

网络出版时间:2025-12-16

网络出版地址:https://link.cnki.net/urlid/61.1359.S.20251215.0929.012

黄淮麦区小麦种质资源抗黄花叶病鉴定及基因型分析

沈庆花^{1,2}, 刘胜利¹, 陈宏宇¹, 王宇博¹, 刘振¹, 许豪¹, 郑继周³, 石东风⁴,
李巧云¹, 董纯豪¹, 唐建卫¹, 高艳¹, 孙炳剑⁵, 殷贵鸿¹, 黄振朴¹

(1. 河南农业大学农学院/小麦玉米两熟高效生产全国重点实验室/河南粮食作物协同创新中心/国家小麦工程技术研究中心, 河南郑州 450046; 2. 河南黄泛区地神种业有限公司, 河南西华 466632; 3. 河南丰德康种业股份有限公司, 河南郑州 450001; 4. 周口市种业发展中心, 河南周口 466000; 5. 河南农业大学植物保护学院, 河南郑州 450046)

摘要:小麦黄花叶病是当前危害中国小麦生产的主要土传病毒病之一,该病由小麦黄花叶病毒(wheat yellow mosaic virus, WYMV)引起,以土传禾谷多黏菌(*Polymyxa graminis*)为介体进行传播,目前在中国黄淮麦区发病呈现逐年加重趋势且难以防控。为了筛选出优异的抗黄花叶病种质和基因资源,对黄淮麦区158个小麦品种(系)进行了2年度共计3个环境的黄花叶病田间抗性鉴定,并利用主效抗病基因的分子标记进行基因型检测。结果表明,3个环境中田间反应型均为免疫、高抗和中抗小麦黄花叶病的小麦品种(系)分别有26个、35个和10个,占比分别为16.5%、22.2%和6.3%;均为中感和高感的品种(系)有72个和15个,占比分别为45.5%和9.5%。经分子标记检测,单独携带 $QYm.nau-2D$ 、 $Ym2$ 和 $QYm.njau-5A.1$ 抗性基因/QTL位点的品种(系)分别有39个、48个和3个,占比分别为24.7%、30.4%和1.9%;单独携带 $QYm.nau-2D$ 和 $QYm.njau-5A.1$ 及聚合 $QYm.nau-2D$ 与 $Ym2$ 的小麦品种(系)具有较好的抗病性。综合田间抗性表现和基因型检测结果,豫农907、豫农908、周麦30等61个免疫或高抗黄花叶病小麦品种(系)可用于小麦抗黄花叶病遗传育种、新基因的挖掘和品种(系)布局。

关键词: 小麦黄花叶病; 抗病性评价; 分子标记; 基因型

中图分类号: S512.1; S330

文献标识码: A

文章编号: 1009-1041(2026)01-0014-08

Identification of WYMV Resistance and Genotypic Analysis of Wheat Germplasm Resources in the Huang-Huai Wheat Region

SHEN Qinghua^{1,2}, LIU Shengli¹, CHEN Hongyu¹, WANG Yubo¹, LIU Zhen¹, XU Hao¹,
ZHENG Jizhou³, SHI Dongfeng⁴, LI Qiaoyun¹, DONG Chunhao¹, TANG Jianwei¹,
GAO Yan¹, SUN Bingjian⁵, YIN Guihong¹, HUANG Zhenpu¹

(1. Henan Agricultural University College of Agronomy/ State Key Laboratory of High-Efficiency Production of Wheat-Maize Double Cropping/Henan food Crop Collaborative Innovation Center/National Wheat Engineering Technology Research Center, Zhengzhou, Henan 450046, China; 2. Henan Huangfanqu Dishen Seeds Co., LTD, Xihua, Henan 466632, China; 3. Henan Fengdekang Seeds Co., LTD, Zhengzhou, Henan 450001, China; 4. Zhoukou City Seed Industry Development Center, Zhoukou, Henan 466000, China; 5. College of Plant Protection, Henan Agricultural University, Zhengzhou, Henan 450046, China)

Abstract: Wheat yellow mosaic disease, caused by wheat yellow mosaic virus(WYMV) and transmitted via the soil-borne vector *Polymyxa graminis*, is one of the most devastating soil-borne viral diseases affecting wheat production in China. In recent years, its incidence in the Huang-Huai wheat-growing region has shown an escalating trend, posing significant challenges for disease control. This study aimed to screen elite germplasms and genetic resources resistant to wheat yellow mosaic disease

收稿日期: 2025-02-08

修回日期: 2025-03-23

基金项目: 国家重点研发计划项目(2023YFD1201005-3); 农业生物育种国家科技重大专项(2023ZD0402504)

第一作者 E-mail: shenqinghua03@163.com(沈庆花)

通讯作者 E-mail: huangzp3314@163.com(黄振朴); yinguihong2008@163.com(殷贵鸿)

by conducting phenotypic evaluations and molecular marker detection for major resistance genes. Field resistance assessments were performed on 158 wheat varieties(lines) across three environments over two consecutive years in the Huang-Huai region, and genotype screening was carried out using molecular markers linked to major resistance genes/QTLs. Phenotypic analysis revealed that 26, 35 and 10 accessions were consistently classified as immune, highly resistant and moderately resistant to WYMV across all three environments, accounting for 16.5%, 22.2% and 6.3% of the total, respectively. In contrast, 72(45.5%) and 15(9.5%) varieties(lines) were moderately susceptible and highly susceptible, respectively. Molecular marker detection identified 39(24.7%), 48(30.4%) and 3(1.9%) accessions carrying the resistance genes/QTLs *QYm. nau-2D*, *Ym2* and *QYm. njau-5A. 1*, respectively. Notably, accessions individually carrying *QYm. nau-2D*, *QYm. njau-5A. 1* or the combination of *QYm. nau-2D* and *Ym2* exhibited enhanced disease resistance. Based on integrated phenotypic and genotypic analyses, 61 immune or highly resistant wheat varieties(lines), including Yunong 907, Yunong 908, Zhoumai 30, were identified as valuable genetic resources for breeding and deployment of WYMV-resistant wheat varieties. These materials provide a foundation for improving disease-resistant germplasms and exploring novel resistance genes.

