

网络出版时间: 2026-05-22

网络出版地址: <https://link.cnki.net/urlid/61.1359.s.20260521.1121.005>

188 份小麦品种(系)抗条锈病研究

加力肯·马地亚尔¹, 张飞飞², 黄倩楠¹, 耿洪伟², 杨 蕙¹,
张学慧¹, 邹 辉¹, 孙 娜^{1,2}, 程宇坤²

(1. 伊犁州农业科学研究所, 新疆伊宁 835000; 2. 新疆农业大学农学院/新疆农业大学优质专用麦类作物工程技术研究中心, 新疆乌鲁木齐 830052)

摘要:新疆是中国小麦条锈病的独立流行区, 近年来该病害持续加重, 严重威胁粮食安全生产。为了解新疆小麦抗条锈病基因分布及优异抗性基因型, 分析了 188 份在伊犁河谷种植的小麦品种(系)对当前条锈菌优势小种(CYR32、CYR33、CYR34)与水源、贵农致病类群的混合菌的抗性, 同时利用分子标记检测了 *Yr5*、*Yr10*、*Yr15*、*Yr17*、*Yr18*、*Yr26*、*Yr29*、*Yr30*、*Yr52*、*Yr65*、*Yr75*、*Yr78*、*Yr80*、*Yr82* 和 *Yr86* 共 15 个抗条锈病基因的分布。结果表明, 在 188 份小麦品种(系)中, 对混合条锈菌的抗性连续两年达到中抗及以上水平的材料共 106 份, 占比 56.4%, 其中 11 份为高抗材料, 说明参试材料整体条锈病抗性水平较高。经分子标记检测, 携带 *Yr5*、*Yr10*、*Yr15*、*Yr17*、*Yr18*、*Yr26*、*Yr29*、*Yr30*、*Yr52*、*Yr65*、*Yr75*、*Yr78*、*Yr82* 和 *Yr86* 抗性基因的材料数分别为 84(44.7%)、149(79.3%)、19(10.1%)、106(56.4%)、185(98.4%)、181(96.3%)、172(91.5%)、76(40.4%)、147(78.2%)、107(56.9%)、26(13.8%)、60(31.9%)、127(67.6%) 和 13(6.9%) 份; 其中, 聚合 3 至 12 个抗性基因的材料数量分别为 1(0.5%)、3(1.6%)、13(6.9%)、21(11.2%)、34(18.1%)、58(30.9%)、34(18.1%)、16(8.5%)、5(2.7%) 和 2(1.1%) 份; 在所有供试材料中均未检出 *Yr80* 基因。综上所述, 188 份小麦品种(系)具有较高的抗条锈病水平, 筛选出的 106 份抗性材料可作为小麦条锈病抗性育种的种质。

关键词:小麦品种(系); 条锈病; 抗性评价; 分子标记; *Yr* 基因

中图分类号: S512.1; S330

文献标识码: A

文章编号: 1009-1041(2026)06-0715-09

Study on Stripe Rust Resistance of 188 Wheat Varieties(Lines)

Jialiken · Madiyaer¹, ZHANG Feifei², HUANG Qiannan¹, GENG Hongwei², YANG Hui¹,
ZHANG Xuehui¹, ZOU Hui¹, SUN Na^{1,2}, CHENG Yukun²

(1. Ili Prefecture Institute of Agricultural Sciences, Yining, Xinjiang 835000, China; 2. College of Agronomy, Xinjiang Agricultural University/Special High Quality Triticeae Crops Engineering and Technology Research Center, Xinjiang Agricultural University, Urumqi, Xinjiang 830052, China)

Abstract: Xinjiang is an independent epidemic region for wheat stripe rust in China. In recent years, the disease has shown a persistent and aggravated trend, posing a serious threat to grain production security. To investigate the distribution of stripe rust resistance genes and identify elite resistant genotypes in Xinjiang wheat germplasm resources, 188 wheat varieties(lines) cultivated in the Ili River Valley were evaluated for their resistance to the current predominant *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* physiological races(CYR32, CYR33, CYR34) and mixed inocula of Shuiyuan and Guinong pathogenic groups. Moreover, molecular detection was performed using 15 closely linked molecular markers for the following stripe rust resistance genes: *Yr5*, *Yr10*, *Yr15*, *Yr17*, *Yr18*, *Yr26*, *Yr29*, *Yr30*, *Yr52*, *Yr65*, *Yr75*, *Yr78*, *Yr80*, *Yr82*, and *Yr86*. The results revealed that, among the 188 wheat varieties(lines), 106 accessions(56.4%) exhibited moderate resistance or higher levels of resistance o-

收稿日期: 2025-09-26

修回日期: 2025-11-21

基金项目: 新疆维吾尔自治区重点研发计划项目(2022B02015-3); 新疆现代农业小麦产业技术体系(XJARS-01)

第一作者 E-mail: 304046700@qq.com(加力肯·马地亚尔)

通讯作者 E-mail: sna18509993321@163.com(孙 娜); ykcheng@126.com(程宇坤)

ver two consecutive years, including 11 highly resistant accessions, indicating a generally high level of resistance in the tested materials. Molecular marker analysis showed that the numbers of accessions carrying the resistance genes *Yr5*, *Yr10*, *Yr15*, *Yr17*, *Yr18*, *Yr26*, *Yr29*, *Yr30*, *Yr52*, *Yr65*, *Yr75*, *Yr78*, *Yr82*, and *Yr86* were 84(44.7%), 149(79.3%), 19(10.1%), 106(56.4%), 185(98.4%), 181(96.3%), 172(91.5%), 76(40.4%), 147(78.2%), 107(56.9%), 26(13.8%), 60(31.9%), 127(67.6%), and 13(6.9%), respectively. Among them, the number of materials that aggregated 3 to 12 resistance genes were 1(0.5%), 3(1.6%), 13(6.9%), 21(11.2%), 34(18.1%), 58(30.9%), 34(18.1%), 16(8.5%), 5(2.7%) and 2(1.1%) respectively. The *Yr80* gene was not detected in any of the tested materials. In summary, 188 wheat varieties(lines) exhibited a high level of resistance to stripe rust. The 106 resistant germplasms screened can serve as resistance sources for breeding wheat resistant to stripe rust.

