

张成兵,刘青利,张先平,等. 10 个 DNA 分子标记在小麦抗条锈病辅助育种上的应用[J]. 江苏农业科学,2018,46(13):35-39.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2018.13.008

10 个 DNA 分子标记在小麦抗条锈病 辅助育种上的应用

张成兵¹, 刘青利², 张先平¹, 李 云¹, 邢丽红¹, 张 羽³

(1. 陕西省汉中市农业科学研究所, 陕西汉中 723000; 2. 陕西省渭南市临渭区种子管理站, 陕西渭南 714000;

3. 陕西理工大学生物科学与工程学院, 陕西汉中 723000)

摘要:条锈病是小麦新品种大面积推广应用的主要限制因素。分子标记辅助选择是对小麦遗传资源抗性评价和加速抗性品种培育的有效途径。本研究以 6 份陕西省汉中地区主要推广的小麦品种、4 份汉 5 与贵农 22 杂交后选育的高代品系、32 份汉 6 与贵农 22 杂交后选育的高代品系、2 份育种材料及 1 份抗锈性鉴定诱发品种铭贤 169 为材料, 利用与小麦抗条锈病基因有关的 10 个 DNA 分子标记, 检测了 45 份供试材料中抗条锈病基因的分布情况。结果显示, 供试材料中携带 *Yr9-2* 基因的最多, 占 93.33%, 其次为 *Yr5* 基因, 占 84.44%, 携带 *Yr9-1* 基因的占 80.00%, *Yr15* 基因在 45 份供试材料中都没有检测到; 铭贤 169 中 10 个标记位点都没有检出抗性基因; 同时在 1 个材料中检测到 4 个抗性 DNA 标记的最多, 占 22.22%。有的抗条锈病分子标记是基于特定的材料而构建的, 不一定适合对所有小麦资源进行抗性检测, 与目标基因有多个连锁标记时选择遗传距离最小的标记, 在抗病品种培育过程中分子标记检测应结合田间抗病性鉴定共同筛选抗性材料。

关键词:条锈病; 小麦; 抗条锈病基因; 抗性标记; 分布

中图分类号: S512.103.2 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2018)13-0035-05

条锈病是由条形柄锈菌小麦专化型(*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*)引起的小麦叶部病害, 是世界上小麦的主要真菌病害, 也是我国小麦生产中重要的病害之一, 在我国曾多次大流行^[1]。防治小麦条锈病主要通过使用化学农药和种植抗性品种 2 种途径, 化学防治通常成本高、污染环境且残留的成分危害人类健康。因此, 发掘新的优良抗条锈病基因及其紧密连锁的分子标记, 培育持久高抗病品种具有经济、有效、环保等重要意义。随着 DNA 分子标记技术的发展, 相继开发了一些与条锈病抗性基因紧密连锁的分子标记, 利用已知抗条锈病基因的分子标记, 可以从 DNA 水平上对育种材料进行快速、准确的检测和评价, 进而明确小麦品种中抗性基因的分布, 为高效开展条锈病抗性基因聚合育种带来了新的契机。

Chen 等筛选到了与抗性基因 *Yr5* 紧密连锁的随机扩增多态性 DNA (random amplification polymorphism DNA, 简称 RAPD) 和简单序列重复 (simple sequence repeat, 简称 SSR) 标记^[2]。Weng 等筛选到了与 *Yr9* 紧密连锁的 SSR 标记 Xgwm582 (3.7 cM) 和 Xgwm264 (37.9 cM)^[3]。邵映田等在 *Yr10* 的供体亲本 Moro 中筛选到与 *Yr10* 紧密连锁的扩增片段长度多态性 (amplification fragment length polymorphism, 简称 AFLP) 标记^[4]。Peng 等研究了与抗条锈病基因 *YrH52*、*Yr15* 连锁的分子标记^[5]。刘亚萍在小麦 1BS 上筛选到 *Yr24* 的 SSR 标记 Xgwm11 (6.1 cM) 和 Xgwm273 (7.1 cM)^[6]。严俊等在抗病材料 H52 中筛选到抗性连锁的抗性基因类似物 (resistance gene analogue, 简称 RGA) 分子标记^[7]。殷贵鸿等从小麦抗条锈病骨干亲本周 8425B 中筛选得到与抗性基因紧密连锁的片段长度为 343 bp 的抗病基因类似序列多态性分子标记技术 (resistance gene analogue polymorphism, 简称 RGAP) 标记 *Xrga-1*^[8]。李嘉从济麦 22/Avocet S 和济 965261 中分别找到了抗条锈病基因的连锁 SSR 标记 Xwmc658、Xgwm582^[9]。朱晓娜等筛选到抗条中 32 号小种 (CYR32) 的特异 RAPD 标记

