麦类作物学报 2026,46(9):1186－1196
Journal of Triticeae Crops doi: 10.7606/j.issn.1009-1041.2026.09.07

网络出版时间:2026-09-03
网络出版地址:https://link.cnki.net/urlid/61.1359.S.20260903.1103.004

浙江省241份小麦材料白粉病和条锈病抗性评价及检测

朱春弟[1,2],王卫东[1],郑泽华[1,3],张本昌[1,4],曹莉斯[1,5],朱靖环[1],范 敏[1],华 为[1,6]

(1.浙江省农业科学院作物与核技术利用研究所,浙江杭州 310021;2.平湖市钟埭街道政务服务中心,浙江平湖 314200;3.河南农业大学农学院,河南郑州 450046;4.浙江农林大学,浙江杭州 311300;5.云南农业大学农学与生物技术学院,云南昆明 650031;6.湘湖实验室生物技术研究院,浙江杭州 311231)

摘 要:为明确浙江省小麦种质资源对白粉病、条锈病的抗性水平及抗病基因分布特征,挖掘适用于长江中下游麦区的优异抗源,本研究采用白粉菌生理小种E09和条锈菌生理小种CYR32,对241份浙江省小麦材料[177份地方品种和64份育成品种(系)]进行苗期抗性鉴定,并利用分子标记解析其抗病基因组成。结果显示,241份材料中,抗白粉病材料57份(23.65%),其中育成品种(系)51份,地方品种6份;抗条锈病材料66份(27.39%),其中育成品种(系)24份,地方品种42份;兼抗两种病害材料24份(9.96%),包含育成品种(系)22份,地方品种2份。以抗白粉病基因*Pm2*、*Pm4*、*Pm5e*、*Pm8*、*Pm21*、*Pm24*和*Pm60*的分子标记对57份抗白粉病材料进行检测,其中,*Pm4*和*Pm21*检出率最高,均有23份,16份材料未检测出以上抗白粉病基因;以抗条锈病基因*Yr5*、*Yr9*、*Yr10*、*Yr15*、*Yr28*、*Yr30*、*Yr46*和*YrZH84*的分子标记检测66份抗条锈病材料,发现*Yr10*检出率最高(23份)且仅存在于地方品种中,13份材料未检出以上抗条锈病基因(含5份高抗地方品种)。24份兼抗白粉病和条锈病的材料中,12份材料同时携带这两类抗病基因,浙农麦7号和浙21未检测出任何供试抗病基因。从农艺性状看,育成品种(系)在株高、千粒重等性状上表现优良,可直接作为优异抗源应用于抗病育种。综合以上结果,浙江省小麦育成品种(系)和地方品种中均存在良好的白粉病和条锈病抗性资源,其中白粉病和条锈病抗源分别主要集中于育成品种(系)和地方品种,表现出明显的分化特征。

关键词:小麦;白粉病;条锈病;抗性鉴定;抗病基因

中图分类号:S512.1; S330 **文献标识码**:A **文章编号**:1009-1041(2026)09-1186-11

Detection and Evaluation of Resistance to Powdery Mildew and Stripe Rust of 241 Wheat Germplasm Resources from Zhejiang Province

Zhu Chundi[1,2], Wang Weidong[1], Zheng Zehua[1,3], Zhang Benchang[1,4], Cao Lisi[1,5], Zhu Jinghuan[1], Fan Min[1], Hua Wei[1,6]

(1. Institute of Crops and Nuclear Technology Utilization, Zhejiang Academy of Agricultural Sciences, Hangzhou, Zhejiang 310021, China; 2. Zhongdai Sub-district Comprehensive Service Center, Pinghu, Zhejiang 314200, China; 3. College of Agriculture, Henan Agricultural University, Zhengzhou, Henan 450046, China; 4. Zhejiang A&F University, Hangzhou, Zhejiang 311300, China; 5. College of Agronomy and Biotechnology, Yunnan Agricultural University, Kunming, Yunnan 650031, China; 6. Institute of Biotechnology, Xianghu Laboratory, Hangzhou, Zhejiang 311231, China)

Abstract: To clarify the resistance levels to powdery mildew and stripe rust, as well as the distribution patterns of resistance genes in wheat germplasm resources from Zhejiang Province, and to explore elite resistant resources suitable for the wheat-growing regions in the middle and lower reaches of the Yangtze River, this study performed seedling resistance identification on 241 wheat accessions from Zhejiang Province[177 landraces and 64 bred varieties(lines)] using *Blumeria graminis* f. sp. *tritici* physiological race E09 and *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* physiological race CYR32. Molecular

收稿日期:2026-04-13 修回日期:2026-06-12
基金项目:国家自然科学基金项目(32272078)
第一作者 E-mail:phzcd@163.com(朱春弟);17809203720@163.com(王卫东)
通讯作者 E-mail:huaweicau@hotmail.com(华 为)

markers were used to analyze the composition of resistance genes. The results showed that among the 241 accessions, 57(23.65%) were resistant to powdery mildew, consisting of 51 bred varieties(lines) and 6 landraces; 66(27.39%) were resistant to stripe rust, including 24 bred varieties(lines) and 42 landraces; and 24(9.96%) showed resistance to both diseases, containing 22 bred varieties(lines) and 2 landraces. Molecular detection of seven powdery mildew resistance genes(*Pm2*, *Pm4*, *Pm5e*, *Pm8*, *Pm21*, *Pm24*, and *Pm60*) revealed that *Pm4* and *Pm21* had the highest detection rate, with 23 accessions carrying each gene, yet no target *Pm* genes were detected in 16 accessions. Among eight tested stripe rust resistance genes(*Yr5*, *Yr9*, *Yr10*, *Yr15*, *Yr28*, *Yr30*, *Yr46*, and *YrZH84*), *Yr10* showed the highest detection rate with 23 carriers, all of which were landraces, yet 13 accessions(including 5 landraces) had no detectable target stripe rust resistance genes. Among the 24 accessions with dual resistance to powdery mildew and stripe rust, 12 carried both types of resistance genes, while Zhenongmai 7 and Zhe 21 were detected without any of the tested resistance genes. Agronomic trait analysis revealed that bred varieties(lines) had superior performance in plant height, thousand-kernel weight and other traits, which could be directly used as elite resistant donors for wheat disease resistant breeding. Based on the above results, both the wheat bred varieties(lines) and landraces in Zhejiang Province contain good resistance resources to powdery mildew and stripe rust. The resistance sources for powdery mildew and stripe rust are mainly concentrated in the bred varieties(lines) and landraces, respectively, ang show a clear differentiation characteristic.

