

73 份甘肃陇南冬小麦品种（系）抗条锈病基因分子检测

周喜旺¹ 刘鸿燕¹ 王娜¹ 魏志平¹ 王希恩¹
岳维云¹ 王伟¹ 汪石俊¹ 孙振宇² 张耀辉¹

(¹天水市农业科学研究所, 741001, 甘肃天水; ²甘肃省农业科学院植物保护研究所, 730070, 甘肃兰州)

摘要 为了解甘肃陇南小麦育成品种和后备品种对当前流行小种和新菌系的抗性水平及其抗条锈基因的分布情况, 利用当前流行小种 CYR32、CYR34 及 ZS 无性菌系、ZS 有性菌系对甘肃陇南 73 份小麦品种（系）进行苗期抗病性鉴定, 并利用已知的全生育期抗条锈病基因 *Yr5*、*Yr9*、*Yr10*、*Yr15*、*Yr26* 和成株期抗条锈病基因 *Yr18* 的分子标记对其进行分子检测。结果表明, 73 份供试小麦品种（系）中, 对 CYR32、CYR34、ZS 无性菌系及 ZS 有性菌系表现苗期抗性的分别有 11 (15.07%)、11 (15.07%)、13 (17.81%) 和 9 份 (12.33%), 所有供试品种（系）中, 仅有中梁 14 号对提供的所有条锈菌表现苗期抗性。分子检测结果表明, 供试材料中携带 *Yr5*、*Yr9*、*Yr10*、*Yr18* 和 *Yr26* 的小麦品种（系）分别有 1、27、3、3 和 16 份, 分别占供试材料总数的 1.37%、36.99%、4.11%、4.11% 和 21.92%; 有 3 份材料携带 2 个抗性基因, 中梁 14 号携带 3 个抗性基因; 所有供试品种（系）中均未检测到 *Yr15* 基因, 有 28 份材料未检测到供测的 6 个抗条锈病基因。

关键词 小麦品种（系）; 条锈病; 抗条锈基因; 分子检测

小麦条锈病是由条形柄锈菌小麦专化型 (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) 引起的气传性真菌病害, 其在我国发生面积广且流行成灾率高, 危害十分严重。据统计^[1-2], 1950-2020 年小麦条锈病在全国发生 8 次大规模流行, 发生面积在 333.3 万~1000 万 hm^2 , 防治后造成小麦减产共计约 140 亿 kg。甘肃陇南 (包括天水市和陇南市) 因特殊地理环境和气候因素, 成为我国小麦条锈病发生流行最重要的越夏区和病菌新毒性小种的“策源地”, 小麦条锈菌在该区既能越夏又能越冬, 完成周年循环^[3-4]。已有研究^[5]发现, 甘肃陇南地区的野生小檉是小麦条锈菌的转主寄主, 为新小种的产生和条锈菌的有性生殖提供了有利条件, 并且在条锈病的发生中起到提供初始菌源的作用。

种植抗病品种是防治小麦条锈病最经济、有效和环保的措施, 由于条锈菌毒性变异速度快, 抗病品种一般种植 3~5 年便会丧失抗病性, 自 2009 年以来, 由于 CYR34 的出现并逐渐上升为第一优势小种^[6], 导致甘肃陇南育种中广泛利用的携带 *Yr10*、*Yr26* 的贵农系和南农 92R 系等抗源材料和衍生系品种逐渐丧失抗病性^[7]。甚至在 2021 年, 由

于 CYR34、CYR32 及新菌系 ZS (中四) 的联合作用, 导致甘肃陇南小麦产量损失严重^[8]。

国际已正式命名的 86 个抗条锈基因^[9]中, 仅有全生育期基因 *Yr5*、*Yr15* 和 *Yr61* 及成株期基因 *Yr18*、*Yr29* 和 *Yr46* 等仍保持抗性且持续稳定^[10-11]。甘肃陇南是我国重要的小麦条锈菌越夏菌源基地, 条锈菌有性生殖和无性生殖并存^[12], 尽管前人在小麦抗条锈性评价方面开展了相关研究, 但利用当前优势小种 CYR34、CYR32 及新菌系 ZS (无性和有性) 对甘肃陇南生产品种及后备品种进行抗病性研究的报道较少。基于此, 本研究对甘肃陇南生产品种及后备品种进行抗条锈性鉴定及抗条锈基因的分子检测, 旨在明确供试材料抗条锈性及抗病基因的分布, 为小麦抗条锈育种和品种合理布局提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试材料为甘肃陇南育成的冬小麦品种（系）, 共计 73 份, 由天水市农业科学研究所收集与繁育。阳性对照材料为 *Yr5/6*Avocet S*、*Yr9/6*Avocet S*、

作者简介: 周喜旺, 研究方向为冬小麦育种, E-mail: zhouxiwang1208@163.com

张耀辉为通信作者, 研究方向为冬小麦育种, E-mail: ts-zyh@163.com

基金项目: 中央引导地方科技发展资金项目 (24ZYQE002); 甘肃省农业农村厅农业科技支撑项目 (KJZC-2024-25); 天水市科技支撑计划项目 (2023-NCK-8025); 甘肃省科技计划项目 (21JR7RE900)

收稿日期: 2024-12-05; 修回日期: 2025-02-07; 网络出版日期: 2025-04-09

*Yr10/6*Avocet S*、*Yr15/6*Avocet S*、*Yr18/6*Avocet S* 和 *Yr26/6*Avocet S*，阴性对照材料为 *Avocet S*，均由甘肃农业大学提供，感病对照品种铭贤 169 由甘肃省农业科学院植物保护研究所收集和繁殖。供试病原菌为小麦条锈菌生理小种 CYR32、CYR34 及条锈菌 ZS 无性和有性菌系，由甘肃省农业科学院植物保护研究所小麦病害课题组提供。