收稿日期: 2017-12-04

基金项目: 国家重点研发计划 (编号: 2016YFD0101802)。

作者简介: 张成兵 (1969—), 男, 陕西汉中中人, 高级农艺师, 研究方向为农作物育种与栽培。E-mail: 190788588@qq.com。

通信作者: 张 羽, 硕士, 教授, 主要从事植物分子标记的开发与应用研究。E-mail: yuzhang20160315@outlook.com。

- [15] Gross S R, Kinzy T G. Translation elongation factor 1A is essential for regulation of the actin cytoskeleton and cell morphology [J]. Nature Structural & Molecular Biology, 2005, 12(9): 772-778.
- [16] 姜 勇, 龚小卫. MAPK 信号转导通路对炎症反应的调控 [J]. 生理学报, 2000, 52(4): 267-271.
- [17] Seger R, Krebs E G. The MAPK signaling cascade [Review] [J]. FASEB Journal, 1995, 9(9): 726-735.
- [18] Liu S, Yang H, Wan L, et al. Enhancement of cytotoxicity of

antimicrobial peptide magainin II in tumor cells by bombesin-targeted delivery [J]. Acta Pharmacologica Sinica, 2011, 32(1): 79-88.

- [19] 赵东红, 戴祝英. 昆虫抗菌肽的功能、作用机理与分子生物学研究最新进展 [J]. 中国生物工程杂志, 1999, 19(5): 14-18.
- [20] Löscher M, Fortschegger K, Ritter G, et al. Interaction of U-box E3 ligase SNEV with PSMB4, the beta7 subunit of the 20S proteasome [J]. Biochemical Journal, 2005, 388(Pt 2): 593-603.

