

张培培, 周悦, 董海焦, 等. 周麦 11、西农 1163-4 抗叶锈病基因与周 8425B 中 *LrZH84* 的关系[J]. 江苏农业科学, 2015, 43(10): 33-36.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2015.10.009

# 周麦 11、西农 1163-4 抗叶锈病基因 与周 8425B 中 *LrZH84* 的关系

张培培<sup>1</sup>, 周悦<sup>2</sup>, 董海焦<sup>1</sup>, 殷贵宏<sup>3</sup>, 李在峰<sup>1</sup>, 刘大群<sup>1</sup>

(1. 河北农业大学植物保护学院/河北省农作物病虫害生物防治工程技术研究中心, 河北保定 071001;

2. 保定学院, 河北保定 071001; 3. 河南省周口市农业科学院, 河南周口 466000)

**摘要:**为了明确周麦 11、西农 1163-4 抗叶锈病基因与周 8425B 中 *LrZH84* 的关系, 用叶锈菌小种 THHT 接种周麦 11/中国春的 145 个 F<sub>2</sub> 单株, 而另一叶锈菌生理小种 FHHT 分别接种周麦 11/中国春的 285 个 F<sub>2</sub> 单株、西农 1163-4/Thatcher 的 232 个 F<sub>2</sub> 单株; 2 个与 *LrZH84* 紧密连锁的标记 *gwm582*、*ω-secalin/Glu-B3* 用于检测 3 个群体中是否携带抗叶锈病基因 *LrZH84*。结果显示: 周麦 11 对叶锈菌生理小种 THHT 的抗性由 2 个显性抗病基因控制, 经标记检测发现, 周麦 11 中 1 个抗病基因是 *LrZH84*, 另 1 个抗叶锈病基因为未知基因; 周麦 11 对叶锈菌生理小种 FHHT 的抗性由单基因控制, 标记检测发现该基因不同于 *LrZH84*, 为未知抗叶锈病基因; 西农 1163-4 对叶锈菌生理小种 FHHT 的抗性由单基因控制, 分子标记检测结果表明, 该基因可能为 *LrXi*, 由于 *LrZH84* 对 FHHT 表现感病, 表明 *LrXi* 不同于 *LrZH84*。通过研究证实, 周麦 11 中含有 *LrZH84* 和 1 个未知的抗叶锈病基因, 西农 1163-4 中的抗叶锈病基因 *LrXi* 与 *LrZH84* 不同; 同时, 周麦 11、西农 1163-4 中可能还含有其他抗病基因, 有待进一步研究。研究将为抗病基因聚合、基因布局、培育抗病新品种奠定理论基础。

**关键词:**小麦; 抗叶锈病基因; 基因鉴定; 周麦 11; 西农 1163-4; 周 8425B; *LrZH84*

**中图分类号:** S435.121.4<sup>+</sup>3 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2015)10-0033-03

禾本科作物小麦 (*Triticum aestivum* L.) 是全世界重要的粮食作物, 其总产量仅次于玉米, 至今已有 5 000 多年的种植历史, 全世界 35%~40% 的人口以小麦为主粮。小麦叶锈病是由小麦叶锈菌 (*Puccinia triticina*) 引起的世界性病害, 主要为害小麦叶片, 很少发生在叶鞘及茎秆上, 小麦叶锈病主要通过影响小麦的光合作用而最终影响小麦产量, 其在全球小麦种植区包括北美洲、欧洲、亚洲、澳洲、非洲等许多国家都有发生, 在流行年份会造成高达 40% 的产量损失<sup>[1]</sup>, 我国分别于 1969、1973、1975、1979、2012 年发生 5 次小麦叶锈病大流行<sup>[2]</sup>。虽然杀菌剂可以控制小麦锈病的发生与危害, 但是培育和利用抗锈病的小麦品种, 科学地在时间和空间上布局含有不同抗性基因的小麦品种, 对于防止叶锈病大暴发, 是最为经济、环保、有效的措施。