1.2 试验方法

1.2.1 苗期抗性鉴定 苗期抗性鉴定于 2022 年 3-5 月在甘肃省农业科学院植物保护研究所兰州温室完成。每个供试品种（系）挑选籽粒饱满的 8~10 粒种子，将其播种于直径 8 cm、高 10 cm 的圆形黑色塑料盒中，每个盒子种植 4 份材料，待幼苗长至 2 叶 1 心期时，采用抖孢子粉法^[13]接种预先繁殖好的条锈菌生理小种 CYR32、CYR34 及 ZS 无性菌系和 ZS 有性菌系，接种后的幼苗置于 10~15 °C 黑暗条件下保湿 24 h，之后置于一定温度、光照和光强的温室诱导发病，待感病对照品种铭贤 169 充分发病后，按照国家农业行业标准

(NY/T 1443.1-2007)^[14]调查记录病害的侵染型，即 0（免疫）、0；（近免疫）、1（高抗）、2（中抗）、3（中感）和 4 级（高感），0~2 为抗病，3~4 为感病。

1.2.2 抗条锈基因分子检测 采用改良的 CTAB 法^[15-16]对 73 份小麦品种（系）、6 份阳性对照品系及阴性对照品系的幼叶提取全基因组 DNA，选用国内外现已开发的全生育期抗条锈病基因 *Yr5*、*Yr9*（1BL/1RS）、*Yr10*、*Yr15*、*Yr26* 及成株期抗条锈病基因 *Yr18* 的 SSR、SCAR 或 STS 标记分别对供试材料进行分子检测，所用引物由北京赛百盛基因技术有限公司合成，PCR 反应体系为 10 μL，包括：5 μL 2×Master Mix、2 μL ddH₂O、上下游引物各 1 μL、模板 DNA 1 μL（50 ng/μL）。扩增程序为：94 °C 预变性 4 min；94 °C 变性 50 s，58~62 °C 退火 50 s（依据引物的退火温度），72 °C 延伸 50 s，共 35 个循环；最后 72 °C 延伸 10 min。扩增产物经 1.8%~2.0% 的琼脂糖凝胶电泳后在胶片观察灯上拍照检测。标记类型、基因名称及引物序列见表 1。

表 1 用于检测小麦抗条锈病基因的分子标记及其引物序列
Table 1 Molecular markers and primer sequences for detecting wheat stripe rust resistance genes

标记类型 Marker type	基因名称 Gene name	标记名称 Primer name	引物序列 (5'-3') Primer sequence (5'-3')	遗传距离 Distance (cM)	参考文献 Reference
SSR	<i>Yr5</i>	Xwmc175	F: GCTCAGTCAAACCGCTACTTCT R: CACTACTCCAATCTATCGCCGT	1.4	[17]
SCAR	<i>Yr9</i>	AF1/AF4	F: GGAGACATCATGAAACATTG R: CTGTTGTTGGGCAGAAAG	-	[18]
SCAR	<i>Yr10</i>	SC200	F: CTGCAGAGTGACATCATACA R: TCGAACTAGTAGATGCTGGC	0.5	[19]
SSR	<i>Yr15</i>	Xbarc8	F: ATTGGACCGACAGATGCTTT R: AGCAGTGAGGAAGGGGATC	9.0	[17]
STS	<i>Yr18</i>	csLV34	F: GTTGGTTAAGACTGGTGATGG R: TGCTTGCTATTGCTGAATAGT	0.4	[20]
SSR	<i>Yr26</i>	We173	F: GGGACAAGGGGAGTTGAAGC R: GAGAGTCCAAGCAGAACAC	1.4	[21]

1.3 数据处理

采用 Excel 2010 进行数据分析与作图。

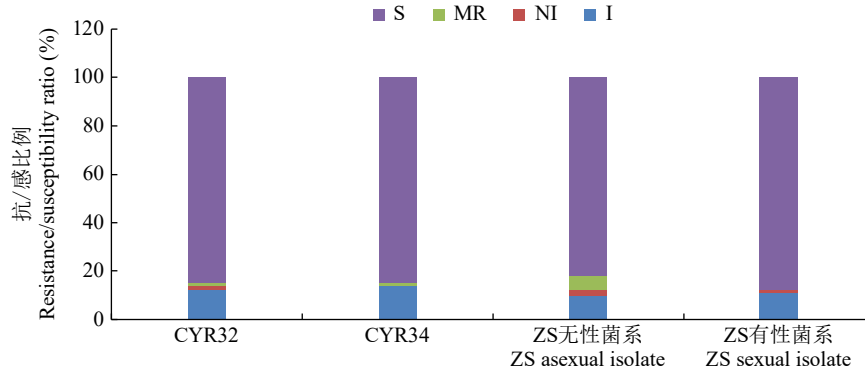
2 结果与分析

2.1 供试小麦品种（系）苗期抗条锈病鉴定

利用条锈菌流行小种 CYR32、CYR34 及条锈菌 ZS 无性菌系和 ZS 有性菌系对 73 份甘肃陇南小麦品种（系）进行苗期抗病性鉴定，结果见图 1 和表 2。对 CYR32 表现抗病的有 11 份，占 15.07%，其中表现免疫、近免疫和中抗的分别有 9、1 和 1

份，表现感病的有 62 份，占 84.93%。对 CYR34 表现抗病的有 11 份，占 15.07%，其中表现免疫和中抗的分别有 10 和 1 份，表现感病的也有 62 份。对 ZS 无性菌系表现抗病的有 13 份，占 17.81%，其中表现免疫、近免疫和中抗的分别有 7、2 和 4 份，表现感病的有 60 份，占 82.19%。对 ZS 有性菌系表现抗病的有 9 份，占 12.33%，其中表现免疫和近免疫的分别有 8 和 1 份，其余 64 份材料表现感病，占 87.67%。在供试品种（系）中，中梁 14 号、中梁 28 号、兰天 17 号和兰天 37 号对 CYR32

和 CYR34 均表现抗性, 占 5.48%, 中梁 14 号和天选 81 号对 ZS 无性和有性菌系均表现抗性, 占



S: 感病; MR: 中抗; NI: 近免疫; I: 免疫。

S: susceptible; MR: moderately resistant; NI: nearly immune; I: immune.

