

## 90份小麦品种(系)抗条锈病鉴定及抗病基因分子检测

张学慧<sup>1</sup>, 来汉林<sup>2,3</sup>, 杨红<sup>2,3</sup>, 杨蕙<sup>1</sup>, 沈煜洋<sup>3</sup>,  
登斯拉木·吐尔逊拜<sup>1</sup>, 孙娜<sup>1,2</sup>, 高海峰<sup>3</sup>

(1. 伊犁哈萨克自治州农业科学研究所/伊犁州农作物育种及品质检测重点实验室, 新疆伊宁 835000;  
2. 新疆农业大学农学院, 新疆乌鲁木齐 830052; 3. 新疆农业科学院植物保护研究所, 新疆乌鲁木齐 830091)

**摘要:**为明确90份小麦品种(系)在伊犁地区对条锈病的抗性水平及抗性基因的利用情况,利用条锈菌生理小种CYR23、CYR29、CYR31、CYR32、CYR33和CYR34对这些小麦材料进行苗期抗条锈病鉴定,结合7个已报道条锈病抗性基因 $Yr5$ 、 $Yr9$ 、 $Yr10$ 、 $Yr15$ 、 $Yr18$ 、 $Yr26$ 和 $Yr80$ 紧密连锁的分子标记对供试材料进行基因型检测。结果表明,27份材料对条锈病在苗期表现抗病,其中19份材料表现免疫或近免疫。携带抗性基因 $Yr9$ 、 $Yr10$ 、 $Yr15$ 、 $Yr18$ 、 $Yr26$ 和 $Yr80$ 的材料分别有11、7、8、8、1和34份;携带2和3个抗性基因的材料各有11和1份;所有供试材料均未检测到 $Yr5$ ;有21份材料未检测到以上所有抗性基因,其中5份材料苗期高抗条锈病。筛选出的新冬21号、宁春26、奎冬4号、奎花1号、2016-138-2和2016-119-12等品种(系)聚合了多个抗性基因,且苗期表型高抗,在小麦抗锈育种和安全生产方面具有重大的应用潜力。

**关键词:**小麦;条锈病;抗性鉴定;抗病基因

中图分类号:S512.1;S330

文献标识码:A

文章编号:1009-1041(2025)07-0881-10

## Identification of Stripe Rust Resistance and Molecular Detection of Resistance Genes in 90 Wheat Varieties(Lines)

ZHANG Xuehui<sup>1</sup>, LAI Hanlin<sup>2,3</sup>, YANG Hong<sup>2,3</sup>, YANG Hui<sup>1</sup>, SHEN Yuyang<sup>3</sup>,  
Dengsilamu · Tuerxunbai<sup>1</sup>, SUN Na<sup>1,2</sup>, GAO Haifeng<sup>3</sup>

(1. Yili Kazakh Autonomous Prefecture Institute of Agricultural Science/ The Key Lab. of Crop Breeding and Quality Testing of Yili Prefecture, Yining, Xinjiang 83500, China; 2. College of Agronomy, Xinjiang Agricultural University, Urumqi, Xinjiang 830052, China; 3. Institute of Plant Protection, Xinjiang Academy of Agricultural Sciences, Urumqi, Xinjiang 830091, China)

**Abstract:** In order to clarify the utilization of stripe rust resistance level and resistance genes of 90 wheat varieties(lines) in Yili River Valley, stripe rust physiological races CYR23, CYR29, CYR31, CYR32, CYR33 and CYR34 were used to identify stripe rust resistance in these wheat materials at seedling stage, combined with seven previously reported molecular markers closely linked to stripe rust resistance genes  $Yr5$ ,  $Yr9$ ,  $Yr10$ ,  $Yr15$ ,  $Yr18$ ,  $Yr26$ , and  $Yr80$  for detecting the genotype of the test materials. The results showed that 27 materials were resistant to stripe rust at seedling stage, 19 of which were immune or near-immune. There were 11, 7, 8, 8, 1, and 34 materials carrying resistance genes  $Yr9$ ,  $Yr10$ ,  $Yr15$ ,  $Yr18$ ,  $Yr26$ , and  $Yr80$ , respectively. Eleven materials carry two resistance genes, and only one material carries 3 resistance genes.  $Yr5$  was not detected from the test materials. All the above resistance genes were not detected in 21 germplasms, 5 of which showed high resistance to stripe rust at seedling stage. The selected varieties(lines) (Xindong 21, Ningchun 26, Kuidong 4, Kuidong 1, 2016-138-2 and 2016-119-12) aggregated multiple resistance genes and had

收稿日期:2024-06-20

修回日期:2024-09-13

基金项目:新疆维吾尔自治区自然科学基金项目(2021D01F05)

第一作者 E-mail:1589827913@qq.com(张学慧)

通讯作者 E-mail:Sua18509993321@163.com(孙娜); ghf20044666@163.com(高海峰)

great resistance at seedling stage, which have great application potential in wheat rust resistance breeding and safe production.

**Keywords:** Wheat; Stripe rust; Resistance identification; Disease resistance gene

小麦 (*Triticum aestivum* L.) 是中国重要的粮食作物, 其高产稳产对保障国家粮食安全至关重要<sup>[1]</sup>。小麦条锈病是由条形柄锈菌小麦专化型 (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) 引起的一种世界范围远距离气传真菌病害, 破坏能力强, 危害面积广, 能对小麦造成严重减产, 在中国先后 5 次大流行, 小麦产量损失共计  $1.38 \times 10^{10}$  kg<sup>[2-4]</sup>。小麦条锈菌具有专性寄生的特点, 同时其频繁变异, 生产上不断出现新的毒性小种, 致使原有的抗病品种丧失抗性。20 世纪末, 中国麦区主要流行 CYR22、CYR23、CYR25、CYR28 等小种出现频率高, 对当时广泛推广的小麦品种有很强的致病能力<sup>[2,5]</sup>。2000 年以后, CYR32 和 CYR33 占据优势地位<sup>[6]</sup>。2009 年至今, CYR34 仍是威胁中国小麦生产的条锈菌优势生理小种<sup>[7,8]</sup>。新疆是中国小麦条锈病的一个独立流行区系, 该地区条锈病的发生流行规律与内地其他流行区系存在差异<sup>[9]</sup>。条锈菌在伊犁河谷地区能够独立进行周年循环, 是新疆条锈菌越夏的重要场所<sup>[10]</sup>。近年来, 新疆小麦条锈病危害愈加严重, 而伊犁河谷更是日益猖獗。随着生理小种变异, 已鉴定并命名的 86 个抗条锈病基因中, 仅 *Yr5*、*Yr15*、*Yr61* 等个别抗条锈病基因仍保持良好的抗性, *Yr18*、*Yr29*、*Yr46* 等抗性基因仍保持成株期抗性, 其余大部基因抗性均已丧失<sup>[11-14]</sup>。

通过了解不同小麦材料的抗病能力及抗病基因的分布情况, 为抗病育种提供抗源, 以遏制条锈病的发生和危害<sup>[15,16]</sup>。目前, 针对伊犁河谷小麦