小麦抗叶锈性主要包括垂直、水平抗性两类。垂直抗性又称生理小种专化抗性、质量性状抗性、苗期抗性 or 主效基因抗性等, 它在遗传上受 1 个或少数几个主效基因控制, 受环境影响小, 抗性易丧失; 水平抗性又称非小种专化抗性、数量性

状抗性 or 微效基因抗病性, 也叫成株慢锈性, 在遗传上受多个微效基因控制, 受环境影响大, 抗性较为持久<sup>[3]</sup>。到目前为止, 已有 72 个抗叶锈病基因被正式命名<sup>[4]</sup>, 其中慢锈性基因只有 *Lr34*、*Lr46*、*Lr67*、*Lr68*<sup>[5-9]</sup>, 大多数为小种专化抗性基因。这些抗病基因符合基因对基因假说, 往往会由于病菌小种的变异而很快“丧失”抗性。目前, 我国小麦中有效抗病基因缺乏, 仅有少数几个抗病基因, 如 *Lr9*、*Lr19*、*Lr24*、*Lr38* 等对我国的小麦叶锈菌具有良好抗性<sup>[10]</sup>。因此, 研究我国小麦抗叶锈病遗传规律, 不断发掘和定位我国小麦材料中的抗叶锈病基因, 对利用基因操作持久控制小麦叶锈病具有重要的理论和实际意义。近年来, 笔者所在实验室在小麦叶锈病的研究方面取得了一定进展, Zhao 等在小麦品种周 8425B 中定位了 1 个苗期抗病基因 *LrZH84*, 位于 1BL 染色体上, 该基因与 SSR 标记 *gwm582*、*barc8* 紧密连锁; 此外发现, 周 8425B 中还携带已知抗叶锈病基因 *Lr26*, 目前 *Lr26* 对我国多数叶锈菌生理小种已丧失抗性<sup>[11]</sup>。李星等在西农 1163-4 中定位了 1 个苗期抗病基因 *LrXi*, 该基因同样位于 1BL 染色体上, 并且位置与 *LrZH84* 接近<sup>[12]</sup>。Zhou 等通过等位性检测试验发现, *LrZH84*、*LrXi* 位置相近, 为等位基因或者紧密连锁的 2 个基因<sup>[13]</sup>。

周麦 11 (豫麦 51 号) 为河南省周口市农业科学院杂交育成的新品种, 具有高抗小麦叶锈病、条锈病、白粉病、赤霉病以及高产等特点, 在抗病育种和生产上具有重要应用价值。周麦 11 来自于周 8425B/豫麦 17, 抗性比周 8425B 好, 利用周麦 11 和中国春杂交得到的 F<sub>2</sub> 群体可确定周麦 11 中的抗叶锈病基因, 还可进一步确定周麦 11 中的抗病基因与 *LrZH84* 的关系。西农 1163-4 对中国大多数小种表现为高抗。 *LrZH84*、

收稿日期: 2014-08-27

基金项目: 国家自然科学基金重大国际合作与交流项目 (编号: 31361140367); 河北省自然科学基金 (编号: C2014204113); 河北省高层次人才资助项目 (编号: 201300105)。

作者简介: 张培培 (1990—), 女, 河北保定人, 博士研究生, 主要从事分子植物病理学研究。E-mail: zhangpei@jyayouba@163.com。

通信作者: 李在峰, 博士, 教授, 主要从事分子植物病理学研究。E-mail: lzl7551@aliyun.com。

*LrXi* 为等位基因,但是这 2 个基因是否为同一个基因有待进一步研究。本试验的目的就是确定周麦 11 中的抗病基因和 *LrZH84* 的关系,以及 *LrZH84* 和 *LrXi* 的关系,以期为抗病基因聚合、基因布局和培育抗病新品种奠定一定的理论基础。

1 材料与方法

1.1 小麦材料与叶锈菌菌种

抗病亲本周麦 11 与感病亲本中国春进行杂交自交获得了 2 个 F<sub>2</sub> 群体,群体大小分别为 145、285 个单株,抗病亲本西农 1163-4、感病亲本 Thatcher 进行杂交自交获得了 232 个 F<sub>2</sub> 单株。供试菌种材料为 THTT、FHTT,由河北农业大学锈病研究中心保存,致病类型按 Long 等的小麦叶锈菌密码命名系统(Prt-code System)<sup>[14]</sup>命名。

