

网络出版日期:2018-01-12

网络出版地址: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/61.1220.S.20180112.0934.008.html>

4个春小麦种质资源苗期抗条锈基因遗传分析

侯璐¹, 闫佳会¹, 姚强^{1,2}, 李秋荣¹, 郭青云¹, 任迎辉³, 付丽颖¹

(1. 青海大学农林科学院, 青海大学省部共建三江源生态与高原农牧业国家重点实验室, 农业部西宁作物有害生物科学观测实验站, 青海省农业有害生物综合治理重点实验室, 西宁 810016; 2. 旱区作物逆境生物学国家重点实验室, 西北农林科技大学植物保护学院, 陕西杨凌 712100; 3. 河南中鹤农业发展有限公司, 河南浚县 456250)

摘要 为研究4个春小麦种质资源的抗条锈病特点和抗性遗传规律, 采用7个条锈菌生理小种(菌系)对4个春小麦资源进行苗期抗条锈性评价和抗条锈性遗传分析。抗性评价结果表明, 4个春麦资源都具有抗条锈性, 且表现有抗性小种专化性, 各个春麦资源的抗病谱也不同。遗传分析结果表明, 春麦资源‘MY005846’对CYR33的抗性由一显一隐2对基因独立作用, 对CYR32的抗性由1对隐性基因作用, 对CYR27的抗性由2对显性基因独立作用, 对CYR25和CYR23的抗性都是由单显性基因作用, 对Sun11-6的抗性由2对显性基因共同作用; 春麦资源‘ZM018858’对CYR32的抗性由2对显性基因共同作用, 对CYR27和CYR25的抗性都是由2对显性基因独立作用, 对CYR23和Sun11-4的抗性都是由1显1隐2对基因共同作用; 春麦资源‘YJ003412’对CYR33的抗性由1显1隐2对基因共同作用, 对CYR32和CYR25的抗性都是由1对隐性基因作用, 对CYR23的抗性由1显1隐2对基因独立作用; 资源‘YJ003417’对CYR23和CYR25的抗性都由1对显性基因作用。

关键词 春小麦; 种质资源; 条锈病; 遗传分析

中图分类号 S435.121

文献标志码 A

文章编号 1004-1389(2018)01-0024-07

小麦条锈病是影响小麦生产最重要的病害之一, 该病害是由小麦条锈菌(*Puccinia striiformis* sp. *tritici*)引起的世界性病害, 从小麦一叶期到成熟只要植物仍然是绿色都可以发生感染^[1]。该病具有发病范围广, 流行频率高, 危害严重等特点。农药的大面积及时使用可以控制该病害, 但要投入大量的人力、物力、财力, 而且污染环境^[2]。实践证明, 选育和利用抗病品种是防治小麦条锈病最有效、经济、安全的核心措施^[1,3]。

同时, 防止小麦品种抗病性“丧失”是持续控制条锈病流行危害的重要策略。如何有效解决抗病性“丧失”这一世界难题, 国内外专家学者相继提出各种理论与策略, 诸如基因布局^[4]、基因轮换^[5]、利用微效基因抗性^[6]、成株抗性^[3,6-7]、慢锈性^[8]和持久抗性等, 核心是实现抗病基因的多样化及合理布局。不断发掘新的抗条锈病基因并合理利用是一项重要工作, 而抗条锈病基因发掘及其遗传特点研究是抗病育种的重要基础。

青海省是中国小麦条锈菌主要越夏流行区之一^[9], 每年拥有大量的小麦条锈菌越夏菌源, 主要以晚熟春麦为主, 由于这些地区收割期延迟因而小麦条锈病菌在这些麦株上得以维持其寄生生活到9月中下旬, 部分延迟到10月上旬, 可以保持大量的菌源到早播冬麦出苗后, 为中国东部冬麦区秋苗发病提供较多的有效菌源。研究春小麦种质资源, 不断寻找新的抗条锈病基因, 增加抗病基因的多样性, 并对其有效利用培育和种植春小麦抗病品种, 是控制青海省小麦条锈病流行最有效、经济和安全的方法, 同时对抑制中国小麦条锈病越夏意义重大。

