

中国 79 个小麦品种（系）抗条锈病评价及基因分子检测

黄亮^{1,2}, 刘太国¹, 肖星芷³, 屈春艳⁴, 刘博¹, 高利¹, 罗培高^{1,2}, 陈万权¹

(¹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; ²四川农业大学农学院, 成都 611130;

³西南大学植物保护学院, 重庆 400715; ⁴山东农业大学作物生物学国家重点实验室, 山东泰安 271018)

摘要:【目的】了解中国小麦品种的条锈病抗性水平, 掌握条锈病抗性基因的分布与利用情况, 加强小麦品种的合理应用, 促进品种布局与推广, 延长品种使用年限, 保障小麦生产安全。【方法】在温室中采用条锈菌 CYR32、CYR33、G22-9、G22-14 对中国小麦主产区的 79 个小麦品种（系）进行苗期抗性鉴定, 喷雾接种的幼苗在 (10±1) °C 的黑暗保温桶中保湿 12—18 h, 取出置于白天 16—18 °C, 夜晚 14—16 °C 温室中, 光周期为 L : D=16 h : 8 h, 15 d 后按 0—9 级分级标准进行调查; 在河北廊坊大田中采用条锈菌 CYR32、CYR33 对 79 个小麦品种（系）进行成株期抗性鉴定, 接种适期为小麦拔节期, 接种前 3 d 灌水确保田间土壤温度。采用 1 g 夏孢子 : 300 mL 矿物油的条锈菌夏孢子悬浮液喷雾接种诱发行感病品种铭贤 169, 待矿物油晾干后, 喷水并覆塑料薄膜保湿 12—16 h, 待充分发病后调查病害的普遍率、严重度和侵染型, 调查两次, 以最高等级作为病情发病的级数; 利用小麦抗条锈病基因 *Yr5*、*Yr10*、*Yr18*、*Yr26* 和 *1B/1R* 易位系的相应分子标记 Wmc175F/R、SC₂₀₀F/R、csLv34 F/R、We173 F/R 和 AF1/AF4 对供试小麦进行分子检测; 结合系谱分析、抗病性鉴定和分子检测结果分析确定参试小麦品种的抗性基因情况。【结果】在所有的参试小麦品（系）中, 苗期对 CYR32 和 CYR33 均具有抗性的 16 份, 占 20.3%; 对条锈菌致病类型 G22-9 和 G22-14 均具有抗性的 4 份, 占 5.1%; 对 CYR32、CYR33、G22-9 和 G22-14 这 4 个小种均具有抗性的 4 份, 占 5.1%; 成株期对 CYR32 和 CYR33 表现中抗及以上水平的 24 份, 占 30.4%; 对 CYR32 表现全生育期抗性的 12 份, 占 15.2%; 对 CYR33 表现全生育期抗性的 16 份, 占 20.3%; 对 CYR32 和 CYR33 均表现全生育期抗性的 11 份, 占 14.0%。苗期对 4 个菌系均具有抗性并且成株期对 CYR32 和 CYR33 表现中抗或以上水平的共 4 份, 占 5.1%。结合系谱分析、抗病性鉴定和分子检测结果得出, 供试小麦品种中 4 份携带 *Yr5*, 占 5.1%; 8 份携带 *Yr10*, 占 10.1%; 3 份携带 *Yr18*, 占 3.8%; 仅 1 份携带 *Yr26*, 占 1.3%; 35 份携带 *1B/1R*, 占 44.3%; 4 份携带 2 个抗性基因; 远丰 139 携带 *Yr5*、*Yr10* 和 *Yr26*。【结论】中国主产麦区的 79 个小麦品种（系）对当前条锈菌流行小种抗性水平普遍较低, *1B/1R* 易位系使用率依然较高, 在今后的育种工作中应加大 *Yr5*、*Yr18* 等有效抗性基因的利用, 育成多基因聚合的有效持久抗性品种, 进一步减少对 *1B/1R* 易位系的使用。

关键词: 小麦; 小麦条锈病; 抗病鉴定; 抗病基因; 分子检测

Evaluation of Stripe Rust Resistance and Molecular Detection of *Yr* Genes of 79 Wheat Varieties (Lines) in China

HUANG Liang^{1,2}, LIU TaiGuo¹, XIAO XingZhi³, QU ChunYan⁴, LIU Bo¹, GAO Li¹,
LUO PeiGao^{1,2}, CHEN WanQuan¹

(¹State Key Laboratory for Biology of Plant Diseases and Insect Pests, Institute of Plant Protection, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100193; ²College of Agronomy, Sichuan Agricultural University, Chengdu 611130; ³College of Plant Protection, Southwest University, Chongqing 400715; ⁴State Key Laboratory of Crop Biology, Shandong Agricultural University, Taian 271018, Shandong)

收稿日期: 2017-03-03; 接受日期: 2017-05-19

基金项目: 国家自然科学基金 (31371884, 31611130039)、国家重点研发计划 (2016YFD0300705)、国家转基因重大专项课题 (2014ZX0801101B)、现代农业产业技术体系 (CARS-3)

联系方式: 黄亮, E-mail: 553204236@qq.com. 通信作者刘太国, E-mail: tgliu@ippcaas.cn

Abstract: 【Objective】 The objectives of this study are to understand the resistance to *Puccinia striiformis* of wheat cultivars and the distribution and application of *Yr* genes in the main wheat growing regions, to give some suggestions for the farmers and governors when they choose cultivars, and to prolong the planting years of cultivars based on the harbored *Yr* genes. 【Method】 There were four races, designating CYR32, CYR33, G22-9 and G22-14 used to identify stripe rust resistance of 79 wheat cultivars or lines from main wheat producing areas in China at seedling stage in greenhouse. The seedlings were put into barrels for keeping humidity in dark for 12-18 h at (10±1)°C after inoculation, then they were put into greenhouse at 16 to 18°C in the day time and 14 to 16°C in the nighttime with 16 hours' light and 8 hour's darkness. The investigation was carried out 15 days after inoculation as 0-9 scales. And CYR32 and CYR33 were used for further resistance evaluation at the adult stage at Langfang Station of Hebei Province. In order to keep soil humidity, enough water should be irrigated before the inoculation of adult plants was carried out at jointing stage. The urediniospore suspensions were adjusted to 1 g urediniospores : 300 mL mineral oil and sprayed the susceptible control cv. Mingxian 169. After the mineral oil evaporated thoroughly, the plants were sprayed water by hand-hold sprayer and covered with plastic film for 12-16 h for keeping moisture. The incidence, severity and infection type were recorded at least twice to keep the severer records as the final data. Then the authors screened these wheat cultivars with the closely linked molecular markers of wheat stripe rust resistance genes *Yr5* (Wmc175F/R), *Yr10* (SC₂₀₀F/R), *Yr18* (csLv34 F/R), *Yr26* (We173) and *1B/1R* (AF1/AF4) translocation lines. With all data were integrated, such as pedigree of cultivars (lines), resistance to the 4 races, and molecular detection, the yellow rust resistance genes were postulated. 【Result】 Among all tested cultivars or lines at seedling stage, 16 (20.3%) were resistant to CYR32 and CYR33, 4 (5.1%) were resistant to G22-9 and G22-14, only 4 (5.1%) cultivars showed resistance to 4 races of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (*Pst*). However, there were 24 (30.4%) showed resistance to CYR32 and CYR33 at adult stage. As for wheat cultivars at all growth stages, 12 (15.2%) were resistant to CYR32, 16 (20.3%) were resistant to CYR33 and only 11 (14.0%) were resistant to both CYR32 and CYR33. Only 4 (5.1%) cultivars showed resistance to CYR32, CYR33, G22-9 and G22-14 at seedling stage and CYR32 and CYR33 at adult stage, respectively. After all the information integrated, such as pedigree of cultivars (lines), resistance to the 4 races, and molecular detection, it showed that 4 (5.1%) tested cultivars contained *Yr5*, 8 (10.1%) contained *Yr10*, 3 (3.8%) contained *Yr18*, 1 (1.3%) contained *Yr26*, 35 (44.3%) contained *1B/1R*, and 4 cultivars contained 2 *Yr* genes, and Yuanfeng 139 contained *Yr5*, *Yr10* and *Yr26*. 【Conclusion】 The 79 cultivars (lines) have low resistance to the prevalent 4 races and the usage of *1B/1R* translocation line was still high. In the future breeding, the utilization of effective resistance genes such as *Yr5* and *Yr18* should be increased. Pyramiding multi-gene varieties with effective durable resistance should be strengthened and the use of *1B/1R* translocation line should be decreased.