Keywords: Wheat yellow mosaic disease; Resistance evaluation; Molecular markers; Genotype

20 世纪 30 年代 Sawada^[1] 在日本首次报道小麦黄花叶病,其病原被命名为小麦黄花叶病毒(wheat yellow mosaic virus, WYMV)^[2]。WYMV 是危害中国冬麦区最重要的病毒之一,常年发生面积大于 $6.67 \times 10^5 \text{ hm}^2$,呈现“北扩西侵”和“病程延长”的新特征^[3-4]。WYMV 的传播媒介是一种习居于土壤的禾谷多粘菌,防治困难且缺乏特效的化学药剂,种植抗病品种是防控小麦黄花叶病最经济和有效的措施^[5-6]。

国内学者开展了大量抗小麦黄花叶病种质的鉴定和筛选工作。如,魏玮等^[7]对 527 个国内外小麦品种(系)进行田间抗性鉴定,发现仅有郑麦 366 等 10 个品种(系)在 3 个鉴定点均表现出 WYMV 抗性,占比 1.90%;杨红福等^[8]研究了江苏省不同发病区域携带 WYMV 的土壤对“镇麦”系列品种的致病性,发现不同来源 WYMV 的致病性存在差异;刘伟华等^[9]在 4 个省份的病圃中对 37 个小麦品种进行了多年抗性鉴定,发现不同来源的 WYMV 病毒对不同品种的致病性存在差异,气候等因素对品种的抗性影响较大。

目前,国内外研究人员在小麦染色体 2A、2AS、2DL、3BS、4D、5AL、6DS、7BS 上共定位到 15 个与小麦黄花叶病抗性显著关联的抗病基因/QTL,其中 2DL 上具有一个抗性基因热点区域,包含来自中国小麦种质扬辐麦 9311 的 *YmYF*^[10] 和仪宁小麦的 *Ym1*^[11]、来自欧洲种质 Ibis 的 *Ym1b*^[12]、来自美国种质 Madsen 的 *Qym1*^[13] 和

YmMD^[14] 以及来自日本种质的 *QYmym*^[15] 等。序列分析表明, *QYm. nau-2D* 来源于山羊草属(*Aegilops*)N 基因组的渗入^[16]。 *YmNM*^[17]、*Qym2*^[13]、*QYm. njau 3B. 1*^[18]、*QYm. njau-5A. 1*^[18]、*QYm. njau-7B. 1*^[18]、*Qym4*^[19] 和 *Qym3*^[13] 分布在不同染色体上, *Wss1*^[20] 是在簇毛麦 4VS 染色体上发掘的抗小麦黄花叶病位点。 *Ym2* 是首个图位克隆的显性抗 WYMV 基因,来源于小麦的近缘物种沙融山羊草(*Aegilops sharonensis*)^[21],位于小麦 3BS 染色体上主效 QTL 区域。

目前,小麦抗黄花叶病遗传育种研究主要依赖于田间表型鉴定,有关上述抗性基因的效应及其与环境的关系还不明确,制约了小麦黄花叶病抗病品种选育的效率和进程。本研究对 158 个小麦品种(系)进行抗黄花叶病鉴定,并利用与抗黄花叶病基因/QTL(*QYm. nau-2D*、*Ym2* 和 *QYm. njau-5A. 1*)紧密连锁的分子标记进行基因型检测,以期掌握这些抗性基因/QTL 在黄淮麦区小麦品种(系)的分布,为小麦抗黄花叶病育种及品种布局提供参考信息和依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试小麦材料共计 158 个。其中,18 个材料为全国农业技术推广服务中心公布的 2023 年度黄淮麦区大面积(11.7 万~108.9 万 hm^2)推广品种;其余 140 个材料中,中农 908、周麦 26、周麦

36、周麦 27 和百农 AK58 分别为免疫、高抗、中抗、中感和高感小麦黄花叶病的对照品种,其余为正在参试的小麦新品系。已审定小麦品种的种子由各育种单位提供,参试小麦新品系种子由河南农业大学小麦种质创制与新品种培育科技创新团队提供。

1.2 试验设计

试验于 2022—2023、2023—2024 年度在河南省商水县河南农业大学豫东试验基地、河南省漯河市源汇区金囤种业有限公司试验田进行,其中 2023—2024 年度商水县试验点因为田间建设施工导致试验结果不能用,不参与本研究汇总。两块试验田均为小麦黄花叶病连年重发地块。土壤类型为砂浆黑土,田块平整,肥力均匀。

每个品种(系)种植 3 行,密度为 300 万株·hm⁻²,行距 0.2 m,行长 1.5 m,品种(系)间隔 0.4 m,随机区组排列,3 次重复,两个试验点种植顺序相同。试验田底施复合肥(N₂O-P₂O₅-K₂O=15%-15%-15%)60 kg·hm⁻²,整个生长期只防治蚜虫和红蜘蛛,不进行小麦病害防治,待调查完小麦黄花叶病发病状况后,追施(N46%)尿素 150 kg·hm⁻²,其他农艺措施同当地大田。