条锈病的研究主要集中在生理小种毒性分析和田间发生流行规律调查等方面<sup>[10,17,18]</sup>, 缺乏对伊犁河谷主栽品种及高代品系的条锈病抗性以及抗病基因利用情况的系统评估。本研究对 90 份小麦品种(系)进行苗期抗病性鉴定, 结合已知抗病基因的分子标记进行检测, 以期明确供试小麦材料苗期抗性水平和抗病基因的分布情况, 为有效抗性基因布局的优化及抗性品种的选育提供材料基础和理论依据。

## 1 材料和方法

### 1.1 材料

供试的 90 份小麦材料包括 34 份伊犁河谷自育小麦品种(系)、37 份新疆除伊犁外其他地区育成品种(系)、14 份国内外省品种和 5 份国外的品种, 均由伊犁州农业科学研究所小麦研究室提供(表 1)。感病对照品种铭贤 169 由新疆农业科学院植物保护研究所小麦病害团队提供。

供试条锈菌生理小种 CYR23、CYR29、CYR31、CYR32、CYR33 和 CYR34 混合菌株由新疆农业科学院植物保护研究所小麦病害团队提供。

### 1.2 方法

#### 1.2.1 苗期条锈病抗性鉴定

小麦苗期条锈病抗性鉴定在新疆农业科学院植物保护研究所人工气候室进行。分别选取 6~10 粒供试小麦材料及感病对照品种铭贤 169 播种于育苗盒内, 在 10 °C、12 h 光照/12 h 黑暗条件下培养至一叶一心期。将条锈菌生理小种混合菌

表 1 供试品种(系)及来源基本情况

Table 1 Basic information of the test varieties(lines) and their sources

数量 Number	品种(系) Variety(line)	来源 Source
34	新冬 42 号、伊农 14、伊农 15、伊农 16、伊农 18、伊农 20、伊农 21、伊农 22 号、伊农 24、伊农 1008、禾旺 1109、王 98-11、伊科冬 1、伊科冬 5 号、2014-42-5、2014-44-2、2014-132-4-5、2015-2-11、2015-9-5、2015-22-7、2015-31-2、2015-32-2、2015-88-1、2016-6-3、2016-23-6、2016-46-1、2016-46-3、2016-54-1、2016-57-8、2016-95-7、2016-95-12、2016-118-20、2016-119-12、2016-138-2	伊犁河谷 Ili River Valley
37	九圣禾 D1508、金石农 1 号、石冬 0358、石冬 4 号、石冬 5 号、新冬 21 号、新冬 30 号、新冬 31 号、新冬 34、新冬 36 号、新冬 40 号、新冬 44、新冬 45、新冬 48 号、新冬 54 号、新冬 55 号、新冬 60 号、新粮 169、新粮 201、核春 121、奎冬 4 号、昌冬 5 号、奎花 1 号、奎花 2 号、石冬 7 号、石冬 8 号、石冬 9 号、粮春 1354、粮春 1242、核春 137、新春 37、新春 44、新粮 206、新粮 609、新粮 610、九圣禾 C1809、九春 425	新疆其他地区 Other areas of Xinjiang
14	扬麦 21、陇春 41 号、宁春 4 号、宁春 16、宁春 50 号、宁麦 28、宁麦 13、宁麦 14、宁春 26、永良 15、南麦 660、内麦 17、巴麦 13 陇春 30	其他省份 Other provinces of China
5	Newlon、Verstevx、Strampelli、GY12029、Freeman	国外 Overseas

株与电子氟化液混合,制备成孢子悬浮液(2 mg · mL<sup>-1</sup>),利用 10 μL 移液枪吸取 5 μL 混合均匀的孢子悬浮液从叶片中部至叶尖均匀涂抹在小麦叶背部。幼苗接种后置于黑暗条件下保湿 24 h(10 °C),再转至气候室(光照 12 h/黑暗 12 h,10 °C)继续培养。待感病对照铭贤 169 充分感病后,参照 0~9 级反应型(infection type,IT)进行调查,并将抗性水平划分为高抗(IT=0~3)、中抗(IT=4~6)、中感(IT=7)和高感(IT=8~9)四种类型<sup>[19]</sup>。

1.2.2 抗病基因分子标记检测

采用改良 CTAB 法<sup>[20]</sup>提取小麦叶片基因组

DNA。用超纯水将提取的 DNA 稀释至 100 ng · μL<sup>-1</sup>,利用紫外分光光度计(Nano Drop 610)检测 DNA 的浓度和质量,用 1%琼脂糖凝胶电泳检测基因组 DNA 的完整性,-20 °C 保存备用。利用 7 个条锈病抗性基因 *Yr5*<sup>[21, 22]</sup>、*Yr9*<sup>[23]</sup>、*Yr10*<sup>[24]</sup>、*Yr15*<sup>[25]</sup>、*Yr18*<sup>[26, 27]</sup>、*Yr26*<sup>[28]</sup>和 *Yr80*<sup>[29]</sup>紧密连锁的分子标记对供试材料进行抗条锈病基因检测,PCR 产物在 1%~2%的琼脂糖凝胶电泳中分离、检测,同时对 *Yr80* 抗病基因的 KASP 标记进行荧光定量 PCR 扩增检测。试验所用引物均由上海生工生物工程股份有限公司合成(表 2)。

表 2 抗条锈病基因分子标记及其引物序列

Table 2 Molecular markers and primer sequences of the stripe rust resistance genes

基因 Gene	标记类型 Marker type	引物名称 Primername	引物序列 Primersequence (5'-3')	参考文献 Reference
<i>Yr5</i>	SSR	Wmc175	F:GCTCAGTCAAACCGCTACTTCT R:CACTACTCCAATCTATCGCCGT	[21]
	KASP	Yr5F	F:GAAGGTGACCAAGTTCATGCTGCGCCCTTTTCGAAAAAATA	[22]
		Yr5H	H:GAAGGTGCGAGTCAACGGATTCTAGCATCAAACAAGCTAAATA	
		Yr5R	R:ATGTGCAAATATTGCATAACATGG	
<i>Yr9</i>	STS	H20	F:GTTGTAAGGGAGCTCGAGCTG R:GTTGGGCAGAAAGGTCGACATC	[23]
<i>Yr10</i>	AFLP	Sc200	F:CTGCAGAGTGACATCATAACA R:TCGAACTAGTAGATGCTGGC	[24]
<i>Yr15</i>	SSR	Barc8	F:GCGGGAATCATGCATAGGAAAACAGAA R:GCGGGGGCGAAACATACACATAAAAAACA	[25]
<i>Yr18</i>	Csshfr5	L34PL	F:TTGATGAAACCAGTTTTTTTTTCTA R:GCCATTTAACATAATCATGATGGA	[26]
		L34SP	F:GGGAGCATTATTTTTTTCCATCATG R:ACTTTCCTGAAAATAATACAAGCA	
	STS	esLV34	F:GTTGGTTAAGACTGGTGATGG R:TGCTTGCTATTGCTGAATAGT	[27]
<i>Yr26</i>	STS	Xwe173	F:GGGACAAGGGGAGTTGAAGC R:GAGAGTTCCAAGCAGAACAC	[28]
<i>Yr80</i>	KASP	KASP_53113	F:GAAGGTGACCAAGTTCATGCTTGTACAATGACTCCTCGACTAACA H:GAAGGTGCGAGTCAACGGATTTGTACAATGACTCCTCGACTAACG R:GCCACGCAATATCACCATCG	[29]