国内在研究春小麦方面, 甘肃农科院植保所条锈病研究团队对甘肃省26个春小麦品种(系), 临麦系列春小麦品种进行抗病性评价和分析^[10-11], 西北农林科技大学周新力等^[12]对80份国外春小麦种质资源进行抗条锈性评价, 青海省农林科学院姚强等^[13-14]对120个春小麦品种(系)

收稿日期: 2016-07-24 修回日期: 2016-12-06

基金项目: 国家自然科学基金(31660513); 青海省自然科学基金(2017-ZJ-793, 2014-ZJ-925Q, 2016-HZ-810)。

第一作者: 侯璐, 女, 博士, 副研究员, 主要从事植物抗病性研究。E-mail: mantou428@163.com

通信作者: 郭青云, 女, 研究员, 主要从事植物保护研究。E-mail: guoqingyunqh@163.com

进行成株期抗条锈性鉴定与评价,仅有对‘青春39’进行苗期抗条锈性遗传分析的报道。综上所述,国内对春小麦种质资源抗条锈性遗传的研究报道不多。本研究分析 4 个春小麦种质资源的抗条锈性特点和抗病基因遗传规律,拟为其在抗病育种中的合理利用提供依据。

1 材料与方法

1.1 材料

供试春小麦种质资源为‘MY005846’、‘ZM018858’、‘YJ003412’和‘YJ003417’,由青海国家复份种质库提供,青海省农林科学院植保所保存;春小麦感病对照品种‘Taichung 29’(‘T29’)由中国农科院植保所提供,青海省农林科学院植保所保存,以春小麦资源分别与‘T29’杂交获得 F₂ 代群体。

供试条锈菌小种 CYR33、CYR32、CYR23、Sun11-4、Sun11-6、CYR27、CYR25 由西北农林科技大学植物保护学院植物抗病遗传研究室提供,青海省农林科学院植保所保存。

1.2 方法

1.2.1 温室试验 抗病性遗传分析在西北农林科技大学植物保护学院植物抗病遗传研究室温室进行,每份亲本播 10~20 粒,遗传分析所用 F₂ 代群体材料每份播种约 200 粒。供试小麦材料分别播种在装有培养基质的 7 cm×7 cm×7 cm 塑料花盆内,每盆种 10~15 粒,置于温室按常规方法培育。

待小麦幼苗第 1 片叶充分展开、第 2 片叶露尖时采用涂抹法接种。接种完成后,将小麦幼苗放置于温度为(10±1)℃保湿箱内 24 h,移至温室培养,温室温度控制在(16±1)℃,相对湿度为 80%,光照时间 16 h/d,光照强度 9 000 lx。

1.2.2 调查与统计分析 待对照感病品种‘Tai-

chung 29’充分发病时,根据 0~9 级标准^[15]调查反应型,其中 0~6 级为抗病;7~9 级为感病。逐株调查并记录供试材料的反应型(Infection type,IT),根据双亲和 F₂ 代侵染级别及各级侵染数目划分抗感类型^[16]。统计 F₂ 各株系植株的抗感分离比例,实测比值与期望比值的符合程度用 χ^2 ($\leq \chi^2_{0.05}$)进行适合性检验,确定最适合的分离比率,明确供试资源对特定小种抗条锈性的基因数目及遗传特点^[17]。