Key words: wheat; wheat stripe rust; resistance evaluation; resistance gene; molecular detection

0 引言

【研究意义】小麦条锈病是一种由小麦条锈菌 (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) 引起的、发生范围广、流行程度大、危害损失重的小麦真菌病害,在病害流行年份可造成小麦减产 40% 以上甚至绝收。小麦条锈病在全球范围内均有分布,中国是小麦条锈病发病面积最广、损失程度最重的国家^[1]。1949 年以来,先后发生了 9 次小麦条锈病大流行,对小麦生产造成了重大损失,直接影响口粮安全生产工作。【前人研究进展】条锈病菌变异是引起中国小麦对条锈病抗性丧失的主要原因,目前,选育并合理运用优良抗病品种依然是防治小麦条锈病最经济、安全、有效的方法^[2],明确小麦品种的抗病性和抗病基因是实现小麦品种合理布局、优化小麦生产结构的关键环节和重要前提。条中 32 号 (CYR32) 和条中 33 号 (CYR33) 小种的出现频率年度间虽有变化,但仍然是当前优势生理小种

^[3-6], 其对条锈病抗病基因 *Yr5*、*Yr10*、*Yr15*、*Yr18*、*Yr26* 和一些未知的抗性基因不具有毒性^[7-8]。2009 年,在四川发现了对中国小麦条锈菌鉴别寄主贵农 22 有毒性的新菌株 (代号 V26, 现称为 G22 致病类群), 其主要特点是对重要抗条锈病基因 *Yr26* 和 *Yr10* 具有联合毒性^[9-10], 导致贵农系、92R 系和 Moro 等主要抗锈性材料抗条锈性“丧失”, 并极有可能上升为中国流行小种^[4,11], 其中来自小麦品种 Moro 的抗条锈基因 *Yr10* 在四川和贵州等地作为有效抗源得到广泛应用, 占四川小麦主栽品种的 17.2%^[12]和贵州高抗条锈小麦品种的 8.3%^[13]; 来自四倍体圆锥小麦 6VS/6AL 易位系的抗条锈基因 *Yr26* 在黄淮海麦区和西南地区尤其依赖, 其中黄淮海麦区带有 *Yr26* 的小麦品种多达 30%^[14], 云贵川地区推广的带有 *Yr26* 的云麦 52、川麦 42、川麦 47、川麦 38 以及绵麦 37、绵麦 168 和贵农 21、贵农 775 等品种均有广泛应用。采用基因推导和分子标记相结合的方式对抗性基因的确定可大大

提高研究的可靠性和准确性^[15]。【本研究切入点】新小种的产生为小麦条锈病防治工作带来了严峻的挑战,可能引起小麦主产区的再一次更替,而目前中国主产区小麦品种对新小种的抗性表现和主效基因还有待明确。【拟解决的关键问题】通过对 79 份小麦主产品种(系)所含的抗条锈基因 *Yr5*、*Yr10*、*Yr18*、*Yr26* 和携带 *Yr9* 的 *1B/1R* 易位系进行分子检测并结合系谱分析和抗性鉴定结果,分析中国当前小麦主产品种的抗条锈基因分布情况,为新形势下小麦品种合理布局和品种推广提供参考。

1 材料与方 法

1.1 材 料

供试菌种 CYR32、CYR33、G22-9、G22-14 由中国农业科学院植物保护研究所麦类病害组收集、鉴定、繁存。

供试小麦为中国小麦主产区部分小麦品种,共 79 份,阳性对照材料为 Avocet S*6/*Yr5*、Avocet S*6/*Yr9*、Avocet S*6/*Yr10*、Avocet S*6/*Yr18*、Avocet S*6/*Yr26*,阴性对照材料为 Avocet S。所有小麦品种均由中国农业科学院植物保护研究所麦类病害组收集、繁存。

1.2 小麦抗条锈病鉴定

1.2.1 苗期鉴定 苗期抗性鉴定于 2016 年 3—6 月在中国农业科学院植物保护研究所廊坊科研基地麦类病害组低温温室完成。采用 72 穴的育苗盘种植小麦种子,每穴 7—9 粒,放于育苗间内待小麦第一片叶完全展开时人工接菌。接种采用刘太国等^[10]方法,按照 9

mg 条锈菌新鲜夏孢子比 1 mL 矿物油 (Soltrol®170) 的比例配制混合液,并用喷雾装置均匀喷洒在小麦叶片上,待矿物油完全晾干后(约 4—6 h)放入保湿间,均匀喷上吐温水(1 mL 2.0%吐温溶液:2 L 水)溶液,10℃保湿 24 h 后取出放于低温室培养,温度 14—18℃,光照 16 h·d⁻¹,培养 15 d,待对照品种铭贤 169 完全发病后调查。调查标准按照 0—9 级标准^[16]进行,即 0—6 为抗病,7—9 为感病。

1.2.2 成株期鉴定 成株期抗性鉴定于 2015—2016 年在中国农业科学院植物保护研究所廊坊科研基地完成。每个品种种植一行,每行长 1 m,行距 0.33 m,每隔 20 个品种种植一行铭贤 169,在两个品种中间垂直于行种植一行铭贤 169(铭贤 169 均作为诱发行),在 4 月中旬小麦进入返青、拔节期时按照 1 g 条锈菌新鲜夏孢子:300 mL 矿物油 (Soltrol®170) 的比例配制混合液,均匀喷撒在诱发行小麦叶片上,待矿物油完全晾干后,均匀喷上 0.05%吐温 20 水溶液,覆盖薄膜保湿过夜,第 2 天清晨揭去薄膜,10 d 灌水一次保持田间湿度利于病菌进行再侵染,于铭贤 169 充分发病(5 月下旬和 6 月上旬)调查病害的普遍率、严重度和侵染型^[17],调查两次,以最高等级作为病情发病的级数。

1.3 分子标记检测

分子标记检测试验于 2016 年 3—9 月在中国农业科学院植物保护研究所麦类病害组实验室完成。

1.3.1 引物序列 *Yr5*、*Yr10*、*Yr18*、*Yr26* 和携带 *Yr9* 的 *1B/1R* 易位系分子检测引物(表 1)均由上海生工生物工程有限公司合成。

表 1 小麦抗条锈病基因 *Yr5*、*Yr9*、*Yr10*、*Yr18* 和 *Yr26* 的特异性引物序列

Table 1 The specific primer sequences for yellow rust resistance genes *Yr5*, *Yr9*, *Yr10*, *Yr18* and *Yr26*

<i>Yr</i> 基因 <i>Yr gene</i>	标记名称 Primer name	引物序列 Primer sequence	遗传距离 Distance (cM)	退火温度 Annealing temperature (°C)	参考文献 Reference
<i>Yr5</i>	Wmc175F/R	GCTCAGTCAAACCGCTACTTCT CACTACTCCAATCTATCGCCGT	1.4	60	文献[18] Reference [18]
<i>1B/1R</i> (<i>Yr9</i>)	AF1/AF4	GGAGACATCATGAAACATTG CTGTTGTTGGGCAGAAAG	Rye chromosome specific	58	文献[19] Reference [19]
<i>Yr10</i>	SC ₂₀₀ F/R	CTGCAGAGTGACATCATACA TCGAACTAGTAGATGCTGGC	0.5	57	文献[20] Reference [20]
<i>Yr18</i>	csLv34 F/R	GTTGGTTAAGACTGGTGATGG TGCTTGCTATTGCTGAATAGT	0.4	57	文献[21] Reference [21]
<i>Yr26</i>	We173 F/R	GGGACAAGGGGAGTTGAAGC GAGAGTTCCAAGCAGAACAC	1.4	60	文献[22] Reference [22]

1.3.2 小麦基因组提取 待小麦苗长至 2—3 叶期时取小麦叶片，采用 CTAB 法提取小麦基因组 DNA，用 Nano Drop (ND-1000) 测定浓度后稀释至 100 ng·μL⁻¹ 备用。

1.3.3 PCR 检测 PCR 检测采用 25 μL 体系，包含 12.5 μL *EasyTaq*® PCR SuperMix，上游引物和下游引物各 1 μL (引物浓度为 100 ng·μL⁻¹)，模板 DNA 1 μL，ddH₂O 9.5 μL。产物均用 2.0% 的琼脂糖凝胶进行检测，并在 WSE-5200 一体式凝胶成像系统上观察拍照。

