

网络出版时间: 2025-12-16

网络出版地址: <https://link.cnki.net/urlid/61.1359.s.20251215.0927.010>

# Kenya Kudu/郑州 5389 $F_{2:3}$ 群体成株期抗叶锈基因 QTL 定位

张娇梦<sup>1</sup>, 刘源<sup>2</sup>, 高璞<sup>1</sup>, 王新海<sup>1</sup>, 张培培<sup>1</sup>, 李在峰<sup>1</sup>

(1. 河北农业大学植物保护学院, 河北保定 071000; 2. 保定学院, 河北保定 071000)

**摘要:** 肯尼亚小麦品种 Kenya Kudu 在田间表现良好的成株期抗叶锈性。为解析 Kenya Kudu 的叶锈病抗性遗传基础, 以 Kenya Kudu 与感病品种郑州 5389 杂交、自交获得的 195 个  $F_{2:3}$  家系为材料, 于 2017—2018 和 2018—2019 年度分别在河北保定和河南周口试验田种植, 并接种强毒力叶锈菌混合小种进行成株期抗叶锈病鉴定; 利用 660K SNP 芯片数据结合 SSR 标记和田间表型数据进行 QTL 分析及定位。结果表明, 在小麦 2B 和 5B 染色体上共鉴定到 3 个成株期抗叶锈 QTL; 其中 2 个 QTL 位于 5B 染色体, 暂命名为 *QLr.hbau-5B.1* 和 *QLr.hbau-5B.2*, 分别解释了 8.3%~10.5% 和 6.9%~8.6% 的表型变异; 1 个 QTL 位于 2B 染色体, 暂命名为 *QLr.hbau-2B*, 解释了 7.2%~10.6% 的表型变异。3 个位点均为微效成株期抗叶锈 QTL, 说明 Kenya Kudu 的叶锈病抗性是多个 QTLs 的累加效应。所鉴定到的 QTL 可为小麦抗叶锈病育种提供基因资源, 与抗病基因紧密连锁的分子标记可辅助选择抗病品种。

**关键词:** 小麦; 叶锈病; 成株期抗性; QTL 定位

中图分类号: S512.1; S330

文献标识码: A

文章编号: 1009-1041(2026)01-0051-07

## QTL Mapping of Adult-Plant Resistance to Leaf Rust Genes in the Kenya Kudu/Zhengzhou 5389 $F_{2:3}$ Population

ZHANG Jiaomeng<sup>1</sup>, LIU Yuan<sup>2</sup>, GAO Pu<sup>1</sup>, WANG Xinhai<sup>1</sup>, ZHANG Peipei<sup>1</sup>, LI Zaifeng<sup>1</sup>

(1. College of Plant Protection Hebei Agricultural University, Baoding, Hebei 071001, China;

2. Baoding University, Baoding, Hebei 071001, China)

**Abstract:** Kenya Kudu, a Kenyan wheat variety, exhibits robust adult plant resistance (APR) to leaf rust. To dissect the genetic architecture underlying this resistance, we conducted quantitative trait locus (QTL) mapping using 195  $F_{2:3}$  lines derived from a cross between Kenya Kudu and the susceptible cultivar Zhengzhou 5389. Field evaluations were carried out in Baoding, Hebei Province and Zhoukou, Henan Province during the 2017–2018 and 2018–2019 growing seasons. Plants were inoculated with a mixture of virulent *Puccinia triticina* (*Pt*) races to assess APR. Phenotypic data on disease severity were integrated with genotypic data from 660K SNP array and SSR markers for QTL analysis. The results demonstrated that three novel adult plant resistance QTLs to leaf rust were identified on wheat chromosomes 2B and 5B. Two QTLs were located on chromosome 5B, provisionally designated as *QLr.hbau-5B.1* and *QLr.hbau-5B.2*, accounting for 8.3~10.5% and 6.9~8.6% of the phenotypic variation, respectively. One QTL located on chromosome 2B, provisionally designated *QLr.hbau-2B*, accounted for 7.2~10.6% of the phenotypic variation and may correspond to a known leaf rust resistance locus. These results demonstrate that Kenya Kudu's resistance is attributed to the additive effects of multiple minor-effect QTLs. The identified QTLs and their closely linked molecular markers offer critical genetic tools for marker-assisted selection (MAS) in breeding wheat cultivars with du-

收稿日期: 2025-02-19 修回日期: 2025-04-05

基金项目: 国家重点研发计划项目 (2023YFD1201002-02); 国家自然科学基金项目 (32161143007); 河北省高等学校科学研究项目 (BJ2025101)

第一作者 E-mail: jiaomengzhang2000@163.com (张娇梦)

通讯作者 E-mail: lzf7551@aliyun.com (李在峰)

rable resistance to leaf rust.