图 1 73 份小麦品种 (系) 苗期对条锈病的抗/感比例

Fig.1 The resistance/susceptibility ratio of 73 wheat varieties (lines) to stripe rust at seedling stage

表 2 73 份小麦品种 (系) 苗期抗条锈病鉴定及抗条锈基因分子检测

Table 2 Resistance identification of stripe rust at seedling stage and molecular detection of stripe rust resistance genes in 73 wheat varieties (lines)

序号 Code	品种 (系) Variety (line)	苗期抗病性 Disease resistance at seedling stage				分子标记检测 Molecular marker detection					
		CYR32	CYR34	ZS 无性菌系 ZS asexual isolate	ZS 有性菌系 ZS sexual isolate	Yr5	Yr9	Yr10	Yr15	Yr18	Yr26
1	中梁 12 号	3	3	/	3	-	-	+	-	-	-
2	中梁 14 号	0	0	0	0	+	+	-	-	+	-
3	中梁 15 号	3	3	3	3	-	-	-	-	-	-
4	中梁 16 号	3	3	4	3	-	-	+	-	+	-
5	中梁 17 号	3	3	3	3	-	-	-	-	-	-
6	中梁 18 号	3	3	3	3	-	-	+	-	-	-
7	中梁 19 号	3	3	3	3	-	-	-	-	-	-
8	中梁 21 号	3	3	3	3	-	+	-	-	-	-
9	中梁 22 号	3	3	3	0	-	-	-	-	-	-
10	中梁 23 号	4	3	3	3	-	-	-	-	-	-
11	中梁 24 号	4	3	3	0	-	-	-	-	-	-
12	中梁 25 号	3	3	3	3	-	-	-	-	-	-
13	中梁 26 号	3	0	3	0	-	+	-	-	-	-
14	中梁 28 号	0	0	3	3	-	-	-	-	+	-
15	中梁 29 号	3	0	3	3	-	-	-	-	-	+
16	中梁 30 号	3	3	3	3	-	-	-	-	-	-
17	中梁 31 号	3	3	3	3	-	-	-	-	-	-
18	中梁 32 号	3	0	3	3	-	-	-	-	-	-
19	中梁 34 号	3	3	3	3	-	-	-	-	-	-
20	中梁 35 号	3	3	/	3	-	+	-	-	-	-
21	中梁 38 号	3	3	0	3	-	+	-	-	-	-
22	中梁 41 号	3	3	3	3	-	-	-	-	-	-
23	中梁 42 号	3	3	3	3	-	-	-	-	-	-
24	中梁 43 号	3	0	3	3	-	-	-	-	-	+
25	中梁 44 号	0;	3	3	0	-	-	-	-	-	+
26	中梁 48 号	3	3	/	3	-	+	-	-	-	-
27	中梁 49 号	3	3	3	3	-	+	-	-	-	-
28	中梁 50 号	3	3	3	3	-	-	-	-	-	-
29	中梁 51 号	4	3	3	3	-	+	-	-	-	-
30	中梁 52 号	3	3	3	3	-	+	-	-	-	-

续表 2 Table 2 (continued)

序号 Code	品种（系） Variety (line)	苗期抗病性 Disease resistance at seedling stage				分子标记检测 Molecular marker detection					
		CYR32	CYR34	ZS 无性菌系 ZS asexual isolate	ZS 有性菌系 ZS sexual isolate	Yr5	Yr9	Yr10	Yr15	Yr18	Yr26
31	天选 39 号	3	3	3	3	-	+	-	-	-	+
32	天选 52 号	0	3	3	3	-	-	-	-	-	+
33	天选 60 号	0	3	0	3	-	-	-	-	-	+
34	天选 61 号	3	3	3	3	-	-	-	-	-	+
35	天选 62 号	3	3	3	3	-	+	-	-	-	-
36	天选 63 号	3	3	0	3	-	+	-	-	-	-
37	天选 64 号	3	3	3	/	-	+	-	-	-	-
38	天选 65 号	3	3	3	0	-	+	-	-	-	-
39	天选 66 号	2	3	0	3	-	+	-	-	-	-
40	天选 68 号	3	4	3	3	-	-	-	-	-	-
41	天选 69 号	3	3	3	0	-	-	-	-	-	-
42	天选 72 号	3	0	2	3	-	-	-	-	-	+
43	天选 73 号	0	3	3	3	-	-	-	-	-	+
44	天选 74 号	3	3	3	3	-	-	-	-	-	+
45	天选 78 号	3	3	2	3	-	+	-	-	-	-
46	天选 79 号	3	3	3	0	-	-	-	-	-	+
47	天选 81 号	3	3	0	0	-	+	-	-	-	-
48	天选 82 号	3	3	3	3	-	-	-	-	-	-
49	兰天 9 号	3	3	3	3	-	-	-	-	-	-
50	兰天 10 号	3	3	3	3	-	+	-	-	-	-
51	兰天 11 号	3	3	3	3	-	+	-	-	-	-
52	兰天 15 号	3	3	3	3	-	+	-	-	-	-
53	兰天 17 号	0	2	3	3	-	-	-	-	-	+
54	兰天 19 号	3	3	3	3	-	-	-	-	-	-
55	兰天 22 号	3	3	3	/	-	+	-	-	-	-
56	兰天 23 号	3	3	3	3	-	-	-	-	-	-
57	兰天 24 号	3	3	3	3	-	-	-	-	-	+
58	兰天 26 号	3	0	2	3	-	+	-	-	-	-
59	兰天 28 号	3	3	2	3	-	+	-	-	-	-
60	兰天 29 号	3	3	4	3	-	-	-	-	-	-
61	兰天 34 号	0	3	3	3	-	+	-	-	-	-
62	兰天 37 号	0	0	3	3	-	-	-	-	-	+
63	兰天 38 号	4	3	3	3	-	-	-	-	-	-
64	兰天 39 号	3	3	3	3	-	-	-	-	-	-
65	兰天 45 号	3	3	0	3	-	-	-	-	-	-
66	兰天 47 号	3	3	0	3	-	-	-	-	-	-
67	兰天 48 号	3	3	0	3	-	+	-	-	-	-
68	兰天 49 号	3	3	3	3	-	-	-	-	-	-
69	兰天 50 号	3	3	3	3	-	-	-	-	-	-
70	兰天 51 号	3	0	3	/	-	+	-	-	-	-
71	兰天 53 号	3	3	3	3	-	-	-	-	-	+
72	兰天 61 号	0	3	3	3	-	+	-	-	-	+
73	兰天 62 号	3	3	3	3	-	-	-	-	-	-