2 结果与分析

2.1 苗期条锈病抗性鉴定和评价

苗期鉴定结果(表 3,图 1)表明,27 份材料在苗期表现抗病(占总材料的 30.00%),其中 19 份材料表现免疫或近免疫(占 21.11%);63 份材料表现感病(占 70.00%),其中 50 份材料表现高感

(占 55.56%)。不同来源的材料苗期抗病性存在明显差异,伊犁河谷、新疆其他地区、国内其他省份和国外苗期表现抗病的材料分别为 12 份、12 份、1 份和 2 份,分别占相应来源材料的 35.30%、32.43%、7.14%和 40.00%,其中表现高抗的材料分别有 11 份、7 份、1 份和 0 份。由此可见,供试小麦材料苗期对条锈菌抗性水平相对较低。

表3 90份小麦品种(系)苗期的反应型(IT)及7个抗条锈病基因的分子检测结果  
 Table 3 Infection type(IT) of 90 wheat cultivars(lines) to stripe rust at seedling stage  
 and molecular detection result of 7 resistance genes

序号 No.	品种(系) Variety(line)	反应型 IT	Yr 基因 Yr gene	序号 No.	品种(系) Variety(line)	反应型 IT	Yr 基因 Yr gene
1	伊农 14 Yinong 14	8	—	46	永良 15 Yongliang 15	7	—
2	伊农 15 Yinong 15	8	<i>Yr18</i>	47	九圣禾 C1809 Jiushenghe C1809	7	—
3	伊农 18 Yinong 18	9	<i>Yr18</i>	48	九春 425 Jiuchun 425	6	<i>Yr15</i>
4	伊农 20 Yinong 20	8	<i>Yr80</i>	49	南麦 660 Nanmai 660	9	<i>Yr26</i>
5	伊农 21 Yinong 21	8	—	50	内麦 17 Neimai 17	8	<i>Yr80</i>
6	粮春 1354 Liangchun 1354	7	<i>Yr80</i>	51	核春 121 Hechun 121	8	<i>Yr80 + Yr10</i>
7	粮春 1242 Liangchun 1242	9	—	52	巴麦 13 Bamai 13	7	—
8	核春 137 Hechun 137	6	<i>Yr80 + Yr15 + Yr10</i>	53	陇春 30 Longchun 30	9	—
9	新春 37 Xinchun 37	6	—	54	奎冬 4号 Kuidong 4	2	<i>Yr80 + Yr9</i>
10	新春 44 Xinchun 44	7	—	55	昌冬 5号 Changdong 5	8	—
11	九圣禾 D1508 Jiushenghe D1508	9	<i>Yr80</i>	56	奎花 1号 Kuihua 1	1	<i>Yr80 + Yr10</i>
12	金石农 1号 Jinshinong 1	4	—	57	奎花 2号 Kuihua 2	9	<i>Yr80</i>
13	石冬 0358 Shidong 0358	8	<i>Yr80</i>	58	石冬 7号 Shidong 7	7	<i>Yr10</i>
14	新粮 206 Xinliang 206	9	<i>Yr80</i>	59	石冬 8号 Shidong 8	9	<i>Yr80</i>
15	新粮 609 Xinliang 609	8	—	60	石冬 9号 Shidong 9	8	<i>Yr80</i>
16	新粮 610 Xinliang 610	8	—	61	伊农 16 Yinong 16	7	—
17	扬麦 21 Yangmai 21	8	<i>Yr15</i>	62	伊科冬 1 Yikedong 1	9	<i>Yr80</i>
18	石冬 4号 Shidong 4	8	—	63	伊科冬 5号 Yikedong 5	9	<i>Yr80</i>
19	石冬 5号 Shidong 5	2	<i>Yr9</i>	64	2016-46-3	8	—
20	Newlon	8	<i>Yr80 + Yr15</i>	65	2016-23-6	9	<i>Yr80</i>
21	Verstevx	8	—	66	2014-44-2	9	<i>Yr80</i>
22	Strampelli	5	<i>Yr18</i>	67	2015-9-5	9	<i>Yr80</i>
23	GY12029	5	—	68	2015-22-7	8	<i>Yr80</i>
24	Freeman	9	—	69	新冬 21号 Xindong 21	1	<i>Yr80 + Yr10</i>
25	伊农 1008 Yinong 1008	9	<i>Yr80</i>	70	新冬 30号 Xindong 30	9	<i>Yr80</i>
26	禾旺 1109 Hewang 1109	7	<i>Yr80 + Yr10</i>	71	新冬 31号 Xindong 31	9	<i>Yr80</i>
27	伊农 22号 Yinong 22	9	<i>Yr9</i>	72	新冬 34号 Xindong 34	9	<i>Yr10</i>
28	伊农 24号 Yinong 24	9	<i>Yr80 + Yr15</i>	73	新冬 36号 Xindong 36	8	—
29	王 98-11 Wang 98-11	8	<i>Yr9</i>	74	新冬 40号 Xindong 40	8	—

(续表 3 Continued table 3)

序号 No.	品种(系) Variety(line)	反应型 IT	Yr 基因 Yr gene	序号 No.	品种(系) Variety(line)	反应型 IT	Yr 基因 Yr gene
30	新冬 42 号 Xindong 42	2	Yr9	75	新冬 44 号 Xindong 44	6	Yr80
31	陇春 41 号 Longchun 41	7	—	76	2016-118-20	1	—
32	宁春 4 号 Ningchun 4	7	—	77	2016-95-12	2	Yr18
33	宁春 16 Ningchun 16	9	—	78	2015-31-2	2	Yr18
34	宁春 50 号 Ningchun 50	9	—	79	2015-32-2	8	—
35	新冬 45 号 Xindong 45	1	—	80	2014-132-4-5	6	Yr15 + Yr9
36	新冬 48 号 Xindong 48	8	Yr18	81	2016-95-7	2	Yr18
37	新冬 54 号 Xindong 54	0	—	82	2016-138-2	2	Yr15 + Yr9
38	新冬 55 号 Xindong55	9	Yr80	83	2014-42-5	9	Yr80
39	新冬 60 号 Xindong 60	9	Yr15	84	2015-88-1	9	Yr80
40	新粮 169 Xinliang 169	9	—	85	2015-2-11	9	Yr80
41	新粮 201 Xinliang 201	2	—	86	2016-119-12	1	Yr80 + Yr9
42	宁麦 28 Ningmai 28	7	—	87	2016-6-3	3	Yr80
43	宁麦 13 Ningmai 13	7	Yr18	88	2016-46-1	1	Yr9
44	宁麦 14 Ningmai 14	7	—	89	2016-54-1	2	—
45	宁春 26 Ningmai 26	1	Yr80 + Yr9	90	2016-57-8	1	Yr9