Keywords: Wheat; Powdery mildew; Stripe rust; Resistance identification; Resistance genes

小麦是中国三大主粮作物之一[1],在国家粮食安全战略中占据核心地位,其产量与品质直接关系到国民经济和农业可持续发展。由布氏白粉菌小麦专化型(*Blumeria graminis* f. sp. *tritici*)引起的白粉病及条形柄锈菌小麦专化型(*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*)造成的条锈病是中国小麦生产上危害严重的两大流行性真菌病害。近年来,受气候变暖、耕作制度调整、小麦种植布局变化及病原菌菌株变异等多重因素影响,这两种病害发生频率逐年升高,流行范围不断扩大,严重年份可导致小麦减产 30%以上,并对籽粒品质造成影响[2-3]。培育和推广抗病品种是防控小麦病害最经济、环保且有效的手段,《国家级小麦品种审定标准(2024 年修订)》已明确将白粉病和条锈病抗性列为小麦品种审定的重要指标。因此,挖掘优异抗病资源、合理利用抗病基因,成为当前小麦抗病育种的核心任务。

目前,在普通小麦及其近缘种属中发掘并正式命名的抗白粉病基因达 71 个(*Pm1*~*Pm71*)[4],其中 *Pm21*/*Pm12*[5-7]、*Pm36*[8]、*Pm37*[9]、*Pm52*/*Pm6*[10]等 21 个抗白粉病基因位点已被成功克隆,在已克隆的抗病基因中,7 个来源于普通小麦,其余 14 个来源于小麦近缘种属[11]。已正式命名的小麦抗条锈病基因有 87 个(*Yr1*~*Yr87*)[12],其中 *Yr5*/*YrSP*[13]、*Yr7*[13]、*Yr18*[14]等基因已完成克隆。由于生产上病原菌群体中新型毒性小种的不断出现,具有单一抗病基因的品种抗性逐渐衰减甚至完全丧失[15-17],给小麦病害防控带来严峻挑战。因此,发掘来源多样、抗性稳定的新抗源,通过基因聚合扩宽小麦品种的抗病谱,是实现小麦白粉病、条锈病等流行性病害持久防控的核心途径与关键策略。

小麦地方品种经过漫长的自然选择和人工驯化充分适应原地生态环境,蕴藏着丰富的遗传变异和优异抗病基因,是小麦抗病新品种培育的宝贵种质资源,对丰富小麦抗病遗传背景具有重要意义[18-26]。为了解浙江省小麦地方品种对白粉病和条锈病的抗性和育成品种(系)状况,本研究以 241 份浙江省小麦种质资源为材料,利用白粉病菌生理小种 E09 和条锈病菌生理小种 CYR32 进行苗期抗性鉴定,结合已知抗病基因连锁标记对抗病材料进行分子检测,了解供试材料的抗性水平及抗病基因的组成与分布,以期为长江中下游麦区小麦白粉病和条锈病抗性改良及抗病育种提供依据和材料支撑。

1　材料与方法

1.1　试验材料

试验材料为 177 份地方品种和 64 份浙江省

选育品种(系)。其中,908、浙农 9 号、浙麦 5 号和钱江 3 号是浙江省 20 世纪 90 年代前育成品种,其余为浙江省农业科学院近年来选育的品种(系)。小麦品种薛早和铭贤 169 分别为白粉病和条锈病的感病对照。农大 399(*Pm2*)、农大 1108(*Pm4*)、复壮 30(*Pm5e*)、郑麦 103(*Pm8*)、NC66(*Pm21*)、葫芦头(*Pm24*)、13-16(*Pm60*),以及 Avocet * S/*Yr5*、鲁原 502(*Yr9*、*Yr10*)、川辐 8 号(*Yr15*)、川麦 93(*Yr28*)、周麦 22(*Yr30*)、小偃 81(*Yr46*)和周麦 17(*YrZH84*)等分别为白粉病和条锈病抗性基因分子检测的阳性对照。供试病原菌为小麦白粉病生理小种 E09 和小麦条锈病生理小种 CYR32。以上试验材料均由浙江省农业科学院作物与核技术利用研究所提供并保存。

1.2 苗期抗病性鉴定

小麦苗期白粉病、条锈病抗性鉴定均在温室条件下进行,两种病害分组独立鉴定,避免交叉污染。将待鉴定的材料种植于规格为 54 cm×28 cm 的 72 孔塑料穴盘中,每个材料每孔播种 10 粒种子,3 次重复,常规温室管理,保证幼苗正常生长。待小麦材料生长至一叶一心期时进行病原菌接种:白粉病采用拂掸法接种,条锈病采用喷孢子悬浮液法接种。接种后 15～20 d,待感病对照充分发病,记录供试小麦材料的抗病反应型。对第一次鉴定为抗性的材料,再进行 1～2 次重复鉴定,保证鉴定结果的准确性。白粉病抗性评价标准参照张德云方法[27],条锈病抗性评价参照国家标准《小麦抗病虫性评价技术规程 第一部分:条锈病》[28]。

1.3 DNA 提取和抗病基因分子检测

待小麦幼苗生长至两叶一心期时剪取健康叶片,采用 CTAB 法[29]提取小麦基因组 DNA,使用 Thermo Scientific NanoDrop 2000 分光光度计测定 DNA 浓度和纯度,确保 DNA 质量满足后续 PCR 扩增要求。

选取与已知抗病基因连锁的分子标记或功能标记,对苗期鉴定为抗病的材料进行分子检测,共计选用 16 个分子标记(表 1),可鉴别*Pm2* 等 7 个抗白粉病基因和*Yr5* 等 8 个抗条锈病基因,所有 PCR 引物均由杭州擎科生物科技有限公司合成。PCR 扩增体系总体积为 15 μL:50 ng·μL^{-1}基因组 DNA 1 μL、2×Taq PCR Mix 7.4 μL、10 μmol·L^{-1} 上下游引物各 0.3 μL(总计 0.6 μL)、无菌双蒸水(ddH_2O) 6 μL。PCR 反应程序:94 ℃预变性 5 min;94 ℃变性 45 s,55～65℃退火 45 s(根据引物调整退火温度),72 ℃延伸 1 min,35 个循环;72 ℃延伸 10 min;4 ℃保存备用。PCR 扩增产物用 1.5%琼脂糖或 8%非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳检测。

1.4 农艺性状调查

将筛选出的抗白粉病或条锈病材料播种于浙江省农业科学院杨渡基地,每份材料种植 2 行,行长 2.0 m,行距 0.30 m,每行播种 25～30 粒,共 3 个生物学重复。参照《小麦种质资源描述规范和数据标准》[30]采集抗病材料的生育期、株高、穗长、穗粒数、千粒重等性状数据。

1.5 数据分析

使用 Excel 2021、SPSS 27.0 和 Origin 2024 软件对试验数据进行统计分析和作图。

2 结果与分析

2.1 白粉病和条锈病苗期抗病性评价

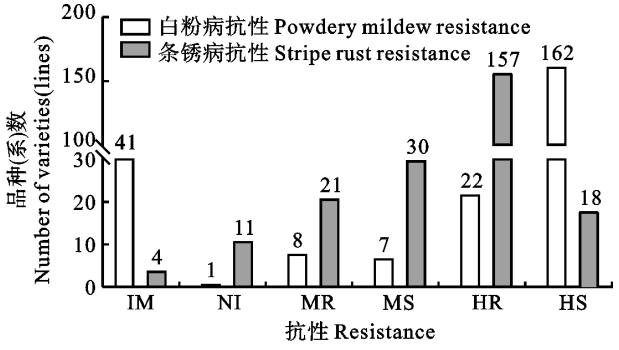
白粉病抗性鉴定结果(图 1)显示,57 份材料表现抗病,抗性表现分别为免疫(IM)、近免疫(NI)、高抗(HR)和中抗(MR),占供试材料的 23.65%。这些抗性材料中,51 份为育成品种(系),占全部抗病材料的 89.47%,其中浙农麦 1 号、浙农麦 7 号和浙华 2 号等 41 份育成品种(系)表现为免疫,表明浙江省自主选育的小麦品种(系)已形成较好的白粉病抗性基础。供试地方品种中仅 6 份表现白粉病抗性,其中蜈蚣麦(平阳)、光头白麦(三门)、大头蓑衣黄(青田)、蜈蚣麦(青田)和红松蒲(兰溪)5 份地方品种抗性反应均表现为中抗;仅山东白皮麦(新登)达到高抗近免疫水平。参试材料中,高感白粉病材料共计 162 份,其中地方品种 158 份,占全部高感材料的 97.53%,表明浙江省小麦地方品种的白粉病抗性整体偏弱,抗病资源匮乏。