“+”表示存在，“-”表示不存在，“/”表示数据缺失。

“+” indicates the presence of gene, “-” indicates the gene does not exist, “/” indicates missing data.

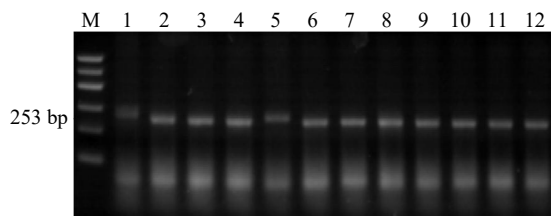
2.74%，仅中梁 14 号对 CYR32、CYR34、ZS 无性菌系和 ZS 有性菌系均表现抗性，占 1.37%。

2.2 小麦抗条锈基因分子检测

利用 Xwmc175、AF1/AF4、SC200、Xbarc8、csLV34 及 We173 标记对 73 份品种（系）进行抗条

锈病基因分子检测，结果表明，中梁 14 号可能携带 Yr5 基因（图 2），占供试材料的 1.37%；中梁 21 号、天选 39 号和兰天 10 号等 27 份材料可能携带 Yr9 基因（图 3），占供试材料的 36.99%；中梁 12 号、中梁 16 号和中梁 18 号 3 份材料可能携带

Yr10 基因 (图 4), 占供试材料的 4.11%; 中梁 14 号、中梁 16 号和中梁 28 号 3 份材料可能携带 *Yr18* 基因 (图 5), 占供试材料的 4.11%; 中梁 29 号、天选 72 号和兰天 17 号等 16 份材料可能携带 *Yr26* 基因 (图 6), 占供试材料的 21.92%。3 份材料可能携带 2 个抗条锈病基因, 其中中梁 16 号携带 *Yr10*

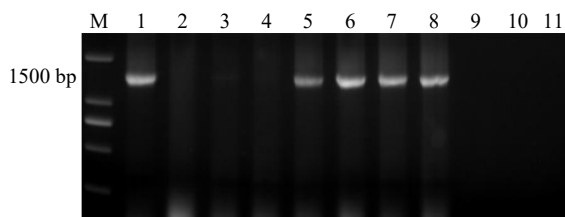


M: Marker I; 1: *Yr5/6*Avocet S*; 2: *Avocet S*; 3: 中梁 12 号; 4: 中梁 15 号; 5: 中梁 14 号; 6: 中梁 16 号; 7: 中梁 18 号; 8: 天选 39 号; 9: 天选 52 号; 10: 天选 60 号; 11: 兰天 9 号; 12: 兰天 10 号。

M: Marker I; 1: *Yr5/6*Avocet S*; 2: *Avocet S*; 3: Zhongliang 12; 4: Zhongliang 15; 5: Zhongliang 14; 6: Zhongliang 16; 7: Zhongliang 18; 8: Tianxuan 39; 9: Tianxuan 52; 10: Tianxuan 60; 11: Lantian 9; 12: Lantian 10.

图 2 部分供试小麦品种 (系) *Yr5* 基因分子检测结果

Fig.2 Molecular detection results of *Yr5* gene in partial tested wheat varieties (lines)

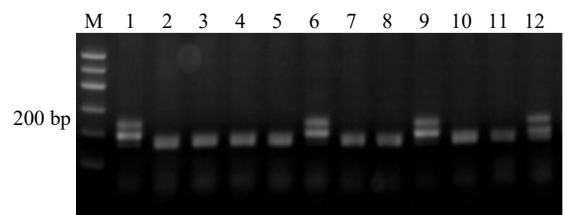


M: DL2000; 1: *Yr9/6*Avocet S*; 2: *Avocet S*; 3: 中梁 12 号; 4: 中梁 15 号; 5: 中梁 21 号; 6: 中梁 35 号; 7: 天选 39 号; 8: 兰天 10 号; 9: 兰天 37 号; 10: 兰天 38 号; 11: 兰天 39 号。

M: DL2000; 1: *Yr9/6*Avocet S*; 2: *Avocet S*; 3: Zhongliang 12; 4: Zhongliang 15; 5: Zhongliang 21; 6: Zhongliang 35; 7: Tianxuan 39; 8: Lantian 10; 9: Lantian 37; 10: Lantian 38; 11: Lantian 39.