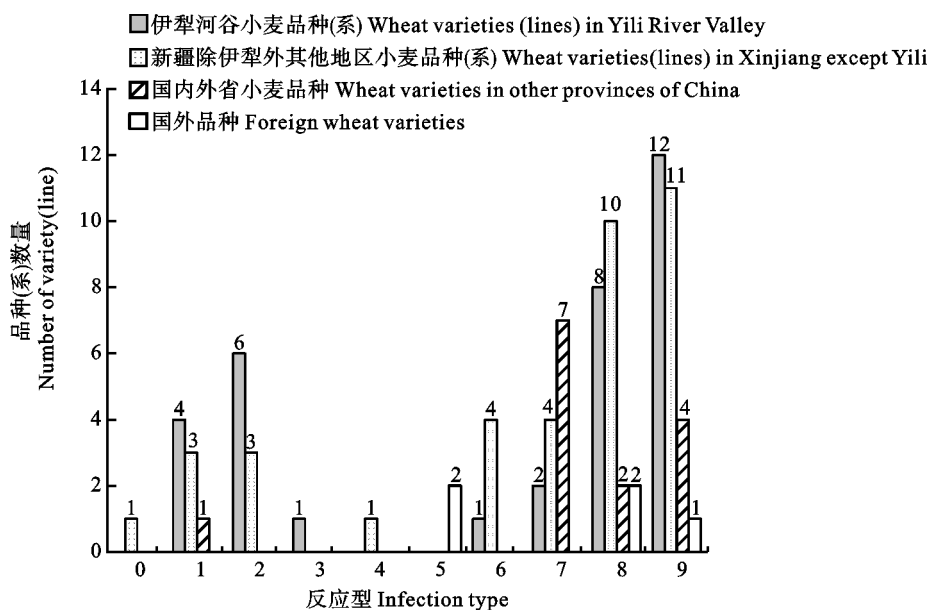


图 1 不同条锈病抗性品种(系)数量分布

Fig. 1 Number of wheat varieties (lines) with different stripe rust resistance

### 2.2 抗条锈病基因的分子标记检测

利用抗条锈病基因 *Yr5*、*Yr9*、*Yr10*、*Yr15*、*Yr18*、*Yr26* 和 *Yr80* 分子标记对 90 份小麦品种(系)进行检测。结果表明,供试材料中共有 56 份至少携带 1 个被测基因,占总材料的 62.22%(图 2),其中 1 份材料可能携带 *Yr26*,占 1.11%(图 3F);与 *Yr10* 紧密连锁的标记,有 7 份材料扩增出目的条带,占 7.78%(图 3B);对 *Yr9* 紧密连锁的 H20 标记,有 11 份材料扩增出目的条带,占 12.22%(图 3A);8 份材料扩增出与 *Yr15* 目标片段大小相符的条带,占 8.89%(图 3C);有 8 份材料可能携带 *Yr18*,占 8.89%(图 3D 和图 3E);对 *Yr80* 紧密连锁的 *KASP\_53113* 标记,有 34 份材料出现荧光信号,占 37.78%(图 4);其中, *Yr26* 在供试材料的分布频率最低, *Yr80* 在供试材料中的分布频率最高。供试材料中未检测到 *Yr5* 基因。共有 21 份材料(23.33%)未检测到供试抗条锈病基因,其中 5 份材料在苗期表现出高抗条锈病。

综合分析 90 份供试小麦材料苗期抗条锈病

水平及携带抗病基因情况发现,56 份材料含有被测抗病基因,其中仅 19 份材料对供试条锈菌混合菌株表现苗期抗病(IT=1~6)。此外,石冬 5 号、新冬 42 号、2016-46-1 和 2016-57-8 均携带对现有生理小种已经丧失抗性的 *Yr9*,但仍表现苗期抗病,推测这些材料中还聚合了其他抗条锈病基因。

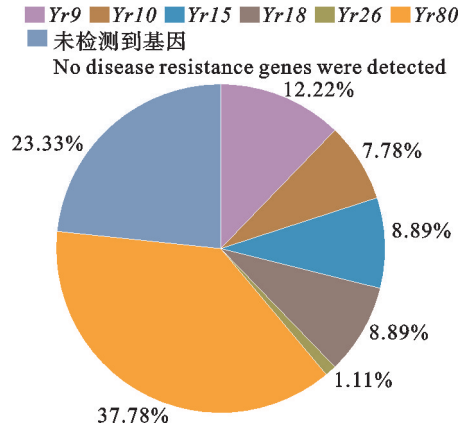
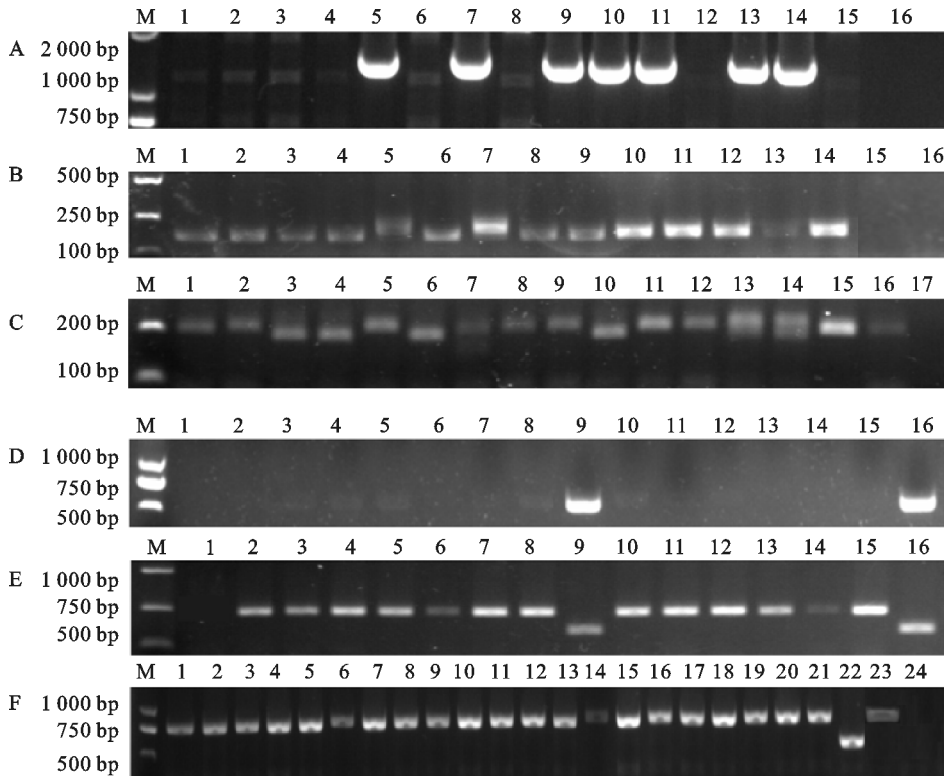