条锈病抗性鉴定结果(图 1)表明,66 份抗病材料抗性表现分别为免疫(IM)至中抗(MR),占供试材料 27.39%;其余 175 份表现为感病,占 72.61%;感病材料中,157 份表现为中感,18 份表现为高感。在 66 份抗病材料中,育成品种(系)24 份、地方品种 42 份(占抗病材料的 63.64%);其中,浙 4、浙 43、浙 611 和浙农麦 6 号等 4 份育成品系表现为免疫;11 份材料表现为近免疫,包含地方品种 6 份,分别为早小麦(寿昌)、红壳和尚(永嘉)、立复黄(庆元)、早小麦(江山)、钢果麦(永嘉)

表 1　小麦抗白粉病、条锈病基因检测分子标记

Table 1　Molecular markers for detection of powdery mildew and stripe rust resistance genes in wheat

基因 Gene	分子标记 Molecular marker	引物序列 Primer sequence(5′−3′)	退火温度 Annealing temperature/℃	片段大小 Fragment size/bp	参考文献 Reference
Pm2	*Xcfd81*	F:TATCCCCAATCCCCTCTTTC R:GTCAATTGTGGCTTGTCCCT	58	260	[31]
	TaPM2	F:GGTTTGAATCCAAGAGATGATGCATATTTGAT R:TAAGTGGTAATAGCTCAATCTGAGAACCTT	58	219	[32]
Pm4	*JS717* *JS718*	F:AGGTGGACATCCTAGGCGCT R:GATCTGGGTACCACAGCACCG	55	926	[33]
Pm5e	*Wmc364*	F:ATCACAATGCTGGCCCTAAAAC R:CAGTGCCAAAATGTCGAAAGTC	61	204	[34]
Pm8	*sfr43*	F:TGGCTTCCAACAGCCCTAGC R:AGGCTTTTGCACCTTCTCTC	60	862	[35]
Pm21	*MBH1*	F:GCCATTATAGTCAAGAGTGCACTAGCTGT R:AGCTCCTCTCGTTCTCCAATGCT	58	341	[36]
Pm24	*WGLP-218L* *WGLP-218R*	F:CCTAAAATCTATGACTTCGGTCTC R:CACATCCTCATCAAACCACTT	58	约 380	[22]
Pm60	*M-Pm60-S1*	F:CTCACAGTTCCACACTGATAT R:CTCCATCAATCTCAAGTTCTTCG	57	831	[37]
Yr5	*S1320*	F:CAATAGTTAGGCAAATTACATCG R:TGCAAAGTACCTCATTTTGAGAA	60	156	[38]
Yr9	*H20*	F:GTTGGAAGGGAGCTCGAGCTG R:GTTGGGCAGAAAGGTCGACATC	60	1589	[39]
Yr10	*Yr10F* *Yr10R*	F:TGGCCTACATGAACTCTGGAT R:TCAAAGACATCAAGAGCCGC	60	543	[40]
Yr15	*Wmc128*	F:GCGGGAATCATGCATAGGAAAACAGAA R:GCGGGGGCGAAACATACACATAAAAACA	60	202	[41]
Yr28	*cib-Yr28M2*	F:TCCCAGAGCTGAGCTTGCT R:CTTGTCCAGTGGCTCAGAA	57	242	[42]
Yr30	*Xgwm533*	F:AAGGCCGAATCAAACGGAATA R:GTTGCTTTAGGGGGAAAAGCCC	60	150	[43]
Yr46	*cfd71*	F:CAATAAGTAGGCCGGGACAA R:TGTGCCAGTTGAGTTTGCTC	57	198	[44]
YrZH84	*Xcfa2040*	F:TCAAATGATTTCAGGTAACCACTA R:TTCCTGATCCCACCAAACAT	60	240	[45]



IM:免疫;NI:近免疫;MR:中抗;MS:中感;HR:高抗;HS:高感。

IM: Immune; NI: Nearly immune; MR: Moderately resistant; MS: Moderately susceptible; HR: Highly resistant; HS: Highly susceptible.

图 1　浙江省 241 份小麦材料白粉病和条锈病抗性统计

Fig. 1　Statistics of powdery mildew and stripe rust resistance of 241 wheat germplasm resources from Zhejiang Province

和火钻头(临安);21 份材料表现为高抗,其中地方品种 17 份;中抗材料共计 30 份,占抗病材料的 45.45%,其中地方品种 19 份。这说明,浙江省自主选育品种(系)和地方种质资源均存在一定数量的条锈病抗病资源,可作为小麦条锈病抗病育种的亲本材料。

2.2　白粉病和条锈病抗性基因分子检测

用*Pm2*、*Pm4*、*Pm5e* 、*Pm8*、*Pm21*、*Pm24* 和 *Pm60* 抗白粉病基因分子标记,对上述鉴定获得的 57 份抗白粉病材料进行检测。结果(图 2、图 3)显示,57 份抗病材料中,有 41 份至少携带 1 个供试抗白粉病基因,占检测总材料数的 71.93%;携带*Pm4* 和*Pm21* 的材料数量最多,均 23 份,共

占供试材料的 80.70%；育成品种(系)中，浙 12、浙 26、浙 1526、浙 1737 和浙 1818 携带*Pm2*，浙 4 携带*Pm5e*；所有供试材料均未检出*Pm8*、*Pm24* 和 *Pm60*。供试抗病材料中最多携带 2 个抗白粉病基因，有 4 种基因组合类型，分别为*Pm2*+*Pm4*、*Pm2*+*Pm21*、*Pm4*+*Pm21* 和*Pm5e* +*Pm21*；其中 *Pm4*+*Pm21* 组合最多，共 7 份材料，包含 6 份育成品种(系)和 1 份地方品种(光头白麦，浙江三门)。结合表型分析发现，双基因聚合材料整体抗性表现优异，绝大多数材料对白粉病表现为免疫或近免疫，仅 2 份材料表现为中抗。携带单一基因材料也具备优良抗性，其中携带*Pm21* 的单基因材料多数稳定表现为免疫或近免疫高抗水平，抗性突出。此外，57 份抗病材料中有 16 份材料未检测到供试的抗白粉病基因，其中 1 份为地方品种(大头蓑衣黄，浙江青田)，白粉病表现为中抗；其余 15 份为育成品种(系)，白粉病均表现为高抗。

