lr35	STS	<i>Sr39</i>	900	[17]
Lr37	STS	VENTRIUP/LN2	259	[18]
Lr38	SCAR	P3/P4	982	[19]
Lr41	SSR	Xbarc124	261	[24]
Lr42	SSR	Wmc432	220	[25]
Lr47	STS	PS10	282	[20]

cp02-62--8-1-1 与含有Lr39、Lr40的近等基因系表现相同模式的高侵染型和低侵染型,但叶锈菌 PKTT 对 cp02-62--8-1-1 的侵染型为“;1”,比含有Lr39、Lr40的近等基因系的侵染型“;”高,比含有 Lr3ka、Lr42、Lr44 的侵染型低。所以,推测 cp02-62--8-1-1 中不含有 Lr39、Lr40,可能含有 Lr3ka、Lr42、Lr44,或者其他抗叶锈基因。同理,推测 cp01-27-3-3-177 中可能含有 Lr3bg; cp20-30-1-5-218 可能含有 Lr3、Lr11、Lr17、Lr3bg 或者其他抗病基因。

cp20-38-4-3-2 与测试的任何一个近等基因系的侵染型均不相同,推测出 cp20-38-4-3-2 中可能含有未知抗病基因或多个抗叶锈基因。但 cp20-38-4-3-2 比含有 Lr9、Lr19、Lr24、Lr38 的近等基因系的侵染型都要高,推测其不含上述抗病基因。

2.2 田间成株期的抗病性鉴定结果

cp20-38-4-3-2 的成株侵染型为“;”,属于近免疫到高抗类型; cp20-3-3-4-178、cp20-30-1-5-

218、cp02-62--8-1-1、cp01-27-3-3-177、cp02-39-2-4-377 的侵染型均为“4”,但 cp20-3-3-4-178 的病情指数大于 30%,小于 65%,属于中感;其余的病情指数小于 30%(表 3),属于慢锈类型。

2.3 测试材料的分子辅助检测结果

本试验选用与 20 个 Lr 基因紧密连锁或共分离的 25 个特异分子标记对 6 份小麦材料进行了分子检测,结果在 cp20-38-4-3-2、cp20-3-3-4-178、cp02-62--8-1-1、cp01-27-3-3-177、cp02-39-2-4-377 中扩增出了 Lr26 的正相关特异条带,在 cp20-30-1-5-218 中扩增出了 Lr26 的负相关特异条带(图 1); cp20-38-4-3-2 中扩增出 Lr37 的特异条带(图 2); 在 cp20-38-4-3-2、cp20-3-3-4-178、cp01-27-3-3-177、cp02-39-2-4-377 中扩增出与 Lr16 相同的特异带纹(图 3); 在 cp01-27-3-3-177 中扩增出与 Lr2c 相同的特异带纹(图 4); 在 cp02-62--8-1-1、cp01-27-3-3-177 中扩增出与 Lr42 相同的特异带纹(图 5),推测这些品系可能含有特异条带对应的抗叶锈性基因。未检测到 Lr1、Lr9、Lr10、

Lr12、*Lr19*、*Lr20*、*Lr21*、*Lr24*、*Lr28*、*Lr29*、*Lr34*、*Lr35*、*Lr38*、*Lr41*和*Lr47*。6份小麦品系的综合检测结果见表3。

表2 42个鉴别寄主及6个小麦供试材料的苗期叶锈病反应鉴定

Table 2 Seedling infection type of 42 leaf rust resistance gene lines with different known *Lr* genes and 6 wheat lines tested with 8 pathotypes of *P. tritincina*