S20^[10]。目前,已有 57 个抗条锈病基因被正式命名,编号从 *Yr1* 到 *Yr54* (其中有等位基因),以第 1 个抗条锈病基因 *Yr10* 为代表的数个基因被克隆。但生产中由于大面积种植单一小麦品种,致使条锈菌在定向的选择压力下迅速变异,并引起优势小种群的增长和小麦条锈菌新小种的产生,进而导致一个抗锈品种在生产上能大面积应用的时间较短,随着其原有抗锈性的丧失而失去应用价值,特别是新的条锈菌生理小种条中 32 (CYR32) 和条中 33 (CYR33) 的出现和蔓延,导致多数主栽品种失去抗性。目前,对 CYR32 和 CYR33 表现抗性的主效基因仅剩 *Yr5*、*Yr15*、*Yr24*、*Yr26* (与 *Yr24* 等位)、*YrH52*、*YrZH84* 等。李在峰用 26 个国内外条锈菌生理小种对 98 个我国小麦品种 (系) 进行苗期基因推导,发现携带 *Yr9* 基因的材料占 43%,其次为 *Yr26* 基因^[11]。伍玲等检测了 2004、2005 年四川省小麦区域试验 72 份材料中抗条锈基因 *Yr5*、*Yr10*、*Yr15* 的分布情况,携带 *Yr15* 基因的材料最多,占 11.11%,其次为 *Yr5* 基因,占 5.56%,再次为 *Yr10* 基因,占 1.34%^[12]。李峰奇等对 126 份我国黄淮麦区重要的小麦品种 (系) 进行抗条锈病基因分子检测,发现携带 *Yr9* 基因的小麦品种频率最高,为 41.6%,其次是 *Yr5*、*Yr10*、*Yr15*、*Yr26* 基因^[13]。张胜利等用不同材料检测抗性基因 *Yr5-156*、*Yr9-2*、*Yr24-1* 在不同材料中的分布情况,发现在感性材料中也能扩增出和抗病材料同样的特异性目标条带^[14-16]。王欣等对青海省育成和引进的 137 份小麦品种进行 *Yr10*、*Yr15* 基因的特定序列扩增区域 (sequence characterized amplified regions, 简称 SCAR) 标记和 SSR 标记以及 1BL/1RS 易位的复合标记进行了检测,结果显示 1BL/1RS 易位占参试材料的 16.1%,其次为 *Yr15* 基因,占 13.9%,再次为 *Yr10* 基因,占 2.9%^[17]。薛文波等对 74 个主栽小麦品种进行了连续 2 年的成株期抗病性鉴定结合抗性基因检测,携带 *Yr9* 基因的占 32.43%,携带 *Yr26* 基因的占 6.76%,携带 *Yr17* 基因的占 5.41%,74 个供试材料中未检测到 *Yr5*、*Yr10*、*Yr15*、*Yr18* 基因^[18]。张玉薇等利用 *Yr10*、*Yr18* 基因以及 1BL/1RS 易位的 SCAR 或 STS 标记在 75 份 2006—2010 年国家审定的小麦品种中的分子检测显示,携带 *Yr10* 基因的占 17.33%,携带 *Yr18* 基因的占 1.33%,1 份材料中同时检测到 *Yr10* + *Yr18* 基因组合,25 份材料中含有 1BL/1RS 易位片段^[19]。李敏州等对 115 份陕西省主栽和后备小麦品种 (系) 进行抗性基因检测,结果显示携带 *Yr9* 基因的占 35.65%,携带 *Yr5* 基因的占 2.61%,携带 *Yr18* 基因的占 2.61%,携带 *Yr26* 基因的占 1.74%,115 份材料中均不含 *Yr10* 基因^[20]。徐琪等构建了检测 *Yr1*、*Yr2* 基因的分子标记 gwm372 和 gwm382,并用此检测来自我国各麦区的 181 份小麦高代系材料,结果显示 *Yr1*、*Yr2* 基因在 181 份小麦高代系材料中占比较低^[21]。陈天青等调查了 140 份 2013—2014 年西南地区主要的小麦种质资源中几个抗锈病基因的分布情况,显示携带 *Yr26* 基因的占 41.4%,其次为 *Yr9* 基因,占 37.9%,*Yr10*、*Yr15*、*Yr18* 基因占比较低,*Yr9* + *Yr26* 基因组合出现的频率较高^[22]。孙建鲁等对 100 个小麦品种资源抗条锈病基因 *Yr5*、*Yr10*、*Yr15*、*Yr18*、*Yr24*、*Yr26* 的检测结果显示,携带 *Yr18* 基因的占 19.00%,携带 *Yr10* 基因的占 4.00%,携带 *Yr15* 基因的占 2.00%,携带 *Yr5* 基因的占 1.00%,供试材料中均不含 *Yr24*、*Yr26* 基因^[23]。李北等对重庆地区的 18 份

当地主栽品种和 89 份高代品系材料进行了 7 个已知抗条锈基因的分子检测,供试材料中携带 *Yr26* 基因的最多,占 36.45%,其次为 *Yr9* 基因,占 19.63%,携带 *Yr17* 基因的占 15.89%,携带 *Yr18* 基因的占 2.80%,没有检测到含 *Yr5*、*Yr10*、*Yr15* 基因的材料^[24]。黄亮等对我国小麦主产区的 79 个小麦品种 (系) 进行抗条锈病基因检测,结果表明供试小麦品种中 1B/1R 易位的占 44.3%,携带 *Yr10* 基因的占 10.1%,携带 *Yr5* 基因的占 5.1%,携带 *Yr18* 基因的占 3.8%,携带 *Yr26* 基因的占 1.3%^[25]。白微微等检测 46 份新疆麦区小麦材料中 *Yr10* 基因及 1BL/1RS 易位的分子标记,发现 1BL/1RS 易位的占 19.57%,携带 *Yr10* 基因的占 2.20%^[26]。我国小麦品种中抗条锈基因过于单一,在我国条锈病流行区主栽品种中,有效抗源主要集中在 92R 系列 (携带 *Yr26*)、贵农系以及少数携带 *Yr24* 的国际玉米小麦改良中心 (centro internacional de mejoramiento de maiz y trigo, 简称 CIMMYT) 抗源种质^[27]。