1.3 试验方法

1.3.1 田间抗性调查

翌年返青至拔节期调查黄花叶病发病情况,以最重一次为最终结果。小麦黄花叶病反应型采用 0~4 级标准,参照张天烨等^[22]方法略有改动,具体见表 1。

1.3.2 抗黄花叶病基因检测

选取各供试品种(系)种子 2 粒,采用改良的 CTAB 法^[23]提取 DNA。用紫外分光光度计测定

DNA 浓度及纯度,并用无菌超纯水将 DNA 稀释至 50 ng·μL⁻¹,−20 ℃ 保存。

选用已报道的与 *QYm. nau-2D*、*Ym2* 和 *QYm. njau-5AL. 1* 抗黄花叶病基因/QTL 紧密连锁的 6 个分子标记对 158 份种质进行检测。引物序列同相应参考文献,由上海生工生物工程有限公司合成,具体信息见表 2。PCR 反应体系 10 μL:5 μL 的 2×Taq Mix,上、下游引物各 0.5 μL,模板 DNA 2 μL,ddH₂O 2 μL。扩增程序:94 ℃预变性 5 min;94 ℃变性 30 s,52~60 ℃退火 1 min(因引物而异),72 ℃延伸 1 min,35 个循环;72 ℃延伸 10 min。PCR 反应用 Applied Biosystems PCR 仪(赛默飞世尔科技公司)进行。扩增产物用 8%聚丙烯酰胺凝胶电泳检测,在 SYNGENE G:BOX F3 凝胶成像仪中观察、记录成像结果。

2 结果与分析

2.1 18 个大面积推广小麦种质的抗性表现

对 18 个大面积推广品种的抗性鉴定结果(表 3)表明,济麦 22、中麦 578、烟农 999、新麦 26、新麦 29、众信麦 998 及烟农 19 共 7 个品种对 WYMV 的田间抗性表现为免疫或高抗,周麦 36 和平安 11 表现为中抗,其余品种均表现为感病。田间表现为免疫或高抗的 7 个品种均携带 *QYm. nau-2D* 抗性位点,周麦 36 和平安 11 携带 *Ym2*;9 个感病品种中,有 5 个携带 *Ym2* 抗病基因,其余品种不携带被检测基因/QTL。这表明目前黄淮麦区主推品种中,对小麦黄花叶病中抗及以上的品种占比为 50%,有待继续提高抗性品种占比,以保证小麦稳产。

表 1 小麦黄花叶病抗性田间鉴定标准
Table 1 Field-based evaluation standards for WYMV resistance in wheat

抗性等级 Resistance level	抗性评价 Reaction type	症状描述 Description
0 级 Level 0	免疫 Immunity(I)	新叶无发黄症状 New leaves showed no signs of chlorosis
1 级 Level 1	高抗 Highly resistant(HR)	有黄色花叶症状的植株不到 50% Less than 50% of the plants exhibited yellow mosaic symptoms
2 级 Level 2	中抗 Moderately resistant(MR)	50%以上的植株有黄色花叶症状,但不发生矮化 Over 50% of the plants exhibited yellow mosaic symptoms without showing anysigns of stunting
3 级 Level 3	中感 Moderately susceptible(MS)	所有植株均有黄色花叶症状,但无矮化 All plants exhibited yellow mosaic symptoms with no incidence of stunting
4 级 Level 4	高感 Highly susceptible(HS)	所有植株均有黄色花叶症状,植株明显矮化 All plants exhibited yellow mosaic symptoms accompanied by significant stunting

表 2 本研究引物信息

Table 2 Information of primers used in this study

基因/QTL Gene/QTL	染色体 Chr.	分子标记 Molecular marker	引物序列 Primer sequence(5'—3')	参考文献 Reference
QYm. nau-2D	2DL	Indel-M201	F:AGATCACATGAGCAAGATCCGA	[16]
			R:TGCCGAGAAGGGAGGTGATA	
		Indel-M87	F:GAAACAGAAGATGCTCGGCC	
			R:TAGCGGTAGATGGTGGGTGA	
Ym2	3BS	3B-XCDS615	F:ATGTGGGCACCATTCTCCT	[21]
			R:GCTACACTTAGCGACTCAAGCTC	
		3B-CDS617. 1	F:CAAGCAAGCTCAATAAAGCAC	
			R:GGAACATTTGTGCGACCTCGT	
QYm. njau-5A. 1	5AL	Xwmc415. 1	F:AATTCGATACCTCTCACTCACG	[19]
			R:TCAACTGCTACAACCTAGACCC	
		5EST-90	F:GCAAAAATGTAATGCACCAT	
			R:GTTGCTATTGCCTTCAGTTG	

表 3 18 个黄淮麦区大面积推广品种的抗小麦黄花叶病鉴定结果及基因型

Table 3 WYMV resistance and genotype of 18 commercial wheat varieties in China's Huang-Huai Region