**Keywords:** Wheat; Leaf rust; Adult plant resistance; QTL mapping

作为全球最重要的粮食作物之一,小麦(*Triticum aestivum* L.)在世界范围内广泛种植。小麦产量受到众多生物和非生物因素的影响。由小麦叶锈菌引起的小麦叶锈病是一种严重的真菌性病害,其流行可造成严重的产量损失<sup>[1]</sup>。2012年爆发的小麦叶锈病大流行,安徽、甘肃、河南、河北等多个小麦主产区的产量均受到严重影响,导致近300万t小麦产量的损失<sup>[2]</sup>。培育和利用小麦抗叶锈品种是最经济、环保和有效的防治措施,而发掘和定位小麦抗叶锈病基因是培育抗病品种的重要基础。

小麦对叶锈菌的抗性可分为垂直抗性和水平抗性:垂直抗性具有很强的小种专化性,表现为全生育期抗性,该抗性通常由单一主效基因控制,不易受环境影响,抗性较好;水平抗性是非小种专化抗性,又称慢锈性,通常在苗期表现感病,成株期表现抗病,该抗性一般由多个微效基因控制,且具有加性效应,抗性较持久<sup>[3]</sup>。迄今为止,已鉴定到100多个小麦抗叶锈病基因,有85个被正式命名<sup>[4]</sup>。其中,16个为成株期抗叶锈基因(*Lr12*、*Lr13*、*Lr22a*、*Lr22b*、*Lr34*、*Lr35*、*Lr37*、*Lr46*、*Lr48*、*Lr49*、*Lr67*、*Lr68*、*Lr74*、*Lr75*、*Lr77*和*Lr78*),在田间表现出良好抗性<sup>[5]</sup>。由于叶锈菌变异导致新的毒性生理小种不断出现,造成小种专化抗性基因在长期种植过程中逐渐丧失抗病性<sup>[6]</sup>。由微效多基因控制的数量性状位点(quantitative trait loci, QTL)相对于小种专化抗性基因抗性更持久。目前,在小麦上共有249个抗叶锈QTL被鉴定,其中有11个位点兼抗多种病害<sup>[7]</sup>。利用QTL定位不仅可定位微效抗病基因,还可以了解其抗病效应,为培育持久抗病品种提供有效基因资源。

本研究拟利用抗锈品种Kenya Kudu<sup>[8]</sup>与郑州5389杂交构建的F<sub>2:3</sub>群体,结合分子标记技术对小麦成株期抗叶锈病基因进行QTL定位,以期持久抗病小麦新品种的培育提供重要的基因资源。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试材料

供试小麦为肯尼亚抗锈病小麦品种Kenya Kudu、感锈病品种郑州5389及作为亲本进行杂

交、自交获得的195个F<sub>2:3</sub>家系,于2017—2018和2018—2019年度种植于河北保定及河南周口试验田。随机区组设计,设置两次重复,每个材料单行种植,行长1.5 m,间距25 cm,每行播种约50粒种子,每10行种植1行郑州5389,作为感病对照和叶锈菌接种的诱发行。

供试叶锈菌为分离自中国不同小麦产区的3个强毒力生理小种THJS、PHTS和THTS,其命名参照Long等<sup>[9]</sup>的4字母命名法。菌种均由河北农业大学小麦锈病研究室提供。

### 1.2 小麦抗叶锈菌田间鉴定

在保定试验田,在小麦种植次年4月中旬拔节期,选择天晴无风的下午进行田间叶锈菌接种。将扩繁好的3个叶锈菌孢子加0.05% Tween-20混合并溶于水中配置成孢子悬浮液,采用喷雾法将悬浮液喷施于诱发行的郑州5389叶片上,覆上一次性塑料地膜,并用土将边缘覆盖、压紧以保持湿度,于次日上午9时左右揭开地膜,保湿约16~18 h。完成接种后结合天气适当进行田间灌溉,创造适于发病的湿润环境。河南周口试验田的接菌时间在4月上旬,接菌方法同上。

接菌一个月后,当对照郑州5389发病严重度达到50%时(保定5月20日,周口5月12日),开始进行田间严重度调查,共调查3次,每次间隔7 d。依据锈菌孢子堆占叶片总面积的百分比确定发病严重度,分为1~12级(1%、5%、10%、20%、30%、40%、50%、60%、70%、80%、90%和100%),第三次调查时的发病严重度作为最终严重度(FDS)用于QTL分析。