测试品系 Tester lines	<i>Lr</i> 基因 <i>Lr</i> gene	致病类型 Pathotype							
		THTT	PKTT	PKKS	PHTT	FHTT	NHMT	TKPT	THTS
RL6003	<i>Lr1</i>	4	4	4	4	;1	4	4	4
RL6016	<i>Lr2a</i>	4	;	;	;	;1	;	4	4
RL6047	<i>Lr2c</i>	4	4	4	4	4	4	4	3
RL6002	<i>Lr3</i>	4	4	4	4	4	;	4	4
RL6010	<i>Lr9</i>	;	;	;	;	;	;	;	;
RL6005	<i>Lr16</i>	3	4	3	4	4	4	3	3
RL6040	<i>Lr24</i>	;1	;	;	;1	;1	;1	;	;1
RL6078	<i>Lr26</i>	4	4	4	4	3	4	4	4
RL6007	<i>Lr3ka</i>	3	4	;	4	3	4	4	4
RL6053	<i>Lr11</i>	3	4	4	4	4	;	;	3
RL6008	<i>Lr17</i>	4	4	4	4	3	;	4	3
RL6049	<i>Lr30</i>	4	4	4	4	4	3	4	3
RL6051	<i>LrB</i>	4	4	4	4	4	4	4	3
RL6004	<i>Lr10</i>	4	;	4	4	4	4	4	3
RL6013	<i>Lr14a</i>	4	4	4	4	4	4	4	4
RL6009	<i>Lr18</i>	3	4	;1	3	4	3	4	;
RL6043	<i>Lr21</i>	3	4	4	4	4	3	4	3
RL6079	<i>Lr28</i>	;	;	;	;	;1	;1	;	3
KS90WGRC10	<i>Lr41</i>	1;	4	4	;	;	;	;	;
KS91WGRC11	<i>Lr42</i>	3	;1	4	4	4	3	3	3
RL6042	<i>Lr3bg</i>	4	3	4	4	4	3	3	;
RL6006	<i>Lr14b</i>	4	4	4	4	4	3	4	4
RL6052	<i>Lr15</i>	1	4	;1	4	4	4	4	;
RL6040	<i>Lr19</i>	;	;	;	;	;	;	;	;1
RL6092	<i>Lr20</i>	4	3	;1	4	3	3	3	;
RL6012	<i>Lr23</i>	4	4	4	4	3	4	4	3
RL6084	<i>Lr25</i>	4	4	4	4	4	4	4	4
RL6080	<i>Lr29</i>	4	4	4	4	4	3	4	4
RL5497	<i>Lr32</i>	4	4	4	4	4	4	4	4
RL6057	<i>Lr33</i>	3	4	1	4	;	4	4	4
E84018	<i>Lr36</i>	4	4	4	3	4	4	3	3
RL6081	<i>Lr37</i>	4	4	4	4	4	4	4	4
RL6097	<i>Lr38</i>	;	;	;	;	;	;	;	;
KS86WGRC02	<i>Lr39</i>	3	;	4	4	4	3	4	;
KS86WGRC07	<i>Lr40</i>	4	;	4	4	4	4	4	;
KS92WGRC23	<i>Lr43</i>	4	4	4	;	4	;	;	;
RL7147	<i>Lr44</i>	4	;	4	4	4	4	4	4
RL6144	<i>Lr45</i>	4	4	3	3	1	1	1	3
Pavon76	<i>Lr46</i>	4	;	;	4	;	;	;	1
90H450	<i>Lr47</i>	;	4	;	;	;	;	4	;
KS96WGRC36	<i>Lr50</i>	4	4	4	4	4	4	4	3
Thatcher		4	4	4	4	4	4	4	4
cp20-38-4-3-2		1	;	;	;1	;1	;1	;	;1
cp20-3-3-4-178		4	4	4	4	3	4	4	3
cp20-30-1-5-218		4	3	4	4	3	;	;	1
cp02-62-8-1-1		4	;1	4	4	3	4	4	;
cp01-27-3-3-177		4	4	4	4	3	4	;	;
cp02-39-2-4-377		4	4	4	4	3	4	4	4

“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。

“0”: no flecks or uredinia; “;”: hypersensitive flecks; “1”: small uredinia with necrosis; “2”: small uredinia with chlorosis; “3”: moderate size uredinia; “4”: larger uredinia with chlorosis.

M: marker; T: TcLr26; 1~6: cp02-39-2-4-377, cp01-27-3-3-177, cp02-62-8-1-1, cp20-30-1-5-218, cp20-3-3-4-178, cp20-38-4-3-2

图1 *Lr26*的 ω -secalin (+)和 *glu-B3*(-)扩增结果

Fig. 1 PCR products of the ω -secalin and *glu-B3* marker for *Lr26*

M: marker; T: TcLr37; 1~6: cp02-39-2-4-377, cp01-27-3-3-177, cp02-62-8-1-1, cp20-30-1-5-218, cp20-3-3-4-178, cp20-38-4-3-2

图2 *Lr37*的扩增结果

Fig. 2 PCR products for *Lr37*

M: marker; T: TcLr2c; 1~6: cp02-39-2-4-377, cp01-27-3-3-177, cp02-62-8-1-1, cp20-30-1-5-218, cp20-3-3-4-178, cp20-38-4-3-2