Keywords: Wheat cultivars(lines); Stripe rust; Resistance evaluation; Molecular markers; *Yr* genes

小麦是中国重要的粮食作物,其高产稳产对保障国家粮食安全具有关键作用^[1-2]。中国是全球小麦条锈病发生面积最大、危害最重的国家之一,该病害流行体系因生态复杂性呈现独特规律,尤其在西南、西北冬春麦区危害严重^[3];具有流行速度快、分布范围广和毒性变异快等特点,严重影响小麦产量与品质,流行年份可导致20%~40%的产量损失,严重时甚至绝收^[4-6]。新疆作为中国三大条锈病流行区系之一,因其特殊的地理环境、气候条件和种植方式,形成了相对独立的病害流行系统^[7];条锈病发生流行规律与内地其他流行区系存在明显差异^[8]。近年来,由于新致病小种的出现和小麦主栽品种抗病性减弱,条锈病在局部地区呈现扩散趋势^[9]。伊犁河谷作为新疆条锈菌越冬的重要场所,病害危害日益严重^[10]。明确栽培小麦品种对条锈病的抗性及其关键抗病基因分布,对保障新疆小麦安全生产具有重要意义。

小麦育成品种(系)具有优良的适应性和生产潜力,常携带多个抗条锈病基因。随着条锈病生理小种频繁变异,部分抗病种质丧失抗性。检测抗病基因结合人工接种流行条锈病菌株对品种(系)进行抗性评价,对小麦抗条锈病育种与品种合理布局具有重要意义^[11]。白斌等^[12]对117份甘肃冬小麦品种(系)进行抗条锈性评价,发现成株期抗病品种(系)占29.1%,而苗期对流行小种CYR34表现抗性的品种(系)仅占6.0%,其中62.4%的品种(系)聚合了2~5个抗病基因。焦韩轩等^[13]在177份土耳其小麦种质中鉴定出10份全生育期抗锈病材料和47份成株期抗锈病材料,可能携带*Yr5*、*Yr7*、*Yr9*、*Yr17*、*Yr18*和*Yr81*的材料分别为2、69、23、15、49和72份。李壮等^[14]在长江中下游小麦新品系中筛选出17份环境稳

定抗病品系,检测了16个已知*Yr*基因,其中*Yr81*(47.83%)、*Yr9*(46.38%)、*Yr30*(30.43%)、*Yr78*(24.64%)、*Yr6*(21.74%)、*Yr86*(8.70%)、*Yr7*(7.25%)和*YrZH84*(4.35%)检出率较高。Zhang等^[15]对17个*Yr*基因进行检测,发现新疆小麦品种中*Yr5*、*Yr15*、*Yr17*、*Yr26*、*Yr41*和*Yr50*的分布频率为74.39%~98.78%,85.37%的品种聚合至少6个*Yr*基因。习玲等^[16]对243份小麦材料的抗条锈性鉴定结果表明,8份对CYR32和CYR34均具苗期抗性,174份具有稳定成株期抗性,携带*Yr10*、*Yr18*、*Yr29*、*Yr30*、*Yr65*和*Yr81*的数量依次为48、44、4、6、4和101份;其中34、4、1份材料聚合了2、3、4个抗病基因。伊犁河谷温和湿润的气候为条锈菌的越冬与周年循环创造了有利环境。发掘优异种质可为抗病育种与品种栽培布局提供参考。因此,本研究拟对188份在伊犁河谷种植的小麦品种(系)进行成株期抗条锈病鉴定,并利用15个与抗病基因连锁的分子标记进行检测,系统分析供试材料的抗条锈性及抗病基因分布,为选育优良抗性品种与品种合理布局提供依据。

1 材料与方法

1.1 材料

供试材料为188份在伊犁河谷种植的小麦品种(系),来自新疆、安徽、北京、河南、河北、山东等地。以铭贤169作为感病对照,均由伊犁州农业科学研究所保存。

条锈病菌种为CYR32、CYR33、CYR34、水源及贵农致病类群按1:1:3:1:4比例配制,由甘肃省农业科学院植物保护研究所贾秋珍研究员惠赠。

1.2 小麦成株期抗条锈性鉴定

田间成株期抗性鉴定于2021—2022及2022—

2023 年度在新疆伊宁市伊犁州农业科学研究所试验基地(86.25°E,44.30°N)进行,每年于 10 月中旬进行播种。供试材料按随机区组排列,每份品种(系)播种 2 行,行长 1 m,行距 0.2 m,设 2 次重复。每份材料间种 1 行铭贤 169 作为诱发行;锈病圃四周播种 6 行铭贤 169 作为诱发保护行,以确保病菌均匀发生^[17]。田间管理按当地小麦常规生产进行。

在小麦返青后至拔节前,将 25 mg 条锈病夏孢子与 1 L 吐温 20 水溶液配制成孢子悬浮液,采用喷雾法均匀接种于诱发行小麦叶片^[17]。接种后覆盖薄膜保湿过夜,次日清晨揭膜。此后每 10 d 滴灌 1 次,以维持田间湿度。待铭贤 169 充分发病(旗叶病害严重度达 80%)时,进行成株期抗病性调查。每行随机选定 3 株植株,记录反应型

与严重度。每隔 7 d 调查 1 次,共进行 3 次;以所记录的最高反应型和最终严重度为最终结果。严重度采用 0%、1%、5%、10%、20%、40%、60%、80%、100% 的 9 级标准进行记载^[18]。

1.3 抗条锈基因检测

在小麦两叶一心期采集叶片,利用改良 CTAB 法提取基因组 DNA,经纯度与浓度检测合格后,将 DNA 稀释至 100 ng · μL⁻¹,于 -20 ℃ 保存备用。利用抗病基因 *Yr5*、*Yr10*、*Yr15*、*Yr17*、*Yr18*、*Yr26*、*Yr29*、*Yr30*、*Yr52*、*Yr65*、*Yr75*、*Yr78*、*Yr80*、*Yr82* 和 *Yr86* 的分子标记进行分子检测,PCR 引物、反应体系与程序和产物分离方法参照相关文献,具体见表 1。此外,对 *Yr30*、*Yr52*、*Yr75*、*Yr78* 和 *Yr86* 基因采用竞争性等位基因特异性 PCR(KASP)标记进行基因分型分析。