### 1.5 抗感小群体的建立

根据Hao等<sup>[11]</sup>提出的优选小群体(PSG)分析法并参考BSA法<sup>[12]</sup>组建抗感小群体。根据田间两年两点的FDS数据,在F<sub>2:3</sub>家系中选出5个典型抗病株系(FDS≤5%)和5个典型感病株系(FDS≥90%)构成抗感小群体。

### 1.6 SNP检测及SSR标记的筛选

对1.5中组建的抗感小群体进行小麦全基因组660K SNP芯片检测,确定QTL所在染色体,并筛选SSR标记。用亲本Kenya Kudu与郑州5389间具有多态性的SSR分子标记对抗感群体

进行检测,选择表型与基因型重组比率小于 30% 的分子标记用于 F<sub>2:3</sub> 群体的检测。通过这些 SSR 标记获得亲本及 195 个家系的基因型数据,为后续的 QTL 定位提供基础。本研究所选用 SSR 标记的信息,均在 WEKits v1.0 软件(<https://github.com/GP-sir/wekits/releases/tag/v1.0>) 和 Grain Genes 2.0 网站(<http://wheat.pw.usda.gov>) 中公开获取。

1.7 小麦 DNA 提取及 PCR 扩增

DNA 提取方法参照 Sharp 等<sup>[10]</sup> 的 CTAB 法。所提取的 DNA 需满足于 SNP 基因芯片检

测的质量要求:DNA 经琼脂糖凝胶电泳检测,有清晰的电泳带,无明显降解,浓度 > 50 ng · μL<sup>-1</sup>,OD 260/280 在 1.7~2.1 之间,且 DNA 的总量 > 10 μg。PCR 反应体系为 10 μL:DNA 模板 1 μL(50 ng · μL<sup>-1</sup>),上下游引物(10 μmol · L<sup>-1</sup>)各 0.5 μL,2 × ES Taq Master Mix 5 μL,ddH<sub>2</sub>O 3 μL。PCR 反应程序:94 °C 预变性 5 min;94 °C 变性 45 s,退火 45 s(温度根据引物不同进行调整),72 °C 延伸 1 min,35 个循环;72 °C 延伸 10 min,4 °C 保存。SSR 标记如表 1 所示,扩增产物用 10% 聚丙烯酰胺凝胶电泳进行检测。

表 1 与 QTL 位点连锁的 SSR 标记信息  
Table 1 Information of SSR markers linked to QTL loci

| SSR 标记<br>SSR marker | 上游引物<br>Forward primer(5′-3′) | 下游引物<br>Reverse primer(5′-3′) | 目标条带<br>Size of product/bp |
|----------------------|-------------------------------|-------------------------------|----------------------------|
| <i>Xgwm234</i>       | GAGTCCTGATGTGAAGCTGTTG        | CTCATTGGGGTGTGTACGTG          | 241                        |
| <i>Xwmc47</i>        | AACACATTTTCTGTCTTTTCGCC       | TGTAGTTATGCCCAACCTTTCC        | 118                        |
| <i>Xgdm116</i>       | GCTGCAATGCAAGGTCTCTT          | GATGTGGCTTTCTAAGGCAA          | 110                        |
| <i>Xgwm191</i>       | AGACTGTTGTTTGCGGGC            | TAGCACGACAGTTGTATGCATG        | 127                        |
| <i>Xwmc149</i>       | ACAGACTTGGTTGGTGCCGAGC        | ATGGGCGGGGTGTAGAGTTTG         | 232                        |
| <i>Xcfd20</i>        | TGATGGGAAGGTAATGGGAG          | ATCCAGTTCTCGTCCAAAGC          | 212                        |
| <i>Xgwm540</i>       | TCTCGCTGTGAAATCCTATTTC        | AGGCATGGATAGAGGGGC            | 97                         |
| <i>Xbarc98</i>       | CCGTCCTATTGCGAAACCAGATT       | GCGGATATGTTCTCTAACTCAAGCAATG  | 151                        |
| <i>Xgwm271</i>       | CAAGATCGTGGAGCCAGC            | AGCTGCTAGCTTTTGGGACA          | 199                        |
| <i>Xbarc124</i>      | TGCACCCCTTCCAAATCT            | TGCGAGTCGTGTGGTTGT            | 248                        |
| <i>Xbarc200</i>      | GCGATATGATTGGAGCTGATTG        | GCGATGACGTTAGATGCGGAATTGT     | 162                        |

1.8 遗传图谱构建与 QTL 定位

利用分子标记对群体检测得到的基因型数据结合大田鉴定获得的最终严重度表型数据进行成株期抗叶锈 QTL 分析。通过 Kosambi 函数计算各标记间的遗传距离,利用 Map Manager QTXb 20 和 QTL Ici mapping 4.1 软件(LOD 值 2.5),对群体的基因型数据和表型数据进行连锁分析,并进行 QTL 定位和作图。

