麦类作物学报 2026,46(10):1271－1279
Journal of Triticeae Crops doi: 10.7606/j.issn.1009-1041.2026.10.01

网络出版时间:2026-09-20
网络出版地址:https://link.cnki.net/urlid/61.1359.S.20260920.1031.002

629份河南省小麦种质的条锈病抗性评价及抗病基因分析

杜习军[1],赵明忠[1],陈艳艳[1],王松峰[1],高 崇[1],巩 晨[1],胡 琳[1],
许为钢[1,2],齐学礼[1]

(1.河南省作物分子育种研究院/河南省小麦种质资源与遗传改良重点实验室/神农种业实验室,河南郑州 450002;
2.河南农业大学农学院,河南郑州 450046)

摘 要:近年来,由于条锈菌小种CYR34的流行,河南省小麦条锈病发生呈现上升趋势。为明确河南省小麦对CYR34等优势小种的抗性,本研究鉴定了629份河南省小麦种质苗期和成株期对CYR34等优势小种的抗性,并利用KASP分子标记对抗性基因*Yr5*、*Yr7*、*Yr15*、*Yr18*、*Yr78*、*Yr81*、*YrZH84*和*YrZM1354*进行检测,系统评价其抗性水平与遗传基础。结果表明,供试的629份小麦种质对CYR34等当前流行小种的抗性水平整体偏低,育成品种的成株期抗性显著弱于农家种。利用分子标记未检测到携带*Yr5*、*Yr15*、*Yr81*的品种;成株期抗性基因*Yr18*在农家种中检出频率为93.03%,而在育成品种中仅占1.95%;仅育成品种携带*YrZM1354*、*YrZH84*。通过遗传效应分析,*Yr18*对小麦抗条锈性表型贡献最大,而*YrZM1354*单基因效应最强,聚合*YrZH84*与*YrZM1354*可提升苗期抗条锈性。基于以上结果,建议河南小麦抗病育种应回补*Yr18*,加速利用*YrZM1354*等新抗源,推进多基因聚合育种,以拓宽抗病遗传基础,培育持久抗病新品种。

关键词:小麦条锈病;KASP标记;分子检测;基因聚合;抗病育种

中图分类号:S512.1; S330 **文献标识码**:A **文章编号**:1009-1041(2026)10-1271-09

Evaluation of Stripe Rust Resistance and Analysis of Resistance Genes in 629 Henan Wheat Germplasms

Du Xijun[1], Zhao Mingzhong[1], Chen Yanyan[1], Wang Songfeng[1], Gao Chong[1], Gong Chen[1], Hu Lin[1], Xu Weigang[1,2], Qi Xueli[1]

(1. Henan Academy of Crops Molecular Breeding/ Key Laboratory for Wheat Germplasm Resources and Genetic Improvement in Henan Province/ The Shennong Laboratory, Zhengzhou, Henan 450002, China; 2. College of Agronomy, Henan Agricultural University, Zhengzhou, Henan 450046, China)

Abstract: In recent years, the occurrence of wheat stripe rust in Henan Province has shown an increasing trend due to the prevalence race CYR34 of the stripe rust. To clarify the resistance of wheat germplasms in Henan against dominant races including CYR34, this study systematically evaluated the resistance and genetic basis of 629 local wheat germplasms at both seedling and adult plant stages. Stripe rust resistance genes (*Yr5*, *Yr7*, *Yr15*, *Yr18*, *Yr78*, *Yr81*, *YrZH84*, and *YrZM1354*) were genotyped using KASP markers. The results revealed a generally low resistance level in the tested wheat population to currently prevalent races including CYR34, with cultivars exhibiting significantly weaker adult-plant stage resistance than landraces. The adult-plant stage resistance gene *Yr18* was detected at a frequency of 93.03% in the landraces, whereas it was found in only 1.95% of cultivars.

收稿日期:2026-02-11 修回日期:2026-04-01
基金项目:国家自然科学基金青年项目(32501915);河南省科技研发计划联合基金(优势学科培育类)培育项目(242301420124);河南省农业科学院博士科研启动费项目(2026BX16,2026BX15);河南省农业科学院优秀青年科技基金项目(2024YQ09);国家小麦产业技术体系专项(CARS-03-7)
第一作者 E-mail:duxijun2015@126.com(杜习军);zmingzhongz@163.com(赵明忠)
通讯作者 E-mail:xueliqi888@163.com(齐学礼)

Meanwhile, cultivars carried new resistant genes *YrZM1354* and *YrZH84*. Further genetic effect analysis showed that *Yr18* contributed the most to the wheat population's phenotypic resistance, while *YrZM1354* had the strongest single-gene effect. Combining *YrZH84* and *YrZM1354* can enhance seedling resistance. Based on these testing results, it is recommended that wheat disease resistance breeding in Henan should focus on reintroducing *Yr18*, accelerating the deployment of new genes such as *YrZM1354*, and promoting multi-gene pyramiding to broaden the genetic basis of resistance and develop durable-resistant varieties. This study provides valuable resistant source materials, genetic insights, and strategic guidance for wheat disease resistance breeding in Henan Province.