图 3 部分供试小麦品种 (系) *Yr9* 基因分子检测结果

Fig.3 Molecular detection results of *Yr9* gene in partial tested wheat varieties (lines)

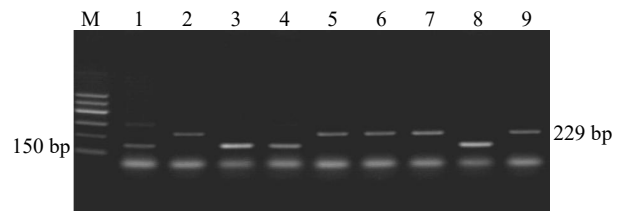


M: Marker I; 1: *Yr10/6*Avocet S*; 2: *Avocet S*; 3: 中梁 14 号; 4: 中梁 15 号; 5: 中梁 17 号; 6: 中梁 12 号; 7: 天选 43 号; 8: 天选 46 号; 9: 中梁 16 号; 10: 天选 47 号; 11: 天选 48 号; 12: 中梁 18 号。

M: Marker I; 1: *Yr10/6*Avocet S*; 2: *Avocet S*; 3: Zhongliang 14; 4: Zhongliang 15; 5: Zhongliang 17; 6: Zhongliang 12; 7: Tianxuan 43; 8: Tianxuan 46; 9: Zhongliang 16; 10: Tianxuan 47; 11: Tianxuan 48; 12: Zhongliang 18.

图 4 部分供试小麦品种 (系) *Yr10* 基因分子检测结果

Fig.4 Molecular detection results of *Yr10* gene in partial tested wheat varieties (lines)

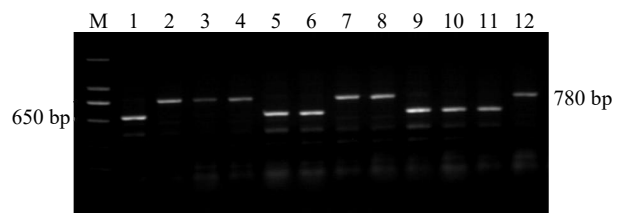


M: Marker I; 1: *Yr18/6*Avocet S*; 2: *Avocet S*; 3: 中梁 14 号; 4: 中梁 16 号; 5: 中梁 23 号; 6: 中梁 25 号; 7: 天选 43 号; 8: 中梁 28 号; 9: 天选 45 号。

M: Marker I; 1: *Yr18/6*Avocet S*; 2: *Avocet S*; 3: Zhongliang 14; 4: Zhongliang 16; 5: Zhongliang 23; 6: Zhongliang 25; 7: Tianxuan 43; 8: Zhongliang 28; 9: Tianxuan 45.

图 5 部分供试小麦品种 (系) *Yr18* 基因分子检测结果

Fig.5 Molecular detection results of *Yr18* gene in partial tested wheat varieties (lines)



M: DL2000; 1: *Yr26/6*Avocet S*; 2: *Avocet S*; 3: 中梁 30 号; 4: 中梁 32 号; 5: 中梁 29 号; 6: 中梁 44 号; 7: 中梁 34 号; 8: 中梁 35 号; 9: 天选 72 号; 10: 兰天 17 号; 11: 兰天 24 号; 12: 兰天 25 号。

M: DL2000; 1: *Yr26/6*Avocet S*; 2: *Avocet S*; 3: Zhongliang 30; 4: Zhongliang 32; 5: Zhongliang 29; 6: Zhongliang 44; 7: Zhongliang 34; 8: Zhongliang 35; 9: Tianxuan 72; 10: Lantian 17; 11: Lantian 24; 12: Lantian 25.

图 6 部分供试小麦品种 (系) *Yr26* 基因分子检测结果

Fig.6 Molecular detection results of *Yr26* gene in partial tested wheat varieties (lines)

和 *Yr18* 基因, 天选 39 号和兰天 61 号携带 *Yr9*、*Yr26* 基因; 中梁 14 号携带 3 个抗条锈病基因 *Yr5*、*Yr9* 和 *Yr18*。28 份材料 (系) 未检测到上述 6 个抗条锈病基因。所有供试材料抗条锈基因分子检测结果见表 2。

3 讨论

甘肃陇南越夏区在我国小麦条锈病流行体系中起着重要的作用, 多年来, 陇南越夏区推广种植的兰天系、中梁系和天选系小麦品种在甘肃陇南及黄淮麦区小麦条锈病的控制与保障粮食安全中发挥了重要作用。由于甘肃陇南条锈菌无性繁殖与有性繁殖长期共存, 使得条锈菌毒性变异速度快, 品种抗条锈病性丧失速度更快。

3.1 小麦品种 (系) 苗期条锈病抗性鉴定

根据苗期抗病性鉴定结果可知, 73 份小麦品种 (系) 中, 对当前优势小种 CYR32、CYR34 及新菌系 ZS 无性和 ZS 有性表现苗期抗性的品种 (系) 较少, 对 CYR32 和 CYR34 同时表现抗性的有中梁