2 结果与分析

2.1 成株期叶锈病严重度分析

2018 年和 2019 年供试材料的成株期叶锈病抗性鉴定结果表明,抗病亲本 Kenya Kudu 在 4 个环境中的最终严重度(FDS)均小于 5%,具有较好的成株期抗叶锈性;感病亲本郑州 5389 在 4

个环境中的 FDS 均大于 80%,说明田间发病较为充分。F<sub>2:3</sub> 群体的 FDS 呈连续性分布(图 1),推测该群体中可能含有多个微效抗叶锈 QTL 位点。

2.2 成株期抗叶锈 QTL 的定位

将 Kenya Kudu、郑州 5389 以及 195 个 F<sub>2:3</sub> 群体在 4 个环境中的最终严重度作为表型数据,结合 SSR 分子标记检测得到的基因型数据,通过 Map Manager QTXb 20 软件进行连锁分析,共得到 11 个与抗病基因连锁的分子标记,分别为*Xgwm234*、*Xwmc47*、*Xgdm116*、*Xgwm191*、*Xwmc149*、*Xcfd20*、*Xgwm540*、*Xbarc98*、*Xgwm271*、*Xbarc124* 和 *Xbarc200*。利用软件 QTL Ici mapping 4.1 进行 QTL 定位,最终在 5B.2B 染色体上检测到了 3 个抗叶锈 QTL 位点(表 2,图 2),所有的 QTL 位点均来自于抗病亲本 Kenya Kudu。

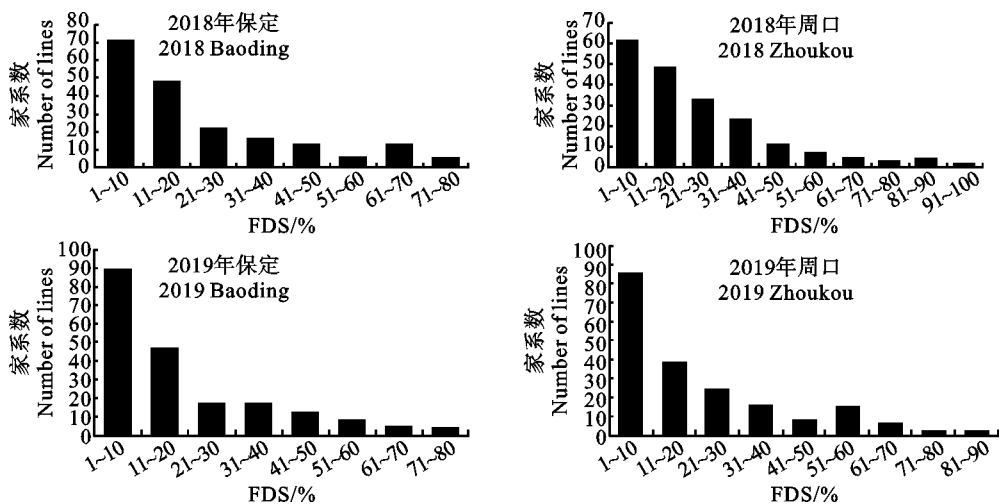


图 1  $F_{2:3}$  群体在 4 个环境下叶锈病最终严重度 (FDS) 的分布  
Fig. 1 Frequency distribution of final disease severity (FDS) in  $F_{2:3}$  population from four environments