序号 Number	品种 Variety	杂交组合 Cross combination	2023 年推广面积 Promoted area in 2023/ ($\times 10^4$ hm ²)	抗性评价 Resistance evaluation			基因/QTL Gene/QTL		
				2023 年漯河 Luohe in 2023	2024 年漯河 Luohe in 2024	2023 年周口 Zhoukou in 2023	<i>QYm. nau-2D</i>	<i>QYm. njau-5AL.1</i>	<i>Ym2</i>
1	中麦 578 Zhongmai 578	07CA255/济麦 22 07 CA255/Jimai 22	62.8	1	1	1	+	—	+
2	济麦 22 Jimai 22	935024/935106 935024/935106	108.9	0	0	0	+	—	—
3	山农 29 Shannong 29	临麦 6 号/J1781 Linmai6/J1781	15.9	0	0	0	+	—	—
4	新麦 26 Xinmai 26	94080E1/济南 17 94080 E1/Ji'nan 17	31.1	0	0	0	+	—	—
5	烟农 999 Yannong 999	烟航选 2 号/临 9511F ₁ //烟 BLU14-15 Yanhangxuan 2/ Lin 9511 F ₁ // Yan BLU14-15	38.8	1	1	1	+	—	—
6	众信麦 998 Zhongxinmai 998	莱州 137/众信 5072 Laizhou 137/Zhongxin 5072	15.9	0	0	0	+	—	—
7	烟农 19 Yannong 19	烟 1933/陕 82-29 Yan 1933/Shaan 82-29	13.7	1	1	1	+	—	—
8	平安 11 Pingan 11	濮麦 9 号/开麦 28//濮麦 9 号 Pumai 9/ Kaimai 28//Pumai 9	16.5	2	2	2	—	—	+
9	周麦 36 Zhoumai 36	百农 AK58/周麦 19//周麦 22 Bainong AK58/ Zhoumai 19// Zhoumai 22	40.1	2	2	2	—	—	+
10	百农 207 Bainong 207	周麦 16/百农 64 Zhoumai 16/Bainong 64	27.7	4	4	4	—	—	+
11	郑麦 379 Zhengmai 379	周麦 13/D9054-6 Zhoumai 13/ D9054-6	52.5	3	3	3	—	—	+
12	丰德存麦 20 Fengdecunmai 20	存麦 8 号/百农 AK58 Cumai 8/ Bainong AK58	18.2	3	3	3	—	—	+
13	西农 511 Xinong 511	西农 2000-7/99534 Xinong 2000-7/99534	52.1	3	3	3	—	—	+
14	西农 979 Xinong 979	西农 2611/(918 $\times$ 95 选 1)F ₁ Xinong 2611/(918 $\times$ 95 Xuan 1)F ₁	11.7	4	4	4	—	—	+
15	泛麦 8 号 Fanmai 8 hao	泛矮 2 号/原泛 3 号 Fan'ai 2/Yuanfan 3	16.1	4	4	4	—	—	—
16	百农 4199 Bainong 4199	百农高光 3709F ₂ /百农 AK58 Bainonggaoguang3709F ₂ / Bainong AK58	45.9	3	3	3	—	—	—
17	山农 28 Shannong 28	济麦 22/6125 Jimai 22/6125	37.3	3	3	3	—	—	—
18	郑麦 136 Zhengmai 136	百农 AK58/济麦 22 Bainong AK58/Jimai 22	33.7	4	4	4	—	—	—

+: 阳性; —: 阴性。下同。

+: Positive; —: Negative. The same below.

其余 140 个小麦种质的抗性鉴定结果(表 4)显示,豫农 907、豫农 908、周麦 30、郑麦 163、郑麦 518、郑麦 6183、郑麦 213、新麦 65、安科 1703、安农 1928、保丰 1803 等 22 个品种(系)对 WYMV 表现免疫,占 140 个种质的 15.7%。表现高抗的有豫农 903、豫农 922、豫农 931、周麦 26、丰德存麦 1 号、丰德存麦 5 号、泛麦 80、新麦 208、新麦 66、郑麦 215、中麦 255 等 32 个品种(系),占供试

种质的 22.9%;豫农 902、豫农 912、豫农 920、才智 186 等 8 个品种(系)均表现为中抗,占供试品种(系)的 5.7%;表现为中感的有 69 个品种(系),占比 49.3%;表现感病的品种(系)有 9 个,占比 6.4%。这表明黄淮麦区近年新育成的小麦品种(系)超过一半对黄花叶病的抗性较弱,需继续提高育成品种(系)的抗黄花叶病能力。

表 4 对小麦黄花叶病免疫的 22 个品种(系)的表型及其基因型
Table 4 Phenotypic and genotypic profiling of wheat varieties with resistance to WYMV