2 结果与分析

2.1 4 个春小麦种质资源抗条锈性评价

用 CYR32、CYR33、CYR27、CYR25、CYR23、Sun11-4 和 Sun11-6 接种各春麦资源,鉴定结果见表 1。对照品种‘T29’对所测小种反应型为 9,均表现高感;‘MY005846’对 CYR27、CYR25 和 CYR23 表现近免疫(反应型 1 或者 2),对 Sun11-6、CYR32 和 CYR33 表现高抗(反应型 3),对 Sun11-4 表现中抗(反应型 5);‘ZM018858’对 CYR27、CYR25、CYR23、CYR32 和 Sun11-4 表现近免疫(反应型 1),对 Sun11-6 (反应型为 9)和 CYR33(反应型为 8)表现高感;苗期在所接种的 7 个小种中,‘YJ003412’对 CYR33、CYR25 和 CYR23 的反应型为 1,表现近免疫,对 CYR32 的反应型为 3,表现高抗,对 CYR27 的反应型为 5,表现中抗,对 Sun11-4 和 Sun11-6 的反应型为 9,即为高感;‘YJ003417’对 CYR25 和 CYR23 的反应型为 1,即表现近免疫,对 CYR33、CYR32、CYR27、Sun11-4 和 Sun11-6 的反应型为 8 或 9,即为高感。

抗性评价结果表明,同一春麦资源对不同小种的抗性不尽相同,具有小种专化抗病性,各个春麦资源的抗病谱也不同。

表 1 春小麦种质资源抗条锈性评价

Table 1 Stripe rust resistance evaluation of spring wheat germplasm resources

种质资源 Germplasm	条锈菌小种 Race of <i>Puccinia striiformis</i> sp. <i>tritici</i>						
	Sun11-4	Sun11-6	CYR32	CYR33	CYR27	CYR25	CYR23
MY005846	5	3	3	3	2	1	1
ZM018858	1	9	1	8	1	1	1
YJ003412	9	9	3	1	5	1	1
YJ003417	9	9	8	8	8	1	1
Taichung 29	9	9	9	9	9	9	9

2.2 ‘MY005846’的抗条锈性遗传分析

对‘MY005846’的抗条锈性遗传分析结果见表 2。接种 CYR23 或 CYR25 后,‘MY005846’的反应型为 1,接种 CYR27 后,反应型为 2,接种 CYR32、CYR33 或 Sun11-6 后,‘MY005846’的反应型为 3,感病亲本‘T29’均为 9 型,呈高感病反应;抗病亲本‘MY005846’的反应型为 1 时,F₂ 代群体抗病类型多为 1~2 型,抗病亲本‘MY005846’的反应型为 2 时,F₂ 代群体抗病类型多为 2~3 型,‘MY005846’的反应型为 3 时,F₂ 代群体抗病类型多为 3~4 型,感病类型多为 7~9 型。

由表 2 可见,接种 CYR33 的 F₂ 群体,抗病、感病植株数符合 13 : 3 的分离比例($\chi^2 = 0.12, P = 0.67$),表明‘MY005846’对 CYR33 的抗病性由 1 显 1 隐 2 个基因独立控制;接种 CYR32 的 F₂ 群体,抗病、感病植株数符合 1 : 3 的分离比例($\chi^2 = 0.35, P = 0.50$),表明‘MY005846’对 CYR32 的抗病性由 1 对隐性基因控制;接种 CYR27 的 F₂ 群体,抗病、感病植株数符合 15 : 1 的分离比例($\chi^2 = 1.58, P = 0.16$),表明‘MY005846’对 CYR27 的抗病性由 2 对显性基

因独立控制;接种 CYR25 的 F₂ 群体,抗病、感病植株数符合 3 : 1 的分离比例($\chi^2 = 1.48, P = 0.20$),表明‘MY005846’对 CYR25 的抗病性由 1 对显性基因独立控制;接种 CYR23 的 F₂ 群体,抗病、感病植株数符合 3 : 1 的分离比例($\chi^2 = 0.75, P = 0.35$),表明‘MY005846’对 CYR23 的抗病性由 1 对显性基因控制;接种 Sun11-6 的 F₂ 群体,抗病、感病植株数符合 9 : 7 的分离比例($\chi^2 = 0.05, P = 0.76$),表明‘MY005846’对 Sun11-6 的抗病性由 2 对显性基因共同控制。

2.3 ‘ZM018858’的抗条锈性遗传分析

用‘ZM018858’对表现近免疫的 5 个条锈病生理小种进行测试的遗传分析结果见表 3。接种后,‘ZM018858’的反应型为 1,为近免疫,‘T29’都表现为 4 型,呈高感病反应,F₂ 代抗病类型多为 1~2 型,感病类型多为 8~9 型。