表 2  $F_{2:3}$  群体成株期抗叶锈 QTL 位点

Table 2 Adult-plant resistance QTL to wheat leaf rust in  $F_{2:3}$  population

| 环境<br>Environment | QTL                  | 标记区间<br>Marker Interval           | 最大似然值<br>LOD | 加性效应<br>Additive | 贡献率<br>PVE/% |
|-------------------|----------------------|-----------------------------------|--------------|------------------|--------------|
| 2018 年保定          | <i>QLr.hbau-5B.1</i> | <i>Xgwm234</i> ~ <i>Xwmc47</i>    | 2.9          | -9.4             | 9.1          |
| 2018 Baoding      | <i>QLr.hbau-2B</i>   | <i>Xbarc124</i> ~ <i>Xbarc200</i> | 4.0          | -7.6             | 10.6         |
| 2018 年周口          | <i>QLr.hbau-5B.1</i> | <i>Xgwm234</i> ~ <i>Xwmc47</i>    | 2.7          | -7.1             | 8.3          |
| 2018 Zhoukou      | <i>QLr.hbau-5B.2</i> | <i>Xcfd20</i> ~ <i>Xgwm540</i>    | 3.6          | -4.5             | 6.9          |
|                   | <i>QLr.hbau-2B</i>   | <i>Xbarc124</i> ~ <i>Xbarc200</i> | 3.8          | -6.8             | 9.4          |
| 2019 年保定          | <i>QLr.hbau-5B.1</i> | <i>Xgwm234</i> ~ <i>Xwmc47</i>    | 3.9          | -7.9             | 10.5         |
| 2019 Baoding      | <i>QLr.hbau-5B.2</i> | <i>Xcfd20</i> ~ <i>Xgwm540</i>    | 5.5          | -7.4             | 8.6          |
|                   | <i>QLr.hbau-2B</i>   | <i>Xbarc124</i> ~ <i>Xbarc200</i> | 3.0          | -6.1             | 7.2          |
|                   | <i>QLr.hbau-5B.1</i> | <i>Xgwm234</i> ~ <i>Xwmc47</i>    | 4.1          | -11.0            | 8.5          |
| 2019 年周口          | <i>QLr.hbau-5B.1</i> | <i>Xgwm234</i> ~ <i>Xwmc47</i>    | 4.1          | -11.0            | 8.5          |
| 2019 Zhoukou      | <i>QLr.hbau-2B</i>   | <i>Xbarc124</i> ~ <i>Xbarc200</i> | 3.4          | -5.0             | 7.9          |

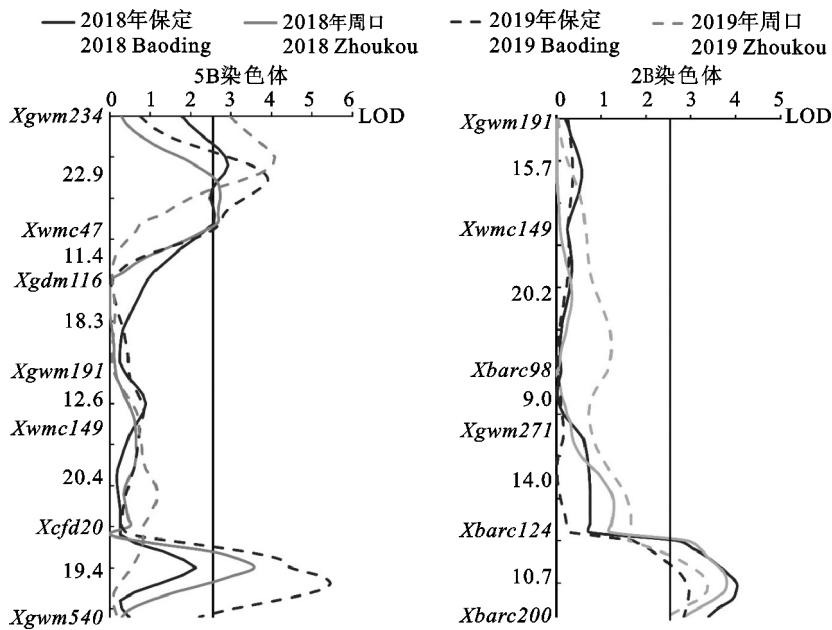


图 2 位于 5B 和 2B 染色体上小麦成株期抗叶锈 QTL 的位置  
Fig. 2 Positions of the QTLs conferring adult-plant resistance to leaf rust on chromosome 2B and 5B

在 5B 染色体上检测到两个抗叶锈 QTL 位点,其遗传距离为 74 cM,分别暂命名为 *QLr. hbau-5B. 1* 和 *QLr. hbau-5B. 2*。*QLr. hbau-5B. 1* 位于 *Xgwm234~Xwmc47* 标记之间,对应中国春小麦参考基因组 5B 染色体上约 24.5 Mb 的物理位置;该位点可在 4 个环境下均检测到,说明其抗性较为稳定,LOD 值为 2.7~4.1,可解释 8.3%~10.5% 的表型变异,加性效应为 -11.0~-7.1。*QLr. hbau-5B. 2* 位于 *Xcfd20~Xgwm540* 标记之间,在中国春 5B 染色体上物理位置约为 103.2 Mb;该位点在 2018 年周口和 2019 年保定两个环境下检测到,LOD 值为 3.6~5.5,可解释 6.9%~8.6% 的表型变异,加性效应为 -7.4~-4.5。

在 2B 染色体上检测到 1 个抗叶锈 QTL 位点,暂命名为 *QLr. hbau-2B*,位于 *Xbarc124~Xbarc200* 标记之间,在中国春 2B 染色体上的物理位置约为 37.0 Mb;该位点可在 4 个环境下均检测到,说明其抗性较稳定,其 LOD 值为 3.0~4.0,可解释 7.2%~10.6% 的表型变异,加性效应为 -7.6~-5.0。