品 种 Variety	杂交组合 Cross combination	抗性评价 Resistance evaluation				基因/QTL Gene/QTL		
		2023 年漯河 Luohe in 2023	2024 年漯河 Luohe in 2024	2023 年周口 Zhokou in 2023	平均反应型 Mean infection type	<i>QYm. nau-2D</i>	<i>QYm. njau-5AL. 1</i>	<i>Ym2</i>
泛麦 80 Fanmai 80	泛农 2 号/周麦 32 Fannong 2/Zhoumai 32	1	1	1	1	+	—	—
丰德存麦 1 号 Fengdecunmai 1	周麦 24/百农 AK58 Zhoumai 24/Bainong AK58	1	1	1	1	+	—	—
丰德存麦 5 号 Fengdecunmai 5	周麦 16/郑麦 366 Zhoumai 16/Zhengmai 366	1	1	1	1	—	—	—
谷神麦 19 Gushenmai 19	烟农 19/济南 17//新麦 26 Yannong 19/Jinan 17//Xinmai 26	0	0	0	0	+	—	—
新麦 208 Xinmai 208	豫麦 18/冀麦 5418 Yumai 18/Jimai 5418	1	1	1	1	—	+	—
新麦 65 Xinmai 65	新麦 26//济麦 20/新麦 26 Xinmai 26//Jimai 20/Xinmai 26	0	0	0	0	+	—	—
新麦 66 Xinmai 66	新麦 26/百农 5847 Xinmai 26/Bainong 5847	1	1	1	1	+	—	—
豫农 902 Yunong 902	(宁麦 13 号/周麦 22 号)F ₂ DH 诱导 (Ningmai 13/Zhoumai 22)F ₂ DH	2	2	2	2	—	—	+
豫农 903 Yunong 903	(生选 6 号/周麦 22 号 2)DH 诱导 (Shengxuan 6/Zhoumai 22)DH	1	1	1	1	—	—	+
豫农 905 Yunong 905	(新麦 26/周麦 28)DH 诱导 (Xinmai 26/Zhoumai 28)DH	2	2	2	2	—	—	+
豫农 907 Yunong 907	(新麦 26 /济麦 22)DH 诱导 (Xinmai 26/Jimai 22)DH	0	0	0	0	+	—	+
豫农 908 Yunong 908	(新麦 26/周麦 23)DH 诱导 (Xinmai 26/Zhoumai 23)DH	0	0	0	0	+	—	—
豫农 912 Yunong 912	(豫农 903/周麦 36 号//豫农 903)DH 诱导 (Yunong 903/Zhoumai 36//Yunong 903)DH	2	2	2	2	—	—	—
豫农 920 Yunong 920	(豫农 906/豫农 902)F ₂ DH 诱导 (Yunong 906/(Yunong 902)F ₂ DH	2	2	2	2	—	—	+
豫农 922 Yunong 922	(新麦 26Co60)M ₂ DH 诱导 (Xinmai 266Co60)M ₂ DH	1	1	1	1	+	—	—
豫农 931 Yunong 931	(豫农 903/豫农 904)F ₂ DH 诱导 (Yunong 903/(Yunong 904)F ₂ DH	1	1	1	1	—	—	+
豫农 933 Yunong 933	(豫农 903/豫农 905)F ₂ DH 诱导 (Yunong 903/(Yunong 905)F ₂ DH	2	2	2	2	—	—	+
豫农 940 Yunong 940	(豫农 926/豫农 905)F ₂ DH 诱导 (Yunong 926/(Yunong 905)F ₂ DH	2	2	2	2	—	—	+
郑麦 163 Zhengmai 163	偃 9998/百农 AK58//郑麦 366 Yan9998/Bainong AK58//Zhengmai 366	0	0	0	0	—	—	+
郑麦 6183 Zhengmai 6183	新麦 26/良星 99 Xinmai 26/Liangxing 99	0	0	0	0	+	—	—
周麦 26 Zhoumai 26	周麦 24/周麦 22 Zhoumai 24/Zhoumai 22	1	1	1	1	+	—	+
周麦 30 Zhoumai 30	周麦 23 号/周麦 18-15 Zhoumai 23/Zhoumai 18-5	0	0	0	0	—	+	—

2.2 供试材料抗小麦黄花叶病基因的分布

2.2.1 单个抗性基因/QTL 的分布及抗性效应

利用 2D 染色体上与*QYm. nau-2D* 共分离分子标记*Indel-M87* 和*Indel-M201*(图 1) 进行检测,发现 158 个品种(系)中,携带*QYm. nau-2D* 的有 39 个,占供试材料的 24.7%。其中济麦 22、豫农 908、新麦 26、新麦 65、郑麦 518、郑麦 6183、豫州 473、山农 29、众信麦 998、安科 1907、阜麦 16、稷麦 337、新选 266、华成 916、涡麦 44、安科 1703、安农 859、安农 1928、保丰 1803 和谷神麦 19 共计 20 个品种(系)田间表现对小麦黄花叶病免疫;豫农 922、丰德存麦 1 号、新麦 66、烟农 19、烟农 999、淮麦 404、连麦 1901、皖科 421、万麦 2 号、涡麦 179、西纯 258、新科麦 176、中原 26、泛麦 80、科大 116、天益科麦 11 及西农 609 共计 17 个品种(系)高抗小麦黄花叶病;柳麦 521 中抗黄花叶病;仅轮选 125 田间表现为中感黄花叶病。推测*QYm. nau-2D* 为抗小麦黄花叶病主效 QTL,可在黄淮麦区广泛利用。

用与*Ym2* 连锁的标记*3B-XCDS615* 和*3B-CDS617.1*(图 2)对供试材料检测结果显示,单独携带*Ym2* 基因的有 48 个品种(系),占供试材料的 30.4%,其中郑麦 163 对黄花叶病免疫;良科 6 号、豫农 903、豫农 931、豫农 941 共 4 个品种(系)高抗黄花叶病;平安 11、豫农 902、周麦 36 等 7 个品种(系)中抗黄花叶病;剩余的 36 个品种(系)中,33 个表现为中感,仅有 3 个表现为高感。推测*Ym2* 基因具有一定抗病效应,与某些基因协同作用对小麦黄花叶病可达到高抗或免疫水平。

利用与*QYm. njau-5AL.1* 连锁的标记*Xwmc415.1*(图 3)和*5EST-90* 对 158 个小麦品种(系)进行检测,结果发现,携带*QYm. njau-5AL.1* 的只有周麦 30、新麦 208 和泛育麦 32 共 3 个品种(系),占比 1.9%。其中,周麦 30 表现为免疫,新麦 208 表现为高抗,泛育麦 32 表型为中感。表明在黄淮麦区对抗黄花叶病基因*QYm. njau-5AL.1* 的应用并不广泛,其抗病效应还需更多种质的验证。