图 2 供试小麦品种(系)抗条锈病基因检出率  
Fig. 2 Detection rate of stripe rust resistance genes in wheat varieties (lines)

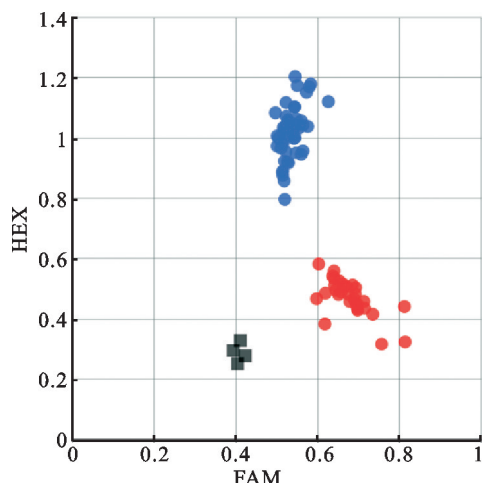


A~F 分别为 *Yr9*、*Yr10*、*Yr15*、*Yr18*、*Yr18* 和 *Yr26* 抗性基因 PCR 电泳图。

A~F refer to electrophoresis images of PCR products of resistance genes *Yr9*, *Yr10*, *Yr15*, *Yr18*, *Yr18* and *Yr26*, respectively.

图 3 部分供试小麦品种(系)抗条锈病基因检测结果

Fig. 3 Detection results of *Yr* genes in part of wheat varieties (lines)



红色:携带Yr80;蓝色:不携带Yr80;黑色:ddH<sub>2</sub>O。  
Red: Contains Yr80; Blue: No Yr80; Black: ddH<sub>2</sub>O.

图 4 Yr80 基因分型的 KASP 聚类图谱

Fig. 4 KASP cluster plots of Yr80 genotyping

### 2.3 抗条锈病多基因组合分析

分析抗条锈病基因检测结果发现,携带 2 个及以上抗条锈病基因的小麦材料有 12 份,共 5 种基因聚合模式(图 5),含有 Yr80 + Yr15(Newlon 和伊农 24)、Yr15 + Yr9(2014-132-4-5 和 2016-138-2)均有 2 份,含有 Yr80 + Yr9 组合有 3 份(宁春 26、奎冬 4 号和 2016-119-12),含有 Yr80 + Yr10 组合有 4 份(禾旺 1109、新冬 21 号、核春 121 和奎花 1 号);含有 Yr80 + Yr15 + Yr10 组合仅 1 份材料,即核春 137。伊犁河谷小麦材料的基因聚合模式有 4 种,即 Yr80 + Yr15、Yr80 + Yr10、Yr80 + Yr9 和 Yr15 + Yr9,其中 Yr15 + Yr9 组合的材料最多,占 10.53%;新疆除伊犁河谷其他地区小麦材料的基因聚合模式有 3 种,分别为 Yr80 + Yr10(7.32%)、Yr80 + Yr9(2.22%)和 Yr80 + Yr15 + Yr10(2.04%);国内省外小麦材料仅 Yr80 + Yr9 1 种基因聚合模式,占 2.22%;国外小麦材料仅 Yr80 + Yr15 1 种组合,占 2.38%。

携带 2 个被测基因的新冬 21 号(Yr80 + Yr10)、宁春 26(Yr80 + Yr9)、奎冬 4 号(Yr80 + Yr9)、2016-138-2(Yr15 + Yr9)、2016-119-12(Yr80 + Yr9)、奎花 1 号(Yr80 + Yr10) 6 份小麦材料,在苗期表现高抗条锈病(IT=0~3)。同样聚合 Yr80 + Yr10,禾旺 1109 苗期反应型为 7,新冬 21 号和奎花 1 号苗期反应型均为 1,具体原因有待进一步研究。

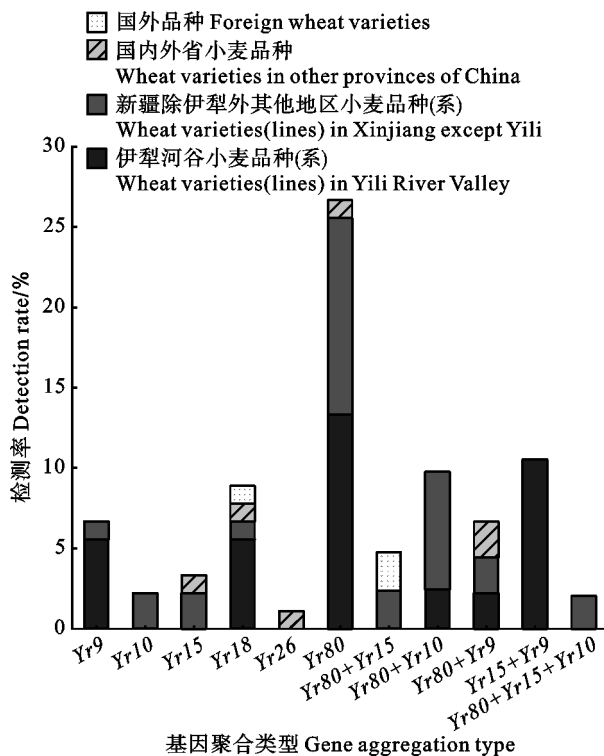


图 5 供试小麦品种(系)抗条锈病基因聚合情况

Fig. 5 Aggregation of resistance genes to stripe rust in wheat varieties (lines)

### 3 讨论

小麦条锈病是影响伊犁河谷小麦生产的重要病害之一。大面积推广携带单一苗期抗病基因的品种或长期使用单一抗病品种极易导致品种因新毒性小种的出现而丧失抗性,致使条锈病的猖獗发生甚至大爆发<sup>[2,30]</sup>。因此,培育和推广携带抗条锈病基因或组合的品种是抑制条锈病危害小麦生产最节本增效的措施。调查伊犁州新源县小麦条锈病和野外小檠锈病发生情况发现,新源县小麦条锈菌主要为 Hybrid46 类群、水源 11 类群、贵农 22 类群<sup>[17]</sup>。通过鉴定伊犁河谷小麦条锈菌生理小种及其毒性,CYR33 是该地区小麦条锈菌优势生理小种<sup>[10]</sup>。郑良梅等<sup>[31]</sup>利用 CYR32、CYR33 和 CYR34 混合小种对 107 个山东小麦品种苗期抗性鉴定结果表明,中抗及以上水平的品种有 6 个,占比 5.61%。本研究利用伊犁河谷及国内条锈菌优势生理小种对 90 份小麦材料进行苗期鉴定,发现 30% 的材料对条锈菌生理小种 CYR23、CYR29、CYR31、CYR32、CYR33 和 CYR34 混合菌株的抗性达中抗以上水平,较山东的鉴定结果明显提高,但苗期抗性材料占比仍较