图4 *Lr2c*的扩增结果

Fig. 4 PCR products for *Lr2c*

M: marker; T: TcLr16; 1~6: cp02-39-2-4-377, cp01-27-3-3-177, cp02-62-8-1-1, cp20-30-1-5-218, cp20-3-3-4-178, cp20-38-4-3-2

图3 *Lr16*的扩增结果

Fig. 3 PCR products for *Lr16*

M: marker; T: TcLr42; 1~6: cp02-39-2-4-377, cp01-27-3-3-177, cp02-62-8-1-1, cp20-30-1-5-218, cp20-3-3-4-178, cp20-38-4-3-2

图5 *Lr42*的扩增结果

Fig. 5 PCR products for *Lr42*

表3 6个小麦品系抗叶锈性的综合评价

Table 3 Final evaluation of the leaf rust resistance in 6 wheat lines

供试品系 Lines	苗期推导基因 Postulated resistance genes at seedling stage	成株期 Adult stage			分子检测结果 Results of MAS	综合鉴定结果 Final results
		侵染型 Infection types	病情指数 Disease index	抗病评价 Resistance evaluation		
cp20-38-4-3-2	+	;	0	NIM	<i>Lr16</i> 、 <i>Lr26</i> 、 <i>Lr37</i>	<i>Lr16</i> 、 <i>Lr26</i> 、 <i>Lr37</i> 、 +
cp20-3-3-4-178	N	4	47	MS	<i>Lr16</i> 、 <i>Lr26</i>	<i>Lr16</i> 、 <i>Lr26</i>
cp20-30-1-5-218	<i>Lr3</i> 、 <i>Lr11</i> 、 <i>Lr17</i> 、 <i>Lr3bg</i>	4	13.2	SR	<i>Lr26</i>	<i>Lr3</i> 、 <i>Lr11</i> 、 <i>Lr17</i> 、 <i>Lr3bg</i> 、 <i>Lr26</i>
cp02-62-8-1-1	<i>Lr3ka</i> 、 <i>Lr42</i> 、 <i>Lr44</i>	4	4.3	SR	<i>Lr42</i>	<i>Lr3ka</i> 、 <i>Lr42</i> 、 <i>Lr44</i>
cp01-27-3-3-177	<i>Lr3bg</i>	4	11	SR	<i>Lr2c</i> 、 <i>Lr16</i> 、 <i>Lr26</i> 、 <i>Lr42</i>	<i>Lr2c</i> 、 <i>Lr16</i> 、 <i>Lr3bg</i> 、 <i>Lr26</i> 、 <i>Lr42</i>
cp02-39-2-4-377	N	4	20.5	SR	<i>Lr16</i> 、 <i>Lr26</i>	<i>Lr16</i> 、 <i>Lr26</i>

N表示未能推出;“+”表示未知基因;SR:慢锈;MS:中感;NIM:近免疫。

N; no known leaf rust resistance genes detected; “+” represents for unknown resistance gene; SR: slow rusting; MS: moderately susceptible; NIM: nearly immune.

3 讨论

本研究采用基因推导与分子标记相结合的方法对6个小麦后备品系的抗叶锈性鉴定分析,发现供试材料中5个品系含有*Lr26*基因,4个品系可能含有*Lr16*基因,一个品系含有*Lr2c*基因。近年来,小麦抗叶锈基因*Lr2c*、*Lr16*、*Lr26*对我国小麦叶锈菌生理小种的抗性呈下降趋势,且研究发现某些已丧失抗病性的基因与其他基因复合存在时可以提高寄主的抗病性。因此,*Lr2c*、*Lr16*、*Lr26*基因仍具有一定的利用价值。小麦抗叶锈基因*Lr16*是一个有效的苗期抗叶锈基因。已报道,*Lr16*与*Lr34*基因复合存在时要比两个基因单独存在时表现出更高的抗性^[31]。小麦抗叶锈基因*Lr26*位于小麦1RS染色体上,来源于小黑麦,是20世纪70年代初从欧洲引入的1BL/1RS易位系品种,我国已大面积推广使用。近几年小麦锈菌毒性分析发现,*Lr26*基因已经被一些病原菌生理小种克服。所以,建议育种时应把*Lr2c*、*Lr16*、*Lr26*基因和其他抗叶锈基因聚合,以提高小麦的抗性。