Keywords: Wheat stripe rust; KASP marker; Molecular detection; Gene pyramiding; Disease-resistant breeding

小麦是全球大约 35%～40%人口的主粮[1]。小麦条锈病是由条形柄锈菌小麦专化型 *Puccinia striiformis* West. f. sp. *tritici* Eriks. & Henn. (*Pst*)引起的一种世界性叶部病害,大流行年份可导致小麦 70%以上的产量损失,危害严重[2-3]。中国是世界上最大的小麦生产国和消费国,河南是中国小麦生产第一大省,种植面积占全国的 23%,产量占全国的 27%[4]。

小麦条锈病是河南麦区的第一大病害。1990 年、2002 年、2017 年在河南省分别造成 5.5×10^8、1.4×10^8 和 2.0×10^8 kg 的产量损失[5]。因此,在河南省小麦品种审定中,对条锈病抗性达不到要求的品种实行一票否决制。近年来,由于条锈菌 CYR34 的流行,河南省小麦条锈病发生呈现上升趋势,2020 和 2021 两年发病面积均超过 1.5×10^8 hm^2,造成了严重的产量和经济损失[6]。选育和种植抗病品种是目前最为经济、绿色且有效的防治措施。根据抗病基因对小麦条锈病的抗性模式可将抗病基因分为苗期抗性基因和成株期抗性基因[3]。苗期抗性属小种专化型抗性,这类抗病基因受环境影响不大,与病原菌内的特异毒性基因相对,符合基因对基因假说[7-8]。成株期抗病性一般具有非小种专化性、持久性等特点[9-10]。

迄今,国际上正式命名的小麦抗条锈病基因共有 87 个,包括 59 个苗期抗条锈病基因和 28 个成株期抗条锈病基因,临时命名的抗性基因和 QTLs 分别有 60 和 300 多个[11-17]。目前,59 个苗期抗病基因中,仅有来源于小麦近缘属种的 *Yr5* 和 *Yr15* 对当前流行小种 CYR32、CYR33、CYR34 表现抗病,但由于这些近缘种综合农艺性状较差,难以作为亲本直接用于小麦品种改良,并且这些基因多见于中国的四川盆地、关中、陕南等地,而包括河南省在内黄淮南片麦区的小麦品种中还未有应用[4]。*Yr7* 在全球范围内长期使用,在世界绝大多数小麦产区已基本丧失抗性,不再具备单独使用价值[18]。*Yr18*、*Yr36* 和 *Yr46* 具有成株期抗性或高温成株抗性,且兼有对小麦白粉病、叶锈病、秆锈病等多种小麦病害抗性,近年来备受关注,其中 *Yr18* 基因被广泛应用[19]。*YrZH84* 和 *YrZM1354* 发现于河南省育成小麦品种周 8425B 和郑麦 1354,小麦抗性育种的新抗源[20-21]。*Yr78* 和 *Yr81* 也是近些年被发现对当前条锈菌流行小种具有一定抗性的基因,但 *Yr81* 在育成品种中的检出率较低[21]。KASP 标记技术以其高效率、低成本、适用性广等优点,在小麦抗条锈性状的基因定位及分子辅助育种中发挥着重要作用[23-24]。本研究拟鉴定 629 份河南省小麦种质苗期与成株期对 CYR34 等优势生理小种的抗性,并利用 KASP 标记对 *Yr5*、*Yr7*、*Yr15*、*Yr18*、*Yr78*、*Yr81*、*YrZH84* 和 *YrZM1354* 共 8 个已知抗条锈病基因进行分子检测,评价供试种质的抗性现状与遗传基础,为抗条锈病新品种的选育及抗病资源的利用提供参考。

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试的 629 份河南省小麦种质包括 373 份农家种和 256 份育成材料(大面积推广品种和骨干亲本),由河南省作物分子育种研究院小麦分子育种团队提供。

1.2 供试菌种

苗期接种所用的 CYR34 由西北农林科技大学农学院韩德俊教授馈赠。成株期接种所用的流行混合菌(包括 CYR34、CYR33、CYR32 等流行小种)由甘肃省农业科学院植物保护所提供。

1.3 苗期抗性鉴定

将试验材料于 2024 年 2 月上旬播种于 5 cm

×5 cm×10 cm 的培养钵中,每个培养钵在 4 个角上分别种植 4 份种质,每份种质 4～5 粒种子,并插入有编号的标签,将培养钵置于育苗盘中,加足量水以保证种子充分吸水出苗,放于培养箱中,光/暗周期为 16 h/8 h,温度为 18 ℃/12 ℃。小麦长到二叶期时(约 15 d)采用抖粉法接菌种。接菌方法:将小麦条锈菌夏孢子与滑石粉以 1∶50(v/v)的比例混合均匀,放置于 50 mL 塑料离心管中,管口用三层纱布包裹,抖落在被 0.1%的吐温 20 脱蜡处理的小麦叶片上,以铭贤 169 为感病对照。将接种后的小麦用黑色塑料袋包裹保湿,置于 10 ℃培养箱中暗培养 24～36 h 后,将小麦置于光暗周期 16 h/8 h、温度 16 ℃/10 ℃、光强度 20 000 lx 的培养箱中培育,在接种 15～20 d 后,待感病对照铭贤 169 充分发病时,按照 0～9 级标准记录反应型[25]。反应型(infection type,IT)0 为免疫(IM),1～3 为高抗(HR),4～6 为中抗(MR),7～9 为感病(S)。每隔 3 d 鉴定 1 次,共鉴定 3 次,取最严重的反应型为最终鉴定结果。2024 年 3 月中旬进行重复试验。

1.4　成株期抗性鉴定

将参试小麦种质分别于 2021 和 2022 年 10 月中旬种植于河南省原阳县河南现代农业研究开发基地(东经 113.707°,北纬 35.011°)。每份种质种 2 行,行长 1 m,行距 23.1 cm,株距 3.3 cm,设 3 个重复。于每年 3 月 7 日左右 16 点以后接种混合条锈菌,接种方法同苗期抗性鉴定。以小偃 22 作为感病对照,连续 3 d 上午 10、12、14、16 点进行喷雾保湿。5 月中上旬待感病对照小偃 22 充分发病时,根据悉尼大学作物锈病研究中发布的田间记载条锈病反应的评价标准[Research areas-Faculty of Science(sydney.edu.au)],对参试材料条锈病反应型进行评估,IT=1～3 为高抗,IT=4 为中抗,IT=5 为中间型,IT=6 为中感,IT=7～9 为高感。