低,在以后的抗病育种应继续加大对苗期抗条锈病小麦品种(系)的选育力度。

明确小麦品种的抗病性及抗性基因分布情况,可为合理布局抗病品种提供科学依据。对 63 个四川小麦品种分析表明,所有品种成株期抗性均达中抗及以上水平,同时检测到 *Yr7*、*Yr15*、*Yr18*、*Yr28*、*Yr36*、*YrSP*、*Yr17*、*Yr26* 和 *Yr29* 等已知抗病基因<sup>[32]</sup>。周警卫等<sup>[1]</sup>分析国内外 153 份小麦材料的条锈病抗性时发现,国内小麦品种主要携带 *Yr9*、*Yr10* 和 *Yr26* 抗性基因,而 CIMMYT 小麦品系通过聚合 1~2 个非免疫苗期抗性基因和 2~3 个成株抗性基因,保持持久抗性。郑良梅等<sup>[31]</sup>在 107 个山东小麦品种中检测到 *Yr9*、*Yr10*、*Yr18* 和 *Yr62* 基因不同程度分布,但未检测到携带抗病基因 *Yr5*、*Yr15*、*Yr26* 和 *Yr36*。上述研究结果说明,抗条锈病基因在不同地区小麦材料中的分布情况不尽相同。本研究中, *Yr9*、*Yr10*、*Yr15*、*Yr18*、*Yr26* 和 *Yr80* 不同程度地分布在 56 份小麦材料中,且小麦抗条锈病基因分子标记检测到的基因类型与中国大部分地区相似,表明这些抗条锈病基因仍是当前中国小麦育种广泛应用的基因。

*Yr26* 来源于圆锥小麦 R55 (*T. turgidum*), 研究人员将其与白粉病抗性基因 *Pm21* 聚合选育出小麦-簇毛麦 6VS/6AL 易位系,兼抗条锈病和白粉病<sup>[1,33,34]</sup>。有研究表明, *Yr9*、*Yr10* 和 *Yr26* 已对目前流行的生理小种丧失抗性,但与其他抗条锈病基因聚合时依然能使材料表现出抗病性<sup>[35,36]</sup>。本研究也发现,一些仅携带 *Yr9* 或 *Yr10* 抗病基因的材料仍表现苗期抗病性,推测这些材料中还聚合了其他抗条锈病基因;同时仅有 1 份材料可能携带 *Yr26*,其苗期高感小麦条锈病,说明了已失效抗病基因在独立存在时不能够为植株提供抗性。*Yr15* 最初发现于野生二粒小麦 1BS 染色体上,对多个条锈菌流行小种有抗性<sup>[1,37]</sup>。尉法刚等<sup>[38]</sup>在 400 份材料中筛选出 19 份含有 *Yr15* 的小麦材料。戴妙飞等<sup>[39]</sup>及黄洁等<sup>[40]</sup>研究中均未发现携带 *Yr15* 的小麦材料。本研究利用 *Yr15* 的标记 *Barc8* 对 90 份供试材料进行检测,有 8 份材料含有该基因,检出率较低,更加有力地证明该基因目前在小麦育种中利用率偏低,需普及其在抗病育种中的应用。*Yr18* 为成株期抗条锈病基因,具有一因多效 (*Lr34/Yr18/Pm38*),兼抗叶锈、白粉病等病害,抗性优良持久,大多数分

布在地方品种中,在育成品种中利用率偏低<sup>[41,42]</sup>。本研究中 *Yr18* 的检测率仅为 8.89%,与杨文雄等<sup>[43]</sup>和白斌等<sup>[44]</sup>研究结果一致。今后利用分子标记对小麦进行辅助育种时,可利用其一因多效的特点,与其他优良抗病基因进行聚合使用,提高抗病基因利用效率,创制抗病材料资源以提高小麦品种整体的抗病水平。*Yr80* 来源于普通小麦 (*Triticum aestivum*),被定位到染色体 3BL 上<sup>[29]</sup>。张悦等<sup>[45]</sup>利用已开发的 *Yr80* 基因的 KASP 标记 *Kasp\_58449* 对供试的 305 份材料进行检测,发现 275 份材料可能含有 *Yr80* 基因,占 90.16%。来汉林等<sup>[46]</sup>对新疆 286 份小麦材料进行抗条锈病基因分布检测时发现,40.91% 的材料可能携带 *Yr80*。本研究利用 *Yr80* 的特异 KASP 分子标记 *KASP\_53113* 对 90 份小麦材料进行分子检测,发现有 37.78% 的材料可能携带该基因,进一步说明 *Yr80* 普遍存在于中国小麦材料中。

*Yr5* 和 *Yr15* 目前对中国流行的条锈菌小种都表现出较强的全生育期抗性<sup>[13]</sup>,本研究对供试材料进行相关抗病基因分子标记检测时,未检测到携带 *Yr5* 的小麦品种(系)。根据已有研究表明, *Yr5* 在中国应用到小麦育种中的频率较低,而在国外的使用频率较高,推测中国与国外在小麦育种方法使用或育种亲本材料选择存在差异<sup>[1,31,47]</sup>。

小麦条锈菌具有高频率变异的特点,致使抗条锈病基因频繁丧失抗性,因此利用分子标记针对性地聚合及优化布局抗性基因可以提高育种材料的抗病性,加快培育广谱抗性品种的进程<sup>[15,48]</sup>。本研究中有 12 个小麦品种(系)聚合了两个及以上的抗条锈病基因,其中新冬 21 号、宁春 26、奎冬 4 号、奎花 1 号、2016-138-2 和 2016-119-12 等 6 份材料在苗期高抗条锈病,生产上应优先推广此类携带多基因的抗病品种,以便持久防控小麦条锈病。此外,在本研究中,有 21 份材料未检测到供试抗条锈病基因,其中 5 份材料苗期高抗条锈病,推测这 5 份小麦材料中含有未检测的其他已报道或未报道的抗性基因或组合,由于其抗病基因的未知性,导致其抗病谱的模糊性,所以应及时监测其抗病性,防止被条锈病新变异小种侵染,可将其作为挖掘有效抗病基因的重要载体,进而转育至当前小麦新品种(系),优化有效抗性基因布局,提高小麦材料整体抗性水平,加快培育具有持久抗性小麦新品种的进程。