3 讨论

3.1 小麦叶锈病成株期抗性的鉴定方法

小麦叶锈病的成株期抗性 (APR) 具有数量性状特征,其表型易受环境因素影响,相较于垂直

抗性更依赖多基因累加效应,表现出更强的持久性,是小麦抗病育种的重要靶标。本研究通过 2 年 4 个环境的田间试验,成功定位到 3 个抗锈病微效 QTL 位点 (5B 染色体 2 个,2B 染色体 1 个),抗性贡献率介于 6.9%~10.6% 之间。推测微效 QTL 的聚合可能是 Kenya Kudu 抗性持久的关键机制。

在表型指标选择上,尽管病程曲线下面积 (AUDPC) 能够全面反映病害动态,但其需多次调查的特点限制了大规模群体的应用效率。Xu 等<sup>[13]</sup>、Li 等<sup>[14]</sup> 的研究证实,FDS 与 AUDPC 显著相关且操作简便。因此,本研究以 FDS 作为表型评价标准,在保证数据可靠的前提下,解决了传统方法在跨环境、跨年份试验中重复性差的问题。这一方法显著提升了田间表型采集效率,为后续 QTL 定位提供了可行方案。

3.2 本研究定位的 QTL 与已报道的抗叶锈 QTL 的比较及其潜在应用

本研究通过 QTL 定位分析,在肯尼亚小麦材料 Kenya Kudu 中鉴定出 3 个抗叶锈病 QTL (*QLr. hbau-5B. 1*、*QLr. hbau-5B. 2* 和 *QLr. hbau-2B*),其来源、标记区间及物理位置与已报道位点的关系如表 3 所示。本研究在 5B 染色体上鉴定到两个 QTL,其中 *QLr. hbau-5B. 1* 位于 24.5 Mb

表 3 本研究中发现的数量性状位点 (QTLs) 的物理位置与先前报道位点的比较  
Table 3 Comparison of the physical positions of the quantitative trait loci (QTLs) identified in the present study with the previously reported ones

| 名称<br>Name              | 来源<br>Origin         | 标记区间<br>Marker interval       | 物理位置<br>Physical position/Mb | 参考文献<br>Literature cited |
|-------------------------|----------------------|-------------------------------|------------------------------|--------------------------|
| <i>QLr. hbau-5B. 1</i>  | Kenya Kudu           | <i>Xgwm234~Xwmc47</i>         | 24.5                         | Present study            |
| <i>QLr. hbau-5B. 2</i>  | Kenya Kudu           | <i>Xcfd20~Xgwm540</i>         | 103.2                        | Present study            |
| <i>Lr18</i>             | Triticum timopheevii | <i>Xgpw7425~Xwmc75</i>        | 563.0~573.0                  | [15]                     |
| <i>Lr52</i>             | V336                 | <i>Xcfb309~Xgwm234</i>        | 6.1~8.2                      | [16]                     |
| <i>QLr. ccscu-5B. 4</i> | Opata 85             | <i>Xcdo1326~Xcdo140</i>       | 595.0~598.0                  | [17]                     |
| <i>QLr. ccscu-5B. 5</i> | Opata 85             | <i>Xbarc142~Xbarc69</i>       | 605.0~607.6                  | [17]                     |
| <i>QLr. vt-5B. 1</i>    | Jamestown            | <i>IWB7835/IWB24418</i>       | 701.2                        | [18]                     |
| <i>QLr. vt-5B. 2</i>    | Jamestown            | <i>IWB32871/IWB26068</i>      | 656.3~671.1                  | [18]                     |
| <i>QLr. hbau-2B</i>     | Kenya Kudu           | <i>Xbarc124~Xbarc200</i>      | 37.0                         | Present study            |
| <i>Lr13</i>             | Zhoumai 22           | <i>Xbarc55~Xgwm374</i>        | 157.6                        | [19]                     |
| <i>Lr35</i>             | Thatcher <i>Lr35</i> | <i>Xwg996/Xpsr540/Xbcd260</i> | 455.5                        | [20]                     |
| <i>Lr48</i>             | CSP44                | <i>Xgwm429b/Xbarc7</i>        | 117.2                        | [21]                     |
| <i>QLr. ifa-2BS</i>     | Capo                 | <i>Xgwm148</i>                | 100.8                        | [22]                     |
| <i>QLr. cim-2BS</i>     | Avocet               | <i>wPt-8058/Xwmc661</i>       | 3.4                          | [23]                     |
| <i>QLr. hbu-2BS. 1</i>  | W01420               | <i>Xwmc770~Xgwm410</i>        | 88.8~95.3                    | [24]                     |
| <i>QLr. hbu-2BS. 2</i>  | Fuyu 3               | <i>Xbarc55~Xgwm374</i>        | 133.5~165.6                  | [24]                     |
| <i>Lr16</i>             | MN99394-1            | <i>Xwmc382a</i>               | 16.7                         | [25]                     |