由表 3 可见,接种 CYR32 的 F₂ 群体,抗病、感病植株数符合 9 : 7 的分离比例($\chi^2 = 0.16, P = 0.64$),表明‘ZM018858’对 CYR32 的抗病性由 2 对显性基因共同控制;接种 CYR27 的 F₂ 群体,抗病、感病植株数符合 15 : 1 的分离比例($\chi^2 = 0.38, P = 0.44$),表明‘ZM018858’对

表 2 ‘MY005846’对 6 个小种的抗条锈性遗传分析

Table 2 Inheritance analysis of ‘MY005846’ resistance to 6 stripe rusts

亲本和杂交组合 Parents and cross combination	世代 Generation	菌种 Race	抗病植株数 No. of resistant plants	感病植株数 No. of susceptible plants	期望分离比 Expected ratio(R : S)	χ^2	P
MY005846	P1	CYR33	12	0			
T29	P2		0	11			
T29/MY005846	F ₂		209	45	13 : 3	0.12	0.67
MY005846	P1	CYR32	10	0			
T29	P2		0	11			
T29/MY005846	F ₂		65	177	1 : 3	0.35	0.50
MY005846	P1	CYR27	8	0			
T29	P2		0	9			
T29/MY005846	F ₂		186	17	15 : 1	1.58	0.16
MY005846	P1	CYR25	13	0			
T29	P2		0	12			
T29/MY005846	F ₂		175	70	3 : 1	1.48	0.20
MY005846	P1	CYR23	7	0			
T29	P2		0	9			
T29/MY005846	F ₂		156	60	3 : 1	0.75	0.35
MY005846	P1	Sun11-6	14	0			
T29	P2		0	15			
T29/MY005846	F ₂		80	59	9 : 7	0.05	0.76

Note: $\chi^2_{0.05} = 3.84$.

CYR27 的抗病性由 2 对显性基因独立控制;接种 CYR25 的 F₂ 群体,抗病、感病植株数符合 15 : 1 的分离比例 ($\chi^2 = 1.22, P = 0.21$), 表明 ‘ZM018858’对 CYR25 的抗病性由 2 对显性基因独立控制;接种 CYR23 的 F₂ 群体,抗病、感病植株数符合 3 : 13 的分离比例 ($\chi^2 = 0.004, P =$

0.98),表明 ‘ZM018858’对 CYR23 的抗病性由 1 显 1 隐 2 对基因独立控制;接种 Sun11-4 的 F₂ 群体,抗病、感病植株数符合 3 : 13 的分离比例 ($\chi^2 = 0.27, P = 0.54$), 表明 ‘ZM018858’对 Sun11-4 的抗病性由 1 显 1 隐 2 对基因独立控制。

表 3 ‘ZM018858’对 5 个小种的抗条锈性遗传分析

亲本和杂交组合 Parents and cross combination	世代 Generation	菌种 Race	抗病植株数 No. of resistant plants	感病植株数 No. of susceptible plants	期望分离比 Expected ratio(R : S)	χ^2	P
ZM018858	P1	CYR32	11	0			
T29	P2		0	12			
T29/ZM018858	F ₂		107	89	9 : 7	0.16	0.64
ZM018858	P1	CYR27	11	0			
T29	P2		0	12			
T29/ZM018858	F ₂		156	13	15 : 1	0.38	0.44
ZM018858	P1	CYR25	10	0			
T29	P2		0	10			
T29/ZM018858	F ₂		186	17	15 : 1	1.22	0.21
ZM018858	P1	CYR23	12	0			
T29	P2		0	13			
T29/ZM018858	F ₂		43	187	3 : 13	0.004	0.98
ZM018858	P1	Sun11-4	12	0			
T29	P2		0	10			
T29/ZM018858	F ₂		37	179	3 : 13	0.27	0.54

Note: $\chi^2_{0.05} = 3.84$.