1.5　抗性基因检测

田间麦苗 4 叶期时,每份种质取 2 cm 长度的幼嫩叶片置于 2 mL 离心管,冷冻干燥后用组织破碎仪研磨成粉末,采用 CTAB 法提取 DNA[26]。使用分光光度计(NanoDropone,赛默飞世尔科技有限公司)测定 DNA 浓度,并用 ddH_2O 将 DNA 浓度稀释至 50 ng·μL^{-1}。抗性基因的 KASP 标记引物序列均由上海生工生物工程有限公司合成(表 1)。PCR 反应体系 5 μL:2.5 μL DNA,2.43 μL 2×KASP Master mix(石家庄博瑞迪生物技术有限公司),0.07 μL KASP Assay mix(100 μM 的 FAM primer∶HEX primer∶Common primer∶无菌水以 12∶12∶30∶46 的体积比例混合物)。PCR 反应利用 384 孔 PCR 板在水浴 PCR 仪(LGC Hydrocycler)中进行,反应程序为:94 ℃ 15 min;94 ℃ 20 s,67～55 ℃(每个循环下降 1.2 ℃)60 s,10 个循环;94 ℃ 20 s,55 ℃ 60 s,29 个循环。基因分型结果分别通过软件 OMega、KlusterCaller 读取和呈现。

1.6　数据分析

采用 Excel 2019 处理数据,用 R V4.6.0(agricolae、muttcompriew、emmeans)包进行方差、回归、多重比较分析和绘图。

2　结果与分析

2.1　河南省小麦种质的条锈病抗性

629 份河南省小麦种质对小麦条锈菌优势小种 CYR34 的苗期抗性鉴定结果表明,免疫种质 56 份,占比 8.9%;高抗种质 103 份,占比 16.4%;中抗种质 113 份,占比 18.0%;感病种质 357 份,占比 56.8%;农家种和育成材料的平均反应型分别为 5.49 和 6.27。成株期抗性鉴定结果表明,629 份种质中,高抗种质 82 份,占比 13.0%;中抗种质 102 份,占比 16.2%;中间型种质 116 份,占比 18.4%;中感种质 100 份,占比 15.9%;高感种质 229 份,占比 36.4%;农家种和育成材料的平均反应型分别为 4.68 和 6.49。

综合分析苗期和成株期抗性表型,629 份小麦种质中,有 37 份在苗期和成株期均对条锈病表现高抗至免疫(表 2),其中 11 份是育成材料。

2.2　河南省小麦种质抗病基因分布及效应分析

利用 KASP 标记对供试材料进行分子检测,结果(图 1)显示,373 份农家种中携带 *Yr5*、*Yr7*、*Yr15*、*Yr18*、*Yr78*、*Yr81*、*YrZH84* 和 *YrZM1354* 的数量分别为 0、6(1.61%)、0、347(93.03%)、7(1.88%)、0、0 和 0 个;256 份育成材料中携带 *Yr5*、*Yr7*、*Yr15*、*Yr18*、*Yr78*、*Yr81*、*YrZH84* 和 *YrZM1354* 的数量分别为 0、40(15.63%)、0、5(1.95%)、83(32.42%)、0、33(12.89%)和 12(4.69%)个。综上所述,在供试材料中未检测到抗条锈病基因 *Yr5*、*Yr15* 和 *Yr81*;*YrZH84* 和 *YrZM1354* 仅存在于育成材料中,育成材料中 *Yr7*、*Yr78* 的检出频率较高,但 *Yr18* 的检出频率明显低于农家种。

表 1 KASP 标记引物信息

Table 1 Information of KASP primers

基因 Gene	引物 Primer	引物序列 Primer sequence(5′－3′)	参考文献 Reference
Yr5	FAM	GAAGGTGACCAAGTTCATGCTGCGCCCCTTTTCGAAAAAATA	[27]
	HEX	GAAGGTCGGAGTCAACGGATTCTAGCATCAAACAAGCTAAATA	
	Common	ATGTCGAAATATTGCATAACATGG	
Yr7	FAM	GAAGGTGACCAAGTTCATGCTGCTGAGAAAGGCTTGACATCA	[27]
	HEX	GAAGGTCGGAGTCAACGGATTGCTGGAAATGGCTTGAGATCG	
	Common	AATGGCGTGGCTAAGGACAGA	
Yr15	FAM	GAAGGTGACCAAGTTCATGCTAGTCAACTTGGATTACACTGAAGTT	[28]
	HEX	GAAGGTCGGAGTCAACGGATTAGTCAACTTGGATTACACTGAAGTC	
	Common	AGATATCACACTGAACATACTGATGAG	
Yr18	FAM	GAAGGTGACCAAGTTCATGCTGGTATGCCATTTAACATAATCATGAA	[29]
	HEX	GAAGGTCGGAGTCAACGGATTGGTATGCCATTTAACATAATCATGAT	
	Common	TACTATATGGGAGCATTATTTTTTTCC	
Yr78	FAM	GAAGGTGACCAAGTTCATGCTAAGACCCTACGACGTTAGCGC	[30]
	HEX	GAAGGTCGGAGTCAACGGATTAGACCCTACGACGTTAGCGA	
	Common	ATTGGAATCAGCTGGGTCAT	
Yr81	FAM	GAAGGTGACCAAGTTCATGCTGAAGGTGACCAAGTTCATGCTATTCA	[31]
	HEX	GAAGGTCGGAGTCAACGGATTGAAGGTCGGAGTCAACGGATTCCAA	
	Common	TGTGGAGCGTGACAATGAGGAAGTT	
YrZH84	FAM	GAAGGTGACCAAGTTCATGCTGTGTCACTAATGAGTTCTCAAAAGC	[32]
	HEX	GAAGGTCGGAGTCAACGGATTGTGTCACTAATGAGTTCTCAAAAGT	
	Common	GAAATCATCCACTAATTCCATGGC	
YrZM1354	FAM	GAAGGTGACCAAGTTCATGCTATGGCCTCAGCAATACGAGCA	[21]
	HEX	GAAGGTCGGAGTCAACGGATTATGGCCTCAGCAATACGAGCG	
	Common	ASGGGATGCAGATAACACATC	