14 号、中梁 28 号、兰天 17 号及兰天 37 号，对 ZS 无性和有性菌系均表现抗性的有中梁 14 号及天选 81 号，仅有中梁 14 号对提供的所有菌系均表现苗期抗性，这一研究结果也进一步证实了甘肃陇南育成品种（系）中，具有苗期和全生育期抗性的品种（系）较少，多数品种（系）表现成株抗性的特点^[8,22]。条锈菌 ZS 菌系为近年发现的对鉴别寄主中四感染的新菌系，贾秋珍等^[12]研究发现，甘肃陇南生产品种对 ZS 菌系的抵抗力弱，ZS 菌系存在潜在风险。本研究发现，供试品种（系）对条锈菌 ZS 无性和有性菌系表现苗期抗病的有 13 和 9 份，大多数品种（系）对 ZS 新菌系表现苗期感病。因此，为控制新菌系在甘肃陇南麦区的持续发生和流行，确保小麦高产与稳产，新抗源材料的筛选及抗病新基因的挖掘与利用已迫在眉睫。

3.2 抗病基因分子检测

分子标记技术的发展为抗条锈基因的检测提供了可能与便利，是一种有效的检测方法，在小麦分子标记辅助育种中，利用与已知抗条锈基因紧密连锁的标记对检测抗条锈基因、明确目标基因的存在与否、客观且合理地利用抗病基因以及提高小麦育种效率均具有重要意义。

Yr5 和 *Yr15* 为小种专业化型全生育期抗性基因，对我国当前流行小种仍具有抗性。目前陕西已发现对 *Yr5* 表现亲和的小种 TSA-6 和 TSA-9，且 2 个小种的寄生适合度高于生理小种 CYR31、CYR33 和 CYR34^[23]。黄亮等^[24]对我国 79 个小麦品种（系）进行分子检测发现，有 4 份材料携带 *Yr5* 基因；庞云星等^[25]和王树和等^[26]曾分别在河北和山西的 89 份小麦品种及四川的 100 份小麦品种（系）中均未检测到 *Yr5* 基因的存在。周警卫等^[27]对国内外 153 份小麦种质进行条锈菌抗性鉴定与评价，未检测到 *Yr15* 基因；白斌等^[28]对甘肃陇南和陇东的 117 份小麦品种进行检测，也未发现携带 *Yr15* 基因的材料。本研究检测到仅有中梁 14 号携带 *Yr5* 基因，没有检测到 *Yr15* 基因，说明 *Yr5* 和 *Yr15* 基因目前在小麦育种中的利用率仍很低，应引起育种家们的高度重视。

Yr9 来源于黑麦 1BL/1RS 易位系，因其易位片段携带 *Yr9*、*Lr26*、*Sr31* 和 *Pm8* 基因而在育种中被广泛利用，随着 CYR29 的出现，导致生产上携带 *Yr9* 的材料因丧失抗病性而失去利用价值。黄亮

等^[24]对 79 份我国小麦品种（系）检测，发现 35 份材料携带 *Yr9*，占 44.3%；戴妙飞等^[29]对来自 ICARDA 的 203 份小麦种质检测，发现 *Yr9* 的检出率为 25.5%。本研究检测到携带 *Yr9* 的材料有 27 份，占比与上述结论相似。已有研究^[30]表明，1BL/1RS 易位导致小麦缺失了 1BS 上重要的低分子量麦谷蛋白和醇溶蛋白，进而被品质较差的黑麦碱取代，引起加工品质变劣，因此在育种中应谨慎使用携带 *Yr9* 基因的亲本材料。

CYR34 的出现使得 *Yr10* 和 *Yr26* 丧失抗病性，导致我国小麦生产再次受到条锈病的威胁。李峰奇等^[31]对黄淮麦区 126 个小麦品种（系）抗条锈病的基因检测显示，仅 4 份材料可能含有 *Yr10*。韩德俊等^[32]对 1980 份小麦地方品种和国外种质的抗条锈性鉴定和分子标记检测表明，仅有 Spanish D188 和红蚬儿麦可能含有 *Yr10*。本研究检测到中梁 12 号、中梁 16 号和中梁 18 号 3 份材料携带 *Yr10*，并且发现携带 *Yr10* 的材料为上世纪 80、90 年代育成品种，在之后的育成品种中未检测到 *Yr10* 的存在，说明 *Yr10* 在甘肃陇南育成品种中利用率低，与上述结论一致。黄苗苗等^[33]通过分子检测发现，来自甘肃麦区的 223 份小麦地方品种携带 *Yr26* 的材料占比达 50.22%。本研究检测到 73 份品种（系）中有 16 份材料携带 *Yr26*，且在不同年份的育成品种中均检测到 *Yr26*，由此可见，*Yr26* 在育种中的利用率仍很高，需引起育种家的重视。

Yr18 是成株期抗性基因，具有抗病谱广且抗性持久的特点。徐默然等^[34]对 103 份材料进行表型鉴定，结合分子标记检测，鉴定出 19 份材料含有 *Yr18*。管方念等^[35]对 152 份地方品种进行 *Yr18* 分子标记检测，发现 131 份材料携带该基因。杨文雄等^[36]对 231 份我国小麦育成品种及 422 份农家品种进行 *Yr18* 分子检测，发现分别有 14 份和 359 份材料携带该基因。本研究检测到有中梁 14 号、中梁 16 号及中梁 28 号 3 份材料携带 *Yr18*，这一结果进一步表明 *Yr18* 基因在育成品种中分布频率较低。

研究^[10]表明，*Yr9* 和 *Yr18* 基因在苗期对当前流行小种 CYR32 及 CYR34 表现感病，*Yr26* 基因对 CYR34 已失去抗性。但本研究发现，73 份供试材料中有少数材料的苗期抗病性鉴定结果与抗条锈病基因分子检测结果不一致，其中中梁 26 号、兰天 26 号、兰天 34 号、兰天 51 号和兰天 61 号虽携