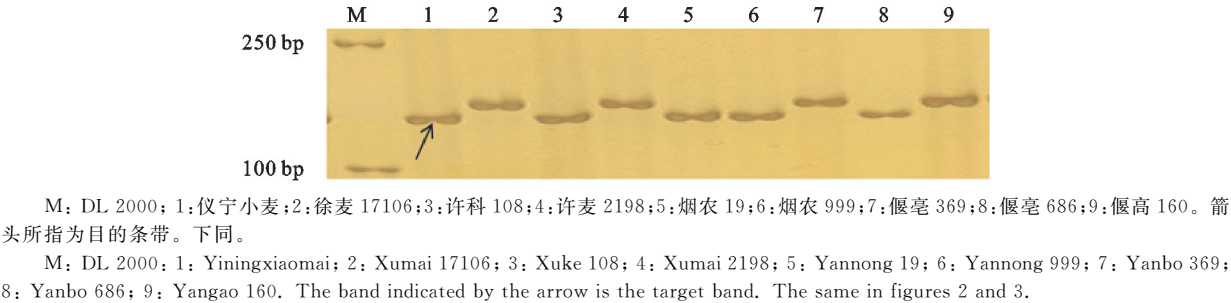


图 1 利用标记 *Indel-M87* 检测部分品种(系)*QYm. nau-2D* 的结果

Fig. 1 Detection results of *QYm. nau-2D* in some varieties(lines) using the marker *Indel-M87*

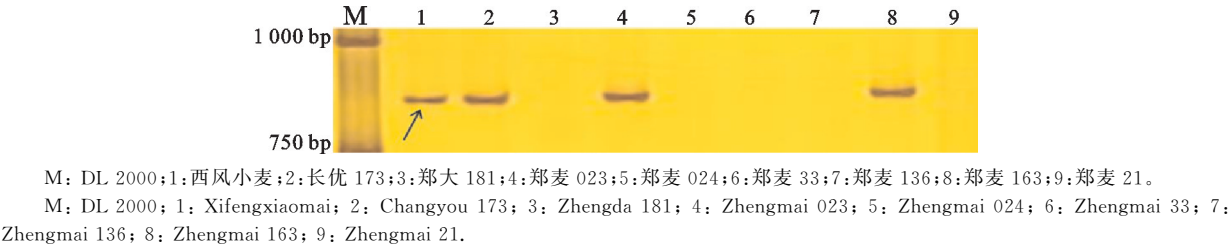


图 2 标记 *XCDS615-3B* 检测部分品种(系)*Ym2* 基因的结果

Fig. 2 Detection results of *Ym2* in some varieties(lines) using the marker *XCDS615-3B*

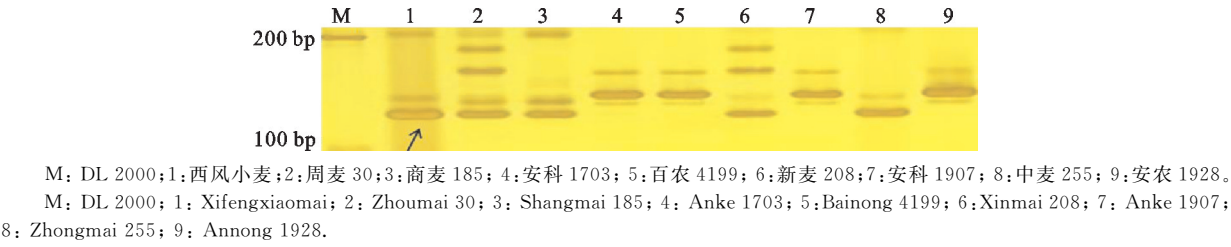


图 3 标记 *Xwmc415.1* 检测部分品种(系)*QYm. njau-5AL.1* 基因的结果

Fig. 3 Detection results of *QYm. njau-5AL.1* in some varieties(lines) using the marker *Xwmc415.1*

未携带被测抗黄花叶病基因的品种(系)共计51个,占供试品种(系)15.2%,其中仅有3个种质的抗性达到中抗以上。

2.2.2 多个抗性基因的抗性效应

分子标记检测结果显示,携带两个或以上抗病基因/QTL的品种(系)共计17个,占供试材料的10.8%。其中携带*QYm. nau-2D* + *Ym2*的种质一共15份,田间表型显示,豫农907、豫州196、长优173、郑麦213共4个品种(系)对小麦黄花叶病免疫;周麦26、中麦578、郑麦215、郑麦023、英强1号、偃亳686、新世纪2号、黄河68、厚德麦988、憨丰3468共10个品种(系)对小麦黄花叶病高抗;仅许科108表现出中感,表明该基因组合抗病效果显著。商麦185携带*Ym2* + *QYm. njau-5AL. 1*,其田间表现为高抗;中麦255携带*QYm. nau-2D* + *Ym2* + *QYm. njau-5AL. 1*,田间表现为高抗。

综上所述,单独携带*QYm. nau-2D*和携带多个抗性基因的小麦品种(系)抗小麦黄花叶病水平大多表现为高抗或免疫,说明*QYm. nau-2D*基因在当前的育种工作中发挥着关键作用;*Ym2*基因与其他两个抗病基因的聚合抗病性显著优于单独携带*Ym2*基因。

3 讨论

河南省近年来大面积种植的小麦品种百农AK58、西农979等缺乏对小麦黄花叶病的抗性,导致在漯河、周口等地因小麦黄花叶病严重发生造成大量减产,建议在老、重病区应推广种植抗性较高的品种,在疑似病区引种时也应该慎重。与此同时,应加强抗病品种的合理布局及抗病新品种的筛选工作。本研究中,根据品种(系)系谱分析,推测抗黄花叶病表现较好的品种(系)豫农907、豫农908、豫农922、郑麦6183、厚德麦988、新麦65、新麦66、长优173、中原26等抗病基因主要来源于优质小麦品种新麦26,在今后育种工作中新麦26可作为抗小麦黄花叶病资源加以利用。