表 2 苗期和成株期均对条锈病表现高抗或免疫的小麦种质

Table 2 Wheat germplasms exhibiting high resistance to immunity against stripe rust across both seedling and adult plant stages

小麦种质 Wheat germplasm	成株期 Adult plant stage				苗期 Seedling stage		携带基因 Carrying genes
	2021－2022		2022－2023				
	IT	RE	IT	RE	IT	RE	
气死牛 Qisiniu	3	HR	2	HR	3	HR	*Yr18*
秃葫芦头 Tuhulutou	3	HR	2	HR	1	HR	*Yr18*
白银条 Baiyintiao	3	HR	2	HR	3	HR	*Yr18*
白麦 Baimai	3	HR	2	HR	1	HR	*Yr18*
白皮麦 Baipimai	3	HR	2	HR	2	HR	*Yr18*
早三天 Zaosantian	3	HR	2	HR	3	HR	*Yr*18
三月黄 Sanyuehuang	3	HR	2	HR	2	HR	*Yr18*
小籽白 Xiaozibai	2	HR	2	HR	2	HR	*Yr18*
苦麦 Kumai	3	HR	2	HR	2	HR	*Yr18*
紫杆白 Ziganbai	3	HR	2	HR	1	HR	*Yr18*
二小麦 Erxiaomai	3	HR	2	HR	2	HR	*Yr18*
曲二芒 Quermang	3	HR	2	HR	1	HR	*Yr18*
早八石 Hanbadan	3	HR	2	HR	0	IM	—
红芒白麦 Hongmangbaimai	3	HR	2	HR	3	HR	*Yr18*
蚰子麦 Youzimai	3	HR	2	HR	1	HR	*Yr18*
红芒白 Hongmangbai	3	HR	2	HR	3	HR	*Yr18*
红芒麦 Hongmangmai	3	HR	2	HR	1	HR	*Yr18*
蒲扇把麦 Pushanbamai	3	HR	2	HR	3	HR	*Yr18*
二糙麦 Ercaomai	3	HR	2	HR	2	HR	*Yr18*
大籽红 Dazihong	3	HR	2	HR	3	HR	*Yr7*、*Yr18*
五花头 Wuhuatou	3	HR	2	HR	1	HR	*Yr7*、*Yr18*
长籽糙 Changzicao	3	HR	2	HR	1	HR	*Yr18*
乌克兰 Wukelan	3	HR	2	HR	2	HR	*Yr18*
白芒红 Baimanghong	3	HR	2	HR	1	HR	*Yr18*
拳芒 Quanmang	3	HR	2	HR	2	HR	*Yr18*
蚰子头 Youzitou	3	HR	2	HR	2	HR	*Yr18*
矮丰 3 号 Aifeng 3	1	HR	2	HR	0	IM	*Yr78*
豫麦 47 号 Yumai 47	2	HR	2	HR	0	IM	*Yr7*、*Yr78*
豫麦 54 号 Yumai 54	3	HR	2	HR	0	IM	*Yr7*
百农 419 Bainong 419	3	HR	2	HR	1	HR	—
郑麦 1354 Zhengmai 1354	3	HR	2	HR	2	HR	*YrZH84*、*YrZM1354*
周麦 28 Zhoumai 28	2	HR	2	HR	2	HR	*YrZH84*、*YrZM1354*
中育 1220 Zhongyu 1220	1	HR	2	HR	0	IM	*YrZH84*、*YrZM1354*
中育 1311 Zhongyu 1311	1	HR	2	HR	2	HR	*YrZH84*、*YrZM1354*
许科 168 Xuke 168	2	HR	2	HR	2	HR	*YrZH84*、*YrZM1354*
国麦 0319 Guomai 0319	2	HR	2	HR	3	HR	*YrZH84*、*YrZM1354*
郑 1867 Zheng 1867	2	HR	2	HR	0	IM	*YrZH84*、*YrZM1354*

加粗字体代表育成品种。IT：反应型；RE：抗性评价。

Bolded fonts indicate the released cultivars. IT: Infection type; RE: Resistance evaluation.



黑点表示空白对照,红点和蓝点分别表示感病基因型和抗病基因型。

Black dots represent the blank control; Red and blue dots represent susceptible and resistant genotypes, respectively.

图 1　部分基因在 373 份农家种和 256 份育成材料中的分布

Fig. 1　Genotyping cluster plots of resistance genes from 373 landrace and 256 released cultivars

分析 5 个抗条锈病基因(*Yr7*、*Yr18*、*Yr78*、*YrZH84*、*YrZM1354*)对小麦苗期环境(SS)、2021—2022 和 2022—2023 年度成株期环境(Env1 和 Env2)的抗条锈性效应,结果(表 3)显示,*Yr18* 和*YrZM1354* 基因在 3 种环境中均表现出极显著效应($P<0.01$),*YrZH84* 基因在环境 SS 和 Env2 中效应显著($P<0.05$),在 Env1 环境中效应极显著,表明这 3 个基因与小麦苗期和成株期抗条锈性显著相关。*Yr7* 和*Yr78* 基因在 3 种环境的效应均未达到显著水平,表明这两个基因对小麦抗条锈表型的贡献不显著。