(标记区间Xgwm234~Xwmc47), *QLr. hbau-5B. 2* 位于 103.2 Mb(Xcfd20~Xgwm540), 两者均为成株期微效 QTL, 与已知抗性基因的物理位置明显不同。已报道的 5B 染色体抗性基因 *Lr52* 与 *Yr47* 紧密连锁(遗传距离 0.2~0.4 cM), 物理位置为 6.1~8.2 Mb<sup>[16]</sup>。 *Lr52* 最初在 V336 和 V618 中鉴定得到, 该基因为主效基因(ASR), 表现为幼苗全生育期抗性; 而 *QLr. hbau-5B. 1* 表现为成株期微效抗性, 对表型贡献率(8.3~10.5%)较低, 可以通过多个 QTL 聚合增强抗性。综上所述, *QLr. hbau-5B. 1* 和 *QLr. hbau-5B. 2* 为 2 个位于 5B 染色体的新抗叶锈病位点。

在 2B 染色体上, *QLr. hbau-2B* (37.0 Mb) 在全部环境中稳定表达, 来源于 Kenya Kudu 的成株期抗条锈基因 *YrKK*, 其标记区间为 Xgwm148~Xwmc474(物理位置为 148.7 Mb), 二者物理位置相距较远, 故应为不同的抗性位点<sup>[8]</sup>。来源于小麦品种 MN99394-1 的 *Lr16*, 与 Xwmc764 (7.9 Mb) 紧密连锁, 与本研究中的 *QLr. hbau-2B* 同处 2BS, 且相距较近<sup>[25]</sup>。虽然 *Lr16* 为主效基因, 但携带 *Lr16* 和 *Lr34* 组合的 Thatcher 系表现出比 TcLr16 或 TcLr34 更强的抗性, 说明 *Lr16* 有部分微效基因的特点<sup>[26]</sup>。因此, *QLr. hbau-2B. 2* 与 *Lr16* 为不同的抗叶锈位点。

本研究揭示的微效 QTL 为小麦持久抗性育种提供了新的遗传资源。尽管单个 QTL 贡献率较低, 但通过分子标记辅助选择(MAS)将多个抗病位点聚合至同一遗传背景, 有望实现抗性增强与持久化。

## 4 结论

本研究最终鉴定到 3 个新成株期微效抗叶锈病 QTL: *QLr. hbau-5B. 1* 位于 5B 染色体, 标记区间为 Xgwm234~Xwmc472 (24.5 Mb); *QLr. hbau-5B. 2* 位于 5B 染色体, 标记区间为 Xcfd20~Xgwm540 (103.2 Mb); *QLr. hbau-2B* 位于 2B 染色体, 标记区间为 Xbarc124~Xbarc200 (37.0 Mb), 表型贡献率依次为 8.3%~10.5%、6.9%~8.6%、7.9%~10.6%。