1.2 菌种的纯化及扩繁

将菌种于冰箱中取出,在 40~45℃水中活化 5~10 min,然后于黑暗水化 10 h;水化后,采用涂抹法将菌种接种于感病品种郑州 5389 上。当第 1 张叶片完全伸展时,先用手指蘸取清水脱除叶片表面腊质层,以便于叶锈菌的侵染,再将叶锈菌孢子轻涂于叶片正面。接种后喷洒 0.05%吐温液,在黑暗中保湿 16~24 h 后,置于温室内。叶片现斑时,进行单侵染点分离。分离后放置于光照培养箱中,采用培养温度 18℃、光照时间 14 h 进行离体培养。接种 6~7 d 后,叶片上出现孢子堆,10 d 左右孢子堆成熟。因单个孢子堆获得的菌量太少,先在离体的完整叶片上进行 1 次繁殖,待孢子堆成熟后接种于感病品种郑州 5389 上进行菌种的扩繁。

1.3 苗期抗叶锈菌鉴定

周麦 11/中国春的 145 个 F<sub>2</sub> 单株群体接种叶锈菌生理小种 THTT,周麦 11/中国春的 285 个 F<sub>2</sub> 单株、西农 1163-4/Thatcher 的 232 个 F<sub>2</sub> 单株接种叶锈菌生理小种 FHTT。THTT 对中国春有致病力,对西农 1163-4、周麦 11、周 8425B 均无致病力;FHTT 对周 8425B、中国春、Thatcher 有致病力,对西农 1163-4、周麦 11 均无致病力。鉴定材料种植于温室中,当小麦的第 1 张叶片完全展开时,用扫抹法接种小麦叶锈菌菌种。接种后,在 15℃、100%相对湿度条件下黑暗放置 24 h,之后转入温室中。接种后 15 d 发病充分时,进行表型鉴定,鉴定时按照 0、1、2、3、4 等 6 级标准调查记载反应型<sup>[15]</sup>。根据 F<sub>2</sub> 代植株的抗感分离比例,确定这些材料中所含抗叶锈基因的遗传方式,用卡方值检验其适合度。

1.4 DNA 提取

参照 Sharp 等提供的 CTAB 法<sup>[16]</sup>提取小麦叶片基因组 DNA,用紫外分光光度计测定 DNA 浓度、相对纯度,用 ddH<sub>2</sub>O 将 DNA 稀释成浓度为 50 ng/μL 备用。

1.5 分子标记检测

2 个与 *LrZH84* 紧密连锁的标记 *gwm582*、*ω-secalin/Glu-B3*<sup>[11]</sup>用于检测周麦 11 与中国春、西农 1163-4 与 Thatcher 杂交并自交所得的 F<sub>2</sub> 群体。PCR 反应体系及反应程序见表 1。

2 结果与分析

2.1 周麦 11 抗叶锈病基因的遗传解析

叶锈菌生理小种 THTT 在苗期接种周麦 11、中国春及其

表 1 反应体系及反应程序

基因位点	反应体系 (20 μL)	反应程序
<i>ω-secalin</i>	12.2 μL ddH <sub>2</sub> O	94℃,5 min;35 个循
	2 μL 10×PCR buffer	环(94℃,1 min;65℃,
	0.4 μL dNTP(各 10 mmol/L)	1 min;72℃,1 min);
	3 μL 引物(2 μmol/L)	72℃,10 min;
	2 μL 模板 DNA(30 ng/μL)	10℃,保存
	0.4 μL <i>Taq</i> 酶(2.5 U/μL)	
<i>Glu-B3</i>	13.4 μL ddH <sub>2</sub> O	94℃,5 min;35 个循
	2 μL 10×PCR buffer	环(94℃,1 min;64℃,
	0.4 μL dNTP(各 10 mmol/L)	1 min;72℃,1 min);
	2 μL 引物(2 μmol/L)	72℃,10 min;
	2 μL 模板 DNA(30 ng/μL)	10℃,保存
	0.2 μL <i>Taq</i> 酶(2.5 U/μL)	
<i>gwm582</i>	14.2 μL ddH <sub>2</sub> O	94℃,5 min;35 个循
	2 μL 10×PCR buffer	环(94℃,1 min;55℃,
	0.4 μL d NTP(各 10 mmol/L)	1 min;72℃,1 min);
	2 μL 引物(2 μmol/L)	72℃,10 min;
	1 μL 模板 DNA(30 ng/μL)	10℃,保存
	0.4 μL <i>Taq</i> 酶(2.5 U/μL)	