用抗条锈病基因*Yr5*、*Yr9*、*Yr10*、*Yr15*、*Yr28*、*Yr30*、*Yr46* 和*YrZH84* 的分子标记，对前面鉴定获得的 66 份抗条锈病材料进行检测。结果(图 4、图 5)显示，66 份抗病材料中，30 份携带 1 个供试抗条锈病基因，占供试材料的 45.46%，包含 21 份地方品种与 9 份育成品种(系)；20 份材料聚合 2 个供试抗条锈病基因，共鉴定出 10 种基因型组合，分别为*Yr5*+*Yr10*、*Yr5*+*Yr15*、*Yr5*+*Yr28*、*Yr5*+*Yr30*、*Yr5*+*YrZH84*、*Yr10*+*Yr28*、*Yr10*+*Yr30*、*Yr10*+*YrZH84*、*Yr15*+*Yr28* 和*Yr15*+*Yr30*；3 份材料聚合了 3 个抗病基因，有 *Yr5*+*Yr10*+*Yr15* 和*Yr15*+*Yr28*+*YrZH84* 两种基因聚合模式。结合表型鉴定结果发现，携带双基因、三基因聚合的小麦材料的条锈病抗性水平未显著优于单基因载体材料；本研究中所有三基因聚合材料均表现为中抗。供试抗条锈病基因中，*Yr10* 检测出率最高，共 23 份，占供试材料总数的 34.85%；其次为 *Yr5*(18 份)、*Yr15*(15 份)、*Yr28*(11 份)，*Yr30* 和*YrZH84* 检出份数相同，均为 6 份；未检测出*Yr9* 和*Yr46*。此外，66 份抗病材料中有 13 份未检测到供试抗条锈病基因，含 7 份地方品种和 6 份育成品种(系)，其中立复黄(浙江庆元)、松花蒲(浙江天台)、桐山子麦(浙江温岭)、白壳光头麦(浙江龙泉)和白壳三月黄(浙江丽水)共 5 份地方品种条锈病表现高抗。

2.3 白粉病和条锈病兼抗材料综合分析

结合白粉病和条锈病表型鉴定结果，241 份供试小麦种质资源中，共筛选出 24 份兼抗白粉病和条锈病的材料(表 2)，其中大头蓑衣黄(青田)和蜈蚣麦(青田)2 份为地方品种，其余 22 份均为

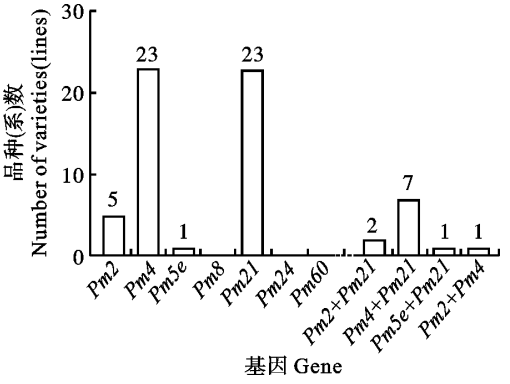
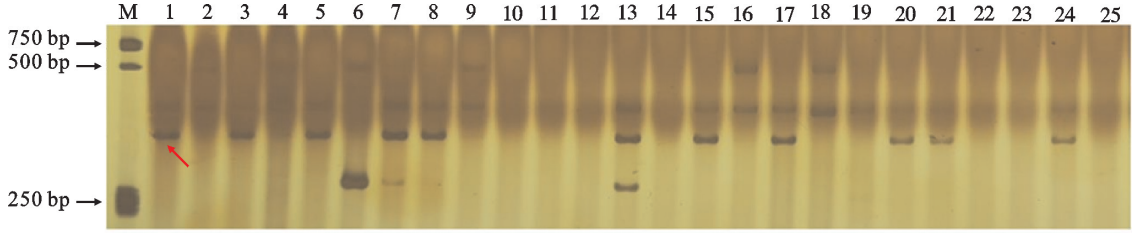


图 2 浙江省 57 份小麦种质资源抗白粉病基因组成

Fig. 2 Powdery mildew resistance gene composition of 57 wheat germplasm resources from Zhejiang Province



M：DNA marker；1：NC66(*Pm21*)；2：浙 23；3：浙 43；4：浙 608；5：浙 611；6：浙 168；7：浙 228；8：浙 188；9：浙 518；10：浙 1405；11：浙 1526；12：浙 1505；13：浙 1526-2；14：浙 14-166；15：浙 3；16：浙 1519；17：浙 024；18：浙 1638；19：浙 1625；20：浙 1737；21：浙 10；22：浙 11；23：浙 12-2；24：浙 14；25：浙 18。红色箭头表示目标条带。

M: DNA marker; 1: NC66 (*Pm21*); 2: Zhe 23; 3: Zhe 43; 4: Zhe 608; 5: Zhe 611; 6: Zhe 168; 7: Zhe 228; 8: Zhe 188; 9: Zhe 518; 10: Zhe 1405; 11: Zhe 1526; 12: Zhe 1505; 13: Zhe 1526-2; 14: Zhe 14-166; 15: Zhe 3; 16: Zhe 1519; 17: Zhe 024; 18: Zhe 1638; 19: Zhe 1625; 20: Zhe 1737; 21: Zhe 10; 22: Zhe 11; 23: Zhe 12-2; 24: Zhe 14; 25: Zhe 18. The red arrow indicates the target band.

图 3 抗白粉病基因*Pm21* 部分分子检测结果

Fig. 3 Detection of powdery mildew resistance gene *Pm21*

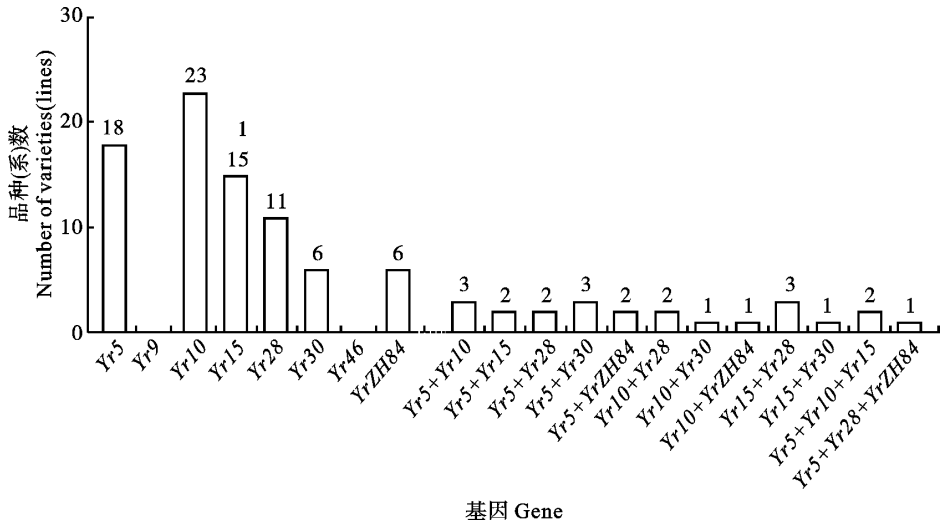
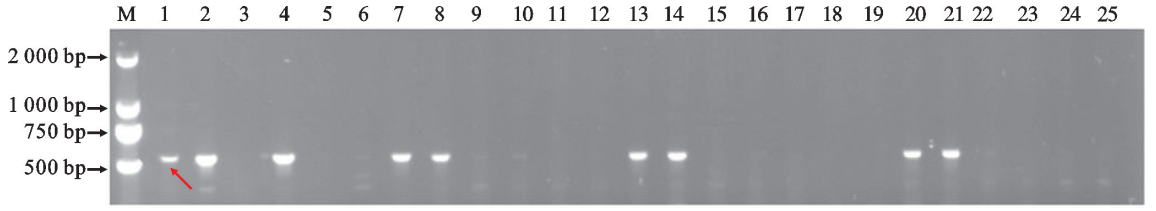