## 参考文献:

- [1] ZHAO J, KANG Z S. Fighting wheat rusts in China: A look back and into the future [J]. *Phytopathology Research*, 2023, 5(1):6.
- [2] WU J J, GAO J, BI W S, *et al.* Genome-wide expression profiling of genes associated with the *Lr47*-mediated wheat resistance to leaf rust (*Puccinia triticina*) [J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 2019, 20(18):4498.
- [3] 郝慧敏, 温晓蕾, 郝晨阳, 等. 70 份国外小麦品种(系)的苗期和成株期抗叶锈病鉴定[J]. 作物学报, 2019, 45(10):1456. ZHENG H M, WEN X L, HAO C Y, *et al.* Seedling and slow rusting resistance to leaf rust in 70 introduced wheat lines [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2019, 45(10):1456.
- [4] SHARMA D, AVNI R, GUTIERREZ-GONZALEZ J, *et al.* A single NLR gene confers resistance to leaf and stripe rust in wheat [J]. *Nature Communications*, 2024, 15(1):9925.
- [5] 刘志杰, 王新海, 高璞, 等. 小麦成株期抗叶锈病基因 *Lr12* 精细定位[J]. 华北农学报, 2024, 39(05):180. LIU Z J, WANG X H, GAO P, *et al.* Fine mapping of wheat adult-plant resistance gene *Lr12* to leaf rust [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2024, 39(05):180.
- [6] 朱琳, 王佳真, 师令智, 等. 小麦品种淮麦 8 号 2AS 染色体上的抗叶锈病 QTL 定位[J]. 麦类作物学报, 2016, 36(2):145. ZHU L, WANG J Z, SHI L Z, *et al.* QTL mapping of leaf rust resistance in 2AS chromosomal of the wheat cultivar Weimai 8 [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2016, 36(2):145.
- [7] PINTO D A, SILVA G B, ZANELLA C M, *et al.* Quantitative trait loci conferring leaf rust resistance in hexaploid wheat [J]. *Phytopathology*, 2018, 108(12):1346.
- [8] LI Z F, SINGH S, SINGH R P, *et al.* Genetics of resistance to yellow rust in PBW343 × Kenya Kudu recombinant inbred line population and mapping of a new resistance gene *YrKK* [J]. *Molecular Breeding*, 2013, 32:825.
- [9] LONG D L, KOLMER J A. A North American system of nomenclature for *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* [J]. *Phytopathology*, 1989, 79.
- [10] SHARP P J, KREIS M, SHEWRY P R, *et al.* Location of  $\beta$ -amylase sequences in wheat and its relatives [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 1988, 75:286.
- [11] HAO Y F, LIU A F, WANG Y H, *et al.* *Pm23*: A new allele of *Pm4* located on chromosome 2AL in wheat [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2008, 117:1206.
- [12] MICHELMORE R W, PARAN I, KESSELI R. Identification of markers linked to disease-resistance genes by bulked segregant analysis: A rapid method to detect markers in specific genomic regions by using segregating populations [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 1991, 88(21):9828.
- [13] XU X Y, BAI G H, CARVER B F, *et al.* Molecular characterization of slow leaf-rusting resistance in wheat [J]. *Crop Science*, 2005, 45(2):764.
- [14] LI Z F, XIA X C, HE Z H, *et al.* Seedling and slow rusting resistance to leaf rust in Chinese wheat cultivars [J]. *Plant Disease*, 2010, 94(1):49.
- [15] SADEGHABAD A A, DADKHODAIE A, HEIDARI B, *et al.* Microsatellite markers for the *Triticum timopheevi*-derived leaf rust resistance gene *Lr18* on wheat 5BL chromosome [J]. *Breeding Science*, 2017, 67(2):129.

- [16] QURESHI N, BARIANA H, FORREST K, *et al.* Fine mapping of the chromosome 5B region carrying closely linked rust resistance genes *Yr47* and *Lr52* in wheat [J]. *Theoretical and applied genetics*, 2017, 130: 501.
- [17] KUMAR A, CHHUNEJA P, JAIN S, *et al.* Mapping main effect QTL and epistatic interactions for leaf rust and yellow rust using high density ITMI linkage map [J]. *Australian Journal of Crop Science*, 2013, 7(4): 494.
- [18] CARPENTER N R, GRIFFEY C A, MALLA S, *et al.* Identification of quantitative resistance to *Puccinia striiformis* and *Puccinia triticina* in the soft red winter wheat cultivar ‘Jamestown’ [J]. *Crop Science*, 2017, 57(6): 2994.
- [19] YAN X C, LI M M, ZHANG P P, *et al.* High-temperature wheat leaf rust resistance gene *Lr13* exhibits pleiotropic effects on hybrid necrosis [J]. *Molecular Plant*, 2021, 14(7): 1032.
- [20] SEYFARTH R, FEUILLET C, SCHACHERMAYR G, *et al.* Development of a molecular marker for the adult plant leaf rust resistance gene *Lr35* in wheat [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 1999, 99: 558.
- [21] NSABIYERA V, QURESHI N, BARIANA H S, *et al.* Molecular markers for adult plant leaf rust resistance gene *Lr48* in wheat [J]. *Molecular Breeding*, 2016, 36: 2.
- [22] BUERSTMAYR M, MATIASCH L, MASCHER F, *et al.* Mapping of quantitative adult plant field resistance to leaf rust and stripe rust in two European winter wheat populations reveals co-location of three QTL conferring resistance to both rust pathogens [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2014, 127: 2023.
- [23] LAN C X, ZHANG Y L, HERRERA FOESSEL S A, *et al.* Identification and characterization of pleiotropic and co-located resistance loci to leaf rust and stripe rust in bread wheat cultivar Sujata [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2015, 128: 558.
- [24] QI A Y, ZHANG P P, ZHOU Y, *et al.* Mapping of QTL conferring leaf rust resistance in Chinese wheat lines W014204 and Fuyu 3 at adult plant stage [J]. *Journal of Integrative Agriculture*, 2016, 15(1): 24.
- [25] 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.
- [26] 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(1): 102.