分析 3 个对小麦条锈病抗性有显著效应的基因(*Yr18*、*YrZH84*、*YrZM1354*)与反应型的相关性,结果(图 2)发现,携带抗病基因的种质在 3 种环境中均表现出更低的反应型,说明其抗性更强。其中,*YrZM1354* 的回归系数(β 值)绝对值最大(−4.043),表明该基因与小麦抗条锈病性关系最大;*Yr18* 和*YrZH84* 的β值分别为−1.969 和−1.326,说明其与抗条锈相关性也较大。

对不同基因在 3 种环境下(Env1、Env2 和 SS)对小麦条锈病抗性的贡献分析(图 3)显示,*Yr18* 在 3 种环境中对小麦条锈病抗性贡献均最大,在 SS、Env1 和 Env2 中对小麦条锈病抗性的贡献率分别为 69.4%、60.7% 和 71.1%;*YrZM1354* 在 3 种环境中的贡献率分别为 14.7%、25.9%和 27.3%;*YrZH84* 在三种环境中贡献率分别为 4.8%、1.6%和 0.0%。这表明在供试材料中,*Yr18* 在小麦条锈病抗性中发挥着主要作用,而*YrZM1354* 和*YrZH84* 对小麦条锈病抗性贡献相对较小。

供试种质按照携带*Yr18*、*YrZH84* 和*YrZM1354* 的状况共分为 5 种类型:不携带抗病基因(Geno Ⅰ)、仅含*YrZM1354*(Geno Ⅱ)、仅含*YrZH84*(Geno Ⅲ)、同时携带 *YrZM1354* 与 *YrZH84*(Geno Ⅳ)、仅含*Yr18*(Geno Ⅴ),对其在 3 种环境下的条锈病抗性进行分析,结果(图 4)显示,未携带抗病基因的种质在 3 种环境中对条锈菌的反应型均最高,

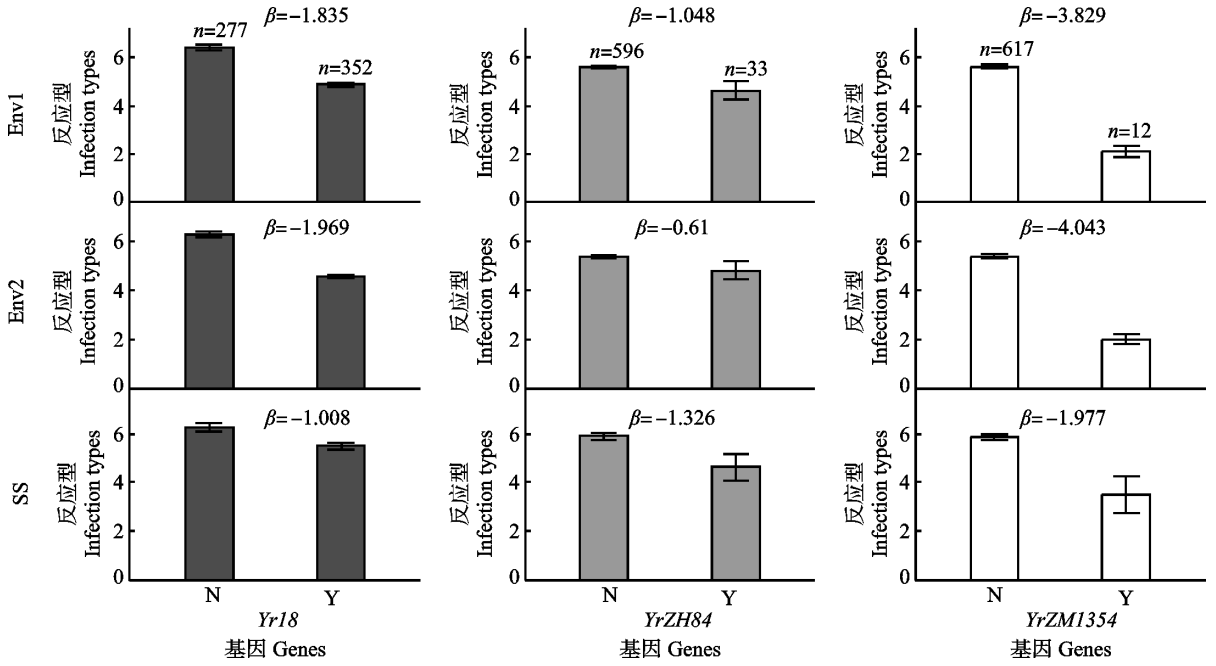
表 3　5 个抗条锈病基因的方差分析

Table 3　Analysis of variance for five stripe rust resistance genes

环境 Environment	*Yr7*	*Yr18*	*Yr78*	*YrZH84*	*YrZM1354*
SS	0.02	20.34**	3.58	4.97*	15.24**
Env1	0.18	163.09**	0.21	10.91**	59.18**
Env2	0.13	210.23**	0.55	4.45*	76.82**

SS、Env1 和 Env2 分别表示苗期环境、2021—2022 和 2022—2023 年度成株期环境;**:$P<0.01$;*$P<0.05$。图 3 同。

SS, Env1 and Env2 denote the environment at seedling stage, those at adult plant stage of 2021−2022 and 2022−2023, respectively; **: $P<0.01$; *: $P<0.05$. The same in figure 3.



Y 和 N 分别表示携带和不携带该基因；*n*：种质数量。

Y and N indicate the germplasm carries or does not carry the rust gene, respectively. *n*: Number of germplasm.