2.4 ‘YJ003412’的抗条锈性遗传分析

用 4 个条锈病生理小种(致病类型)对 ‘YJ003412’进行抗性遗传分析,结果见表 4。接种 CYR33、CYR25 和 CYR23 后, ‘YJ003412’的反应型为 1,为近免疫,接种 CYR32 后, ‘YJ003412’的反应型为 3,为高抗, ‘T29’都表现为 9 型,呈高感病反应;F₂ 代抗病类型多为 1~3;感病类型多为 8~9 型。

接种 CYR33 的 F₂ 群体,抗病、感病植株数符合 3 : 13 的分离比例 ($\chi^2 = 0.17, P = 0.62$), 表明 ‘YJ003412’对 CYR33 的抗病性由 1 显 1 隐 2 对基因共同控制;接种 CYR32 的 F₂ 群体,抗病、感病植株数符合 1 : 3 的分离比例 ($\chi^2 = 0.33, P = 0.52$), 表明 ‘YJ003412’对 CYR32 的抗病性由 1 对隐性基因独立控制;接种 CYR25 的 F₂ 群体,抗病、感病植株数符合 1 : 3 的分离比例 ($\chi^2 = 0.05, P = 0.75$), 表明 ‘YJ003412’对 CYR25 的抗病性由 1 对隐性基因控制;接种 CYR23 的 F₂ 群

体,抗病、感病植株数符合 13 : 3 的分离比例 ($\chi^2 = 0.0085, P = 0.86$), 表明 ‘YJ003412’对 CYR23 的抗病性由 1 显 1 隐 2 对基因独立控制。

2.5 ‘YJ003417’的抗条锈性遗传分析

用 ‘YJ003417’对表现近免疫的 2 个条锈病生理小种分别接种测试,并进行遗传分析,结果见表 5。接种 CYR25 和 CYR23 后, ‘YJ003417’的反应型为 1,为近免疫, ‘T29’都表现为 9 型,呈高感病反应,F₂ 代抗病类型多为 1~2;感病类型多为 8~9 型。

接种 CYR25 的 F₂ 群体,抗病、感病植株数符合 3 : 1 的分离比例 ($\chi^2 = 1.97, P = 0.14$), 表明 ‘YJ003417’对 CYR25 的抗病性由 1 对显性基因独立控制;接种 CYR23 的 F₂ 群体,抗病、感病植株数符合 3 : 1 的分离比例 ($\chi^2 = 0.37, P = 0.49$), 表明 ‘YJ003417’对 CYR23 的抗病性由 1 对显性基因控制。

表 4 ‘YJ003412’对 4 个小种的抗条锈性遗传分析

Table 4 Inheritance analysis of ‘YJ003412’ resistance to 4 stripe rust races

亲本和杂交组合 Parents and cross combination	世代 Generation	菌种 Race	抗病植株数 No. of resistant plants	感病植株数 No. of susceptible plants	期望分离比 Expected ratio(R : S)	χ^2	P
YJ003412	P1	CYR33	12	0			
T29	P2		0	11			
T29/YJ003412	F ₂		42	198	3 : 13	0. 17	0. 62
YJ003412	P1	CYR32	10	0			
T29	P2		0	11			
T29/YJ003412	F ₂		69	189	1 : 3	0. 33	0. 52
YJ003412	P1	CYR25	10	0			
T29	P2		0	10			
T29/YJ003412	F ₂		37	118	1 : 3	0. 05	0. 75
YJ003412	P1	CYR23	11	0			
T29	P2		0	12			
T29/YJ003412	F ₂		198	47	13 : 3	0. 008 5	0. 86

Note: $\chi^2_{0.05} = 3. 84$.

表 5 ‘YJ003417’对 2 个小种的抗条锈性遗传分析

Table 5 Inheritance analysis of ‘YJ003417’ resistance to 2 stripe rust races

亲本和杂交组合 Parents and cross combination	世代 Generation	菌种 Race	抗病植株数 No. of resistant plants	感病植株数 No. of susceptible plants	期望分离比 Expected ratio(R : S)	χ^2	P
YJ003417	P1	CYR25	13	0			
T29	P2		0	12			
T29/YJ003417	F ₂		146	61	3 : 1	1. 97	0. 14
YJ003417	P1	CYR23	12	0			
T29	P2		0	11			
T29/YJ003417	F ₂		168	62	3 : 1	0. 37	0. 49

Note: $\chi^2_{0.05} = 3. 84$.