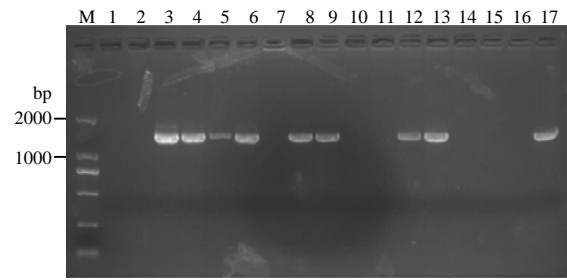
2 结果

2.1 小麦抗条锈病鉴定

苗期对 CYR32 具有抗性 (0—6) 的小麦 18 份，占 22.8%，不具有抗性 (7—9) 的 61 份，占 77.2%；对 CYR33 具有抗性的 34 份，占 43%，不具有抗性的 45 份，占 57%；对 G22-9 具有抗性的 15 份，占 19%，不具有抗性的 64 份，占 81.0%；对 G22-14 具有抗性的 10 份，占 12.7%，不具有抗性的 69 份，占 87.3%。成株期对 CYR32 表现免疫 (0) 的 11 份，占 14%，表现高抗 (R) 的 12 份，占 15.2%，表现中抗 (MR) 的 6 份，占 7.6%，表现中感 (MS) 的 19 份，占 24.1%，表现高感 (S) 的 31 份，占 39.2%；对 CYR33 表现免疫的 9 份，占 11.4%，表现高抗的 9 份，占 11.4%，表现中抗的 18 份，占 22.8%，表现中感的 20 份，占 25.3%，表现高感的 23 份，占 29.1%。其中苗期对 CYR32 和 CYR33 均具有抗性的 16 份，占 20.3%；对条锈菌毒性类型 G22-9 和 G22-14 均具有抗性的 4 份，占 5.1%；对 CYR32、CYR33、G22-9 和 G22-14 这 4 个小种均具有抗性的 4 份，占 5.1%；成株期对 CYR32 和 CYR33 表现中抗及以上水平 (0、R、MR) 的 24 份，占 30.4%；对 CYR32 表现全生育期抗性的 12 份，占 15.2%；对 CYR33 表现全生育期抗性的 16 份，占 20.3%；对 CYR32 和 CYR33 均表现全生育期抗性的 11 份，占 14.0%。苗期对 4 个菌种均具有抗性并且成株期对 CYR32 和 CYR33 表现中抗或以上水平的共 4 份，分别为廊研 43、西农 889、远丰 139 和西农 223 (表 2)。

2.2 小麦抗条锈基因分子检测

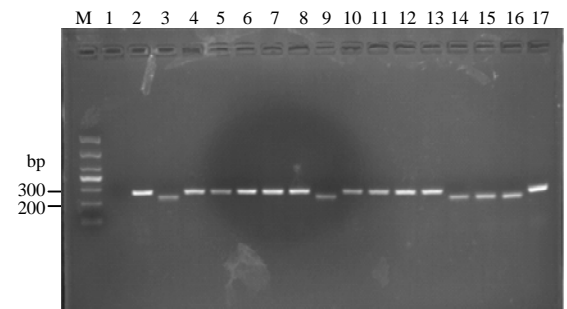
2.2.1 *IB/IR* 易位系分子检测 FRANCIS 等^[19]开发了一个长度为 1 500 bp 的 *IB/IR* 易位系 SCAR 显性标记 AF1/4，利用该标记对 79 份供试小麦进行检测 (表 2、图 1)，发现石 4185、烟农 22 等共 35 份材料带有该标记，占检测总数的 44.3%。



M: DL2000; 1: ddH₂O; 2: Avocet S; 3: Avocet S*6/Yr9; 4: 烟农 22 Yannong 22; 5: 科农 199 Kenong 199; 6: 石 4185 Shi 4185; 7: 西农 889 Xinong 889; 8: 石新 616 Shixin 616; 9: 石新 618 Shixin 618; 10: 小偃 216 Xiaoyan 216; 11: 淮麦 16 Huaimai 16; 12: 西农 9871 Xinong 9871; 13: 莱州 137 Laizhou 137; 14: 澳大利亚红麦 Red wheat from Australia; 15: 加拿大超强筋小麦 Extra-strong gluten wheat from Canada; 16: 泰农 18 Tainong 18; 17: 新麦 16 Xinmai 16

图 1 部分供试小麦品种 (系) 的 *IB/IR* 易位系分子标记扩增
Fig. 1 *IB/IR* marker amplification of some wheat varieties (lines)

2.2.2 *Yr5*、*Yr10*、*Yr18*、*Yr26* 分子检测 利用共显性标记 Wmc175、SC200、csLv34、We173 分别对 *Yr5*、*Yr10*、*Yr18*、*Yr26* 基因进行分子检测，并结合系谱分析和抗性鉴定结果发现 4 份材料带有 *Yr5* (表 2、图 2)，占 5.1%；8 份材料带有 *Yr10* (表 2、图 3)，占 10.1%；3 份材料带有 *Yr18* (表 2、图 4)，占 3.8%；仅 1 份材料带有 *Yr26* (表 2、图 5)，占 1.3%；4 份材料同时携带 2 个抗条锈病基因；1 份材料同时携带 3 个抗条锈病基因。



M: DL1000; 1: ddH₂O; 2: Avocet S; 3: Avocet S*6/Yr5; 4: 烟农 19 Yannong 19; 5: 鲁麦 22 Lumai 22; 6: 济宁 16 Jining 16; 7: 良星 99 Liangxing 99; 8: 烟农 21 Yannong 21; 9: 廊研 43 Langyan 43; 10: 山农 15 Shannong 15; 11: 烟农 836 Yannong 836; 12: 豫麦 49 Yumai 49; 13: 豫麦 54 Yumai 54; 14: 西农 889 Xinong 889; 15: 西农 223 Xinong 223; 16: 远丰 139 Yuanfeng 139; 17: 石 54 Shi 54

图 2 部分供试小麦品种 (系) 的 *Yr5* 基因标记扩增
Fig. 2 *Yr5* gene marker amplification of some wheat varieties (lines)

表 2 79 份小麦品种 (系) 对中国条锈菌主要流行小种的抗病性及抗性基因分子检测

Table 2 Resistance to the 4 prevalent races of *P. striiformis* and the molecular detection of 79 wheat cultivars (lines)

序号 Number	品种名称 Cultivar	系谱 Pedigree	苗期鉴定 Score of seedling				成株期鉴定 Score of adult		分子标记检测 Marker test result					携带基因 Postulated <i>Yr</i> gene (s)	
			G22-9	G22-14	CYR32	CYR33	CYR32	CYR33	<i>Yr5</i>	<i>Yr10</i>	<i>Yr18</i>	<i>Yr26</i>	<i>IBL/IRS (Yr9)</i>		
									Wmc175	SC ₂₀₀	csLv34	We173	AF1/4		
	铭贤 169 Minxian 169		7	8	8	7	S	S							
	Avocet S		7	8	8	7	S	S							
	Avocet S*6/ <i>Yr5</i>		0	0-1	5	3	0	0	+						<i>Yr5</i>
	Avocet S*6/ <i>Yr9</i>		7	7	7	7	MS	MS					+		<i>Yr9</i>
	Avocet S*6/ <i>Yr10</i>		7	7	0	4	0	R		+					<i>Yr10</i>
	Avocet S*6/ <i>Yr18</i>		7	7	7	7	0	0			+				<i>Yr18</i>
	Avocet S*6/ <i>Yr26</i>		8	7	0	0-1	0	0					+		<i>Yr26</i>
1	鲁麦 21 Lumai 21	F4T144/宝丰 7228 F4T144/Baofeng 7228	7	7	7	5	R	MR	-	-	-	-	-		
2	济麦 20 Jimai 20	鲁麦 14/鲁 884187 (鲁麦 13/临汾 5064) Lumai 14/Lu 884187(Lumai 13/Linfen 5064)	7	7	7	6	S	MS	-	-	-	-	-		
3	烟农 19 Yannong 19	烟 1933/陕 82-29 Yan 1933/Shaan 82-29	7	7	7	0	S	MS	-	-	-	-	-		
4	泰山 21 Taishan 21	26744/泰山 10 号//鲁麦 7 号/3/鲁麦 18 26744/Taishan 10//Lumai 7/3/Lumai 18	7	7	5	3C	MR	MR	-	+	-	-	-		<i>Yr10</i>
5	鲁麦 22 Lumai 22	泰山 2 号变异株/烟农 15//京花 1 号 Variant of Taishan 2/Yannong 15//Jinghua 1	4-5	7	5	2C	MR	MS	-	-	-	-	-		
6	淄麦 12 Zimai12	73-110 掖选 1 号//03201/3/73-1104/掖选 1 号/4/ 贵农 35-2 73-110Yexuan 1//03201/3/73-1104/Yexuan 1/4/Guinong 35-2	7	6-7	5	0	R	MR	-	+	-	-	-		<i>Yr10</i>
7	济宁 16 Jining 16	[烟 1934/82 (4) 046]F ₁ // (聊 83-1/2114) F ₁ [Yan 1934/82(4)046] F ₁ //(Liao 83-1/2114) F ₁	7	7	8	7	MS	MR	-	-	-	-	-		
8	山农 12 号 Shannong 12	828006/PH85-4	8	7	7	7	MS	MS	-	-	-	-	-		
9	良星 99 Liangxing 99	济 91102/鲁麦 14//PH85-16 Ji 91102/Lumai 14//PH85-16	7	8	8	7	S	R	-	-	-	-	-		
10	烟农 21 Yannong 21	烟 1933/陕 82-29 Yan 1933/Shaan 82-29	8	8	7	7	S	S	-	-	-	-	-		
11	汶农 5 号 Wennong 5	鲁麦 21/泰山 5 号 Lumai 21/Taishan 5	7	7	7	4	MS	MS	-	-	-	-	-		