## 参考文献:

- [1]周警卫,叶博伟,张朋飞,等.国内外153份小麦种质条锈病抗性鉴定与评价[J].中国农业科学,2024,57(1):18.  
ZHOU J W, YE B W, ZHANG P F, *et al.* Identification and evaluation of stripe rust resistance in 153 wheat collections [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2024, 57(1): 18.
- [2]康振生,王晓杰,赵杰,等.小麦条锈菌致病性及其变异研究进展[J].中国农业科学,2015,48(17):3439.  
KANG Z S, WANG X J, ZHAO J, *et al.* Advances in research of pathogenicity and virulence variation of the wheat stripe rust fungus *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2015, 48(17): 3439.
- [3]马占鸿.中国小麦条锈病研究与防控[J].植物保护学报,2018,45(1):1.  
MA Z H. Researches and control of wheat stripe rust in China [J]. *Journal of Plant Protection*, 2018, 45(1): 1.
- [4]SCHWESSINGER B. Fundamental wheat stripe rust research in the 21(st) century [J]. *The New Phytologist*, 2017, 213(4):1625.
- [5]胡小平,王保通,康振生.中国小麦条锈菌毒性变异研究进展[J].麦类作物学报,2014,34(5):709.  
HU X P, WANG B T, KANG Z S. Research progress on virulence variation of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in China [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2014, 34(5): 709.
- [6]CHEN W Q, WU L R, LIU T G, *et al.* 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 [J]. *Plant Disease*, 2009, 93(11): 1093.
- [7]蒋应磊,罗超,陈诗雯,等.小麦条锈菌新菌系CYR34中CDK5基因的克隆及生物信息学分析[J].西北农业学报,2024,33(1):133.  
JIANG Y L, LUO C, CHEN S W, *et al.* Cloning and bioinformatics analysis of *CDK5* gene from a new wheat stripe rust strain CYR34 [J]. *Acta Agriculturae Boreali-Occidentalis Sinica*, 2024, 33(1): 133.
- [8]刘博,刘太国,章振羽,等.中国小麦条锈菌条中34号的发现及其致病特性[J].植物病理学报,2017,47(5):681.  
LIU B, LIU T G, ZHANG Z Y, *et al.* Discovery and pathogenicity of CYR34, a new race of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in China [J]. *Acta Phytopathologica Sinica*, 2017, 47(5): 681.
- [9]MA J, AWAIS M, CHEN L, *et al.* Identification of *Puccinia striiformis* races from the spring wheat crop in Xinjiang, China [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2023, 14: 1273306.
- [10]刘琦,陈利,曾明昊,等.新疆伊犁州小麦条锈菌生理小种鉴定及毒性分析[J].植物保护,2022,48(5):314.  
LIU Q, CHEN L, ZENG M H, *et al.* Physiological race identification and virulence analysis of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in Yili prefecture, Xinjiang [J]. *Plant Protection*, 2022, 48(5): 314.
- [11]ZHU Z, CAO Q, HAN D, *et al.* Molecular characterization and validation of adult-plant stripe rust resistance gene *Yr86* in Chinese wheat cultivar Zhongmai 895 [J]. *TAG. Theoretical and Applied Genetics. Theoretische und Angewandte Genetik*, 2023, 136(6): 142.
- [12]SINGH H, KAUR J, BALA R, *et al.* Residual effect of defeated stripe rust resistance genes/QTLs in bread wheat against prevalent pathotypes of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* [J]. *PLoS One*, 2022, 17(4): e0266482.
- [13]胡朝月,王凤涛,邵晓威,等.小麦抗条锈病基因对中国条锈菌主要流行小种的抗性分析[J].中国农业科学,2022,55(3):491.  
HU C Y, WANG F T, LANG X W, *et al.* Resistance analyses on wheat stripe rust resistance genes to the predominant races of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in China [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2022, 55(3): 491.
- [14]HUERTA-ESPINO J, SINGH R, CRESPO-HERRERA L A, *et al.* Adult plant slow rusting genes confer high levels of resistance to rusts in bread wheat cultivars from Mexico [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2020, 11: 824.
- [15]韩德俊,康振生.中国小麦品种抗条锈病现状及存在问题与对策[J].植物保护,2018,44(5):1.  
HAN D J, KANG Z S. Current status and future strategy in breeding wheat for resistance to stripe rust in China [J]. *Plant Protection*, 2018, 44(5): 1.
- [16]冯晶,王凤涛,蔺瑞明,等.小麦条锈病抗病遗传及菌源基地基因布局研究进展[J].植物保护学报,2022,49(1):263.  
FENG J, WANG F T, LIN R M, *et al.* Research progress on genetics of wheat stripe rust resistance and distribution of resistant genes in inoculum source areas [J]. *Journal of Plant Protection*, 2022, 49(1): 263.
- [17]李伟华,刘太国,高海峰,等.伊犁河谷小麦条锈病菌源地调查研究[J].新疆农业科学,2017,54(9):1679.  
LI W H, LIU T G, GAO H F, *et al.* Investigation into wheat stripe rust pathogen in the valley of Yili River of Xinjiang, China [J]. *Xinjiang Agricultural Sciences*, 2017, 54(9): 1679.
- [18]CHEN L, AWAIS M, YANG H, *et al.* Races CYR34 and Suwon11-1 of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* played an important role in causing the stripe rust epidemic in winter wheat in Yili, Xinjiang, China [J]. *Journal of Fungi*, 2023, 9(4): 436.
- [19]LINE R F, QAYOUM A. Virulence, aggressiveness, evolution and distribution of races of *Puccinia striiformis* (the cause of stripe of wheat) in North America, 1968 — 1987 [J]. *Technical Bulletin*, 1992, 1788: 44.
- [20]ALLEN G C, FLORES-VERGARA M A, KRASYNANSKI S, *et al.* A modified protocol for rapid DNA isolation from plant tissues using cetyltrimethylammonium bromide [J]. *Nature Protocols*, 2006, 1(5): 2320.
- [21]CHEN X, SORIA M A, YAN G, *et al.* Development of sequence tagged site and cleaved amplified polymorphic sequence markers for wheat stripe rust resistance gene *Yr5* [J]. *Crop Science*, 2003, 43(6): 2058.
- [22]MARCHAL C, ZHANG J, ZHANG P, *et al.* BED-domain-containing immune receptors confer diverse resistance spectra to yellow rust [J]. *Nature Plants*, 2018, 4(9): 662.
- [23]LIU C, YANG Z J, LI G R, *et al.* Isolation of a new repetitive DNA sequence from *Secale africanum* enables targeting of *Secale* chromatin in wheat background [J]. *Euphytica*, 2008, 159(1): 249.
- [24]SHAO Y, NIU Y, ZHU L, *et al.* Identification of an AFLP marker linked to the stripe rust resistance gene *Yr10* in wheat [J]. *Chinese Science Bulletin*, 2001, 46(17): 1466.
- [25]PENG J H, FAHIMA T, Röder, *et al.* High-density molecular map of chromosome region harboring stripe-rust resistance genes *YrH52* and *Yr15* derived from wild emmer wheat, *Triticum dicoccoides* [J]. *Genetica*, 2000, 109(3): 199.
- [26]LAGUDAH E S, KRATTINGER S G, HERRERA-FOESEL 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(5): 889.