杂交自交获得的 145 个 F<sub>2</sub> 单株,抗病鉴定结果(表 2)表明,周麦 11 对叶锈菌生理小种 THTT 表现为高抗(反应型为 1),中国春表现为高感(反应型为 4);145 个 F<sub>2</sub> 单株中,137 株表现为抗病(反应型为 0~2),8 株表现为感病(反应型为 3~4)。经过卡方( $\chi^2$ )检验其适合度,结果表明后代符合 15:1 的分离比( $\chi^2_{15:1}=0.133,1df,P>0.25$ ),说明周麦 11 的抗性由 2 对抗叶锈病基因控制。苗期基因推导结果显示,所有对周 8425B 表现无毒性的小种(PHQT、FCQR、FCST、PCBT、TCGT、PGSN、FGSQ、FKQT、PCHS、FBHT、FHST、PHSS、FHGS、FHTS、PGTT、PCJT、PHST、FHHQ、FHTR、PHJT、THTT、FCTT、PCGR)对周麦 11 均表现抗病<sup>[17-18]</sup>,由于周麦 11 来源于周 8425B 和豫麦 17,因此周麦 11 中 1 个抗病基因可能是 *LrZH84*,而另 1 个抗病基因则可能来源于豫麦 17。进一步用 2 个与 *LrZH84* 紧密连锁的标记 *gwm582*、*ω-secalin/Glu-B3* 检测 8 个感病单株,全部为感病亲本中国春的带型,这就证实周麦 11 中 1 个抗病基因为 *LrZH84*。

在另 1 个苗期试验中,叶锈菌小种 FHTT 接种周 8425B、周麦 11、中国春、周麦 11/中国春的 285 个 F<sub>2</sub> 单株,鉴定结果(表 2)显示,周麦 11 对叶锈菌生理小种 FHTT 表现抗病(反应型为 1);周 8425B、中国春均表现感病(反应型为 4);285 个 F<sub>2</sub> 单株中,220 株表现为抗病(反应型为 0~2),65 株表现为感病(反应型为 3~4)。经过卡方( $\chi^2$ )检验其适合度,结果表明后代符合 3:1 的分离比( $\chi^2_{3:1}=0.7309,1df,P>0.25$ ),说明周麦 11 对叶锈菌生理小种 FHTT 的抗性由 1 对基因控制。2 个与 *LrZH84* 紧密连锁的标记 *gwm582*、*ω-secalin/Glu-B3* 检测 10 个抗病单株、10 个感病单株,结果表明该抗病基因与 *LrZH84* 位置不同。由于 *LrZH84* 对小种 FHTT 感病,因此周麦 11 中对 FHTT 的抗性由另外 1 个未知小麦抗叶锈病基因提供。

2.2 西农 1163-4 中抗叶锈病基因与 *LrZH84* 的关系

叶锈菌小种 FHTT 接种周 8425B、西农 1163-4、Thatcher,以及西农 1163-4、Thatcher 杂交自交所得 232 个 F<sub>2</sub> 单株。