续表 2 Continued table 2

序号 Number	品种名称 Cultivar	系谱 Pedigree	苗期鉴定 Score of seedling				成株期鉴定 Score of adult		分子标记检测 Marker test result					携带基因 Postulated Yr gene (s)
			G22-9	G22-14	CYR32	CYR33	CYR32	CYR33	Yr5	Yr10	Yr18	Yr26	IBL/IRS (Yr9)	
			12	济麦 22 Jimai 22	临远 7069/鲁麦 14//935106 Linyuan 7069/Lumai 14//935106	2-4CN	6-7	7	4	MS	MS	-	-	
13	汶农 6 号 Wennong 6	915021//9215/876161	7	7	8	7	S	MS	-	-	-	-	-	
14	山农 15 Shannong 15	济南 17 号/济核 916 Jinan 17/Jihe 916	5	8	8	5	MS	S	-	-	-	-	-	
15	郑麦 98 Tanmai 98	济宁 13/942 Jining 13/942	7	7	5	5	S	MS	-	-	-	-	-	
16	山农 17 Shannong 17	L156/4/974-1253/掖选 1 号//有 7/洛夫林 10/3/ 鲁麦 14 L156/4/974-1253/Yexuan 1//You 7/Lovrin 10/3/ Lumai 14	6-7	7	7	7	S	S	-	-	-	-	-	
17	唐麦 8 号 Tangmai 8	中麦 9 号/唐 94 鉴 38 Zhongmai 9/Tang 94 jian 38	8	7	7	7	MS	MS	-	-	-	-	-	
18	河农 4198 Henong 4198	河农 326/#409/河农 94342 Henong 326/#409/Henong 94342	7	8	5	4	MR	MR	-	+	-	-	-	Yr10
19	廊研 43 号 Langyan 43	0591/京 411 0591/Jing 411	5	6	2N	2N	0	0	+	-	-	-	+	Yr5、Yr9
20	临抗 16 号 Linkang 16		7	7	5	2-3	MR	R	-	+	-	-	+	Yr10、Yr9
21	临优 145 Linyou 145	临汾 5064/陕优 225 Linfen 5064/Shaanyou 225	7	7	0	0	R	MR	+	+	-	-	-	Yr10
22	新麦 16 Xinmai 16	郑州 891/内乡 82C6/豫麦 2 号 Zhenzhou 891/Neixiang 82C6/Yumai 2	3	7	7	0	S	MS	-	-	-	-	+	Yr9
23	新麦 26 Xinmai 26	新麦 9408/济南 17 Xinmai 9408/Jinan 17	6	7	0	2CN	0	MR	+	+	-	-	-	Yr10
24	豫麦 49 Yumai 49	百农 791/温选 1 号/郑州 761/3/豫麦 2 号 Bainong 791/Wenxuan 1/Zhengzhou 761/3/Yumai 2	7	4	8	7	R	MS	-	-	-	-	-	
25	豫麦 54 Yumai 54	百农 8717/3/[(偃大 72-629-52/石 82-5594)F ₁ // 百农 84-4046-1]F ₂ Bainong 8717/3/[(Yanda 72-629-52/Shi 82-5594)F ₁ //Bainong 84-4046-1]F ₂	6-7	2-4	6	4	S	S	-	-	-	-	-	
26	西农 889 Xinong 889	小偃 6 号/小偃 8335-2//E 旱-4 Xiaoyan 6/Xiaoyan 8335-2//E Han-4	1	3	4	2N	0	0	+	+	-	-	-	Yr5、Yr10
27	小偃 216 Xiaoyan 216	小偃 22/兰考 906 Xiaoyan 22/Lankao 906	7	7	7	7	0	0	-	-	-	-	-	

续表 2 Continued table 2

序号 Number	品种名称 Cultivar	系谱 Pedigree	苗期鉴定 Score of seedling				成株期鉴定 Score of adult		分子标记检测 Marker test result					携带基因 Postulated Yr gene (s)
			G22-9	G22-14	CYR32	CYR33	CYR32	CYR33	Yr5	Yr10	Yr18	Yr26	IBL/IRS (Yr9)	
28	远丰 139 Yuanfeng 139	小偃 6 号//775-1/小偃 107////94156-1/N9134 Xiaoyan 6//775-1/Xiaoyan 107////94156-1/N9134	2	6	2CN	3-5	0	0	+	+	-	+	-	Yr5、Yr10、Yr26
29	晋麦 33 号 Jinmai 33	耐雪/5027//036//76-1295////卫东 7 号/向阳 4 号 Naixue/5027//036//76-1295////Weidong 7/Xiangyang 4	7	7	6-7	7	S	R	-	-	-	-	-	
30	洛早 8 号 Luohan 8	豫麦 49/豫麦 48 Yumai 49/Yumai 48	7	7	7	7	0	S	-	-	-	-	-	
31	品资早 99-2 Pinzihan 99-2		7	7	7	7	S	S	-	-	-	-	-	
32	临早 822 Linhan 822		5	7	6-7	7	MR	0	-	-	-	-	-	
33	泰农 18 Tainong 18	莱州 137/烟 369-7 Laizhou 137/Yan 369-7	7	7	7	7	MS	R	-	-	-	-	-	
34	山农 25 Shannong 25	J1697/烟农 19 J1697/Yannong 19	6-7	7	7	7	MS	R	-	-	-	-	-	
35	山农 29 Shannong 29	临麦 6 号/J1781 (泰农 18 姊妹系) Linmai 6/J1781(Tainong 18 Sibling)	7	7	7	7	R	MS	-	-	-	-	-	
36	石 54 Shi 54	碧蚂 4 号/早洋麦 Bima 4/Early Premium	8	7	7	7	S	S	-	-	-	-	-	
37	山农 1186 Shannong 1186		5	7	7	3-5CN	0	S	-	-	-	-	-	
38	济南 17 Jinan 17	临汾 5064/鲁麦 13 Linfen 5064/Lumai 13	4	7	2C	0	R	R	+	-	-	-	-	
39	潍麦 8 号 Weimai 8	88-3149/Aus621108	7	7	5	4	MS	MS	-	-	-	-	+	Yr9
40	山农 664 Shannong 664	520627/南农 871 520627/Nannong 871	6-7	7	7	4	MS	MR	-	-	-	-	+	Yr9
41	烟农 22 Yannong 22	鲁麦 14//尉 132/“87 初 20” Lumai 14//Yu 132/“87 Chu 20”	7	7	7	3C	S	S	-	-	-	-	+	Yr9
42	山融 3 号 Shanrong 3	济南 177 和长穗偃麦草的体细胞融合 Jinan 177 and <i>Agropyron elongatum</i> somatic cell fusion	8	7	7	7	S	S	-	-	-	-	+	Yr9
43	山农 23 Shannong 23	Tal (Ms2)小麦轮选群体选择 Tal (Ms2) recurrent selection	7	8	7	7	S	S	-	-	-	-	+	Yr9
44	齐丰 1 号 Qifeng 1	长 95-8/运丰早 21 Chang 95-8/Yunfengzao 21	7	7	7	0	S	MS	-	-	-	-	+	Yr9