3 讨 论

周新力等^[12]综合评价 80 份国外春小麦种质资源的抗条锈性,发现具有全生育期抗病类型的有 8 份,具有成株抗病类型的有 28 份,44 份兼具成株期和对部分中国小种失去抗性的全生育期抗病类型;曹世勤等^[10]研究 26 个甘肃省春小麦品种(系)的抗条锈性,发现 19 个品种(系)含有 *Yr1* 及未知抗病基因,7 个品种(系)推测含有未知抗病基因;李永平等^[11]对 5 个临麦系列春小麦品种抗条锈性进行研究,初步推测供试临麦系品种含有未知抗条锈基因;姚强^[14]鉴定收集到的 120 个春麦品种(系)成株期抗病性,结果表明抗病的春小麦品种(系)比较少。综合前人研究以及本研究结果,表明抗条锈性春小麦品种(系)对小麦条锈菌的抗性表现小种专化性,此种情况在本研究抗性鉴定结果中亦有体现,且抗性类型多样化,春麦品种(系)对所测小种均表现近免疫或免疫的品种(系)比较稀少,但推测到含有未知抗性基因。

国内对春麦品种或资源进行抗条锈性遗传分析的报到甚少,姚强等^[13]对青海春小麦品种‘青春 39’进行抗条锈基因遗传分析研究,发现其中至少含有 1 显 1 隐 2 个苗期抗条锈病基因。本研究亦采用多小种分别接种鉴定分析春小麦种质资源中抗条锈基因组成和遗传机制,遗传分析结果表明,‘MY005846’中至少含有 2 个显性 1 个隐性抗条锈病基因,‘ZM018858’中也至少含有 2 个显性 1 个隐性抗条锈病基因,这 2 个资源中抗病基因的作用方式不同,‘YJ003412’中至少含有 1 显 1 隐 2 个抗性基因,‘YJ003417’中至少含有 1 个显性基因。说明春小麦中抗条锈性机制比较复杂。

虽然本研究中‘YJ003417’对 CYR25 和 CYR23 均由单显性基因控制,容易进行下一步基因定位,但 CYR25 和 CYR23 仅为中国早些年流行的小种,‘YJ003417’对其他 5 个小种,特别是近年流行的优势小种 CYR32 和 CYR33 均表现高感,‘YJ003417’中的苗期抗条锈基因难以在生

产中优先利用,其他 3 份资源中对 CYR32 或 CYR33 的抗性基因可优先考虑进一步研究和利用,本研究发现‘MY005846’除对 Sun11-4 表现中抗以外,对其他小种均表现高抗或免疫,该资源可优先被推荐应用于育种。

本研究采用分小种检测法和经典遗传学方法,分析‘MY005846’‘ZM018858’‘YJ003412’和‘YJ003417’的抗条锈性特点和抗病基因遗传规律,以期为春麦种质资源在抗病育种中的合理利用提供指导。

致谢:温室测试在西北农林科技大学植物保护学院植物抗病遗传研究室温室进行,感谢井金学教授、王保通教授、李强副研究员提供菌种和试验条件。

参考文献 Reference:

- [1] CHEN X M. Epidemiology and control of stripe rust [*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*] on wheat[J]. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 2005, 27: 314-337.
- [2] 陈万权,康振生,马占鸿,等. 中国小麦条锈病综合治理理论与实践[J]. 中国农业科学, 2013, 46(20): 4254-4262.
CHEN W Q, KANG ZH SH, MA ZH H, *et al.* Integrated management of wheat stripe rust caused by *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in China[J]. *Scientia Agricultural Sinica*, 2013, 46(20): 4254-4262.
- [3] LINE R F, CHEN X M. Successes in breeding for and managing durable resistance to wheat rusts[J]. *Plant Disease*, 1995, 79: 1254-1255.
- [4] 李振岐,曾士迈. 中国小麦锈病[M]. 北京:中国农业出版社, 2002: 330-334.
LI ZH Q, ZENG SH M. Stripe Rust in Chinese Wheat[M]. Beijing: China Agriculture Press, 2002: 330-334.
- [5] 曾士迈. 曾士迈文集—植物病理学研究 1948—2005[M]. 北京:中国农业出版社, 2006: 19-23.
ZENG SH M. Proceedings of Zeng Shimai — Research on Plant Pathology 1948—2005[M]. Beijing: China Agriculture Press, 2006: 19-23.
- [6] JACOBS T H, PARLEVLIET J E. 杨作民,曾士迈译. 抗病性的持久性[M]. 北京:中国农业大学出版社, 1997: 19-20, 99-107.
JACOBS T H, PARLEVLIET J E. YANG Z M, ZENG SH M, tran. Durability of Disease Research[M]. Beijing: China Agricultural University Press, 1997: 19-20, 99-107.
- [7] 何中虎,兰彩霞,陈新民,等. 小麦条锈病和白粉病成株抗性研究进展与展望[J]. 中国农业科学, 2011, 44(11): 2193-2215.
HE ZH H, LAN C X, CHEN X M, *et al.* Progress and perspective in research of adult-plant resistanceto stripe rust and powdery mildew in wheat[J]. *Scientia Agricultural Sinica*, 2011, 44(11): 2193-2215.
- [8] SINGH R P, HUERTA-ESPINO J, RAJARAM S. Achieving near-immunity to leaf and stripe rusts in wheat by combining slow rusting resistance genes[J]. *Acta Phytopathol Hungarica*, 2000, 35: 133-139.
- [9] 姚 强,郭青云,闫佳会,等. 青海东部麦区小麦条锈菌越冬调查初报[J]. 植物保护学报, 2014, 41(5): 578-583.
YAO Q, GUO Q Y, YAN J H, *et al.* Survey on overwintering *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* at different altitudes in eastern Qinghai[J]. *Journal of Plant Protection*, 2014, 41(5): 578-583.
- [10] 曹世勤,吕小欢,黄 瑾,等. 甘肃省 26 个春小麦品种(系)苗期抗条锈基因分析及成株期抗病性评价[J]. 麦类作物学报, 2013, 33(4): 771-776.
CAO SH Q, LÜ X H, HUANG J, *et al.* Postulation of resistant genes at seedling stage and evaluation of adult resistance to stripe rust of 26 spring wheat cultivars(Lines) from Gansu province[J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2013, 33(4): 771-776.
- [11] 李永平,曹世勤,金社林,等. 临麦系列春小麦品种抗条锈性分析[J]. 植物保护, 2016, 42(2): 209-213.
LI Y P, CAO SH Q, JIN SH L, *et al.* Resistance analysis on spring wheat cultivar of Linmai lines to stripe rust in Linxia, Gansu province[J]. *Plant Protection*, 2016, 42(2): 209-213.
- [12] 周新力,詹刚明,黄丽丽,等. 80 份国外春小麦种质资源抗条锈性评价[J]. 中国农业科学, 2015, 48(8): 1518-1526.
ZHOU X L, ZHAN G M, HUANG L L, *et al.* Evaluation of resistance to stripe rust in eighty abroad spring wheat germplasm [J]. *Scientia Agricultural Sinica*, 2015, 48(8): 1518-1526.
- [13] 姚 强,贺苗苗,闫佳会,等. 春小麦品种青春 39 的抗条锈性遗传分析[J]. 麦类作物学报, 2014, 34(1): 39-42.
YAO Q, HE M M, YAN J H, *et al.* Genetic analysis of resistance to stripe rust in spring wheat cultivar Qingchun 39[J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2014, 34(1): 39-42.
- [14] 姚 强. 120 个春小麦品种(系)成株期抗条锈性鉴定与评价[J]. 西北农业学报, 2014, 23(7): 96-101.
YAO Q. Identification and evaluation of adult-plant resistance to stripe rust in 120 spring wheat varieties (lines) [J]. *Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica*, 2014, 23(7): 96-101.
- [15] 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—1987[Z]. US Department of Agriculture Technical Bulletin No. 1788, the National Technical Information Service, Springfield, 1992: 44.
- [16] 刘太国,章振羽,刘 博,等. 小麦抗条锈病基因 *Yr26* 毒性小种的发现及其对我国小麦主栽品种苗期致病性分析[J]. 植物病理学报, 2015, 45(1): 41-47.
LIU T G, ZHANG ZH Y, LIU B, *et al.* Detection of virulence to *Yr26* and pathogenicity to Chinese commercial