表 2 由周麦 11 和中国春杂交获得的 F<sub>2</sub> 单株接种叶锈菌小种结果

叶锈菌小种	品种	总数 (株)	各反应型植株数(株)					卡方检测结果
			0	0;	1	2	3	4
THTT	周 8425B	20				20		
	中国春	20						20
	周麦 11	20			20			
	F <sub>2</sub> 群体	145		19	98	20	7	1
FHTT	周 8425B	20						20
	中国春	20						20
	周麦 11	20			20			
	F <sub>2</sub> 群体	285		31	55	134	30	35

$$\chi^2_{15:1} = 0.133, 1df, P > 0.25$$

$$\chi^2_{3:1} = 0.730, 9, 1df, P > 0.25$$

表 3 结果显示,周 8425B 表现感病,反应型为 4 级;西农 1163 -4 对叶锈菌生理小种 FHTT 表现为高抗,反应型为 1; Thatcher 表现为高感,反应型为 4;232 个 F<sub>2</sub> 单株中,172 个单株表现为抗病(反应型为 0~2),60 个单株表现为感病(反应型为 3~4)。经过卡方( $\chi^2$ )检验其适合度,结果表明后代符合 3:1 的分离比( $\chi^2_{3:1} = 0.092, 1df, P > 0.75$ ),说明西农 1163 -4 的抗性由 1 对抗叶锈病基因控制。2 个与 *LrZH84* 紧

密连锁的标记 *gwm582*、*ω-secalin/Glu-B3* 检测西农 1163 -4、Thatcher 杂交所得的 10 个抗病单株和 10 个感病单株,电泳结果表明,该基因同标记是紧密连锁的,根据其位置可知<sup>[12]</sup>,小种 FHTT 鉴定出的抗病基因很可能是 *LrXi*。这些结果表明,*LrXi* 对 FHTT 表现抗性,而 *LrZH84* 对 FHTT 表现感病,由此可知尽管 *LrXi*、*LrZH84* 的位置相同或相近<sup>[13]</sup>,但它们却是 2 个不同的抗病基因。

表 3 西农 1163 -4、Thatcher 杂交获得的 232 个 F<sub>2</sub> 单株接种叶锈菌小种 FHTT 的结果

品种	总株数 (株)	各反应型植株数(株)					卡方检测结果
		0	0;	1	2	3	4
周 8425B	20						20
西农 1163 -4	20			20			
Thatcher	20						20
F <sub>2</sub> 群体	232		13	82	77	18	42

$$\chi^2_{3:1} = 0.092, 1df, P > 0.75$$

### 3 结论与讨论

#### 3.1 周麦 11、西农 1163 -4 中的抗病基因

周麦 11 抗性优于周 8425B,根据试验结果可知,周麦 11 中除了携带 *LrZH84* 外还有 1 个未知的抗叶锈病基因,目前正在进行该基因的定位工作。西农 1163 -4 对中国的大多数生理小种表现为抗病<sup>[12]</sup>,抗性优于周 8425B,可能还含有其他抗叶锈病基因,需要利用其他生理小种进行进一步鉴定。目前发现的多数小麦抗叶锈病基因具有小种专化性,当新毒性小种出现时其抗病性就会丧失,因此在生产上需要不断发掘和定位新抗病基因来应对新毒性小种的不断涌现,周麦 11、西农 1163 -4 都有良好的抗病性,明确其中所携带的抗病基因是非常有必要的。

#### 3.2 我国小麦抗叶锈病育种

我国抗叶锈小麦资源丰富,但对于我国小麦品种及种质中的抗叶锈基因及基因布局了解很少。早在 20 世纪 70 年代携带有 1BL.1RS 易位系(*Lr26*)的品种如洛夫林 13、山前麦、高加索、牛朱特及其的衍生品系被广泛运用于我国小麦育种<sup>[19]</sup>,结果导致一半以上的小麦携带 1BL.1RS 易位系<sup>[17,20]</sup>,造成我国小麦抗叶锈基因单一,新叶锈菌生理小种的产生使得 *Lr26* 对目前叶锈菌丧失了抗性。因此,使用多系品种、聚合育种、抗病品种的合理布局、利用成株慢锈性品种等方法,可以有效地防止抗病基因的丧失,这些方法的核心是实现抗病基因的合理利用,使抗病基因和病菌毒性基因互作趋于稳定状态,从而延缓毒性小种产生和发展。无论采取何种途径,要实现小麦品种抗叶锈病基因多样化,必须掌握丰富的明确