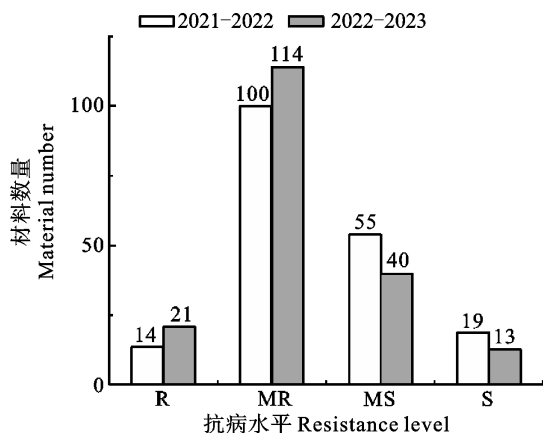
表 1 本研究检测基因
Table 1 Genes detected in the study

Yr 基因 Yr gene	标记类型 Marker type	标记名称 Marker	引物序列 Primer sequence(5′-3′)	参考文献 Reference
<i>Yr5</i>	DM	<i>Yr5_B</i>	GGGAACACTTCACGATCA AATTCCTTCATGCCTTCC	[16]
<i>Yr10</i>	AFLP	<i>SC200</i>	CTGCAGAGTGACATCATACA TCGAAC TAGTAGATGCTGGC	[16]
<i>Yr15</i>	SSR	<i>Xgwm413</i>	TGCTTGCTAGATTGCTTGGG GATCGTCTCGTCCTTGCA	[19]
<i>Yr17</i>	SCAR	<i>SC2372</i>	AGGGGCTACTGACCAAGGCT TGCAGCTACAGCAGTATGTACACAAAA	[20]
<i>Yr18</i>	STS	<i>csLV34</i>	GTTGGTTAAGACTGGTGATGG TGCTTGCTATTGCTGAATAGT	[16]
<i>Yr26</i>	STS	<i>Xwe173</i>	GGGACAAGGGGAGTTGAAGC GAGAGTTCCAAGCAGAACAC	[16]
<i>Yr29</i>	CAPS	<i>csLV46</i>	CGAGACGTCGTCTTCTCTAAC GTGTATGTGTTGATTCTCCTCG	[16]
<i>Yr30</i>	KASP	<i>KASP_Yr30</i>	GGGCAATAGTGAGTCCCTTCAG AGGGCAATAGTGAGTCCCTTCAT GCCCCTCACCAACATCTACAAAAT	[15]
<i>Yr52</i>	KASP	<i>Xkasp-Yr52-1</i>	GCCCACAACCTCTTTAGGCTGAT CCCACAACCTCTTTAGGCTGAC GATTTTAAACAGTGGGTGGGGTCAGTT	[21]
<i>Yr65</i>	SSR	<i>Xgwm18</i>	GGTTGCTGAAGAACCTTATTTAGG TGGCGCCATGATTGCATTATCTTC	[16]
<i>Yr75</i>	KASP	<i>sunKASP_427</i>	CGACGACGTCCAAAGACTAAT CGACGACGTCCAAAGACTAAC GCAACAACACACTAGCGTCTG	[22]
<i>Yr78</i>	KASP	<i>Xkasp-Yr78-1</i>	CTAGACCCTACGACGTTAGCGA AGACCCTACGACGTTAGCGC CTCACTTAAGTTAGTAGAGATCTCTTGTTT	[23]
<i>Yr80</i>	KASP	<i>KASP_53113</i>	TGTACAATGACTCCTCGACTAACA TGTACAATGACTCCTCGACTAACG GCCACGCAATATCACCATCG	[24]
<i>Yr82</i>	KASP	<i>KASP_13376</i>	TGTTGTGGCTCTACGGAGTTA TGTTGTGGCTCTACGGAGTTG CACCAAAACAACACTCACCG	[25]
<i>Yr86</i>	KASP	<i>K_7127</i>	TGATCGAGTGGGTGAGCTA TGATCGAGTGGGTGAGCTG GTCAAGTTCTTCTTAGTTGACCG	[26]

2 结果与分析

2.1 成株期抗条锈病分析

田间成株期抗性鉴定结果(图1)表明,在2021—2022年度,188份供试材料中成株期对条锈菌表现中抗及以上的材料有114份,感病材料共74份,占比39.4%。在2022—2023年度,表现中抗及以上的材料有135份,占比71.8%;感病材料为53份,占比28.2%。两年度均表现中抗及以上的材料共106份,占比56.4%,表明参试材料对条锈病总体抗性水平较高。其中,中植9号、郑麦101、郑麦103、众麦7号、农麦2号、济麦27、西农213、西农889、川麦107、内麦17、敖德萨3号共11份材料两年均表现高抗,说明其抗性稳定,具有生产应用与抗病育种亲本的潜力。



R: 高抗; MR: 中抗; MS: 中感; S: 高感。

R: Highly resistant; MR: Moderately resistant; MS: Moderately susceptible; S: Highly susceptible.