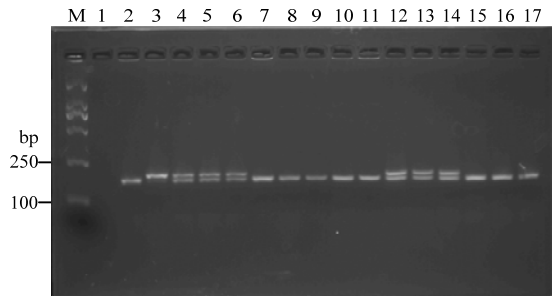
续表 2 Continued table 2

序号 Number	品种名称 Cultivar	系谱 Pedigree	苗期鉴定 Score of seedling				成株期鉴定 Score of adult		分子标记检测 Marker test result					携带基因 Postulated Yr gene (s)
			G22-9	G22-14	CYR32	CYR33	CYR32	CYR33	Yr5	Yr10	Yr18	Yr26	IBL/IRS (Yr9)	
			45	烟农 836 Yannong 836	山农 721511/鲁麦 21 (太空育种) Shannong721511/Lumai 21(Space breeding)	7	7	7	0	S	MS	-	-	
46	烟农 0428 Yannong 0428	烟 1668/鲁麦 21 号 Yan 1668/Lumai 21	7	7	7	0	S	MR	-	-	-	-	-	
47	烟 9102 Yan 9102	(烟航选 2 号/临 9511) F1//烟 BLU14-15 (Yanhangxuan2/Lin 9511) F1//Yan BLU14-15	7	7	8	7	S	S	-	-	-	-	-	
48	科农 199 Kenong 199	石 4185/科农 9204 Shi 4185/Kenong 9204	4	7	7	7	S	S	-	-	-	-	+	Yr9
49	石 4185 Shi 4185	Tal 材料/植 8094//豫麦 2 号/3/济麦 26(矮秆早 /洛夫林 10//津丰 1 号) Tal material/Zhi 8094//Yumai 2/3/Jimai 26 (Aiganhan/Lovrin 10//Jinfeng 1)	7	8	7	7	S	S	-	-	-	-	+	Yr9
50	石新 616 Shixin 616	6069/津丰 1 号 6069/Jinfeng 1	7	8	7	7	S	S	-	-	-	-	+	Yr9
51	石麦 18 号 Shimai 18	石 4185/ (92 鉴 3/T447) F ₂ 优良单株 Shi 4185/(92 jian 3/T447) F ₂ superior individual	8	8	7	7	S	S	-	-	-	-	+	Yr9
52	河农 6049 Henong 6049	石 6021/河农 91459 Shi 6021/Henong 91459	6-7	8	7	2C	MS	S	-	-	-	-	+	Yr9
53	冀 5265 Ji 5265	冀 5006/9204 Ji 5006/9204	7	6-7	7	7	S	S	-	-	-	-	+	Yr9
54	石麦 15 号 Shimai 15	(GS 冀麦 38/92R137) /GS 冀麦 38 (GS Jimai 38//92R137)/GS Jimai 38	7	7	0	2N	S	MS	-	-	-	-	+	Yr9
55	石家庄 8 号 Shijiazhuang 8	石 91-5096//石 9306 (GS 冀麦 38 号) Shi 91-5096//Shi 9306 (GS Jimai38)	7	7	7	7	MS	MS	-	-	-	-	+	Yr9
56	冀丰 703 Jifeng 703	临汾 118/石新 163 Linfen 118/Shixin 163	7	7	5	7	MS	S	-	-	-	-	+	Yr9
57	石麦 16 号 Shimai 16	豫麦 31/石 96-4495 Yumai 31/Shi 96-4495	7	7	5	7	MS	MS	-	-	-	-	+	Yr9
58	石新 618 Shixin 618	4512/523/735-10	6-7	7	7	2N	S	S	-	-	-	-	+	Yr9
58	西农 9871 Xinong 9871	西农 2208/小偃 22 Xinong 2208/Xiaoyan 22	6	7	7	5	0	MR	-	-	-	-	+	Yr9
60	陕 627 Shaan 627	88119-19-3-5-10/WX8911	7	7	7	7	0	0	-	-	-	-	+	Yr9
61	陕农 534 Shaannong 534		6	7	7	4-5	MS	MR	-	-	-	-	+	Yr9
62	烟 5072 Yan 5072	鲁麦 21/鲁麦 14 Lumai 21/Lumai 14	7	7	7	7	MS	MR	-	-	-	-	+	Yr9
63	莱州 137 Laizhou 137	81 矮/鲁麦 14 81 Ai/Lumai 14	8	7	8	7	S	MS	-	-	-	-	+	Yr9

续表 2 Continued table 2

序号 Number	品种名称 Cultivar	系谱 Pedigree	苗期鉴定 Score of seedling				成株期鉴定 Score of adult		分子标记检测 Marker test result					携带基因 Postulated Yr gene (s)
			G22-9	G22-14	CYR32	CYR33	CYR32	CYR33	Yr5	Yr10	Yr18	Yr26	IBL/IRS (Yr9)	
			64	临麦 6 号 Linmai 6	86 鉴 22/84-346 86 Jian 22/84-346	7	6-7	7	7	0	MS	-	-	
65	烟 99603 Yan 99603		8	7	7	7	S	MS	-	-	-	-	+	Yr9
66	漯珍 1 号 Luozhen 1	偃师 86 (117) [黔丰 1 号/山前麦/ (偃师 9 号/小偃 5 号)] Yanshi 86 (117)[Qianfeng 1/Predgornia/(Yanshi 9/Xiaoyan 5)]	7	7	7	7	MS	MR	-	-	-	-	+	Yr9
67	山农紫麦 Shannongzimai		6-7	7	7	7	MS	MR	-	-	-	-	-	
68	薛紫麦 Xuezimai		7	7	7	7	0	0	-	-	-	-	+	Yr9
69	周黑麦 1 号 Zhouheimai 1	周麦 9 号/漯珍 1 号 Zhoumai 9/Luozhen 1	8	7	7	8	MS	R	-	-	-	-	+	Yr9
70	淮麦 16 Huaimai 16	Ms2 (Tal) 轮回选择 Ms2 (Tal) recurrent selection	7	7	7	7	R	R	-	-	-	-	-	
71	淮麦 18 Huaimai 18	烟 1604/郑州 891 Yan 1604/Zhengzhou 891	8	7	7	7	MS	MR	-	-	-	-	+	Yr9
72	洛早 21 号 Luohan 21	矮抗 58/洛早 6 号 Aikang 58/Luohan 6	8	7	8	8	R	0	-	-	-	-	+	Yr9
73	洛早 23 号 Luohan 23	矮抗 58/洛早 6 号 Aikang 58/Luohan 6	8	7	8	8	MR	MR	-	-	-	-	-	
74	洛早 24 号 Luohan 24	周麦 18/洛早 6 号 Zhoumai 18/Luohan 6	8	7	7	8	S	S	-	-	-	-	+	Yr9
75	山农 483 Shannong 483		7	0	7	7	R	MR	-	-	-	-	+	Yr9
76	川 35050 Chuan 35050		7	0	7	7	S	S	-	-	-	-	+	Yr9
77	西农 223 Xinong 223	304/N9209//植 763 304/N9209//Zhi 763	1	3	0	4	R	0	+	-	+	-	-	Yr5、Yr18
78	澳大利亚红麦 Red wheat from Australia		7	7	7	7	R	R	+	-	+	-	-	Yr18
79	加拿大超强筋麦 Extra-strong gluten wheat from Canada		7	4	7	7	R	R	-	-	+	-	-	Yr18