小麦抗叶锈基因*Lr37*是成株期抗性基因,在苗期对供试菌株表现高感,而在田间成株期则表现出高抗。本研究在cp20-38-4-3-2中扩增出*Lr37*特异带,这与该品系在成株期表现高抗(IT=;)是一致的。但该品系在苗期和成株期均表现出比较强的抗性,因此,推测该品系中可能含有其他苗期抗病基因,或者由于*Lr37*与其他抗病基因互作提高了品系的抗性,具体原因尚需进一步的实验确认。

cp01-27-3-3-177、cp02-62--8-1-1中均检测到含有*Lr42*位点,但基因推导不含有该基因,出现这种现象的原因可能是在这两个品系中可能含有对抗病基因*Lr42*有抑制作用的基因存在,或者由于测试品系与近等基因系遗传背景的差异造成基因推导结果出现误差。小麦抗叶锈基因*Lr42*对小麦增产、增重及籽粒大小等农艺性状发挥了显著的作用^[32]。并且,我国生理小种对*Lr42*基因的毒性频率比较低,因此,具有很高的利用价值。

小麦品系cp02-39-2-4-377在苗期对叶锈病表现高感,但在成株期的病情指数为20.5,小于30.0,属于慢锈类型,推测其含有本实验检测未使用的慢锈基因;cp02-62--8-1-1、cp20-30-1-5-218、cp01-27-3-3-17在苗期对叶锈病表现中抗,在成

株期的病情也比较低,推测它们可能含有慢锈基因,或受基因互作影响。

本研究对供试的小麦品系进行了抗叶锈性评价,发现5个品系对小麦叶锈病具有比较好的成株抗性,说明这些品系可作为选育抗叶锈病的亲本材料,对于这些小麦后备品系的有效利用具有指导意义。

4 结论

本研究明确了供试的6份小麦后备品系的抗叶锈性,其中cp20-38-4-3-2具有很好的苗期和成株期抗性,是具有抗叶锈应用潜力的新品系,在育种上具有重大意义。测试的6份品系含有丰富的抗叶锈基因,包括*Lr1*、*Lr2c*、*Lr3ka*、*Lr16*、*Lr3bg*、*Lr26*、*Lr37*、*Lr42*和*Lr44*,可在育种中合理选择利用。

参考文献:

- [1] Kolmer J A. Genetics of resistance to wheat leaf rust [J]. Annual Review of Phytopathology, 1996, 34: 435-455.
- [2] Qiu J W, Schürch A C, Yahiaoui N, et al. Physical mapping and identification of a candidate for the leaf rust resistance gene *Lr1* of wheat [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2007, 115: 159-168.
- [3] Gupta S K, Charpe A, Koul S, et al. Development and validation of molecular markers linked to an *Aegilops umbellulata*-derived leaf-rust-resistance gene *Lr9* for marker-assisted selection in bread wheat [J]. Genome, 2005, 48: 823-830.
- [4] Schachermayr G, Siedler H, Gale M D, et al. Identification and localization of molecular markers linked to the *Lr9* leaf rust resistance gene of wheat [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2005, 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 [J]. Molecular Breeding, 1997, 3: 65-74.
- [6] Gupta S K, Charpe A, Prabhu K V, et al. Identification and validation of molecular markers linked to the leaf rust resistance gene *Lr19* in wheat [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2006, 113: 1027-1036.
- [7] Neu C, Stein N, Keller B. Genetic mapping of the *Lr20-Pml* resistance locus reveals suppressed recombination on chromosome arm 7AL in hexaploid wheat [J]. 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 [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2001, 103: 1007-1013.
- [9] Schachermayr G M, Messmer M M, Feuillet C, et al. Identifi-