图1 供试品种(系)条锈病抗性水平分布

Fig. 1 Distribution of stripe rust resistance levels in wheat varieties (lines)

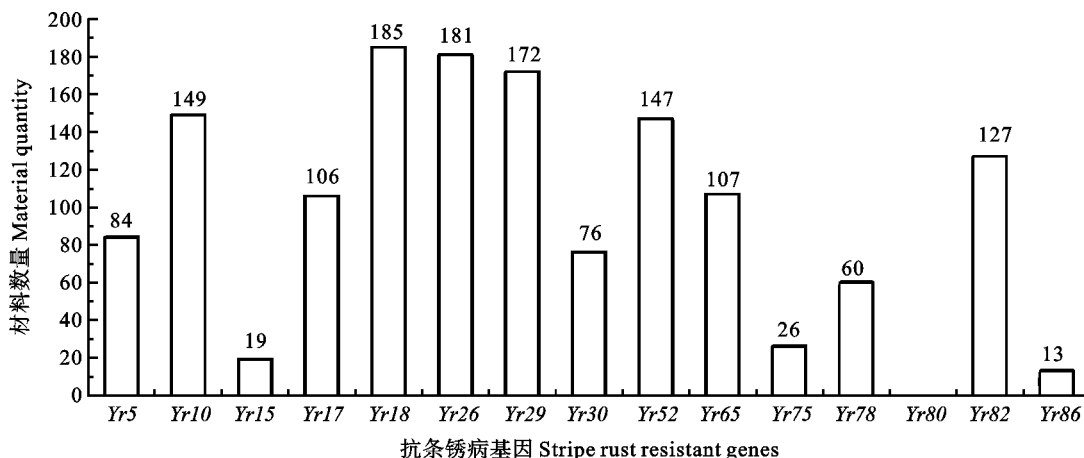


图2 188份小麦品种(系)中抗条锈病基因的分布

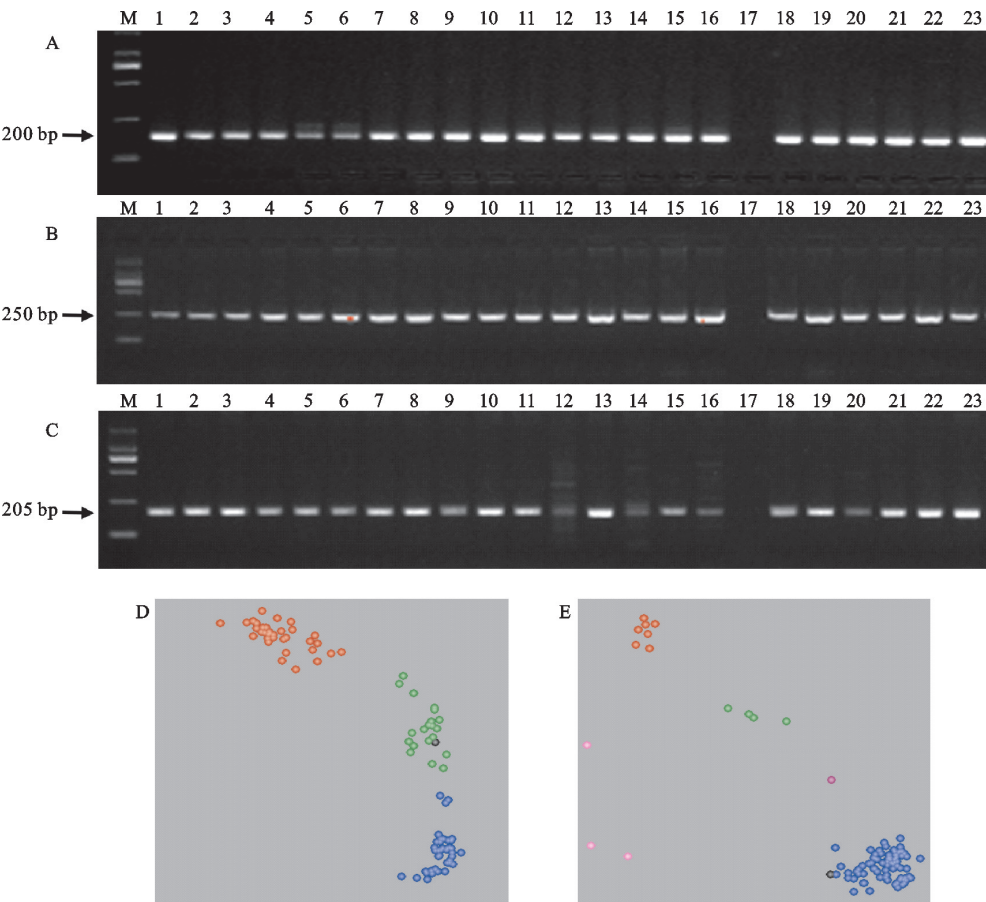
Fig. 2 Distribution of stripe rust resistance genes in 188 wheat varieties (lines)

2.2 抗病基因分析

分子标记检测结果(图2、图3)显示,中麦578、早洋麦等84个品种(系)携带Yr5基因,占比44.7%。中科1656、京冬22等149个品种(系)携带Yr10基因,占比79.3%。中植8号、农麦2号等19个品种(系)携带Yr15基因,占比10.1%。中植麦15、中农22等106个品种(系)携带Yr17基因,占比56.4%。中植麦15、京411等185个品种(系)携带Yr18基因,占比98.4%。陇源935、贵农22等181个品种(系)携带Yr26基因,占比96.3%。石麦18、石家庄8号等172个品种(系)携带Yr29基因,占比91.5%。周麦26、郑麦126等76个品种(系)携带Yr30基因,占比40.4%。中优206、伊农14等147个品种(系)携带Yr52基因,占比78.2%。济麦20、巴冬2号等107个品种(系)携带Yr65基因,占比56.9%。内麦17、伊农19等26个品种(系)携带Yr75基因,占比13.8%。丰德存麦12、敖德萨3号等60个品种(系)携带Yr78基因,占比31.9%。西农20、石冬4号等127个品种(系)携带Yr82基因,占比67.6%。泰山4号、西农889等13个品种(系)含有Yr86基因,占比6.9%。未检测到携带Yr80的品种(系)。