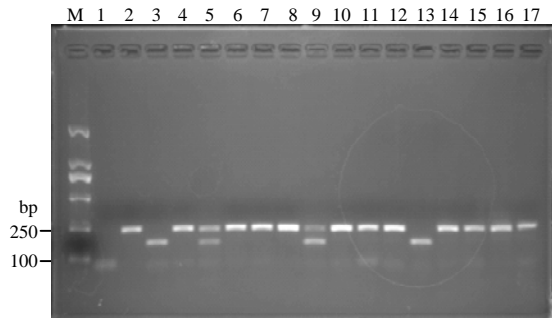
“+”：存在 Present；“-”：不存在 Absent



M: DL2000; 1: ddH₂O; 2: Avocet S; 3: Avocet S*6/Yr10; 4: 泰山 21 Taishan 21; 5: 淄麦 12 Zimai 12; 6: 河农 4198 Henong 4198; 7: 烟农 19 Yannong 19; 8: 良星 99 Liangxing 99; 9: 山农 17 Shannong 17; 10: 烟农 836 Yannong 836; 11: 烟 9102 Yan 9102; 12: 临抗 16 Linkang 16; 13: 临优 145 Linyou 145; 14: 西农 889 Xinong 889; 15: 豫麦 49 Yumai 49; 16: 豫麦 54 Yumai 54; 17: 小偃 216 Xiaoyan 216

图 3 部分供试小麦品种（系）的 *Yr10* 基因标记扩增

Fig. 3 *Yr10* gene marker amplification of some wheat varieties (lines)



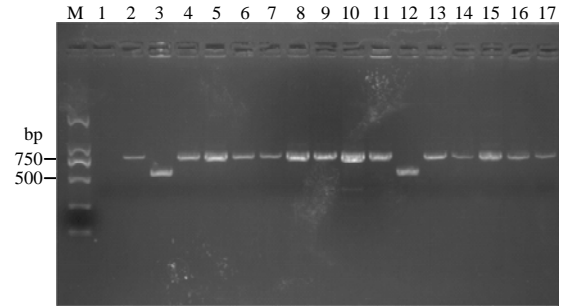
M: DL2000; 1: ddH₂O; 2: Avocet S; 3: Avocet S*6/Yr18; 4: 河农 4198 Henong 4198; 5: 西农 223 Xinong 223; 6: 临优 145 Linyou145; 7: 临早 822 Linhan 822; 8: 泰农 18 Tainong 18; 9: 澳大利亚红麦 Red wheat from Australia; 10: 石 54 Shi 54; 11: 山农 1186 Shannong 1186; 12: 晋麦 33 Jinmai 33; 13: 加拿大超强筋脉 Extra-strong gluten wheat from Canada; 14: 鲁麦 22 Lumai 22; 15: 济麦 22 Jimai 22; 16: 烟 99102 Yan 99102; 17: 烟农 836 Yannong 836

图 4 部分供试小麦品种（系）的 *Yr18* 基因标记扩增

Fig. 4 *Yr18* gene marker amplification of some wheat varieties (lines)

3 讨论

近年来分子标记辅助育种在小麦条锈病抗性遗传改良领域取得了广泛进展，对于实现多个抗性基因的聚合具有显著作用。研究表明即使所用分子标记与目标基因的遗传距离为 10 cM，其检测准确率依然能够达到 90% 以上^[23]，本研究利用特异性分子标记，辅以分生理小种抗条锈病鉴定和系谱分析确定供试小麦抗



M: DL2000; 1: ddH₂O; 2: Avocet S; 3: Avocet S*6/Yr26; 4: 鲁麦 21 Lumai 21; 5: 济麦 20 Jimai 20; 6: 烟农 19 Yannong 19; 7: 鲁麦 22 Lumai 22; 8: 济宁 16 Jining 16; 9: 烟农 21 Yannong 21; 10: 烟农 836 Yannong 836; 11: 烟农 0428 Yannong 0428; 12: 远丰 139 Yuanfeng 139; 13: 烟 99102 Yan 99102; 14: 豫麦 49 Yumai 49; 15: 豫麦 54 Yumai 54; 16: 淮麦 16 Huaimai 16; 17: 临早 822 Linhan 822

图 5 部分供试小麦品种（系）的 *Yr26* 基因标记扩增

Fig. 5 *Yr26* gene marker amplification of some wheat varieties (lines)

条锈病基因的方法可以大大提高结果的可靠性与准确性。供试材料良星 99 和石麦 15 号分子检测结果与张玉薇等^[24]的研究结果一致，虽然石麦 15 号苗期对 CYR32、CYR33 具有抗性而对 G22-9 和 G22-14 不具抗病性，有可能携带 *Yr10* 或 *Yr26*，但分子检测并没有发现这两个基因的分子标记，且成株期该品种对 CYR32 和 CYR33 两个条锈菌小种均没有抗性，所以其抗性可能是由其他基因控制，不携带 *Yr10* 和 *Yr26* 两个基因，虽然在系谱分析时发现石麦 15 号具有“92R 系”的血统，但是根据分子检测和抗性鉴定的结果，推测该品种的抗性基因 *Yr26* 可能在育种过程中丢失。

3.1 *1B/1R* 易位系分子检测

1B/1R 易位系是由位于黑麦 *1R* 染色体上的特异性片段通过染色体代换或易位转移到普通小麦 *1B* 染色体上形成的，于 1965 年和 1970 年分两次引入中国，兼具抗条锈基因 *Yr9*、抗白粉基因 *Pm8*、抗叶锈基因 *Lr26* 以及抗秆锈基因 *Sr31*，且具有很好的丰产性，所以在当时深受育种工作者的喜爱并将其大范围应用于小麦育种中^[25]。大量的使用导致中国多数小麦品种带有该易位系，张玉薇等的研究结果均证实中国的小麦种质中 *1B/1R* 易位系携带量在 33% 以上^[24,26-27]，本研究参试品种中 *1B/1R* 易位系占 44.3%。其中，烟农 22 具有洛夫林 13 的遗传背景，其 *1B/1R* 易位系可能来自于洛夫林 13；溧珍 1 号和周黑麦 1 号都具有山前麦的遗传背景，其 *1B/1R* 易位系可能来自于山前麦；石麦

15 号和石家庄 8 号都具有阿夫乐尔和洛夫林 10 的遗传背景, 其 *1B/1R* 易位系可能来自于阿夫乐尔或洛夫林 10; 石麦 18 号、科农 199、石 4185 都具有洛夫林 10 的遗传背景, 它们的 *1B/1R* 易位系可能来自洛夫林 10; 洛早 21 号、洛早 24 号都具有矮孟牛的遗传背景, 它们的 *1B/1R* 易位系可能来自矮孟牛。然而, 由于 *1B/1R* 易位系上的基因控制的黑麦碱表达以及蛋白质质量降低等原因导致面筋强度减弱、面团发黏、耐揉性差等使小麦加工品质变劣的特点^[28-30], 已不符合当前对高品质面粉需求, 因此应进一步减少 *1B/1R* 易位系在中国小麦育种中的应用, 对已育成的小麦品种可通过对 *1B/1R* 易位系上劣质基因的改良达到优化品种的目的。

3.2 携带 *Yr5*、*Yr10*、*Yr18*、*Yr26* 的材料

至 2016 年, 全球共正式定名了 76 个条锈病抗病基因 (*Yr1—Yr76*)^[31], 然而多数抗病基因都具有小种专化性, 目前对中国流行小种 *CYR32* 和 *CYR33* 均具有抗病性的抗条锈基因仅有 *Yr5*、*Yr10*、*Yr15*、*Yr26* 以及 *Yr28* 等少数基因^[32]。G22 毒性类群的出现使 *Yr10* 和 *Yr26* 丧失抗性, 导致中国小麦生产再次受到条锈病的威胁, 及时调整育种思路和策略, 寻找开发新抗源, 尽量延长已有品种的使用年限, 是应对挑战的合理途径。

本研究对全国 79 份小麦品种(系)进行分子检测, 发现其中临优 145、新麦 26、济南 17 虽然能够检测到 *Yr5* 的分子标记, 但是它们对 G22-14 均没有抗性, 且系谱分析也不具有 *Yr5* 遗传背景, 所以认为它们不携带 *Yr5*, 原因可能是由于在非分离群体中利用分子标记进行筛选时, 在不具有抗性基因的材料中检测到标记基因的概率会更大^[33]; 而临优 145 和新麦 26 均对 *CYR32* 和 *CYR33* 表现全生育期抗性, 分子检测发现它们带有 *Yr10* 分子标记, 系谱分析发现这两个品种均有陕优 225 的遗传背景, 所以推测该抗性基因来源于陕优 225^[34]; 济南 17 也表现出对 *CYR32*、*CYR33*、G22-9 的抗性, 其抗性基因可能来自于遗传背景较复杂的鲁麦 13。西农 889 和远丰 139 两个品种均抗所有小种且分子检测带有 *Yr5* 基因标记, 系谱分析发现它们均为小偃 6 号的后代, 但小偃 6 号苗期不抗 *CYR32*, 所以它们的抗性基因可能来自于其他亲本。西农 223 也对所有小种具有抗性, 其苗期抗性主要由 *Yr5* 决定, 成株期抗性主要由 *Yr5* 和 *Yr18* 共同决定, 该结果与李敏州等^[27]的研究一致。泰山 21、河农 4198 对 *CYR32* 和 *CYR33* 表现全生育期抗性而对 G22-9 和 G22-14 不具抗性, 且分子检测表明它们均带有 *Yr10* 标记, 系谱