图 2 基因对小麦条锈病抗性效应分析

Fig. 2 Analysis of genotype effect on wheat stripe rust resistance

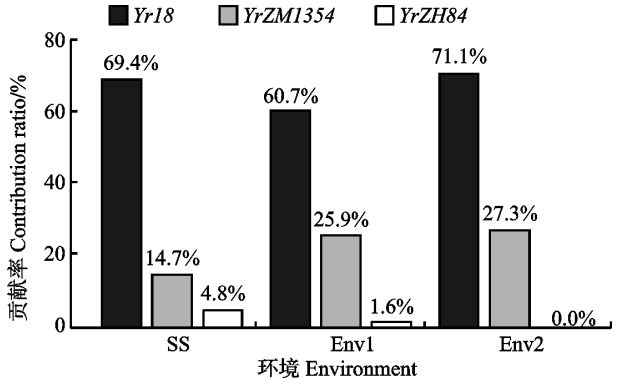


图 3 基因在 3 种环境下对小麦条锈病抗性的贡献率

Fig. 3 Relative contribution proportion of genes to wheat stripe rust resistance under the three environments

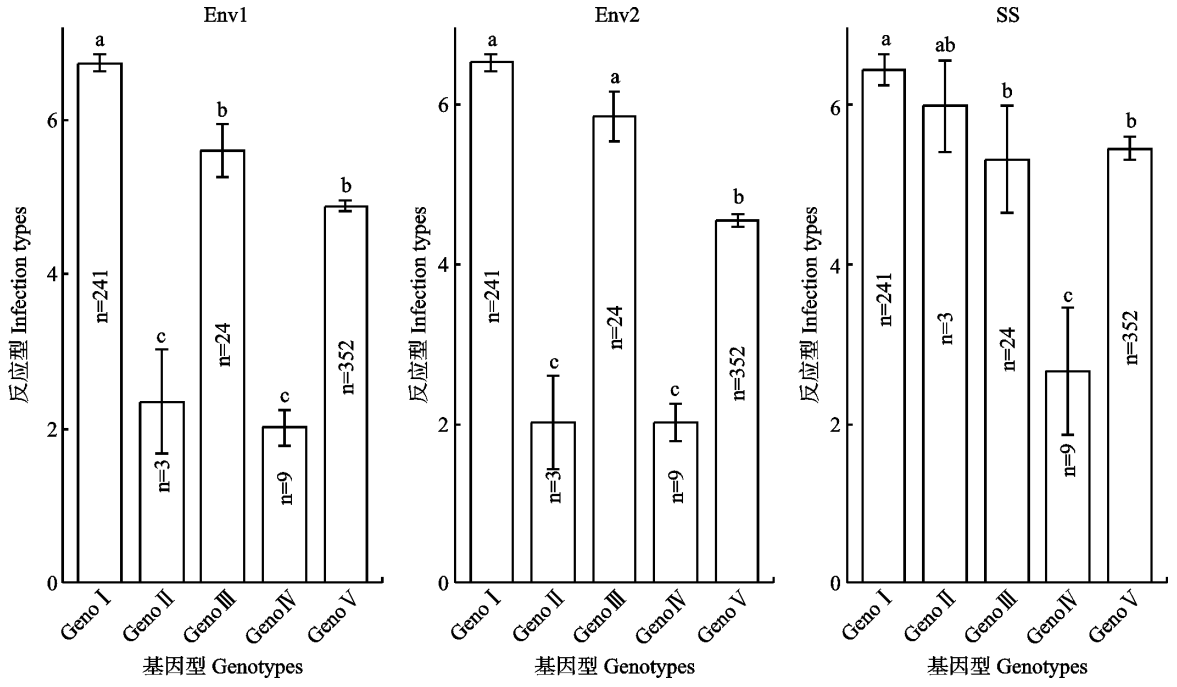
说明抗性水平最低，进一步证实*Yr18*、*YrZH84* 与 *YrZM1354* 在苗期和成株期对条锈病抗性均具有重要作用。在两年成株期抗性环境（Env1 与 Env2）中，GenoⅣ（*YrZM1354*＋*YrZH84*）与 GenoⅡ（仅含*YrZM1354*）的抗性均显著优于其他基因型，但二者之间抗性差异不显著。这表明在小麦条锈病成株期抗性中，*YrZM1354* 是介导成株期抗性的关键基因；*YrZH84* 对两年成株期环境（Env1 与 Env2）小麦条锈病的抗性效应不稳定，在 Env1 中显著，在 Env2 中不显著。在苗期（SS）条件下，同时携带 *YrZM1354* 与 *YrZH84* 种质的平均反应型最低，说明 *YrZM1354* 与 *YrZH84* 在苗期抗性中可能存在累加效应。综合来看，*YrZM1354* 不仅是成株期抗性的关键遗传因子，其与 *YrZH84* 在苗期存在抗性累加效应，为多基因聚合育种提供了重要参考。

3 讨论

本研究针对 629 份河南省小麦核心种质资源，开展了苗期与成株期条锈病抗性鉴定，检测已知抗条锈病基因及其有效性，全面揭示了河南省小麦种质的抗条锈性、关键抗病基因的分布与遗传效应，并筛选出一批苗期和成株期对条锈病均表现高抗至免疫的种质。

3.1 河南省小麦种质对当前条锈菌流行小种的抗性现状与挑战

河南省小麦种质对 CYR34 等当前优势小种的总体抗性水平较低。苗期与成株期抗病种质比例分别为 43.2%和 19.2%，凸显了条锈病的持续威胁。农家种在成株期的平均抗性（IT＝4.68）显著优于育成品种（IT＝6.49），表明育成品种成株期抗性存在下降的风险，亟需挖掘利用新抗源。本研究筛选出 37 份苗期和成株期对小麦条锈病均表现高抗至免疫的种质，其中 11 份为育成品种，为抗病育种提供了可直接利用的核心亲本。



Geno Ⅰ、Geno Ⅱ、Geno Ⅲ、Geno Ⅳ和 Geno Ⅴ分别代表:不含抗病基因、仅含*YrZM1354*、仅含*YrZH84*、同时含*YrZM1354*与*YrZH84*和仅含*Yr18*基因。

Geno Ⅰ, Geno Ⅱ, Geno Ⅲ, Geno Ⅳ, and Geno Ⅴ represent: Absence of disease resistance genes, presence of only *YrZM1354*, presence of only *YrZH84*, presence of both *YrZM1354* and *YrZH84*, and presence of only *Yr18*, respectively.