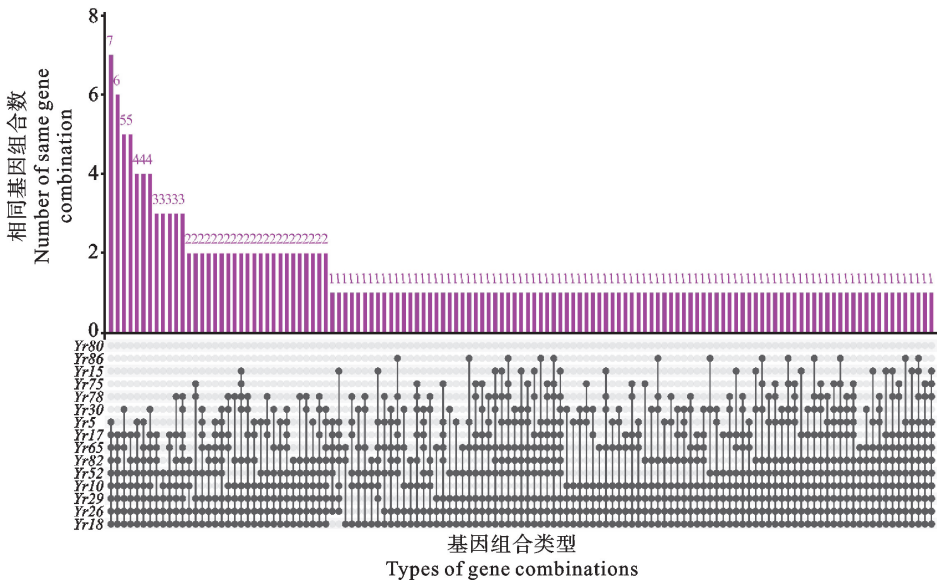
2.3 抗条锈病基因组合分析

对187份获得有效分子检测结果的冬小麦品种(系)中抗条锈病基因的聚合类型分析结果(图4)表明,聚合12个抗病基因的品种(系)有2个,分别为中植9号、农麦2号,其成株期严重度为0~10%,均表现抗病。聚合11个抗病基因的品种(系)包括郑麦101、俊达104等5个品种(系),平均严重度为24%,均表现抗病。聚合10个抗病基因的品种(系)有16个,严重度处于10%~80%之



A~C: *Yr10*, *Yr18*, *Yr65* 的 PCR 电泳图; D 和 E: *Yr30*, *Yr86* 的 KASP 分型图, 红色表示携带该基因, 蓝色表示不携带该基因, 绿色为杂合基因型。
A—C: Electrophoresis images of PCR products amplified with the primers for resistance genes *Yr10*, *Yr18*, and *Yr65*, respectively; D and E: KASP genotyping patterns for the *Yr30* and *Yr86* genes, respectively, where red indicates presence of the gene, blue indicates absence of the gene, and green represents a heterozygous genotype.

图 3 部分小麦品种(系)中抗条锈病基因的分布
Fig. 3 Distribution of resistance genes to stripe rust in some wheat varieties(lines)



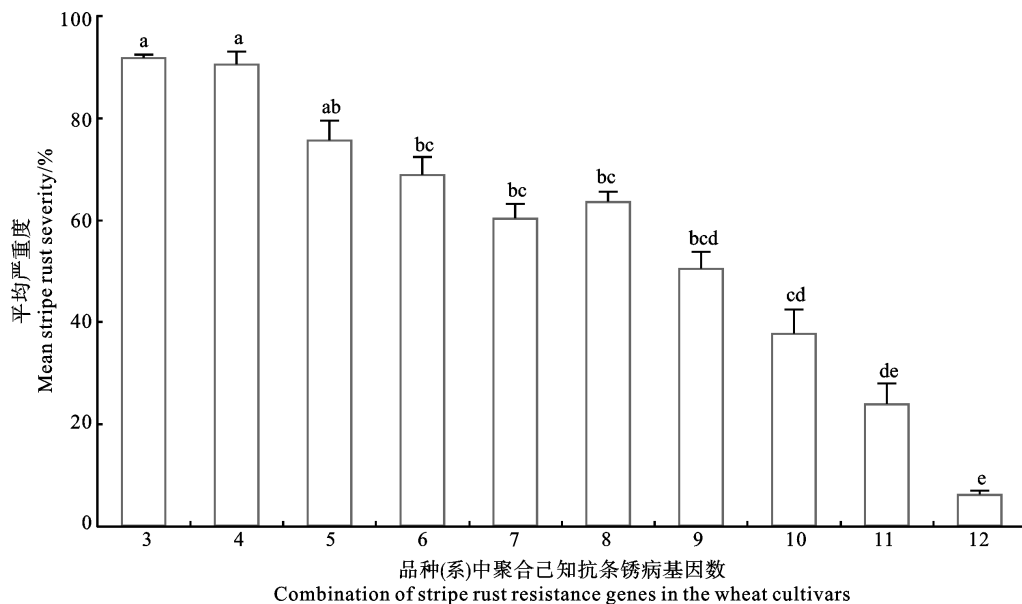
紫色: 相同基因组合数目; 黑色: 不同基因组合类型。
Purple: Number of same gene combinations; Black: Types of distinct gene combinations.

图 4 188 份小麦品种(系)的 *Yr* 基因分析
Fig. 4 Analysis of the *Yr* gene in 188 wheat varieties(lines)

间,其中郑麦 103、济麦 27、西农 213 和西农 889 表现为高抗,广麦 13、周麦 25、豫麦 34、中麦 875、郑麦 126、洛旱 21 号、邯 08-6102、泰山 4 号、南麦 660、豫麦 11 号和中优 206 共 11 个品种(系)表现为中抗。聚合 9 个抗病基因的品种(系)有 34 个,成株期严重度分布范围为 0~100%,其中,众麦 7 号、西农 722、川麦 107 等 26 个品种(系)成株期严重度为 2.5%~70%。聚合 8 个抗病基因的品种(系)有 58 个,其中伊农 18、西农 9755 等 28 个品种(系)具有成株期抗性。聚合 7、6、5 个抗病基因的品种(系)分别有 34、21、13 个,聚合了 3~4

个抗病基因的品种(系)4 个。

供试品种(系)成株期病害严重度随抗病基因数量的增加而显著降低(图 5),说明聚合的基因数量越多,病害严重度越低,抗病性越强。聚合 12 个基因的品种(系)的严重度显著低于聚合 3~10 个基因的品种(系)($P < 0.05$);聚合 11 个基因的品种(系)与聚合 3~9 个基因的品种(系)之间亦存在显著差异($P < 0.05$);其余聚合水平间比较亦呈现类似规律(图 5)。综上可知,抗条锈病基因的聚合能增强小麦成株期的抗病性(图 5)。



图柱上不同小写字母表示差异在 0.05 水平显著。

Different lowercase letters on the bar indicate significant differences at 0.05 level.