- [27] KLYMIUK V, YANIV E, HUANG L, *et al.* Cloning of the wheat *Yr15* resistance gene sheds light on the plant tandem kinase-pseudokinase family [J]. *Nature Communications*, 2018, 9(1): 3735.
- [28] WANG C, ZHANG Y, HAN D, *et al.* SSR and STS markers for wheat stripe rust resistance gene *Yr26* [J]. *Euphytica*, 2008, 159(3): 359.
- [29] NSABIYERA V, BARIANA H S, QURESHI N, *et al.* Characterisation and mapping of adult plant stripe rust resistance in wheat accession Aus27284 [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2018, 131(7): 1459.
- [30] 曹世勤, 王万军, 贾秋珍, 等. 甘肃省冬小麦抗条锈病育种现状及对策[J]. 中国农业科技导报, 2022, 24(10): 109.  
CAO S Q, WANG W J, JIA Q Z, *et al.* Current status and strategies of winter wheat breeding with resistance to stripe rust in Gansu Province [J]. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 2022, 24(10): 109.
- [31] 郑良梅, 杨慧, 徐晓伟, 等. 107个山东小麦品种抗条锈性评价及分子标记检测[J]. 麦类作物学报, 2023, 43(8): 968.  
ZHENG L M, YANG H, XU X W, *et al.* Resistance evaluation and molecular detection of resistant genes to stripe rust of 107 wheat varieties in Shandong Province [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2023, 43(8): 968.
- [32] 杨治, 任小杰, 蒋云, 等. 四川小麦新品种的条锈病抗性基因分布[J]. 麦类作物学报, 2024, 44(3): 305.  
YANG Z, REN X J, JIANG Y, *et al.* Distribution of stripe rust resistance genes in newly released wheat cultivars in Sichuan Province [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2024, 44(3): 305.
- [33] MACER R C F. Plant pathology in a changing world [J]. *Transactions of the British Mycological Society*, 1975, 65(3): IN1.
- [34] MA J, ZHOU R, DONG Y, *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(2): 219.
- [35] 曾庆东, 沈川, 袁凤平, 等. 小麦抗条锈病已知基因对中国当前流行小种的有效性分析[J]. 植物病理学报, 2015, 45(6): 641.  
ZENG Q D, SHEN C, YUAN F P, *et al.* The resistance evaluation of the *Yr* genes to the main prevalent pathotypes of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in China [J]. *Acta Phytopathologica Sinica*, 2015, 45(6): 641.
- [36] SEHGAL D, ROSYARA U, MONDAL S, *et al.* Incorporating genome-wide association mapping results into genomic prediction models for grain yield and yield stability in CIMMYT spring bread wheat [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2020, 11: 197.
- [37] GERECHTER-AMITAI Z K, VAN SILFHOUT C H, GRAMA A, *et al.* *Yr15*—a new gene for resistance to *Puccinia striiformis* in *Triticum dicoccoides* sel. G-25 [J]. *Euphytica*, 1989, 43(1): 187.
- [38] 尉法刚, 王光浩, 王长有, 等. 400份小麦品种(系)条锈病成株期抗性鉴定与评价[J]. 植物遗传资源学报, 2020, 21(4): 846.  
YU F G, WANG G H, WANG C Y, *et al.* Evaluation and identification of adult resistance to stripe rust from 400 wheat varieties(lines) [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2020, 21(4): 846.
- [39] 戴妙飞, 穆京妹, 王晓婷, 等. ICARDA小麦种质抗条锈资源筛选和抗病基因分析[J]. 麦类作物学报, 2019, 39(8): 934.  
DAI M F, MU J M, WANG X T, *et al.* Screening of stripe rust resistance and molecular detection of *Yr* genes of wheat germplasms from ICARDA [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2019, 39(8): 934.
- [40] 黄洁, 杨金叶, Davinder Singh, 等. 121份澳大利亚小麦材料抗条锈病鉴定及分子检测[J]. 植物病理学报, 2024(6): 1158.  
HUANG J, YANG J Y, DAVINDER S, *et al.* Identification and molecular detection of resistance to wheat stripe rust in 121 Australian wheat varieties [J]. *Journal of Plant Pathology*, 2024(6): 1158.
- [41] SPIELMEYER W, MCINTOSH R A, KOLMER J, *et al.* Powdery mildew resistance and *Lr34/Yr18* genes for durable resistance to leaf and stripe rust cosegregate at a locus on the short arm of chromosome 7D of wheat [J]. *TAG. Theoretical and Applied Genetics. Theoretische und Angewandte Genetik*, 2005, 111(4): 731.
- [42] 李壮, 黄彦川, 张传量, 等. 长江中下游小麦新品系条锈病抗性评估与抗病基因分析[J]. 麦类作物学报, 2024, 44(7): 835.  
LI Z, HUANG Y C, ZHANG C L, *et al.* Evaluation of stripe rust resistance and analysis of disease resistance genes of the new wheat lines in the Middle and Lower Reaches of the Yangtze River [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2024, 44(7): 835.
- [43] 杨文雄, 杨芳萍, 梁丹, 等. 中国小麦育成品种和农家种中慢锈基因 *Lr34/Yr18* 的分子检测[J]. 作物学报, 2008, 34(7): 1109.  
YANG W X, YANG F P, LIANG D, *et al.* Molecular characterization of slow-rusting genes *Lr34/Yr18* in Chinese wheat cultivars [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2008, 34(7): 1109.
- [44] 白斌, 张怀志, 杜久元, 等. 西北条锈菌源区冬小麦育种抗条锈病基因的利用现状与策略[J]. 中国农业科学, 2024, 57(1): 4.  
BAI B, ZHANG H Z, DU J Y, *et al.* Current situation and strategy of stripe rust resistance genes utilization in winter wheat cultivars of northwestern overwintering region for *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in China [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2024, 57(1): 4.
- [45] 张悦. 中国小麦主产区305份品种抗条锈病评价及抗病基因分析[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2022.  
ZHANG Y. Evaluation of resistance to stripe rust and analysis of resistance genes in 305 wheat varieties from main wheat producing areas in China [D]. Yangling: Northwest A&F University, 2022.
- [46] LAI H, SHEN Y, YANG H, *et al.* Comparative analysis of stripe rust resistance in seedling stage and *Yr* gene incidence in spring and winter wheat from Xinjiang, China [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2024, 15: 1394213.
- [47] 徐默然, 蔺瑞明, 王凤涛, 等. 103份小麦品种(系)抗条锈性和遗传多样性评价及基因检测[J]. 中国农业科学, 2020, 53(4): 748.  
XU M R, LIN R M, WANG F T, *et al.* Evaluation of resistance to stripe rust and genetic diversity and detection of resistance genes in 103 wheat cultivars(lines) [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2020, 53(4): 748.
- [48] 习玲, 王昱琦, 杨修, 等. 243份云南普通小麦地方品种抗条锈病鉴定及分子标记检测[J]. 中国农业科学, 2021, 54(4): 684.  
XI L, WANG Y Q, YANG X, *et al.* Evaluation of resistance to stripe rust and molecular detection of resistance gene(s) in 243 common wheat landraces from the Yunnan Province [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2021, 54(4): 684.