- cation of molecular markers linked to the *Agropyron elongatum*-derived leaf rust resistance gene *Lr24* in wheat [J]. Theoretical and Applied Genetics, 1995, 90: 982-990.
- [10] Gupta S K, Charpe A, Koul S, *et al.* Development and validation of SCAR markers co-segregating with an *Agropyron elongatum* derived leaf rust resistance gene *Lr24* in wheat [J]. Euphytica, 2006, 150: 233-240.
- [11] Chai J F, Zhou R H, Jia J Z, *et al.* Development and application of a new co-dominant PCR marker for detecting 1BL • 1RS wheat-rye chromosome translocations [J]. Plant Breeding, 2006, 125: 302-304.
- [12] Froidmont D D. A co-dominant marker for the 1BL • 1RS wheat-rye translocation via multiplex PCR [J]. Journal of Cereal Science, 1998, 27: 229-232.
- [13] Cherukuri D P, Gupta S K, Charpe A, *et al.* Molecular mapping of *Aegilops speltoides* derived leaf rust resistance gene *Lr28* in wheat [J]. Euphytica, 2005, 143: 19-26.
- [14] Tar M, Purnhauser L, Csösz L, *et al.* Identification of molecular markers for an efficient leaf rust resistance gene (*Lr29*) in wheat [J]. Acta Biologica Szegediensis, 2002, 46: 133-134.
- [15] Lagudah E S, McFadden H, Singh R P, *et al.* Molecular genetic characterization of the *Lr34/Yr18* slow rusting resistance gene region in wheat [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2006, 114: 21-30.
- [16] Lagudah E S, Krattinger S G, Herrera-Foessel S, *et al.* Gene-specific markers for the wheat gene *Lr34/Yr18/Pm38* which confers resistance to multiple fungal pathogens [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2009, 119: 889-898.
- [17] Gold J, Harder D, Townley-Smith F, *et al.* Development of a molecular marker for rust resistance genes *Sr39* and *Lr35* in wheat breeding lines [J]. Electronic Journal of Biotechnology, 1999, 2 (1), DOI: 10.2225/vol2-issue1-fulltext-1.
- [18] Helguera M, Khan I A, Kolmer J, *et al.* PCR assays for the *Lr37-Yr17-Sr38* cluster of rust resistance genes and their use to develop isogenic hard red spring wheat lines [J]. Crop Science, 2003, 43: 1839-1847.
- [19] 闫红飞, 杨文香, 刘大群. 小麦抗叶锈基因 *Lr38* 的一个新标记 [J]. 中国农业科学, 2008, 41(11): 3604-3609.
- [20] Helguera M, Khan I A, Dubcovsky J. Development of PCR markers for the wheat leaf rust resistance gene *Lr47* [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2000, 100: 1137-1143.
- [21] 张娜, 杨文香, 刘大群. 小麦抗叶锈病基因 *Lr2c* 的 SSR 标记 [J]. 农业生物技术学报, 2009, 17 (1): 148-152.
- [22] S. Singh, Robert L. Bowden. Molecular mapping of adult-plant race-specific leaf rust resistance gene *Lr12* in bread wheat [J]. Molecular Breeding, 2010, DOI: 10.1007/s11032-010-9467-4.
- [23] McCartney C A, Somers D J, McCallum B D, *et al.* Microsatellite tagging of the leaf rust resistance gene *Lr16* on wheat chromosome 2BSc [J]. Molecular Breeding, 2005, 15: 329-337.
- [24] Xiaochun Sun, Guihua Bai, Brett F. Carver. Molecular markers for wheat leaf rust resistance gene *Lr41* [J]. Molecular Breeding, 2009, 23: 311-321.
- [25] Xiaochun Sun, Guihua Bai, Brett F, *et al.* Molecular mapping of wheat leaf rust resistance gene *Lr42* [J]. Crop Science, 2010, 50: 59-66.
- [26] Lukasz S, Lidia G, Jerzy C. Leaf rust resistance genes of wheat; identification in cultivars and resistance sources [J]. Journal of Applied Genetics, 2003, 44: 139-149.
- [27] Singh R, Datta D, Singh S, *et al.* Marker-assisted selection for leaf rust resistance genes *Lr19* and *Lr24* in wheat [J]. Journal of Applied Genetics, 2004, 45: 399-403.
- [28] 丁艳红, 杨文香, 刘大群, 等. 28 个小麦微核心种质抗叶锈性分析 [J]. 作物学报, 2010, 36 (7): 1126-1134.
- [29] Roelfs A P, Singh R P, Saari E E. Rust diseases of wheat: concepts and methods of disease [M]. Mexico: CIMMYT, 1992: 7-14.
- [30] Dubin H J, Johnson. Postulated genes for resistance to strip rust in selected CIMMYT and related wheats [J]. Plant Disease, 1989, 73: 472-475.
- [31] German S E, Kolmer J A. Effect of gene *Lr34* in the enhancement of resistance to leaf rust of wheat [J]. Theoretical and Applied Genetics, 1992, 84: 97-105.
- [32] Martin J N, Carver B F, Hunger R M. Contributions of leaf rust resistance and awns to agronomic and grain quality performance in winter wheat [J]. Crop Science, 2003, 43: 1712-1717.