图 5 不同抗条锈病基因聚合数量品种(系)的平均病害严重度

Fig. 5 Mean stripe rust severity of wheat varieties(lines) carrying different numbers of known stripe rust resistance genes-associated markers

3 讨论

3.1 小麦条锈病抗性评价

研究显示,新疆地区存在内地广泛流行的条锈病生理小种 CYR34 和 CYR33,而 CYR33 为伊犁河谷小麦条锈菌的优势小种^[10,27-28];毒性谱较广的生理小种已导致新疆多个主栽品种抗性明显衰退,对当地小麦生产构成威胁^[29]。因此,开展抗性评价、筛选优良抗源对当地抗病育种及品种布局具有重要意义。韩德俊等^[30]对 1980 份国内外小麦种质进行抗条锈性鉴定,筛选出 8 份具有全生育期抗性和 42 份具有成株期抗性的种质。王圣龙等^[31]对 280 份小麦种质条锈病抗性鉴定,发现 85 份材料(30.4%)具全生育期抗性,61 份

材料(21.8%)具成株期抗性。王荣等^[17]对 115 份新疆小麦品种(系)进行条锈病抗性评价,发现 60 份(占 52.17%)品种(系)具有中抗及以上水平抗性。本研究对 188 份在新疆栽培的小麦品种(系)进行成株期抗条锈性鉴定,发现约 56.4%的品种两年均表现良好抗性,其中 11 份材料表现高抗。表明供试材料的抗条锈病水平较高,反映出近年来国产小麦抗条锈病育种已取得明显成效。

3.2 抗病基因分子标记检测

中国小麦条锈病曾多次大面积流行,对小麦产量和品质造成显著影响,其主要原因是过度依赖单一抗源,使抗病品种的抗性保持期大幅缩短^[20]。本研究对 188 份小麦品种(系)的抗条锈病基因分布进行检测,发现供试材料中存在多

个已知抗条锈病基因,这与已有报道^[2,14,32]相吻合。研究发现,定位于染色体1BS、来源于土耳其小麦PI 178383的*Yr10*已对当前流行生理小种丧失抗性,但其在中国小麦品种中分布频率较高(占38.82%)^[33-34]。本研究检测出携带*Yr10*基因的149个品种(系)中,中麦895、南麦660号等73个(占全部供试材料的38.82%)仍表现抗病,表明通过多个抗性基因聚合能有效维持该基因在实际生产中的抗性效果。

*Yr18*是位于小麦7DS染色体上的成株期抗条锈病基因,具有一因多效特性(*Lr34/Pm38*),可同时抵抗叶锈病和白粉病,*Yr18*是首个被克隆的*Yr*类基因,其编码的ABC转运蛋白赋予作物持久广谱抗性^[35]。杨文雄等^[36]在231个小麦育成品种和422个农家种中鉴定出携带*Yr18*基因的占比分别为6.06%和85.10%。王荣等^[17]在92个(占80.00%)品种(系)中检测到*Yr18*的特异性条带。管方念等^[37]在152份地方品种中检测到131份材料携带*Yr18*基因。本研究发现,185份材料中检测到*Yr18*相关标记。进一步证实了该基因在中国小麦品种(系)中的分布频率较高。已有研究表明,在高病害压力下*Yr18*单独存在时其抗性表现不明显,但结合2~4个其他慢锈基因则可获得高抗或近免疫抗性^[38]。本研究发现11份携带*Yr18*的小麦品种(系)在成株期表现高抗条锈病,推测这些种质可能还携带对当前小麦生产中流行小种具有抗性的其他已知或未知基因及其组合。

*Yr26*源自中国圆锥小麦,位于小麦1BL染色体,兼具抗条锈病与白粉病特性,目前,该基因对条锈菌生理小种CYR32和CYR33仍具抗性,但对新小种CYR34表现为感病,因此不宜单独使用^[31]。*Yr26*在中国小麦品种中分布广泛。如习玲等^[20]发现绵麦1419、川麦607、川麦1699等30份材料携带该基因;管方念等^[37]检测到川麦64、川农24和绵麦228等26个品种(20.47%)携带*Yr26*。本研究在96.3%的供试材料中检测到*Yr26*基因,其中11份材料的严重度<10%,抗性明显高于*Yr26*单一基因的抗性水平,推测抗性源于多个抗性基因的聚合。由于新的致病生理小种V26的出现,在今后在育种中应避免单独使用*Yr26*,而应将其与其他成株抗性基因聚合,以提高抗病持久性和有效性。

成株期抗性基因*Yr29*最初发现于Pavon76,对条锈病、叶锈病和白粉病均具有一定抗性(亦被命名为*Lr46/Yr29/Sr58/Pm39/Ltn2*)^[39]。周警

卫等^[2]利用*Yr29*紧密连锁的分子标记对153份材料进行检测,发现50份材料携带该基因,其中4份为单一基因型,这些材料在成株期均表现出稳定的抗性。李玮等^[40]采用*Yr29*的KASP标记对全球367份小麦品种进行分析,检出138份材料含有该基因。本研究在172份材料中检测到*Yr29*,其中81份在田间成株期仍表现感病,这些感病材料多数同时含有其他抗条锈病基因,具体原因有待更多深入研究。

全生育期抗条锈病基因*Yr82*定位于染色体3BL,来源于普通小麦种质Aus27969^[25]。贾永红等^[41]采用KASP标记技术对549份新疆春小麦材料进行检测,发现74份(13.48%)农家品种可能携带*Yr82*。本研究利用*Yr82*特异性KASP标记对供试材料进行检测,在127份中检出该基因,表明*Yr82*在中国小麦种质中具有一定分布,具备育种利用的潜力。