带 *Yr9* 基因, 但中梁 26 号、兰天 26 号和兰天 51 号苗期抗 CYR34, 兰天 34 号和兰天 61 号苗期抗 CYR32; 中梁 28 号虽携带 *Yr18* 基因, 但苗期对 CYR32 和 CYR34 均表现抗病; 中梁 29 号、中梁 43 号、天选 72 号及兰天 37 号虽携带 *Yr26* 基因, 但苗期对 CYR34 表现抗性, 推测这可能与苗期接菌鉴定中人为误差以及分子检测假阳性现象的发生有关, 尚需进一步研究。

国内外的育种家在认识到单一的抗病基因抗性脆弱和难以持久的基础上, 均在尝试通过基因聚合分子育种手段来提高品种的抗性程度和持久性^[37]。白斌等^[38]利用成株期抗病基因和全生育期基因育成成株抗性品种兰天 132 和兰天 196, 为甘肃陇南麦区减轻了致病小种定向选择压力, 延长了抗病品种使用年限。本研究发现, 中梁 14 号携带 3 个抗条锈病基因 (*Yr5*、*Yr9* 和 *Yr18*), 并且全生育期对所有供试菌种表现抗病^[22], 推测原因可能是其携带全生育期抗性基因 *Yr5*、成株期抗性基因 *Yr18* 及未知的新抗病基因, 其为上世纪 90 年代育成品种, 多年来田间抗病性保持良好, 在育种中可作抗源加以利用。

4 结论

甘肃陇南麦区的小麦品种 (系) 对当前主要条锈菌流行小种及新菌系的苗期抗性水平低, 73 份供试材料中, 对 CYR32、CYR34、ZS 无性及有性菌系表现苗期抗病的材料分别有 11、11、13 和 9 份。该地区小麦品种 (系) 以携带 *Yr9* (36.99%) 和 *Yr26* (21.92%) 为主, 主效基因 *Yr5* 和 *Yr18* 的出现频率达 1.37% 和 4.11%, *Yr10* 出现频率为 4.11%, 未检测到 *Yr15*。3 份材料同时携带 2 个抗条锈病基因, 包含 2 种组合方式 (*Yr10+Yr18* 和 *Yr9+Yr26*), 中梁 14 号对提供的所有条锈菌苗期均表现抗性, 并且携带 3 个抗条锈病基因, 组合方式为 *Yr5+Yr9+Yr18*。在今后的小麦育种工作中应减少对 *Yr9*、*Yr10* 和 *Yr26* 的使用, 尽可能利用全生育期抗条锈病基因 *Yr5*、*Yr15* 和成株期抗条锈病基因 *Yr18* 与其他有效抗病基因聚合来培育持久抗条锈病品种, 以便提高品种的持久抗性, 保障小麦生产安全。

参考文献

[1] 刘万才, 王保通, 赵中华, 等. 我国小麦条锈病历史大流行的历史回顾与对策建议. 中国植保导刊, 2022, 42(6): 21-27, 41.
[2] 刘万才, 赵中华, 王保通, 等. 我国小麦条锈病防控的植保贡

献率初析. 中国植保导刊, 2022, 42(7): 5-9, 53.

- [3] 李振岐, 曾士迈. 中国小麦锈病. 北京: 中国农业出版社, 2002.
[4] 陈万权, 康振生, 马占鸿, 等. 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.
[5] 刘尧, 陈晓云, 马云, 等. 甘肃陇南感病小梁在小麦条锈病发生中起提供(初始)菌源作用的直接证据. 植物病理学报, 2021, 51(3): 366-380.
[6] 曹世勤, 贾秋珍, 宋建荣, 等. 甘肃省冬小麦抗条锈菌 CYR34 育种策略. 植物遗传资源学报, 2019, 20(5): 1129-1133.
[7] 曹世勤, 王晓明, 贾秋珍, 等. 2003-2013 年小麦品种 (系) 抗条锈性鉴定及评价. 植物遗传资源学报, 2017, 18(2): 253-260.
[8] 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. 中国农业科技导报, 2022, 24(10): 109-124.
[9] Zhu Z W, Cao Q, Han D J, et al. Molecular characterization and validation of adult-plant stripe rust resistance gene *Yr86* in Chinese wheat cultivar Zhongmai 895. Theoretical and Applied Genetics, 2023, 136(6): 142-150.
[10] 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. 植物病理学报, 2015, 45(6): 641-650.
[11] Ellis J G, Lagudah E S, Spielmeier W, et al. The past, present and future of breeding rust resistant wheat. Frontiers in Plant Science, 2014, 5: 13.
[12] 贾秋珍, 曹世勤, 张勃, 等. 小麦条锈菌 ZS 有性与无性菌系毒性差异初步分析. 寒旱农业科学, 2023, 2(1): 74-77.
[13] 曹世勤, 孙振宇, 徐志, 等. 331 份四川小麦品种 (系) 在甘肃陇南抗条锈性表现及利用价值. 植物保护, 2019, 45(1): 155-158, 173.
[14] 中华人民共和国农业部. 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: NY/T 1443.1-2007. 北京: 中国标准出版社, 2007.
[15] Paterson A H, Brubaker C L, Wendel J F. A rapid method for extraction of cotton (*Gossypium* spp.) genomic DNA suitable for RFLP or PCR analysis. Plant Molecular Biology Reporter, 1993, 11: 122-127.
[16] Porebski S, Bailey L G, Baum B R. Modification of a CTAB DNA extraction protocol for plants containing high polysaccharide and polyphenol components. Plant Molecular Biology Reporter, 1997, 15: 8-15.
[17] Murphy L R, Santra D, Kidwell K, et al. Linkage maps of wheat stripe rust resistance genes *Yr5* and *Yr15* for use in marker-assisted selection. Crop Science, 2009, 49: 1786-1790.
[18] Francis H A, Leitch A R, Koeber 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: 636-642.
[19] 邵映田, 牛永春, 朱立煌, 等. 小麦抗条锈病基因 *Yr10* 的 AFLP 标记. 科学通报, 2001, 46(8): 669-672.
[20] Lagudah E S, Mcfadden H, Singh R P, et al. Molecular genetic characterization of the *Lr34/Yr18* slow rusting resistance gene region in wheat. Theoretical and Applied Genetics, 2006, 114(1): 21-30.
[21] Wang C M, Zhang Y P, Han D J, et al. SSR and STS markers for wheat stripe rust resistance gene *Yr26*. Euphytica, 2008, 159: 359-366.
[22] 周喜旺, 王娜, 刘鸿燕, 等. 甘肃陇南小麦品种抗条锈病鉴定与评价. 安徽农业科学, 2024, 52(5): 144-146.