图 4　浙江省 66 份小麦种质资源抗条锈病基因组成

Fig. 4　Stripe rust resistance gene composition of 66 wheat germplasm resources from Zhejiang Province



M:DNA marker;1:鲁原 502(*Yr10*);2:荔枝麦;3:白壳光头麦;4:红壳光头麦;5:白蒲;6:红铁钉;7:松浦红头;8:蜈蚣麦;9:松蒲;10:红知了;11:落阳青;12:立复黄;13:早小麦;14:红壳和尚麦;15:花树蒲;16:钢果麦;17:浙 908(缙云);18:浙 908(磐安);19:浙 159;20:矮杆红;21:浙 163;22:浙 687;23:衢山小麦;24:六横小麦;25:方头三月黄。红色箭头表示目标条带。

M: DNA marker; 1: Luyuan 502(*Yr10*); 2: Lizhimai; 3: Baikeguangtoumai; 4: Hongkeguangtoumai; 5: Baipu; 6: Hongtieding; 7: Songpuhongtou; 8: Wugongmai; 9: Songpu; 10: Hongzhiliao; 11: Luoyangqing; 12: Lifuhuang; 13: Zaoxiaomai; 14: Hongkeheshangmai; 15: Huashupu; 16: Gangguomai; 17: Zhe 908(Jinyun); 18: Zhe 908(Panan); 19: Zhe 159; 20: Aiganhong; 21: Zhe 163; 22: Zhe 687; 23: Qushanxiaomai; 24: Liuhengxiaomai; 25: Fangtousanyuehuang. The red arrow indicates the target band.

图 5　抗条锈病基因*Yr10*部分分子检测结果

Fig. 5　Molecular detection of strip rust resistance gene *Yr10*

育成品系。这 24 份材料中有 12 份检测到抗白粉病和抗条锈病基因,其中浙 4、浙 12-2、浙 18、浙 43、浙 611、浙 1823 和 18v3-6 共 7 份育成品系对 2 种病害均表现为高抗。同时,携带抗白粉病和条锈病基因的 12 份材料中共检测到 12 种基因型组合:其中 4 份材料携带 4 个供试抗病基因,分别为*Pm2*+*Pm21*+*Yr5*+*YrZH84*、*Pm4*+*Pm21*+*Yr5*+*Yr30*、*Pm4* + *Yr15* + *Yr28* + *YrZH84* 和*Pm4* + *Yr5*+*Yr10*+*Yr15*;5 份材料携带 3 个供试抗病基因,分别为*Pm4*+*Yr5*+*Yr28*、*Pm4*+*Pm21*+*Yr5*、*Pm4*+*Pm21*+*YrZH84*、*Pm5e* +*Pm21*+*Yr15* 和*Pm21*+*Yr15*+*Yr28*;3 份材料携带 2 个供试抗病基因,分别为*Pm4*+*Yr15*、*Pm4*+*Yr30* 和*Pm21*+*Yr15*。另有 10 份兼抗材料仅检测到白粉病或条锈病其中一种抗病基因,其中 3 份育成品系浙 228、浙 1829 及浙 1840 携带抗白粉病基因*Pm21*,其余 7 份携带抗条锈病基因。浙 21 和浙农麦 7 号 2 份兼抗材料未检测到任何供试抗病基因,这 2 份材料对白粉病均表现为免疫,对条锈病均表现为中抗。

2.4　抗病材料主要农艺性状评价

为高效利用已鉴定的抗病小麦种质资源,对其中 95 份抗白粉病或抗条锈病材料的生育期、株高、穗长、穗粒数、千粒重等主要农艺性状进行调查。结果(表 3)显示,地方品种与育成品种(系)在株高性状上存在显著差异,地方品种平均株高 118.60 cm,显著高于育成品种(系)的 75.15 cm,田间表现地方品种更容易倒伏;二者在生育期、穗长、穗粒数和千粒重上差异不显著,但是育成品种(系)的千粒重均值 35.24 g,平均高于地方品种 2.53 g,丰产潜力更优。综合抗病性与农艺性状筛选发现,育成品系浙 19、浙 228、浙 611 和浙 1625 兼具白粉病、条锈病双抗性,且株高适中、穗部性状优良、千粒重高,综合表现突出,可直接应用于小麦抗病高产育种中。

表 2 浙江省 24 份白粉病和条锈病兼抗小麦种质资源及其基因组成

Table 2 Gene composition and resistance to powdery mildew and stripe rust of 24 wheat germplasm resources in Zhejiang Province

类型 Type	名称 Name	白粉抗性 Powdery mildew resistance	条锈抗性 Stripe rust resistance	基因组成 Gene composition
地方品种 Landraces	大头蓑衣黄 Datousuoyihuang	MR	HR	*Yr5* + *Yr10*
	蜈蚣麦 Wugongmai	MR	MR	*Pm4* + *Yr5* + *Yr10* + *Yr15*
品系 Line	浙 168 Zhe 168	IM	HR	*Yr5*
	浙 228 Zhe 228	IM	MR	*Pm21*
	浙 1625 Zhe 1625	IM	MR	*Yr5* + *Yr15*
	浙 1737 Zhe 1737	IM	MR	*Pm4* + *Yr5* + *Yr28*
	浙 1412 Zhe 1412	IM	MR	*Pm5e* + *Pm21* + *Yr15*
	浙 4 Zhe 4	IM	IM	*Pm4* + *Pm21* + *Yr5*
	浙 1 Zhe 1	IM	NI	*Yr15* + *Yr28*
	浙 23 Zhe 23	IM	MR	*Yr5* + *Yr15*
	浙 43 Zhe 43	IM	IM	*Pm4* + *Pm21* + *Yr5* + *Yr30*
	浙 608 Zhe 608	IM	HR	*Yr28*
	浙 611 Zhe 611	IM	IM	*Pm4* + *Yr15*
	浙 12-2 Zhe 12-2	IM	NI	*Pm21* + *Yr15* + *Yr28*
	浙 14 Zhe 14	MR	MR	*Pm4* + *Pm21* + *YrZH84*
	浙 18 Zhe 18	IM	HR	*Pm2* + *Pm21* + *Yr5* + *YrZH84*
	浙 19 Zhe 19	IM	MR	*Pm4* + *Yr30*
	浙 21 Zhe 21	IM	MR	/
	浙 1823 Zhe 1823	IM	NI	*Pm4* + *Yr15* + *Yr28* + *YrZH84*
	浙 1829 Zhe 1829	IM	NI	*Pm21*
	浙 1836 Zhe 1836	IM	MR	*Yr5* + *Yr30*
	浙 1840 Zhe 1840	IM	HR	*Pm21*
	浙农麦 7 号 Zhenongmai 7	IM	MR	/
	18v3-6	IM	NI	*Pm21* + *Yr15*

/：无。

/：None.