3.3 抗病基因聚合

利用分子标记辅助选择进行多基因聚合,已在大麦、棉花、水稻及小麦等多种作物中广泛应用^[42-44]。多个抗条锈病基因的有效聚合是提升小麦品种抗性的重要策略,培育和推广抗病品种已被广泛认为是防控小麦条锈病最为经济、环境友好且高效的途径^[3,12]。研究表明,*Yr*基因的聚合数量与类型同小麦抗病水平呈显著正相关,聚合多个有效*Yr*基因有助于获得更稳定、更高效的抗性^[45]。白斌等^[12]对117份甘肃冬小麦品种所含抗条锈病基因进行了统计分析,发现部分品种实现了多个抗病基因的有效聚合,如兰天26号(*Yr9+Yr17+Yr30+Yr46+YrZH22*)、兰天15号(*Yr9+Yr30+Yr41+YrZH84*)和天选66号(*Yr9+Yr17+Yr28+Yr41*)的病害严重度随聚合基因数量增加而显著降低。蔚睿等^[46]对黄淮麦区的150份小麦品种(系)的检测显示,16份材料携带2个抗病基因(*Yr9+Yr17*、*Yr9+Yr18*),2份携带3个基因(*Yr9+Yr17+Yr18*),发现供试材料的抗性主要由多基因效应决定。习玲等^[20]筛选出74份多基因聚合材料,其中携带2至6个抗病基因的品系分别有24、22、11、14和3份,田间均表现高抗条锈病;其中*Yr26*在这些材料中多以聚合形式存在,进一步证实多基因协同贡献抗性。本研究共筛选出187份多基因聚合材料,其携带至少3个抗病基因,病害严重度随基因数量的递增而递减;聚合12个基因的品种(如中植9号、农麦2号)表现高抗,严重度为0~10%;聚合11个

基因的5个品种(系)均表现抗病,平均严重度为24%,其中郑麦101和内麦17表现为高抗,俊达104、周麦23和济麦34表现为中抗。聚合10个基因的16个品种(系)严重度为10%~80%,其中郑麦103、济麦27、西农213和西农889表现高抗,广麦13、周麦25、豫麦34、中麦875、郑麦126、洛旱21号、邯08-6102、泰山4号、南麦660、豫麦11号和中优206等11个品种(系)表现中抗。这说明多基因聚合是提高小麦条锈病抗性的重要育种途径。但目前对基因互作机制认识不足。因此,未来应深入研究基因间的互作关系,为精准设计抗病品种提供理论依据。

参考文献:

- [1]何中虎,庄巧生,程顺和,等.中国小麦产业发展与科技进步[J].农学学报,2018,8(1):99.
HE Z H, ZHUANG Q S, CHENG S H, et al. Wheat production and technology improvement in China [J]. *Journal of Agriculture*, 2018, 8(1): 99.
- [2]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[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.
- [3]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[J].中国植保导刊,2022,42(6):21.
LIU W C, WANG B T, ZHAO Z H, et al. Historical review and countermeasures of wheat stripe rust epidemics in China [J]. *China Plant Protection*, 2022, 42(6): 21.
- [4]李振岐,曾士迈.中国小麦锈病[M].北京:中国农业出版社,2002.
LI Z Q, ZENG S M. Wheat rust in China [M]. Beijing: China Agriculture Press, 2002.
- [5]CHEN X M. Epidemiology and control of stripe rust (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) on wheat [J]. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 2005, 27(3): 314.
- [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]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.
- [8]MA J B, AWAIS M, HEN L, et al. Identification of *Puccinia striiformis* races from the spring wheat crop in Xinjiang, China [J]. *Frontiers in Plant Science*, 2023, 14: 1273306.
- [9]梁双喜,吴澍轩,张思卿,等.基于GIS的新疆小麦条锈菌越冬区划研究[J].中国植保导刊,2023,43(6):31.
LIANG S X, WU S X, ZHANG S Q, et al. A GIS based study on wheat stripe rust overwintering zoning in Xinjiang [J]. *China Plant Protection*, 2023, 43(6): 31.
- [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):340.
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): 340.
- [11]代资举,李文旭,杨会民,等.480份小麦种质条锈病抗性鉴定与评价[J].河南农业科学,2024,53(9):1.
DAI Z J, LI W X, YANG H M, et al. Identification and evaluation of stripe rust resistance in 480 wheat germplasms [J]. *Journal of Henan Agricultural Sciences*, 2024, 53(9): 1.
- [12]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.
- [13]焦韩轩,孙晓媛,黄硕,等.土耳其小麦种质条锈病抗性评价和抗病基因分析[J].麦类作物学报,2021,41(7):799.
JIAO H X, SUN X Y, HUANG S, et al. Evaluation of resistance to stripe rust and gene analysis in Turkish wheat germplasms [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2021, 41(7): 799.
- [14]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.
- [15]ZHANG M H, SAIMI A, LIU Q, et al. The detection of Yr genes in Xinjiang wheat cultivars using different molecular markers [J]. *International Journal of Molecular Sciences*, 2023, 24(17): 13372.
- [16]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.
- [17]王荣,程宇坤,白斌,等.新疆小麦品种(系)条锈病抗性抗病基因分析[J].麦类作物学报,2024,44(11):1423.
WANG R, CHENG Y K, BAI B, et al. Evaluation of stripe rust resistance and analysis of resistance genes in Xinjiang wheat varieties (lines) [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2024, 44(11): 1423.
- [18]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.
- [19]陈向东,吴晓军,胡铁柱,等.国内外小麦种质抗条锈病评价及相关基因分子检测[J].河南农业科学,2019,48(9):103.
CHEN X D, WU X J, HU T Z, et al. Evaluation of resistance to stripe rust and molecular detection of resistant genes in wheat germplasms at home and abroad [J]. *Journal of Henan Agricultural Sciences*, 2019, 48(9): 103.
- [20]习玲,王昱琦,朱微,等.78份四川小麦育成品种(系)条锈病抗性鉴定与抗条锈病基因分子检测[J].作物学报,2021,47(7):1309.
XI L, WANG Y Q, ZHU W, et al. Identification of resistance to wheat and molecular detection of resistance genes to wheat stripe rust of 78 wheat cultivars (lines) in Sichuan