本研究以陕西省汉中地区大面积种植品种汉麦 5 号 (汉 5) 和汉麦 6 号 (汉 6) 为母本,以抗源品种贵农 22 中选出的一个品系为父本进行杂交,以多代定向选择选育出的高代品系为供试材料,通过检测与 *Yr5*、*Yr9*、*Yr15* 等基因连锁的分子标记在供试材料中的分布情况,以期为新品种 (系) 的抗性遗传基础鉴定及持久抗性材料选育提供技术支撑。同时,选取与 *Yr9* 基因遗传距离不同的 2 个连锁分子标记进行检测,以验证分子标记与目标基因之间是否发生交换。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试材料 45 份,其中陕西省汉中地区大面积种植品种 6 份 (汉 5、汉 6、D002、川麦 42、9503、川麦 107),汉 5 与贵农 22 杂交后选育的高代品系 4 份 (汉 5-1、汉 5-2、汉 5-3、汉 5-4),汉 6 与贵农 22 杂交后选育的高代品系 32 份 (汉 6-1 至汉 6-32),育种材料 2 份 [贵农 22-1、贵农 22 (病圃)],抗锈性鉴定诱发品种 1 份 (铭贤 169),所有材料均由陕西省汉中市农业科学研究所提供。

1.2 试验方法

1.2.1 基因组 DNA 提取及 PCR 小麦基因组 DNA 采用十二烷基苯磺酸钠 (SDS) 法提取,并采用 0.8% 琼脂糖凝胶检测基因组 DNA 的质量。PCR 反应体系:2 × Taq Master Mix 15 μL,10 μmol/L 正反引物各 1 μL,DNA 模板 1 μL,反应总体积为 30 μL,用 ddH₂O 补足。反应程序:94 °C 预变性 5 min;94 °C 变性 50 s,x °C (此温度根据引物而定) 退火 50 s,72 °C 延伸 1 min,35 个循环;最后 72 °C 延伸 10 min,4 °C 保存。用 8% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离 PCR 产物,用银染法显色拍照。

1.2.2 引物信息 抗性基因的引物信息如表 1 所示,引物均由生工生物工程 (上海) 股份有限公司合成。

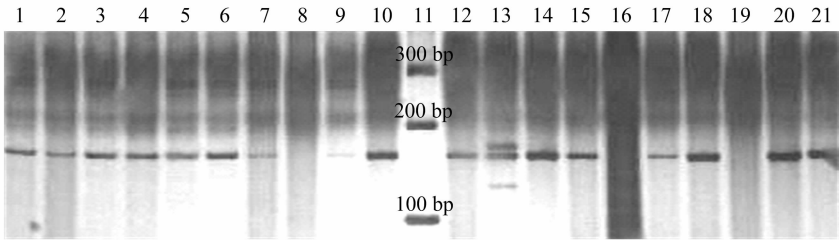
2 结果与分析

Yr5 基因的特异引物 *Yr5-156* 扩增的目标带大小在 156 bp 左右^[2]。由图 1 可知,以 100 bp DNA Marker 为对照,携带 *Yr5* 基因的材料在 156 bp 左右均能扩增出特征性条带,