在主效抗病基因利用方面,王汝琴等^[24]在279个长江中下游麦区小麦品种(系)中检测到132个品种(系)携带*QYm. nau-2D*,占全部品种(系)的47.3%,其中抗病品种(系)有107个。本研究中,158个黄淮麦区的种质材料中携带*QYm. nau-2D*的有55个,占比34.8%,占比较上述研究低,这可能与育种亲本和目标有关,其中抗

病品种(系)有53个,仅有两个种质表现出中感,表明黄淮麦区中*QYm. nau-2D*的抗病效应良好,今后应加大*QYm. nau-2D*的使用频率以应对黄淮麦区的小麦黄花叶病毒。本研究发现。聚合了*QYm. nau-2D*和*Ym2*种质的抗性与单独携带*QYm. nau-2D*的种质抗性相比没有显著差异。已有研究发现,在*QYm. nau-2D*定位的热点区域存在其他抗小麦黄花叶病基因,推测其有效基因可能是同一基因,其中包括来自美国种质Madsen的*Ym1*^[13]。研究表明,位于2DL上的*Ym1*与*Ym2*存在功能上的冗余,*Ym1*和*Ym2*的产物均可以阻碍WYMV从载体向根部的初始迁移,或抑制病毒增殖;叶片机械接种试验还发现,*Ym1*的存在降低了病毒感染率而非病毒载量,而*Ym2*在叶片中无抗性效果^[21]。因此,*QYm. nau-2D*和*Ym2*的聚合并没有表现出较单独携带*QYm. nau-2D*有更强的抗病性,但由于*Ym2*在根部抑制WYMV的作用,在抗小麦黄花叶病的育种工作中聚合*Ym2*与*QYm. nau-2D*可能在抵御WYMV的过程中更具有优势。

研究发现,抗性基因*QYm. njau-5A. 1*解释了25.9%~53.7%的表型变异,可作为主基因位点独立应用^[25],但*QYm. njau-5A. 1*对小麦株高有显著增高作用^[26],可能引起小麦抗倒性变弱。本研究发现,*QYm. njau-5A. 1*在黄淮麦区的分布较少,仅有周麦30和新麦208携带,田间表现为免疫和高抗黄花叶病。其原因可能与黄淮麦区注重选育矮秆品种有关,在今后的抗性育种工作中,可以进一步针对*QYm. njau-5A. 1*开展基因分离和克隆工作,或探索抗性基因与株高的关联,从而合理利用该基因。

本研究还发现,丰德存麦5号、才智186和豫农912不携带被测的3个抗性基因/QTL,但田间表现为高抗或中抗小麦黄花叶病,推测这些种质携带其他抗病基因,有待进一步研究。

4 结论

在158个种质资源中共筛选到61个抗黄花叶病种质;其中18个大面积推广品种中,有4个品种对小麦黄花叶病免疫,分别为济麦22、山农29、新麦26和众信麦998,中麦578、烟农999和烟农19表现高抗;其余54个抗病种质中,表现免疫的22个,高抗的32个。这些种质可用于小麦抗黄花叶病遗传育种研究。

158 个种质中,携带 *QYm. nau-2D*、*Ym2* 和 *QYm. njau-5A. 1* 抗性基因/ QTL 的分别有 39 个、48 个和 3 个,占比依次为 24.7%、30.4% 和 1.9%;*QYm. nau-2D*、*QYm. njau-5A. 1* 及 *QYm. nau-2D + Ym2* 基因型对小麦黄花叶病抗性有显著效应。

参考文献:

- [1] SAWADA E. Wheat yellow mosaic prevention [J]. *Journal of Plant Protection, Byochugai-Zasshi*, 1927, 14: 444.
- [2] NOGAKU K T. Filamentous particles as the causal agent of yellow mosaic disease of wheat [J]. *Nogaku Kenkyu*, 1969, 53: 62.
- [3] 郭 营, 孙俊生, 屈春艳, 等. 小麦黄花叶病抗性鉴定和全基因组关联分析[J]. 山东农业科学, 2021, 53(5): 52.
GUO Y, SUN J S, QU C Y, et al. Identification of wheat yellow mosaic virus resistance and genome-wide association analysis [J]. *Shandong Agricultural Sciences*, 2021, 53(5): 52.
- [4] YANG J, LIU P, ZHONG K L, et al. Advances in understanding the soil-borne viruses of wheat: From the laboratory bench to strategies for disease control in the field [J]. *Phytopathology Research*, 2022, 4(1): 27.
- [5] KUSUME T, TAMADA T, HATTORI H, et al. Identification of a new wheat yellow mosaic virus strain with specific pathogenicity towards major wheat cultivars grown in Hokkaido [J]. *Japanese Journal of Phytopathology*, 1997, 63(2): 107.
- [6] 何震天, 陈秀兰, 张 容, 等. 高抗黄花叶病新品种扬辐麦 4 号的选育[J]. 核农学报, 2011, 25(1): 75.
HE Z T, CHEN X L, ZHANG R, et al. Breeding of new variety Yangfuma 4 with high resistance to wheat yellow mosaic disease [J]. *Journal of Nuclear Agricultural Sciences*, 2011, 25(1): 75.
- [7] 魏 玮, 李俊敏, 孙丽英, 等. 小麦黄花叶病抗性鉴定及抗性亲本简单重复序列多态性分子标记的筛选[J]. 浙江农林大学学报, 2016, 33(1): 76.
WEI W, LI J M, SUN L Y, et al. Identification of resistance to wheat yellow mosaic disease and screening of molecular markers of simple repeat sequence polymorphism in resistant parents [J]. *Journal of Zhejiang A&F University*, 2016, 33(1): 76.
- [8] 杨红福, 吴承东, 吉沐祥, 等. 小麦黄花叶病对镇麦系列品种致病力研究[J]. 金陵科技学院学报, 2012, 28(3): 42.
YANG H F, WU C D, JI M X, et al. The pathogenicity of wheat yellow mosaic virus to Zhenmai varieties [J]. *Journal of Jinling Institute of Technology*, 2012, 28(3): 42.
- [9] 刘伟华, 何震天, 耿 波, 等. 小麦对黄花叶病的抗性鉴定及典型品种的遗传分析[J]. 植物病理学报, 2004, 34(6): 542.
LIU W H, HE Z T, GENG B, et al. Identification of wheat resistance to yellow mosaic disease and genetic analysis of representative cultivars [J]. *Acta Phytopathologica Sinica*, 2004, 34(6): 542.
- [10] LIU W H, NIE H, WANG S B, et al. Mapping a resistance gene in wheat cultivar Yangfu 9311 to yellow mosaic virus, using microsatellite markers [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2005, 111(4): 651.
- [11] CHEN Y M, KONG D H, WANG Z K, et al. A wheat CC-NBS-LRR protein Ym1 confers WYMV resistance by recognizing viral coat protein [J]. *Nature Communications*, 2025, 16: 3630.
- [12] NISHIO Z, KOJIMA H, HAYATA A, et al. Mapping a gene conferring resistance to wheat yellow mosaic virus in European winter wheat cultivar 'Ibis' (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Euphytica*, 2010, 176(2): 223.
- [13] SUZUKI T, MURAI M N, HAYASHI T, et al. Resistance to wheat yellow mosaic virus in Madsen wheat is controlled by two major complementary QTLs [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2015, 128(8): 1569.
- [14] TAKEUCHI T, MUNEKATA S, SUZUKI T, et al. Breeding wheat lines resistant to wheat yellow mosaic virus and localization of the resistance gene (*YmMD*) derived from wheat cultivar 'Madsen' [J]. *Breeding Research*, 2010, 12(1): 1.
- [15] KOBAYASHI F, KOJIMA H, TANAKA T, et al. Characterization of the *Q. Ymym* region on wheat chromosome 2D associated with wheat yellow mosaic virus resistance [J]. *Plant Breeding*, 2020, 139(1): 93.
- [16] CHEN Y M, JI J L, KONG D H, et al. Resistance of *QYm. nau-2D* to wheat yellow mosaic virus was derived from an alien introgression into common wheat [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2023, 136(1): 3.
- [17] LIU W H, NIE H, HE Z T, et al. Mapping of a wheat resistance gene to yellow mosaic disease by amplified fragment length polymorphism and simple sequence repeat markers [J]. *Journal of Integrative Plant Biology*, 2005, 47(9): 1133.
- [18] ZHU X B, WANG H Y, GUO J, et al. Mapping and validation of quantitative trait loci associated with wheat yellow mosaic by movirus resistance in bread wheat [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2012, 124(1): 177.
- [19] YAMASHITA Y, SOUMA C, OGURA R, et al. A single QTL on chromosome 6DS derived from a winter wheat cultivar 'OW104' confers resistance to wheat yellow mosaic virus [J]. *Breeding Science*, 2020, 70(3): 373.
- [20] ZHANG Q P, LI Q, WANG X E, et al. Development and characterization of a *Triticum aestivum*-*Haynaldia villosa* translocation line T4VS • 4DL conferring resistance to wheat spindle streak mosaic virus [J]. *Euphytica*, 2005, 145(3): 317.
- [21] MISHINA K, SUZUKI T, OONO Y, et al. Wheat *Ym2* originated from *Aegilops sharonensis* and confers resistance to soil-borne wheat yellow mosaic virus infection to the roots [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2023, 120(11): e2214968120.
- [22] ZHANG T Y, SHI C N, HU H C, et al. N6-methyladenosine RNA modification promotes viral genomic RNA stability and infection [J]. *Nature Communications*, 2022, 13: 6576.
- [23] 张晓祥, 王 玲, 寿路路. 一种快速提取小麦基因组 DNA 的改良 CTAB 方法[J]. 中国农学通报, 2012, 28(36): 46.
ZHANG X X, WANG L, SHOU L L. A rapid modified CTAB method of extracting genomic DNA from wheat leaf [J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2012, 28(36): 46.
- [24] 王汝琴, 范德佳, 何震天, 等. 长江中下游麦区 279 个品种(系)小麦黄花叶病抗性研究[J]. 核农学报, 2024, 38(6): 1005.
WANG R Q, FAN D J, HE Z T, et al. The investigation of wheat yellow mosaic virus resistance in 279 wheat cultivars from the middle and lower reaches of the Yangtze River [J]. *Journal of Nuclear Agricultural Sciences*, 2024, 38(6): 1005.
- [25] 朱晓彪. 小麦黄花叶病抗性三个农艺性状的 QTL 分析和抗性主效 QTL *QYm. nau-5A. 1* 的精细定位 [D]. 南京: 南京农业大学, 2011.
ZHU X B. QTL analysis of wheat yellow mosaic resistance and three agronomic traits and fine mapping of the major wymv resistance QTL *QYm. nau-5A. 1* [D]. Nanjing: Nanjing Agricultural University, 2011.
- [26] 蒋正宁, 赵仁慧, 陈甜甜, 等. 分子标记辅助选育兼抗赤霉病、白粉病和黄花叶病毒病的小麦新品系[J]. 江苏农业学报, 2021, 37(5): 1100.
JIANG Z N, ZHAO R H, CHEN T T, et al. Molecular marker-assisted breeding of new wheat lines with resistances to Fusarium head blight, powdery mildew and wheat yellow mosaic virus [J]. *Jiangsu Journal of Agricultural Sciences*, 2021, 37(5): 1100.