- Province [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2021, 47(7): 1309.
- [21] 方桃红, 张敏, 马春花, 等. 小麦抗条锈基因Yr52在品种改良中的应用 [J]. 中国农业科学, 2022, 55(11): 2077.
- FANG T H, ZHANG M, MA C H, *et al.* Application of Yr52 gene in wheat improvement for stripe rust resistance [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2022, 55(11): 2077.
- [22] KANWAL M, QURESHI N, GESSESE M, *et al.* An adult plant stripe rust resistance gene maps on chromosome 7A of Australian wheat cultivar Axe [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2021, 134(7): 2213.
- [23] DONG Z Z, HEGARTY J M, ZHANG J L, *et al.* Validation and characterization of a QTL for adult plant resistance to stripe rust on wheat chromosome arm 6BS(Yr78) [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2017, 130(10): 2127.
- [24] 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.
- [25] PAKEERATHAN K, BARIANA H, QURESHI, *et al.* Identification of a new source of stripe rust resistance Yr82 in wheat [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2019, 132(11): 3169.
- [26] 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 [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2023, 136(6): 142.
- [27] ZHU J N, AWAIS M, LIU M, *et al.* Genotyping reveals high genotypic diversity and potential migration pattern of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* populations in Xinjiang and Northwest epidemic regions of China [J]. *Phytopathology Research*, 2025, 7(1): 16.
- [28] 张学慧, 来汉林, 杨红, 等. 90份小麦品种(系)抗条锈病鉴定及抗病基因分子检测 [J]. 麦类作物学报, 2025, 45(7): 881.
- ZHANG X H, LAI H L, YANG H, *et al.* Identification of stripe rust resistance and molecular detection of resistance genes in 90 wheat varieties(lines) [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2025, 45(7): 881.
- [29] 李晶, 曾娟, 姜玉英, 等. 新疆小麦条锈病发生特点及流行规律初探 [J]. 中国植保导刊, 2010, 30(6): 16.
- LI J, ZENG J, JIANG Y Y, *et al.* Preliminary study on occurrence characteristics and epidemic law of wheat stripe rust in Xinjiang [J]. *China Plant Protection*, 2010, 30(6): 16.
- [30] 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 [J]. 中国农业科学, 2012, 45(24): 5013.
- HAN D J, ZHANG P Y, WANG Q L, *et al.* Identification and evaluation of resistance to stripe rust in 1980 wheat landraces and abroad germplasm [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2012, 45(24): 5013.
- [31] 王圣龙, 张静, 袁家伟, 等. 280份小麦种质条锈病抗性鉴定及抗病基因检测 [J]. 核农学报, 2025, 39(09): 1850.
- WANG S L, ZHANG J, YUAN J W, *et al.* Identification of resistance to stripe rust and detection of resistance genes in 280 wheat germplasm [J]. *Journal of Nuclear Agricultural Sciences*, 2025, 39(09): 1850.
- [32] 董娜, 胡海燕, 胡铁柱, 等. 348份小麦种质中抗条锈病基因Yr5、Yr10和Yr18的分子标记检测与分布 [J]. 西北农业学报, 2019, 28(12): 1960.
- DONG N, HU H Y, HU T Z, *et al.* Molecular detection and distribution of stripe rust resistance genes Yr5, Yr10 and Yr18 among 348 wheat germplasms [J]. *Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica*, 2019, 28(12): 1960.
- [33] ZHENG S G, LI Y F, LU L, *et al.* Evaluating the contribution of Yr genes to stripe rust resistance breeding through marker-assisted detection in wheat [J]. *Euphytica*, 2017, 213(2): 50.
- [34] 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.
- WEI 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.
- [35] KRATTINGER S G, LAGUDAH E S, SPIELMEYER W, *et al.* A putative ABC transporter confers durable resistance to multiple fungal pathogens in wheat [J]. *Science*, 2009, 323: 1360.
- [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 [J]. 作物学报, 2008(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.
- [37] 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 [J]. 中国农业科学, 2020, 53(18): 3629.
- GUAN F N, LONG L, YAO F J, *et al.* Evaluation of resistance to stripe rust and molecular detection of important known Yr gene(s) of 152 Chinese wheat landraces from the Huang-Huai-Hai [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2020, 53(18): 3629.
- [38] SINGH R P. Genetic association of leaf rust resistance gene Lr34 with adult plant resistance to stripe rust in bread wheat [J]. *Phytopathology*, 1992, 82: 835.
- [39] SINGH R P, MUJEEB-KAZI A, HUERTA-ESPINO J. Lr46: A gene conferring slow-rusting resistance to leaf rust in wheat [J]. *Phytopathology*, 1998, 88(9): 890.
- [40] 李玮, 宋国琦, 李吉虎, 等. 小麦四个多效抗病基因的分子检测 [J]. 麦类作物学报, 2020, 40(4): 395.
- LI W, SONG G Q, LI J H, *et al.* Molecular detection of four pleiotropic disease resistance genes in wheat [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2020, 40(4): 395.
- [41] 贾永红, 魏海鹏, 曾潮武, 等. 基于KASP技术鉴定新疆春小麦材料抗病基因分析 [J]. 作物杂志, 2025(1): 15.
- JIA Y H, WEI H P, ZENG C W, *et al.* Analysis of resistance genes in Xinjiang spring wheat materials based on KASP technology [J]. *Crops*, 2025(1): 15.
- [42] YASUDA N, MITSUNAGA T, HAYASHI K, *et al.* Effects of pyramiding quantitative resistance genes *pi21*, *pi34*, and *pi35* on rice leaf blast disease [J]. *Plant Disease*, 2015, 99(7): 904.
- [43] CHEMAYEK B, BANSAL U K, QURESHI N, *et al.* Tight repulsion linkage between *Sr36* and *Sr39* was revealed by genetic, cytogenetic and molecular analyses [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2017, 130(3): 587.
- [44] CHEN X M. Review article: High-temperature adult-plant resistance, key for sustainable control of stripe rust [J]. *American Journal of Plant Sciences*, 2013, 4(3): 608.
- [45] 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.
- [46] 蔚睿, 金彦刚, 吴舒舒, 等. 黄淮海区小麦新品种(系)抗条锈水平与抗病基因分析 [J]. 麦类作物学报, 2020, 40(3): 278.
- YU R, JIN Y G, WU S S, *et al.* Stripe rust resistance of new varieties (lines) from Huang-Huai valley wheat region in China [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2020, 40(3): 278.