表 1 引物信息

基因	分子标记	遗传距离	标记类型	位置	引物序列	退火温度 (℃)	片段大小 (bp)	参考文献
<i>Yr5</i>	Sc-S51320	完全连锁	SSR	2BL/1B	5'-CAATAGTTAGGCAAAATTACATCG-3' 5'-TGCAAAAGTACCTCATTTTGAGAA-3'	55	156	[2]
<i>Yr9-1</i>	Xgwm582	3.7 cM	SSR	1BL	5'-AAGCACTACGAAAATATGAC-3' 5'-TCTTAAGGGGTGTATCATA-3'	55	100~200	[3]
<i>Yr9-2</i>	Xgwm264	37.9 cM	SSR	1B/1RS	5'-GAGAAACATGCCGAACAACA-3' 5'-GCATGCATGAGAATAGGAACGTG-3'	63	100~200	[3]
<i>Yr10</i>	Yr10	0.5 cM	AFLP	1B	5'-CTGCAGACTGACATCATACA-3' 5'-TCGAAGTACTAGATGCTGGC-3'	60	200(抗)/180(无抗)	[4]
<i>Yr15</i>	Xbarc8	完全连锁	SSR	1BS	5'-GCGGGAATCATGCATAGGAAAACAGAA-3' 5'-GCGGGGCGCAACATACACATAAAAACA-3'	50	576(抗)/427(无抗)	[12]
<i>Yr24</i>	Yr24-1	6.1 cM	SSR	1BS	5'-GGATACTCAGACAATTCTTGTG-3' 5'-GTGAATTGTGCTTGTATGCTTCC-3'	65	200	[6]
<i>YrH52</i>	X_uhw 3	1.0 cM	RGA	1BS	5'-GCATTGGAACAAGGTGAA-3' 5'-AAGTGAACAAGGTT ACG3-3'	45	544	[7]
<i>YrZH84</i>	Xrga-1	0.8 cM	RGA	7BL	5'-TAGGGCCTCTTGCATCGT-3' 5'-GGAATGGGNGGNGTNGGNAARAC-3'	45	343	[8]
<i>YrJ22</i>	Xwmc658	1.9 cM	SSR	2AL	5'-CTCATCGTCTCTCCACTTTG-3' 5'-GCCATCCGTTGACTTGAGGTTA-3'	60	500~750	[9]
抗条中 32 号基因	S20	?	RAPD		GGACCCCTAC	37	670	[10]

注：“?”代表遗传距离不清楚。



1—汉6-7; 2—汉6-2; 3—汉6-3; 4—汉6-27; 5—汉6-25; 6—汉6-4; 7—汉6-26; 8—铭贤-169; 9—汉6-31; 10—汉6-22; 11—Marker; 12—汉6-30; 13—汉6; 14—汉6-16; 15—汉5-3; 16—贵农 22; 17—汉5-4; 18—汉6-11; 19—汉6-9; 20—汉6-18; 21—汉6-10

图1 *Yr5* 基因检测的部分结果

反之则没有条带。

由表 2 可知,在 45 份供试小麦材料中,42 份材料检测出 *Yr9-2* 基因,占 93.33%;38 份材料检测出 *Yr5* 基因,占 84.44%;13 份检测出 *Yr10* 基因,占 28.89%;16 份检测出 *YrH52* 基因,占 35.56%;21 份检测出 *YrZH84* 基因,占 46.67%;17 份材料检测出 *Yr24* 基因,占 37.78%;36 份材料检测出 *Yr9-1* 基因,占 80.00%;26 份材料检测出 *YrJ22* 基因,占 57.78%;18 份材料检测出 S20 标记,占 40.00%。供试材料中,携带最多的为 *Yr9-2* 基因,其次为 *Yr5* 基因,所有材料中均不含 *Yr15* 基因。

由表 3 可知,与抗小麦条锈病有关的 10 个 DNA 分子标记检测中,其中同时在 1 个材料中检测到 4 个抗性 DNA 标记的最多,占 22.22%;含有 9 个标记位点的材料只有汉 6-31,占供试材料的 2.2%;含有 8 个标记位点的材料有 5 份,分别为汉 6、汉 5-1、汉 6-16、汉 6-24、汉 6-25,占供试材料的 11.1%。可见这些材料除不含对 CYR32、CYR33 表现抗性的主效基因 *Yr15* 外,其他基因如 *Yr5*、*Yr24*、*Yr26*、*YrH52*、*YrZH84* 等均存在,这些材料可以在育种及生产中广泛推广应用,尤其