表 3 95 份抗白粉病或条锈病小麦材料主要农艺性状统计分析

Table 3 Statistical analysis of main agronomic traits in 95 wheat germplasm resources resistance to powdery mildew or stripe rust

性状 Trait	类型 Type	平均值 Mean	标准差 SD	变异系数 CV/%	峰度 Kurtosis	偏度 Skewness
株高 Plant height/cm	地方品种 Landraces	118.60a	9.93	8.37	3.84	−1.47
	育成品种(系)Bred varieties(lines)	75.15b	5.57	7.41	1.09	0.67
生育期 Growth period/d	地方品种 Landraces	157.20	2.72	1.73	0.18	0.40
	育成品种(系)Bred varieties(lines)	158.40	1.18	0.74	5.37	2.20
穗长 Spike length/cm	地方品种 Landraces	7.21	1.50	20.79	1.96	0.90
	育成品种(系)Bred varieties(lines)	7.41	0.69	9.32	−0.01	0.34
穗粒数 Grain number per spike	地方品种 Landraces	48.02	3.45	7.19	2.17	−0.63
	育成品种(系)Bred varieties(lines)	44.63	4.60	10.29	1.07	−0.61
千粒重 Thousand-grain weight/g	地方品种 Landraces	32.71	3.09	9.44	−0.32	0.11
	育成品种(系)Bred varieties(lines)	35.24	3.29	9.34	0.42	−0.83

表中数字为平均值；小写字母表示同一性状不同类型间在 0.05 水平上的显著性差异。

Values are means; Different letters denote significant differences between two types with the same trait at 0.05 level.

3　讨论

白粉病和条锈病是制约小麦安全生产的两大主要病害,培育抗病品种是最经济、绿色、有效的防控手段,而优异抗病种质资源的挖掘与利用是抗病育种的前提。浙江省地处长江中下游麦区,生态环境复杂,小麦生育期温湿度适宜病原菌滋生,病害发生风险较高。特殊的环境条件形成了较强的自然选择压力,使当地小麦种质积累了丰富的抗性遗传变异。本研究对 241 份浙江省小麦种质资源进行白粉病、条锈病抗性鉴定及抗病基因分子检测,结合农艺性状分析,明确了该区域小麦种质资源的抗病潜力与应用价值,为长江中下游麦区抗病育种提供了理论指导与材料支撑。

表型鉴定结果表明,浙江省小麦种质资源对白粉病和条锈病的抗性特征存在显著分化,地方品种与育成品种(系)的抗性表现差异明显。整体来看,供试材料白粉病抗性水平偏低,抗病资源高度集中于育成品种(系),地方品种不仅抗病材料匮乏,且抗病等级偏弱,大多为高感类型。这一特点与浙江小麦地方品种长期自然驯化、未经过系统抗病育种定向选择有关。与之相反,浙江小麦地方品种展现出优异的条锈病抗性,高抗种质资源占比高,抗性资源丰富,与前人报道的浙江小麦地方品种具备优异赤霉病抗性的研究结论一致[23-26],证实浙江小麦地方品种是优异抗病基因的重要载体。本研究筛选获得的兼抗白粉病、条锈病材料以育成品系为主,表明浙江省小麦抗病育种通过人工定向选择和基因聚合策略,已实现抗白粉病与抗条锈病基因的有效聚合,创制出一批多抗型优良种质,可为小麦多抗性育种提供优质亲本材料与新品种。

分子标记检测结果显示,供试小麦种质的抗白粉病、抗条锈病基因分布存在显著特异性。抗白粉病种质多携带单一抗病基因,基因聚合水平较低,仅实现 2 个抗病基因的聚合,*Pm4* 与*Pm21* 为优势检出基因,这与中国小麦主栽品种中两类基因的高频应用现状相契合[46]。*Pm4* 来源于四倍体波斯小麦,具有白粉病抗性[33],虽在生产上应用多年,部分地区出现抗性衰减现象,但本研究中抗病材料仍能检测到该基因,表明该基因通过合理布局和基因聚合,在浙江省小麦白粉病抗性改良中仍具有较大的利用价值。*Pm21* 来源于簇毛麦,编码 CC-NBS-LRR 抗病蛋白[5-7],是中国长江中下游麦区应用最广泛的抗白粉病基因[47-48],其具有全生育期广谱抗性,能抵御多种白粉病生理小种,是抗性表现优异的核心抗源。但存在抗源单一导致抗性被新毒性小种克服的风险,后续需加强新抗源的导入与基因聚合,提升小麦白粉病抗性的持久性。本研究未检测出*Pm8*、*Pm24* 和 *Pm60* 三种抗白粉病基因,与各基因的应用现状及抗性演化特征密切相关。*Pm8* 来源于 1B/1R 易位系,曾广泛应用于小麦抗病育种,但随着白粉病新毒性小种的出现,该基因在中国大部分地区已丧失抗性[49-50],本研究结果进一步证实了*Pm8* 基因在浙江省小麦种质资源中抗性丧失。*Pm24* 具有广谱白粉病抗性,编码串联激酶 3(WTK3),在中国地方品种中分布较少[22],本研究未检测到该基因,因此可将其作为候选抗源导入本地品种,拓宽白粉病抗源遗传基础。*Pm60* 来源于野生二粒小麦和乌拉尔图小麦[51-52],目前未广泛应用于小麦抗病育种中,本研究亦未检测出该基因,表明其尚未进入浙江省小麦育种体系,今后可将其纳入候选抗源库,丰富浙江省小麦抗病育种的遗传背景。

在抗条锈病种质中,多数供试材料均能检测到目标抗病基因,基因聚合最高可达 3 个,但所有三基因聚合材料均未达到高抗水平,推测可能是由于材料自身复杂的遗传背景抑制了抗病基因的表达,导致基因聚合的累加抗病优势无法充分发挥。*Yr10* 为检出频率最高的基因,该基因曾在中国小麦抗病育种中得到广泛应用,然而当前已出现抗性衰退,大量携带*Yr10* 的小麦品种对条锈病已丧失有效抗性[17]。本研究中*Yr10* 基因仅存在于地方品种中,育成品种(系)中均未检出,表明随着该基因抗性丧失,浙江省小麦抗条锈病育种已逐步淘汰该抗源。*Yr5* 和*Yr15* 是兼具全生育期、广谱抗性的优异抗条锈病基因,已在中国西北麦区成功应用[17],本研究中两者在地方品种和育成品种(系)中均具有较高的检出率,证实其仍是浙江省小麦抗条锈病育种的有效抗源。*Yr9* 位于 1BL/1RS 易位染色体上,曾在国内抗病育种中发挥重要作用,但目前在全国大部分地区丧失抗性[17],本研究未检测出该基因,说明其已退出浙江省小麦抗病育种。*Yr46* 是成株期持久多抗基因,单个基因效应不强,但可通过多基因聚合显著

提升小麦整体条锈病综合抗性[17]，今后可引入该基因开展聚合育种，培育持久抗病品种。值得关注的是，部分抗白粉病与抗条锈病种质并未检测到本研究选用的已知抗病基因，包含高抗条锈病地方品种与高抗白粉病育成品系。推测此类材料可能携带尚未被鉴定的新型抗病基因，或含有本研究标记未能覆盖的已知抗病基因，是小麦抗病基因挖掘、定位与克隆的关键材料，可有效丰富小麦抗病基因资源库。

综合农艺性状优良，是实现抗病、丰产协同改良的关键。本研究对 95 份抗病材料的农艺性状分析发现，所有抗病材料的生育期变异幅度小，能适应浙江生态条件，可作为当地育种的亲本材料。但地方品种株高偏高，抗倒伏能力弱，这与地方品种长期未经过株高改良、保留了原始生长特性有关，与山西、西藏等地小麦地方品种的株高性状表现一致[53-54]。因此，地方优异抗病种质利用需同步开展株高改良，通过杂交育种、分子标记辅助选择等技术降低株高、增强抗倒性，提升其育种利用价值。育成品种(系)表现出株高适中、千粒重高、综合性状优良，且多携带多基因聚合抗性，可直接作为优异亲本应用于多抗小麦育种。

综上所述，本研究明确了 241 份浙江省小麦种质资源的白粉病、条锈病抗性水平及抗病基因分布特征，筛选出一批抗病性稳定、农艺性状优良的优异种质资源，为小麦抗病性改良、抗病基因合理利用和新型抗源挖掘克隆提供了重要的材料基础，对丰富小麦抗病遗传背景、解决抗源单一问题具有重要意义。

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)：107.
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)：107.