分析泰山 21 具有鲁麦 18 的遗传背景, 所以其抗性基因可能来自于鲁麦 18; 河农 4198 具有河农 326 的遗传背景, 所以其抗性基因可能来自于河农 326。澳大利亚红麦、加拿大超强筋麦均为国外引进品种, 并具有成株抗条锈病基因 *Yr18*, 是优良的育种材料。

4 结 论

中国小麦主栽品种对当前条锈菌流行小种抗性水平普遍较低, *1B/1R* 易位系出现频率达 44.3%; 有效基因 *Yr5* 和 *Yr18* 使用率分别为 5.1% 和 3.8%, *Yr10* 出现频率为 10.1%, 仅远丰 139 检测到 *Yr26*。尽管如此, G22-9 和 G22-14 对 *Yr10* 和 *Yr26* 具有联合毒性, 在今后的小麦育种工作中应注意减少对 *Yr10* 和 *Yr26* 的依赖, 聚合多种抗条锈病基因, 倡导利用成株抗条锈病基因 *Yr18*。对已育成的品种, 如本文提到的远丰 139、临抗 16 号、淄麦 12、河农 4198、泰山 21 等应加以改良, 培育出兼抗多种病害的品种, 保障小麦的生产安全。

References

- [1] 陈万权, 康振生, 马占鸿, 徐世昌, 金社林, 姜玉英. 中国小麦条锈病综合治理理论与实践. 中国农业科学, 2013, 46(20): 4254-4262.
CHEN W Q, KANG Z S, MA Z H, XU S C, JIN S L, JIANG Y Y. Integrated management of wheat stripe rust caused by *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in China. *Scientia Agricultura Sinica*, 2013, 46(20): 4254-4262. (in Chinese)
- [2] 吴立人, 牛永春. 我国小麦条锈病持续控制的策略. 中国农业科学, 2000, 33(5): 46-54.
WU L R, NIU Y C. Strategies of sustainable control of wheat stripe rust in china. *Scientia Agricultura Sinica*, 2000, 33(5): 46-54. (in Chinese)
- [3] 李强, 李高宝, 岳维云, 杜久元, 杨立军, 康振生, 井金学, 王保通. 2002-2014 年陕西省小麦条锈菌生理小种变化动态和小麦品种(系)的抗病性. 植物病理学报, 2016, 46(3): 374-383.
LI Q, LI G B, YUE W Y, DU J Y, YANG L J, KANG Z S, JING J X, WANG B T. Pathogenicity changes of wheat stripe rust fungus and disease resistance of wheat cultivars (lines) in Shaanxi province during 2002-2014. *Acta Phytopathologica Sinica*, 2016, 46(3): 374-383. (in Chinese)
- [4] 刘太国, 王保通, 贾秋珍, 章振羽, 李强, 曹世勤, 彭云良, 金社林, 李明菊, 刘博, 高利, 胡小平, 陈万权. 2010-2011 年度我国小麦条锈菌生理小种研究. 麦类作物学报, 2012, 32(3): 574-578.
LIU T G, WANG B T, JIA Q Z, ZHANG Z Y, LI Q, CAO S Q, PENG

- Y L, JIN S L, LI M J, LIU B, GAO L, HU X P, CHEN W Q. Physiologic specialization of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in China during 2010-2011. *Journal of Triticeae Crops*, 2012, 32(3): 574-578. (in Chinese)
- [5] 左希, 蒋选利, 李星星, 李红玫, 丁海霞, 孙涛. 2009 年贵州小麦条锈菌生理小种的鉴定. *贵州农业科学*, 2011(3): 91-93.
- ZUO X, JIANG X L, LI X X, LI H M, DING H X, SUN T. Identification of wheat *Puccinia striiformis* physiological races in Guizhou in 2009. *Guizhou Agricultural Sciences*, 2011(3): 91-93. (in Chinese)
- [6] 贾秋珍, 金社林, 曹世勤, 骆惠生, 金明安, 张勃, 黄瑾. 2004-2009 年甘肃省小麦条锈菌生理专化研究. *中国农学通报*, 2011, 27(9): 85-90.
- JIA Q Z, JIN S L, CAO S Q, LUO H S, JIN M A, ZHANG B, HUANG J. Physiologic specialization of wheat stripe rust in Gansu Province during 2004-2009. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2011, 27(9): 85-90. (in Chinese)
- [7] CHEN W Q, WU L R, LIU T G, XU S C, JIN S L, PENG Y L, WANG B T. Race dynamics, diversity, and virulence evolution in *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*, the causal agent of wheat stripe rust in China from 2003 to 2007. *Plant Disease*, 2009, 93(11): 1093-1101.
- [8] 贾秋珍, 金社林, 曹世勤, 骆惠生, 金明安. 小麦条锈菌生理小种条中 32 号及水源 14 致病类型在甘肃的流行与发展趋势. *植物保护学报*, 2007, 34(3): 263-267.
- JIA Q Z, JIN S L, CAO S Q, LUO H S, JIN M A. Tending to prevalence and progress of CY32 and Shuiyuan14 pathotypes in Gansu Province. *Acta Phytophylacica Sinica*, 2007, 34(3): 263-267. (in Chinese)
- [9] LIU T G, PENG Y L, CHEN W Q, ZHANG Z Y. First detection of virulence in *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in China to resistance genes *Yr24* (= *Yr26*) present in wheat cultivar Chuanmai 42. *Plant Disease*, 2010, 94(9): 1163.
- [10] 刘太国, 章振羽, 刘博, 高利, 彭云良, 陈万权. 小麦抗条锈病基因 *Yr26* 毒性小种的发现及其对我国小麦主栽品种苗期致病性分析. *植物病理学报*, 2015, 45(1): 41-47.
- LIU T G, ZHANG Z Y, LIU B, GAO L, PENG Y L, CHEN W Q. Detection of virulence to *Yr26* and pathogenicity to Chinese commercial winter wheat cultivars at seedling stage. *Acta Phytopathologica Sinica*, 2015, 45(1): 41-47. (in Chinese)
- [11] 张勃, 贾秋珍, 黄瑾, 曹世勤, 孙振宇, 骆惠生, 王小明, 金社林. 小麦条锈菌新菌系贵 22-9 和贵 22-14 发展趋势与毒性分析. *西北农业学报*, 2015, 24(7): 125-130.
- ZHANG B, JIA Q Z, HUANG J, CAO S Q, SUN Z Y, LUO H S, WANG X M, JIN S L. Trends and toxicity analysis of new strains G22-9 and G22-14 in *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*. *Acta Agriculturae Boreali-Occidentalis Sinica*, 2015, 24(7): 125-130. (in Chinese)
- [12] 章振羽, 姬红丽, 沈丽, 徐世昌, 倪建英, 彭云良. 四川 58 个小麦品种苗期抗条锈基因推导及成株期抗性表现. *植物保护学报*, 2012, 39(1): 13-23.
- ZHANG Z Y, JI H L, SHEN L, XU S C, NI J Y, PENG Y L. Postulation of resistance genes and evaluation of adult resistance to stripe rust in 58 cultivars from Sichuan. *Acta Phytophylacica Sinica*, 2012, 39(1): 13-23. (in Chinese)
- [13] 万江华, 任明见, 陈涛, 徐如宏. 108 份小麦种质抗条锈病基因的分 子检测. *贵州农业科学*, 2011, 39(5): 22-26.
- WAN J H, REN M J, CHEN T, XU R H. Molecular detection of stripe rust resistant genes in 108 wheat germplasm. *Guizhou Agricultural Sciences*, 2011, 39(5): 22-26. (in Chinese)
- [14] 刘丽娟, 王竹林, 奚亚军, 刘曙东. 黄淮海区小麦品种(系)中 *Yr26* 基因的 SSR 检测. *西北植物学报*, 2008, 28(7): 1308-1312.
- LIU L J, WANG Z L, XI Y J, LIU S D. Detection of stripe rust resistant gene *Yr26* with SSR markers in wheat cultivars of Huanghuai Region. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2008, 28(7): 1308-1312. (in Chinese)
- [15] 白玉秋, 章振羽, 徐世昌, 林凤. 小麦锈病抗性基因推导研究进展. *植物保护*, 2010, 36(4): 36-40, 48.
- BAI Y L, ZHANG Z Y, XU S C, LIN F. Advances in gene postulation in the wheat rust. *Plant Protection*, 2010, 36(4): 36-40, 48. (in Chinese)
- [16] LINE R F, QAYOUM A. *Virulence, Aggressiveness, Evolution and Distribution of Races of Puccinia striiformis (the Cause of Stripe Rust of Wheat) in North America, 1968-87*. USDA Technical Bulletin No. 1788. National Technical Information Service, 1992.
- [17] 陈万权, 刘太国, 陈巨莲, 徐世昌. 小麦抗病虫性评价技术规范. 第 1 部分: 小麦抗条锈病评价技术规范: NT/T1443.1-2007[S]. 2007-09-14[2017-03-03].
- CHEN W Q, LIU T G, CHEN J L, XU S C. Rules for resistance evaluation of wheat to diseases and insect pests. Part 1: Rule for resistance evaluation of wheat to yellow rust (*Puccinia striiformis* West. f. sp. *tritici* Eriks. et Henn.): NT/T1443.1-2007[S]. 2007-09-14[2017-03-03]. (in Chinese)
- [18] MURPHY L R, SANTRA D, KIDWELL K Y G, CHEN X, CAMPBELL K G. Linkage maps of wheat stripe rust resistance genes *Yr5* and *Yr15* for use in marker-assisted selection. *Crop Science*, 2009, 49(5): 1786-1790.
- [19] FRANCIS H A, LEITCH A R, KOEBNER R M D. Conversion of a RAPD-generated PCR product, containing a novel dispersed repetitive