抗病基因的抗源,只有了解抗源的基因背景和抗病基因遗传特点,才能对其合理利用。因此,广泛收集抗源并对其抗病基因进行鉴别,了解不同抗病基因的遗传特点,有助于合理并有效地利用抗病基因;同时应在小麦育种中发掘和利用新的抗病基因,扩大与充实抗病基因库,为培育抗病品种提供更加丰富广泛的抗源和抗病基因。

#### 参考文献:

- [1] Knott D R. The wheat rusts - breeding for resistance [M]. Berlin Heidelberg: Springer - Verlag, 1989.
- [2] Zhou H, Xia X, He Z, et al. Molecular mapping of leaf rust resistance gene *LrNJ97* in Chinese wheat line Neijiang 977671 [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2013, 126(8): 2141 - 2147.
- [3] 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.
- [4] McIntosh R A, Yamazaki Y, Dubcovsky J, et al. Catalogue of gene symbols for wheat: 2013 supplement [EB/OL]. <http://www.shigen.nig.ac.jp/wheat/komugi/genes/macgene/2013/GeneCatalogueIntroduction.pdf>
- [5] Dyck P L. Genetics of leaf rust reaction in three introductions of common wheat [J]. Canadian Journal of Genetics and Cytology, 1977, 19(4): 711 - 716.
- [6] 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 - 894.
- [7] Herrera - Foessel S A, Lagudah E S, Huerta - Espino J, et al. New slow - rusting leaf rust and stripe rust resistance genes *Lr67* and *Yr46*

李 娟,曹芳芳,权 哲,等. 山葡萄黄烷酮 3-羟化酶 *VamF3H* 基因及其克隆[J]. 江苏农业科学,2015,43(10):36-40.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2015.10.010

# 山葡萄黄烷酮 3-羟化酶 *VamF3H* 基因及其克隆

李 娟,曹芳芳,权 哲,刘海峰

(延边大学农学院,吉林延吉 133000)

**摘要:**采用 RT-PCR 与 RACE 技术相结合的方法,从山葡萄果皮中克隆到黄烷酮 3-羟化酶(F3H)基因的 cDNA 全长序列。该基因全长 1 398 bp,包含 1 092 bp 的完整开放阅读框,编码 363 个氨基酸,相对分子质量为 40.81 ku,等电点(PI)值为 5.37。二级结构预测表明,随机卷曲是 *VamF3H* 蛋白最大量的结构元件,不具有信号肽,属于不稳定亲水蛋白。氨基酸序列与欧亚种葡萄(FQ389950)、圆叶葡萄(KF040970)、美国蔓藤(JX087441)等的 F3H 类基因同源性较高,相似性分别为 99%、99%、96%。

**关键词:**山葡萄;cDNA 克隆;黄烷酮 3-羟化酶

**中图分类号:**S663.101 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2015)10-0036-05

黄烷酮 3-羟化酶(flavanone 3-hydroxylase, F3H)是花色素合成途径中的结构基因,是花青素生物合成途径中的关键酶<sup>[1]</sup>。F3H 属于依赖 2-酮戊二酸的双加氧酶,反应需要 2-酮戊二酸、分子氧、铁、抗坏血酸<sup>[2]</sup>。其作用为催化柚皮素 C3 位羟基化,生成二氢山奈酚(dihydrokaempferol, DHK),而 DHK 是黄酮和异黄酮合成的重要中间产物;因此, F3H 调控着黄酮与花青素苷产物的合成,是整个黄酮类化合物代谢途径的中枢位点<sup>[3]</sup>。有报道指出 F3H 与花青苷合成关系密