[2]Wang B，Meng T，Xiao B，*et al*. Fighting wheat powdery mildew：From genes to fields [J]. *Theoretical and Applied Genetics*，2023，136(9)：196.

[3]刘万才，王保通，赵中华，等. 我国小麦条锈病历次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 Herald*，2022，42(6)：21.

[4]Zhang J D，Yang H，Han G H，*et al*. Fine mapping of *Pm71*，a novel powdery mildew resistance gene from emmer wheat [J]. *The Crop Journal*，2025，13(1)：62.

[5]He H G，Zhu S Y，Zhao R H，*et al*. *Pm21*，encoding a typical CC-NBS-LRR protein，confers broad-spectrum resistance to wheat powdery mildew disease [J]. *Molecular Plant*，2018，11(6)：879.

[6]Xing L P，Hu P，Liu J Q，*et al*. *Pm21* from *Haynaldia villosa* encodes a CC-NBS-LRR protein conferring powdery mildew resistance in wheat [J]. *Molecular Plant*，2018，11(6)：874.

[7]Zhu S Y，Liu C，Gong S J，*et al*. Orthologous genes *PM12* and *Pm21* from two wild relatives of wheat show evolutionary conservation but divergent powdery mildew resistance [J]. *Plant Communications*，2023，4(2)：100472.

[8]Li M M，Zhang H Z，Xiao H X，*et al*. A membrane associated tandem kinase from wild emmer wheat confers broad-spectrum resistance to powdery mildew [J]. *Nature Communications*，2024，15：3124.

[9]Jin Y L，Li W L，Li Y X，*et al*. *Pm37* as a susceptible *Sr22* allele confers resistance to wheat powdery mildew and leaf rust [J]. *Nature Communications*，2026，17：3165.

[10]Qiu D，Dong L L，Jiao C Z，*et al*. Wheat powdery mildew resistance gene *Pm52/Pm6* from *Triticum timopheevii* encodes an NLR protein with an integrated PRK domain [J]. *Plant Communications*，2025，6(12)：101569.

[11]Mcintosh R A，Dubcovsky J，Rogers W J，*et al*. Catalogue of gene symbols for wheat：2024，supplement [EB/OL]. https://shigen.nig.ac.jp/wheat/komugi/genes/symbolClassList.jsp. 2024.

[12]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*，2024，15：9925.

[13]Marchal C，Zhang J P，Zhang P，*et al*. BED-domain-containing immune receptors confer diverse resistance spectra to yellow rust [J]. *Nature Plants*，2018，4(9)：662.

[14]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(5919)：1360.

[15]Koller T，Brunner S，Herren G，*et al*. Pyramiding of transgenic *Pm3* alleles in wheat results in improved powdery mildew resistance in the field [J]. *Theoretical and Applied Genetics*，2018，131(4)：861.

[16]Kunz L，Sotiropoulos A G，Graf J，*et al*. The broad use of the *Pm8* resistance gene in wheat resulted in hypermutation of the *AvrPm8* gene in the powdery mildew pathogen [J]. *BMC Biology*，2023，21(1)：29.

[17]刘志勇，张怀志，白 斌，等. 中国小麦抗条锈病基因育种利用现状与策略[J]. 中国农业科学，2024，57(1)：34.
Liu Z Y，Zhang H Z，Bai B，*et al*. Current status and strategies for utilization of stripe rust resistance genes in wheat breeding program of China [J]. *Scientia Agricultura Sinica*，2024，57(1)：34.

[18]International Wheat Genome Sequencing Consortium(IWGSC). Shifting the limits in wheat research and breeding using a fully annotated reference genome [J]. *Science*，2018，361

(6403):eaar7191.

[19]朱展望,徐登安,程顺和,等. 中国小麦品种抗赤霉病基因 *Fhb1* 的鉴定与溯源[J]. 作物学报,2018,44(4):473.
Zhu Z W,Xu D A,Cheng S H,*et al*. Characterization of Fusarium head blight resistance gene *Fhb1* and its putative ancestor in Chinese wheat germplasm [J]. *Acta Agronomica Sinica*,2018,44(4):473.

[20]白彦明,李 龙,王绘艳,等. 蚂蚱麦和小白麦衍生系的遗传多样性分析[J]. 作物学报,2019,45(10):1468.
Bai Y M,Li L,Wang H Y,*et al*. Genetic diversity assessment in derivative offspring of Mazhamai and Xiaobaimai wheat [J]. *Acta Agronomica Sinica*,2019,45(10):1468.

[21]Guo G H,Bai K H,Hou Y K,*et al*. The wheat NLR pair *RXL/Pm5e* confers resistance to powdery mildew [J]. *Plant Biotechnology Journal*,2025,23(4):1260.

[22]Lu P,Guo L,Wang Z Z,*et al*. A rare gain of function mutation in a wheat tandem kinase confers resistance to powdery mildew [J]. *Nature Communications*,2020,11:680.

[23]华 为,范 敏,陈永兴,等. 浙江省小麦生产现状、挑战与发展趋势[J]. 应用与环境生物学报,2026,32(1):140.
Hua W,Fan M,Chen Y X,*et al*. Current status,challenges,and development trends of wheat production in Zhejiang Province [J]. *Chinese Journal of Applied and Environmental Biology*,2026,32(1):140.

[24]全国小麦赤霉病研究协作组. 小麦品种资源抗赤霉病性鉴定研究[J]. 作物品种资源,1984(4):2.
National Wheat Fusarium Head Blight Research Collaborative Group. Identification and research on scab resistance of wheat variety resources [J]. *Crop Variety Resources*,1984(4):2.

[25]余毓君,普 志,夏德术,等. 小麦品种平湖剑子麦抗赤霉病性基因分析[J]. 作物品种资源,1990(1):23.
Yu Y J,Pu Z,Xia D S,*et al*. Gene analysis of scab resistance of wheat variety Pinghujianzi [J]. *Crop Variety Resources*,1990(1):23.

[26]李又芳,余毓君. 小麦品种温州红和尚对赤霉病抗性指标的单体分析[J]. 华中农业大学学报,1988,7(4):327.
Li Y F,Yu Y J. Monosomic analysis for scab resistance index in wheat cultivar "WZHHS" [J]. *Journal of Huazhong Agricultural*,1988,7(4):327.

[27]张德云. 野生二粒小麦抗白粉病基因 *MlIW170*、*Pm26*、*MlWE74* 和 *PmWE35* 物理图谱的构建[D]. 北京:中国农业大学,2018.
Zhang D Y. Construction of physical map of powdery mildew resistance genes *MlIW170*,*Pm26*,*MlWE74* and *PmWE35* in *Triticum dicoccoides* [D]. Beijing:China Agricultural University,2018.

[28]国家市场监督管理总局,国家标准化管理委员会. 小麦抗病虫性评价技术规程 第 1 部分:条锈病:GB/T 45211.1—2025 [S]. 北京:中国标准出版社,2025.
StateAdministration for Market Regulation,Standardization Administration of China. Technical code for evaluation of wheat resistance to diseases and insect pests—Part 1:Stripe rust:GB/T 45211.1—2025 [S]. Beijing:China Standards Press,2025.