是汉 6-31,可以加大该主栽品种的推广力度。

3 讨论与结论

本研究采用与小麦抗条锈病基因连锁的 10 个分子标记对 45 份陕西省汉中地区主要小麦种质资源进行检测,铭贤 169 在小麦抗条锈病基因的图位克隆定位中常被用来作为感病品种,本研究检测的 10 个分子标记在铭贤 169 中均没有检测到,可以看出试验结果可信度较高。张胜利等用 *Yr5*、*Yr9* 基因抗性标记对小麦条锈病表现不同的抗感材料检测时,在感性材料中发现也能扩增出和抗病材料同样的特异性目标条带,一方面暗示了抗病表型与基因关系的复杂性,不是简单的一对一关系,另一方面可能由于标记与基因之间没有达到完全的共分离程度,导致标记与目的基因之间发生了交换^[14-15]。本研究利用与 *Yr9* 基因连锁(Xgwm264-Xgwm582-*Yr9*)的遗传距离不同的 2 个标记(Xgwm582、Xgwm264)同时检测,从结果可以看出,用来检测 *Yr9* 基因的 2 个分子标记结果有所差异,有的材料可能在 Xgwm264 与 *Yr9* 基因之间发生了交换。如果以与 *Yr9* 基因紧密连锁的 SSR 标记 Xgwm582

表 2 抗条锈病基因在供试材料中的分布情况

供试材料	各基因分布情况									
	<i>Yr5</i>	<i>Yr9-1</i> (Xgwm582)	<i>Yr9-2</i> (Xgwm264)	<i>Yr10</i>	<i>Yr15</i>	<i>YrH52</i>	<i>YrZH84</i>	<i>Yr24</i>	<i>YrJ22</i> (Xwmc658)	S20
D002	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-
9503	+	+	+	-	-	-	-	-	+	-
川麦 42	+	-	+	-	-	-	-	-	+	-
川麦 107	+	+	+	-	-	-	-	-	+	-
汉 5	+	+	+	-	-	-	-	+	-	+
汉 6	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+
贵农 22-1	-	-	-	-	-	+	+	+	-	-
贵农 22(病圃)	-	+	+	-	-	+	+	-	-	-
铭贤 169	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
汉 5-1	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+
汉 5-2	+	-	+	-	-	-	-	-	-	-
汉 5-3	+	+	+	-	-	-	-	-	+	-
汉 5-4	+	+	+	-	-	+	+	-	+	+
汉 6-1	+	+	+	-	-	-	+	-	+	-
汉 6-2	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-
汉 6-3	+	+	+	-	-	+	+	+	-	+
汉 6-4	+	+	+	+	-	-	-	+	+	+
汉 6-5	-	+	+	+	-	-	+	-	-	-
汉 6-6	+	+	+	-	-	-	-	-	+	+
汉 6-7	+	+	+	-	-	-	-	+	+	+
汉 6-8	+	+	+	-	-	+	+	-	+	-
汉 6-9	-	-	+	+	-	-	-	-	-	-
汉 6-10	+	+	+	+	-	-	+	-	+	+
汉 6-11	+	+	+	+	-	-	-	+	-	-
汉 6-12	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-
汉 6-13	+	-	+	+	-	+	+	-	+	-
汉 6-14	+	-	+	-	-	-	+	-	-	-
汉 6-15	+	+	-	+	-	-	+	-	-	-
汉 6-16	+	+	+	+	-	-	+	+	+	+
汉 6-17	+	+	+	-	-	-	-	+	+	+
汉 6-18	+	+	+	-	-	-	-	+	-	+
汉 6-19	+	+	+	+	-	-	-	+	+	+
汉 6-20	+	+	+	-	-	-	-	-	+	-
汉 6-21	-	+	+	+	-	+	+	-	+	-
汉 6-22	+	-	+	+	-	-	-	-	+	+
汉 6-23	+	+	+	-	-	-	-	-	+	-
汉 6-24	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+
汉 6-25	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+
汉 6-26	+	+	+	-	-	+	+	-	+	-
汉 6-27	+	+	+	-	-	-	-	+	+	+
汉 6-28	-	+	+	+	-	+	+	-	-	-
汉 6-29	+	+	+	-	-	+	-	-	-	-
汉 6-30	+	+	+	+	-	-	-	+	-	-
汉 6-31	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+
汉 6-32	+	-	+	-	-	+	+	-	-	-