切<sup>[4]</sup>,然而此方面的研究尚较少。Holton 等发现 F3H 对黄烷酮、儿茶酸、原花青素、花青素代谢影响较大,是该代谢途径的关键酶<sup>[3]</sup>。Lepiniec 等研究证实,由 F3H 和 F3'H 催化生成的黄烷酮醇在 DFR 的催化作用下能够合成无色花青素<sup>[5]</sup>。F3H 的活性最初在紫罗兰花中被检测到<sup>[6]</sup>。Martin 等利用鉴别筛选与基因图谱技术首次从金鱼草中分离克隆到 *F3H* 基因<sup>[7]</sup>。研究表明, *F3H* 基因在矮牵牛等植物中是独立表达的,而大多数情况下, F3H 与其上游的 *CHS*、*CHI* 基因,以及下游的 *DFR* 基因协同表达<sup>[8]</sup>。在大多数物种中, *F3H* 基因仅以单拷贝形式存在<sup>[9-11]</sup>。

山葡萄别称野葡萄,最初发现于我国东北和俄罗斯远东地区,在我国主要分布于吉林省长白山、黑龙江省完达山、小兴安岭、辽宁省北部等地<sup>[12]</sup>。山葡萄是我国重要的野生果树资源,具有极强的抗寒性,是东北地区酿造葡萄酒的主要原料<sup>[13]</sup>,其浆果含有大量花色苷。目前,分子生物技术已广泛

收稿日期:2015-04-29

基金项目:国家自然科学基金(编号:31260067)。

作者简介:李 娟(1989—),女,吉林长春人,硕士研究生,主要从事山葡萄基因克隆及 cDNA 文库构建的研究。E-mail:lijuanyanda@163.com。

通信作者:刘海峰,博士,副教授,主要从事山葡萄分子生物学研究。E-mail:shiyanshiqixiang@163.com。

in wheat are pleiotropic or closely linked[J]. Theoretical and Applied Genetics,2011,122(1):239-249.

[8] Herrera - Foessel S A, Singh R P, Huerta - Espino J, et al. *Lr68*: a new gene conferring slow rusting resistance to leaf rust in wheat[J]. Theoretical and Applied Genetics,2012,124(8):1475-1486.

[9] Li Z F, Lan C X, He Z H, et al. Overview and application of QTL for adult plant resistance to leaf rust and powdery mildew in wheat[J]. Crop Science,2014,54(5):1907-1925.

[10] 袁军海,刘太国,陈万权. 中国 47 个小麦新品种(系)苗期抗叶锈基因推导[J]. 中国农业科学,2007,40(9):1925-1935.

[11] Zhao X L, Zheng T C, Xia X C, et al. Molecular mapping of leaf rust resistance gene *LrZH84* in Chinese wheat line Zhou 8425B[J]. Theoretical and Applied Genetics,2008,117(7):1069-1075.

[12] 李 星,李在峰,李亚宁,等. 小麦品系西农 1163-4 抗叶锈病基因的遗传分析和分子作图[J]. 中国农业科学,2010,43(12):2397-2402.

[13] Zhou Y, Xia X, He Z, et al. Fine mapping of leaf rust resistance gene *LrZH84* using expressed sequence tag and sequence-tagged site markers, and allelism with other genes on wheat chromosome 1B

[J]. Phytopathology,2013,103(2):169-174.

[14] Long D L, Kolmer J A. A North American system of nomenclature for *Puccinia recondita* f. sp. *tritici*[J]. Phytopathology,1989,79:525-529.

[15] Roelfs A P, Singh R P, Saari E E. Rust diseases of wheat: concepts and methods of disease management[M]. Mexico: CIMMYT,1992.

[16] Sharp P J, Kreis M, Shewry P R, et al. Location of  $\beta$ -amylase sequences in wheat and its relatives[J]. Theoretical and Applied Genetics,1988,75(2):286-290.

[17] Li Z F, Xia X C, He Z H, et al. Seedling and slow rusting resistance to leaf rust in Chinese wheat cultivars[J]. Plant Disease,2010,94(1):45-53.

[18] Luig N H, McIntosh R A. Location and linkage of genes on wheat chromosome 2D[J]. Canadian Journal of Genetics and Cytology,1968,10,99-105.

[19] He Z H, Rajaram S, Xin Z Y, et al. A History of wheat breeding in China[M]. Mexico: CIMMYT,2001.

[20] 吴立人,杨华安,袁文焕,等. 1985—1990 年我国小麦条锈菌生理专化研究[J]. 植物病理学报,1993,23(3):79-84.