[29]Porebski S,Bailey L G,Baum B R. Modification of a CTAB DNA extraction protocol for plants containing high polysaccharide and polyphenol components [J]. *Plant Molecular Biology Reporter*,1997,15(1):8.

[30]李立会,杨欣明. 小麦野生近缘植物种质资源描述规范和数据标准[M]. 北京:中国农业出版社,2006.
Li L H,Yang X M. Descriptors and data standard for wild relatives of wheat [M]. Beijing:China Agriculture Press,2006.

[31]Qiu Y C,Sun X L,Zhou R H,*et al*. Identification of microsatellite markers linked to powdery mildew resistance gene *Pm2* in wheat [J]. *Cereal Research Communications*,2006,34(4):1267.

[32]Chen F,Jia H Y,Zhang X J,*et al*. Positional cloning of *PmCH1357* reveals the origin and allelic variation of the *Pm2* gene for powdery mildew resistance in wheat [J]. *The Crop Journal*,2019,7(6):771.

[33]SáNchez-MartíN J,Widrig V,Herren G,*et al*. Wheat *Pm4* resistance to powdery mildew controlled by alternative splice variants encoding chimeric proteins [J]. *Nature Plants*,2021,7(3):327.

[34]朱玉丽,王黎明,王洪刚. 小麦抗白粉病基因*Pm5e* 的 SSR 标记研究[J]. 分子植物育种,2008,6(6):1080.
Zhu Y L,Wang L M,Wang H G. Studies on SSR molecular marker of wheat powdery mildew resistance gene *Pm5e* [J]. *Molecular Plant Breeding*,2008,6(6):1080.

[35]Wang J J,Xu H X,Qie Y M,*et al*. Evaluation and identification of powdery mildew-resistant genes in 137 wheat relatives [J]. *Frontiers in Genetics*,2024,15:1342239.

[36]Bie T D,Zhao R H,Zhu S Y,*et al*. Development and characterization of marker *MBH1* simultaneously tagging genes *Pm21* and *PmV* conferring resistance to powdery mildew in wheat [J]. *Molecular Breeding*,2015,35(10):189.

[37]Zhao F K,Li Y H,Yang B J,*et al*. Powdery mildew disease resistance and marker-assisted screening at the *Pm60* locus in wild diploid wheat *Triticum urartu* [J]. *The Crop Journal*,2020,8(2):252.

[38]Smith P H,Hadfield J,Hart N J,*et al*. STS markers for the wheat yellow rust resistance gene *Yr5* suggest a NBS-LRR-type resistance gene cluster [J]. *Genome*,2007,50(3):259.

[39]李小雨,蒋 进,费德友,等. 39 份育成小麦品种(系)抗病基因分子检测[J]. 四川农业大学学报,2023,41(6):1038.
Li X Y,Jiang J,Fei D Y,*et al*. Molecular detection of disease resistance genes in 39 wheat cultivars and lines [J]. *Journal of Sichuan Agricultural University*,2023,41(6):1038.

[40]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.

[41] 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 [J]. *Crop Science*, 2009, 49(5): 1786.

[42] Zheng S G, Wu Y, Zhou M, *et al*. Characterization and diagnostic marker development for *Yr28-rga1* conferring stripe rust resistance in wheat [J]. *European Journal of Plant Pathology*, 2020, 156(2): 623.

[43] Kota R, Spielmeyer W, Mcintosh R A, *et al*. Fine genetic mapping fails to dissociate durable stem rust resistance gene *Sr2* from pseudo-black chaff in common wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2006, 112(3): 492.

[44] Hiebert C W, Thomas J B, Mccallum B D, *et al*. An introgression on wheat chromosome 4DL in RL6077 (Thatcher * 6/PI 250413) confers adult plant resistance to stripe rust and leaf rust (*Lr67*) [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2010, 121(6): 1083.

[45] Li Z F, Zheng T C, He Z H, *et al*. Molecular tagging of stripe rust resistance gene *YrZH84* in Chinese wheat line Zhou 8425B [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2006, 112(6): 1098.

[46] 毛嘉琦, 黄朋雨, 赵佳佳, 等. 山西小麦品种白粉病抗性评价及抗病基因分子检测[J]. 作物学报, 2026, 52(6): 1669.
Mao J Q, Huang P Y, Zhao J J, *et al*. Evaluation of powdery mildew resistance in wheat cultivars and molecular detection of resistance genes in Shanxi Province, China [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2026, 52(6): 1669.

[47] 汪尊杰, 胡文静, 高德荣, 等. 长江中下游小麦新品系赤霉病和白粉病抗性评估与抗病基因检测[J]. 麦类作物学报, 2025, 45(2): 175.
Wang Z J, Hu W J, Gao D R, *et al*. Evaluation of resistance to *Fusarium* head blight and powdery mildew and analysis of disease resistance genes of the advanced wheat lines in the middle and lower reaches of Yangtze River [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2025, 45(2): 175.

[48] 王卫东, 朱春弟, 黄金玲, 等. 96 份小麦品种(系)白粉病抗性评价及分子标记检测[J]. 麦类作物学报, 2026, 46(1): 1.
Wang W D, Zhu C D, Huang J L, *et al*. Resistance evaluation and molecular marker identification of powdery mildew resistance-related genes in 96 wheat varieties (lines) [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2026, 46(1): 1.

[49] 李 峰, 蔡 岳, 赵智勇, 等. 小麦品种(系)抗白粉病基因的鉴定[J]. 麦类作物学报, 2026, 46(2): 187.
Li F, Cai Y, Zhao Z Y, *et al*. Identification of powdery mildew resistance genes in wheat [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2026, 46(2): 187.

[50] 曹廷杰, 陈永兴, 李 丹, 等. 河南小麦新育成品种(系)白粉病抗性鉴定与分子标记检测[J]. 作物学报, 2015, 41(8): 1172.
Cao T J, Chen Y X, Li D, *et al*. Identification and molecular detection of powdery mildew resistance of new bred wheat varieties (lines) in Henan Province, China [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2015, 41(8): 1172.

[51] Wu Q H, Chen Y X, Li B B, *et al*. Functional characterization of powdery mildew resistance gene *MlIW172*, a new *Pm60* allele and its allelic variation in wild emmer wheat [J]. *Journal of Genetics and Genomics*, 2022, 49(8): 787.

[52] Zou S H, Wang H, Li Y W, *et al*. The NB-LRR gene *Pm60* confers powdery mildew resistance in wheat [J]. *New Phytologist*, 2018, 218(1): 298.

[53] 侯 洁, 付朵朵, 武海峰, 等. 山西省小麦地方品种的染色体多样性及遗传效应分析[J]. 作物学报, 2026, 52(3): 746.
Hou J, Fu D D, Wu H F, *et al*. Chromosome diversity and its effects in wheat landraces from Shanxi Province, China [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2026, 52(3): 746.

[54] 马艳明, 刘志勇, 肖 菁, 等. 新疆冬小麦地方品种主要性状的变异[J]. 麦类作物学报, 2011, 31(1): 159.
Ma Y M, Liu Z Y, Xiao J, *et al*. Analysis on main traits variation of winter wheat landrace varieties in Xinjiang [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2011, 31(1): 159.