winterwheat cultivars at seedling stage[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2015, 45(1): 41-47.

[17] CHEN X M, JONES S S, LINE R F. Chromosomal loca-

tion of genes for resistance to *Puccinia striiformis* in seven wheat cultivars with resistance genes at the Yr3 and Yr4 loci[J]. *Phytopathology*, 1996, 86: 1228-1233.

Genetic Analysis of Stripe Rust Resistance Gene in Four Spring Wheat Germplasm Resources at Seedling Stage

HOU Lu¹, YAN Jiahui¹, YAO Qiang^{1,2}, LI Qiurong¹,
GUO Qingyun¹, REN Yinghui³ and FU Liying¹

(1. State Key Laboratory of Plateau Ecology and Agriculture/Scientific Observing and Experimental Station of Crop Pest in Xining, Ministry of Agriculture/Key Laboratory of Agricultural Integrated Pest Management, Academy of Agriculture and Forestry Science, Qinghai University, Xining 810016, China; 2. State Key Laboratory of Crop Stress Biology for Arid Areas, College of Plant Protection, Northwest A&F University, Yangling Shaanxi 712100, China; 3. Henan Zhonghe Agriculture Development Co., Ltd, Xunxian Henan 456250, China)

Abstract To research the resistance hereditary rule of four spring wheat germplasm resources, seven dominant races (or single spore strains) of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* prevalent in China were used to evaluate stripe rust resistance at seedling stage. The genetic analysis of stripe rust resistance gene was also conducted. The result shows that, all four germplasm resources are characterized race-specific resistance to stripe rust, and the resistance spectrum of every germplasm resource is different. The result of genetic analysis indicate that the spring wheat germplasm resource ‘MY005846’ contains one dominant and one recessive gene conferring independent resistance to CYR33, one recessive gene conferring resistance to CYR32, two dominant genes conferring independent resistance to CYR27, one dominant gene conferring resistance to CYR25 and CYR23, and two dominant genes conferring complementary resistance to Sun11-6; the resistance of wheat germplasm resource ‘ZM018858’ is controlled by two complementary dominant genes for CYR32, two independent lydominant genes for both of CYR27 and CYR25, complementary one dominant and one recessive gene for both of CYR23 and Sun11-4; wheat germplasm resource ‘YJ003412’ contains one dominant gene and one recessive gene conferring complementary resistance to CYR33, one recessive gene conferring resistance to CYR32 and CYR25, one dominant gene and one recessive gene conferring independent resistance to CYR23; the resistance of wheat germplasm resource ‘YJ003417’ to CYR23 and CYR25 is both controlled by one dominant gene.

Key words Spring wheat; Germplasm resource; Stripe rust; Genetic analysis

Received 2016-07-24 **Returned** 2016-12-06

Foundation item Foundation Item National Natural Science Foundation (No. 31660513); Provincial Natural Science Foundation of Qinghai, China (No. 2017-ZJ-793, No. 2014-ZJ-925Q, No. 2016-HZ-810).

First author HOU Lu, female, Ph. D, associate research fellow. Research area: plant resistance to disease. E-mail: mantou428@163. com

Corresponding author GUO Qingyun, female, research fellow. Research area: plant protection. E-mail: guoqingyunqh@163. com

(责任编辑: 郭柏寿 Responsible editor: GUO Baishou)