图 4　不同基因型种质的抗条锈性分析

Fig. 4　Analysis of stripe rust resistance in germplasms with different genotypes

3.2　河南省小麦抗病基因的分布演变

对 8 个已知抗条锈病基因的分子检测揭示了河南省小麦抗性遗传基础的动态变化。*Yr18* 在农家种中检出频率为 93.03%,而在育成品种中仅为 1.95%,造成*Yr18* 严重流失的原因可能因其与干叶尖等不良农艺性状连锁。这一关键持久抗性基因的严重流失也部分解释了育成品种的成株期平均抗性显著低于农家种。育成品种中*Yr7*、*Yr78*、*YrZH84* 和*YrZM1354* 等基因的检出频率显著提升,尤其是*YrZH84* 和*YrZM1354* 只存在于育成品种中。这表明,育种家为应对病菌变异有意识地引入和利用新的抗病基因以拓宽抗谱,*YrZH84* 和*YrZM1354* 是近些年被成功发掘于河南省小麦周 8425B 和郑麦 1354 并应用于小麦育种的新抗源。这一“此消彼长”的格局清晰地反映了现代育种策略的转向:从依赖广谱、持久的成株抗性基因转向更多利用针对性强、抗性水平可能更高的主效基因。虽然这种策略有助于快速应对当前流行小种,但广谱抗性背景基因(如*Yr18*)的严重缺失,可能削弱品种群体对病原菌长期变异的遗传缓冲能力,增加抗性“丧失”的风险,值得育种家高度警惕。另一方面,目前苗期抗 CYR34 的*Yr5* 和*Yr15* 两个基因在 629 份小麦资源中均未检测到,但却发现了较高比例(合计约 43.3%)的免疫、高抗和中抗 CYR34 的种质。推测在表现抗病的农家种和部分育成品种中,存在能够有效抵抗 CYR34 且尚未被鉴定或报道的新抗源或抗病基因,可作为后续通过遗传学手段发掘新基因的种质。

3.3　关键抗病基因的遗传效应

方差分析与遗传效应评估进一步明确了关键基因的功能。*Yr18* 和*YrZM1354* 被证实对苗期和成株期抗性均有稳定且极显著的效应。*Yr18* 对表型变异的解释比例(贡献率)在 3 种环境中均占据绝对主导地位(平均>67%),但*YrZM1354* 展现出最强的单基因效应(β 绝对值最大)。这种“单基因效应强度”与“群体表型贡献率”分离的原因很大程度上是基因频率相差悬殊造成的。建国前,河南省小麦种植以农家种为主,长期自然选择使*Yr18* 在该群体中几乎固定(频率达 93.03%),这也可能是农家种成株期持久抗性的遗传基础。然而,该基因与干叶尖等不利农艺性状存在连锁,

限制了其在现代育种中的直接利用。相反，*YrZM1354* 来源于主栽品种郑麦 1354，未发现明显的连锁累赘，更符合现代育种对综合农艺性状的需求。因此，*Yr18* 在育成品种中近乎消失（频率仅 1.89%），而 *YrZM1354* 等新基因的引入与利用，正反映了育种者在平衡抗病性与农艺性状过程中的主动选择与基因更替。

3.4 河南小麦抗病育种的建议

（1）抢救与回补成株期广谱抗病基因 *Yr18*。*Yr18* 是一个多抗位点，不仅对小麦条锈病有较好抗性，对小麦白粉病、叶锈病、秆锈病也有成株期抗性。应利用分子标记辅助选择，在不影响主要农艺性状的前提下，将其系统性地回交导入现代主栽品种的骨干亲本中，以稳固抗病育种的“基石”。

（2）发掘与利用新抗源。加强对鉴定出的已知基因无法解释其抗性的种质进行遗传解析，以挖掘新的抗病基因，同时应加速 *YrZM1354* 和 *YrZH84* 等已验证有效的新型抗源在育种计划中的部署，特别是 *YrZM1354*，可快速提升抗性水平。

（3）大力推进多基因聚合育种。基因型及基因组合分析为抗性改良提供了明确的策略方向，聚合 *YrZH84*、*YrZM1354* 两个基因在苗期抗性表现最优，证实了多基因累加的优越性。成株期抗性中，*YrZM1354*＋*YrZH84* 基因型及仅含 *YrZM1354* 基因型的种质间抗条锈水平差异不显著，说明 *YrZM1354* 是介导成株期抗性的关键基因。将群体贡献最大的核心基因（*Yr18*）与单基因效应最强的基因（*YrZM1354*）进行聚合，可能会助力品种实现广谱持久抗性。

4 结论

现代育种进程中存在关键持久抗条锈病基因（*Yr18*）利用率严重下降的风险，而新抗源的利用和多基因聚合是提升与稳定抗性的有效途径。未来河南小麦抗病育种应坚持“固本（回补 *Yr18*）、拓新（利用 *YrZM1354* 等）、聚合”的协同策略，利用现代分子技术，将优异的抗病基因有规划地聚合到高产优质背景中，从而培育出可持续抵抗病害威胁的绿色小麦新品种，保障区域粮食生产的稳产与安全。

参考文献：

[1]Tester M，Langridge P. Breeding technologies to increase crop production in a changing world [J]. *Science*，2010，327(5967)：818.