- element, into a fast and robust assay for the presence of rye chromatin in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 1995, 90(5): 636-642.
- [20] SHAO Y T, NIU Y C, ZHU L H, ZHAI W X, XU S C, WU L R. Identification of an AFLP marker linked to the stripe rust resistance gene Yr10 in wheat. *Chinese Science Bulletin*, 2001, 46(17): 1466-1469.
- [21] LAGUDAH E S, MCFADDEN H, SINGG R P, HUERTA-ESPINO J, BARIANA H S, SPIELMEYER W. Molecular genetic characterization of the *Lr34/Yr18* slow rusting resistance gene region in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 2006, 114(1): 21-30.
- [22] WANG C, ZHANG Y P, HAN D J, KANG Z S, LI G P, CAO A Z, CHEN P D. SSR and STS markers for wheat stripe rust resistance gene *Yr26*. *Euphytica*, 2008, 159(3): 359-366.
- [23] LANDRY B S, KESSEL R V, FARRARA B, MICHELMORE R W. A genetic map of lettuce (*Lactuca sativa* L.) with restriction fragment length polymorphism, isozyme, disease resistance and morphological markers. *Genetics*, 1987, 116(2): 331-337.
- [24] 张玉薇, 刘博, 刘太国, 高利, 陈万权. 小麦品种抗条锈病基因 *Yr10*、*Yr18* 及 *IBL/IRS* 易位的分子检测. 植物保护, 2014, 40(1): 54-59, 94.
- ZHANG Y W, LIU B, LIU T G, GAO L, CHEN W Q. Molecular detection of *Yr10* and *Yr18* genes and *IBL/IRS* translocation in wheat cultivars. *Plant Protection*, 2014, 40(1): 54-59, 94. (in Chinese)
- [25] 李振岐, 曾士迈. 中国小麦锈病. 北京: 中国农业出版社, 2002: 302.
- LI Z Q, ZENG S M. *Chinese Wheat Rust Diseases*. Beijing: China Agriculture Press, 2002: 302. (in Chinese)
- [26] 李峰奇, 韩德俊, 魏国荣, 曾庆东, 黄丽丽, 康振生. 黄淮麦区 126 个小麦品种(系)抗条锈病基因的分子检测. 中国农业科学, 2008, 41(10): 3060-3069.
- LI F Q, HAN D J, WEI G R, ZENG Q D, HUANG L L, KANG Z S. Molecular detection of stripe rust resistant genes in 126 winter wheat varieties from the Huanghuai Wheat Region. *Scientia Agricultura Sinica*, 2008, 41(10): 3060-3069. (in Chinese)
- [27] 李敏州, 李强, 巢凯翔, 申雪雪, 樊玉, 王阳, 王保通. 陕西省 115 个小麦品种(系)抗条锈病基因的分子检测. 植物病理学报, 2015, 45(6): 632-640.
- LI M Z, LI Q, CAO K X, SHEN X X, FAN Y, WANG Y, WANG B T. Molecular detection of stripe rust resistance genes in 115 wheat varieties (lines) from Shaanxi Province. *Acta Phytopathologica Sinica*, 2015, 45(6): 632-640. (in Chinese)
- [28] 柴建芳, 王海波, 马秀英, 张翠绵, 董福双. ω -黑麦碱基因沉默对小麦 *IBL/IR* 易位系加工品质的影响. 作物学报, 2016, 42(5): 627-632.
- CHAI J F, WANG H B, MA X Y, ZHANG C M, DONG F S. Effect of ω -secalin gene silencing on processing quality of wheat *IBL/IR* translocation line. *Acta Agronomica Sinica*, 2016, 42(5): 627-632. (in Chinese)
- [29] 赵德辉, 阎俊, 黄玉莲, 夏先春, 张艳, 田宇兵, 何中虎, 张勇. *IBL/IRS* 易位对小麦贮藏蛋白组分含量和面团流变学特性的影响. 作物学报, 2015, 41(11): 1648-1656.
- ZHAO D H, YAN J, HUANG Y L, XIA X C, ZHANG Y, TIAN Y B, HE Z H, ZHANG Y. Effect of *IBL/IRS* translocation on gluten protein fraction quantities and dough rheological properties. *Acta Agronomica Sinica*, 2015, 41(11): 1648-1656. (in Chinese)
- [30] 刘建军, 何中虎, PENA R J, 赵振东. *IBL/IRS* 易位对小麦加工品质的影响. 作物学报, 2004, 30(2): 149-153.
- LIU J J, HE Z H, PENA R J, ZHAO Z D. Effect of *IBL/IRS* translocation on grain quality and noodle quality in bread wheat. *Acta Agronomica Sinica*, 2004, 30(2): 149-153. (in Chinese)
- [31] MCINTOSH R A, DUBCOVSKY J, ROGERS W J, MORRIS C, APPELS R, XIA X C. Catalogue of gene symbols for wheat: 2015-2016 supplement. <https://shigennigacjp/wheat/komugi/genes/macgene/supplement2015pdf>, 2016.
- [32] 杨作民, 解超杰, 孙其信. 后条中 32 时期我国小麦条锈抗源之现状. 作物学报, 2003, 29(2): 161-168.
- YANG Z M, XIE C J, SUN Q X. Situation of the sources of stripe rust resistance of wheat in the post-CY32 era in China. *Acta Agronomica Sinica*, 2003, 29(2): 161-168. (in Chinese)
- [33] 伍玲, 谭君, 朱华忠, 王中烈, 蒲晓蓉. 四川近年小麦区试品系中 *Yr5*、*Yr10* 和 *Yr15* 的分子标记检测. 西南农业学报, 2007, 20(2): 316-320.
- WU L, TAN J, ZHU H Z, WANG Z L, PU X R. Detection of stripe rust resistant genes of *Yr5*, *Yr10*, and *Yr15* in some Sichuan wheat lines by molecular markers. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2007, 20(2): 316-320. (in Chinese)
- [34] 李世平, 杨玉景, 董双全, 程麦凤. 山西省优质小麦品种系谱分析及品质遗传改良. 麦类作物学报, 2003, 23(4): 136-138.
- LI S P, YANG Y J, DONG S Q, CHENG M F. Pedigree of high quality wheat varieties and genetic improvement in Shanxi Province. *Journal of Triticeae Crops*, 2003, 23(4): 136-138. (in Chinese)

(责任编辑 岳梅)