- [23] Zhang G S, Sun M D, Ma X Y, et al. *Yr5*-virulent races of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* possess relative parasitic fitness higher than current main predominant races and potential risk. *Journal of Integrative Agriculture*, 2024, 23(8): 2674-2685.
- [24] 黄亮, 刘太国, 肖星芷, 等. 中国 79 个小麦品种(系)抗条锈病评价及基因分子检测. *中国农业科学*, 2017, 50(16): 3122-3134.
- [25] 庞云星, 崔宏梅, 蔺瑞明, 等. 89 份河北、山西小麦品种抗条锈性评价及抗条锈病基因检测. *植物保护*, 2021, 47(6): 49-57, 92.
- [26] 王树和, 龚凯悦, 初炳瑶, 等. 四川省 100 个小麦品种(系)抗条锈病基因的分子检测. *植物病理学报*, 2018, 48(2): 195-206.
- [27] 周警卫, 叶博伟, 张鹏飞, 等. 国内外 153 份小麦种质条锈病抗性鉴定与评价. *中国农业科学*, 2024, 57(1): 18-33.
- [28] 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. *中国农业科学*, 2024, 57(1): 4-17.
- [29] 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. *麦类作物学报*, 2019, 39(8): 934-940.
- [30] 刘建军, 何中虎, Pena R J, 等. 1BL/1RS 易位对小麦加工品质的影响. *作物学报*, 2004, 30(2): 149-153.
- [31] 李峰奇, 韩德俊, 魏国荣, 等. 黄淮海区 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.
- [32] 韩德俊, 张培禹, 王琪琳, 等. 1980 份小麦地方品种和国外种质抗条锈性鉴定与评价. *中国农业科学*, 2012, 45(24): 5013-5023.
- [33] 黄苗苗, 孙振宇, 曹世勤, 等. 223 份小麦农家品种田间抗条锈病性评价及抗病基因分子检测. *植物保护学报*, 2018, 45(1): 90-100.
- [34] 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. *中国农业科学*, 2020, 53(4): 748-760.
- [35] 管方念, 龙黎, 姚方杰, 等. 152 份黄淮海麦区小麦农家品种抗条锈性评价及重要条锈病抗性基因的分子检测. *中国农业科学*, 2020, 53(18): 3629-3637.
- [36] 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. *作物学报*, 2008, 34(7): 1109-1113.
- [37] 赵霞, 王长彪, 赵兴华, 等. 小麦抗病相关基因聚合育种的进展. *山西农业科学*, 2017, 45(2): 308-313.
- [38] 白斌, 杜久元, 何瑞, 等. 成株抗性与全生育期抗性基因聚合培育抗条锈性小麦新品种. *植物保护*, 2023, 49(6): 47-54.

Molecular Detection of Stripe Rust Resistance Genes of 73 Wheat Varieties (Lines) in Longnan of Gansu Province

Zhou Xiwang¹, Liu Hongyan¹, Wang Na¹, Wei Zhiping¹, Wang Xien¹, Yue Weiyun¹, Wang Wei¹, Wang Shijun¹, Sun Zhenyu², Zhang Yaohui¹

¹Tianshui Institute of Agricultural Sciences, Tianshui 741001, Gansu, China;

²Institute of Plant Protection, Gansu Academy of Agricultural Sciences, Lanzhou 730070, Gansu, China)

Abstract To investigate the resistance levels to currently prevalent races and new isolates, as well as the distribution of stripe rust resistance genes in released and candidate wheat varieties from Longnan, Gansu, 73 wheat varieties (lines) were evaluated for seedling resistance against the prevalent races CYR32, CYR34, and ZS asexual isolate and ZS sexual isolate. Meanwhile, molecular markers linked to all-stage resistance genes *Yr5*, *Yr9*, *Yr10*, *Yr15*, *Yr26*, and the adult-plant resistance gene *Yr18* were utilized for molecular detection. The results indicated that among the 73 tested wheat varieties (lines), 11 (15.07%), 11 (15.07%), 13 (17.81%), and nine (12.33%) exhibited seedling resistance to CYR32, CYR34, and the asexual and sexual isolates of ZS, respectively. Among all tested materials, only Zhongliang 14 exhibited seedling resistance to all the provided isolates of stripe rust. Molecular detection results revealed that the number of wheat varieties (lines) carrying *Yr5*, *Yr9*, *Yr10*, *Yr18*, and *Yr26* was 1, 27, 3, 3, and 16, respectively, accounting for 1.37%, 36.99%, 4.11%, 4.11%, and 21.92% of the total tested materials. Three materials carried two resistance genes, and Zhongliang 14 carried three resistance genes. The *Yr15* gene was not detected in any of the tested varieties (lines), and 28 materials carried none of the six tested resistance genes.

Key words Wheat varieties (lines); *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*; Stripe rust resistance genes; Molecular detection