[2]Wellings C R. Global status of stripe rust：A review of historical and current threats [J]. *Euphytica*，2011，179(1)：129.

[3]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.

[4]Du X J，Xu W G，Peng C J，*et al*. Identification and validation of a novel locus，*Qpm-3BL* ，for adult plant resistance to powdery mildew in wheat using multilocus GWAS [J]. *BMC Plant Biology*，2021，21(1)：357.

[5]于思勤，彭 红，李金锁，等. 2017 年河南省小麦条锈病流行的原因分析及应对措施[J]. 中国植保导刊，2017，37(12)：34.
Yu S Q，Peng H，Li J S，*et al*. Analysis on wheat stripe rust epidemic causes and its countermeasure in Henan Province in 2017 [J]. *China Plant Protection*，2017，37(12)：34.

[6]张传伟，巩中军，郭姝辰，等. 近 30 年河南省小麦病虫草害发生演变特点分析[J]. 中国植保导刊，2022，42(3)：29.
Zhang C W，Gong Z J，Guo S C，*et al*. Spatial patterns and temporal trends of wheat pests in Henan Province in the past 30 years [J]. *China Plant Protection*，2022，42(3)：29.

[7]Flor H H. Host-parasite interaction in flax rust-its genetics and other implications [J]. *Phytopathology*，2025，115(8V)：680.

[8]Flor H H. Current status of the gene-for-gene concept [J]. *Annual Review of Phytopathology*，1971，9：275.

[9]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(3)：549.

[10]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.

[11]Li J B，Dundas I，Dong C M，*et al*. Identification and characterization of a new stripe rust resistance gene *Yr83* on rye chromosome 6R in wheat [J]. *Theoretical and Applied Genetics*，2020，133(4)：1095.

[12]Wan A M，Wang X J，Kang Z S，*et al*. Variability of the stripe rust pathogen [M]//Stripe Rust. Dordrecht：Springer Netherlands，2017：35.

[13]Feng J Y，Wang M N，See D R，*et al*. Characterization of novel gene *Yr79* and four additional quantitative trait loci for all-stage and high-temperature adult-plant resistance to stripe rust in spring wheat PI 182103 [J]. *Phytopathology*，2018，108(6)：737.

[14]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.

[15]Jin H L，Zhang H P，Zhao X Y，*et al*. Identification of a suppressor for the wheat stripe rust resistance gene *Yr81* in Chinese wheat landrace Dahongpao [J]. *Theoretical and Applied Genetics*，2023，136(4)：67.

[16]Pakeerathan K，Bariana H，Qureshi N，*et al*. Identification of

a new source of stripe rust resistance *Yr82* in wheat [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2019, 132(11): 3169.

[17] 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.

[18] Wan A M, Chen X M. Virulence characterization of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* using a new set of *Yr* single-gene line differentials in the United States in 2010 [J]. *Plant Disease*, 2014, 98(11): 1534.

[19] Yuan C L, Jiang H, Wang H G, *et al*. Distribution, frequency and variation of stripe rust resistance loci *Yr10*, *Lr34/Yr18* and *Yr36* in Chinese wheat cultivars [J]. *Journal of Genetics and Genomics*, 2012, 39(11): 587.

[20] 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.

[21] Du X J, Hu L, Xu W G, *et al*. Mapping, validation, and development of markers for the major adult plant stripe rust resistance locus *QYr. hnk-7DL* in Henan wheat [J]. *BMC Plant Biology*, 2025, 25(1): 808.

[22] 焦文娟, 白 斌, 谢克莱·依拉木, 等. 295 份国内外小麦种质资源条锈病抗性评价及抗病基因分子检测[J]. 作物学报, 2025, 51(11): 2886.
Jiao W J, Bai B, Xiekelai Y L M, *et al*. Evaluation of stripe rust resistance in 295 domestic and foreign wheat germplasm resources and molecular detection of resistance genes [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2025, 51(11): 2886.

[23] Gessese M, Bariana H, Wong D, *et al*. Molecular mapping of stripe rust resistance gene *Yr81* in a common wheat Landrace Aus27430 [J]. *Plant Disease*, 2019, 103(6): 1166.

[24] Wu J H, Zeng Q D, Wang Q L, *et al*. SNP-based pool genotyping and haplotype analysis accelerate fine-mapping of the wheat genomic region containing stripe rust resistance gene *Yr26* [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2018, 131(7): 1481.

[25] Line R F, Qayoum A. Virulence, aggressiveness, evolution, and distribution of races of *Puccinia striiformis* (the cause of stripe rust of wheat) in North America, 1968—87: 1788[R]. US Department of Agriculture, Agricultural Research Service, 1992.

[26] Ma Z Q, Sorrells M E, Tanksley S D. RFLP markers linked to powdery mildew resistance genes PM_1, *Pm2*, *Pm3*, and *Pm4* in wheat [J]. *Genome*, 1994, 37(5): 871.

[27] 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.

[28] Ramirez-Gonzalez R H, Segovia V, Bird N, *et al*. RNA-Seq bulked segregant analysis enables the identification of high-resolution genetic markers for breeding in hexaploid wheat [J]. *Plant Biotechnology Journal*, 2015, 13(5): 613.

[29] Neelam K, Brown-Guedira G, Huang L. Development and validation of a breeder-friendly KASPar marker for wheat leaf rust resistance locus Lr_{21} [J]. *Molecular Breeding*, 2013, 31(1): 233.

[30] 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.

[31] Gessese M, Bariana H, Wong D, *et al*. Molecular mapping of stripe rust resistance gene *Yr81* in a common wheat landrace Aus27430 [J]. *Plant Disease*, 2019, 103(6): 1166.

[32] 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.