注：“+”代表检测到特定条带，“-”代表未检测到特定条带。

为依据,在 45 份供试小麦材料中,*Yr5* 基因的检出率最高,其次为 *Yr9-1*(Xgwm582) 基因,说明携带 *Yr5*、*Yr9* 基因的材料是目前陕西省汉中地区小麦种质资源中的有效抗源,这与 *Yr9* 基因曾广泛应用于小麦抗条锈病育种有关。来源于野生二粒小麦的抗性基因 *Yr15*、*YrH52* 虽然都被定位在染色体 1BS 上,但本研究检测 *Yr15*、*YrH52* 基因的不一致结果也与

Peng 等推测其为 2 个不同的基因^[5]一致。贵农 22 是陕西省汉中市农业科学研究所在全国小麦品种抗病性变异观察圃(汉中心)中选出的一个抗源材料,韩德俊等也曾报道,在目前我国条锈病流行区主栽品种中,有效抗源主要集中在 92R 系列(携带 *Yr26* 基因)、贵农系和少数携带 *Yr24* 基因的 CIMMYT 抗源种质^[27]。贵农22作为抗源材料之一,与汉中

表 3 供试材料携带的抗性标记位点数目

携带抗性基因位点数量 (个)	试验材料	
	数量(份)	名称
0	1	铭贤 169
2	2	汉 5-2、汉 6-9
3	6	贵农 22-1、D002、川麦 42、汉 6-2、汉 6-12、汉 6-14
4	10	贵农 22(病圃)、川麦 107、9503、汉 5-3、汉 6-20、汉 6-5、汉 6-15、汉 6-23、汉 6-29、汉 6-32
5	8	汉 5、汉 6-1、汉 6-6、汉 6-11、汉 6-18、汉 6-22、汉 6-28、汉 6-30
6	7	汉 6-7、汉 6-8、汉 6-13、汉 6-17、汉 6-21、汉 6-26、汉 6-27
7	5	汉 5-4、汉 6-3、汉 6-4、汉 6-10、汉 6-19
8	5	汉 6、汉 5-1、汉 6-16、汉 6-24、汉 6-25
9	1	汉 6-31

麦区的主栽品种杂交,选育抗条锈病的小麦新品种与新材料具有很好的实践意义,本研究的结果也印证了这一点,在选育的高代品系中含有 8 个及以上分子标记位点的材料有 6 份,这为以后的选育工作奠定了基础。

在小麦抗条锈病的分子标记开发中,很多标记是基于特定材料而构建的,其变异位点不一定适合对所有小麦资源进行抗感检测,在其功能标记未探明前,往往与目标基因有多个连锁标记,在分子标记辅助育种进行选择时应选择遗传距离最小的标记,同时应尽量把分子标记检测与田间抗病性鉴定结合起来共同筛选抗性资源。另外,由于新的抗条锈病生理小种的出现,在小麦抗条锈病育种中应不断发掘、扩增新的小麦条锈病抗源,以培育新的优势抗病品种。

参考文献:

- [1]李振蛟,曾士迈. 中国小麦锈病[M]. 北京:中国农业出版社,2002.
- [2]Chen X H, Niu Y C, Hu B Z. Identification of RAPD markers linked to the resistance gene *Yr5* against wheat stripe rust with denaturing PAGE-silver staining[J]. Acta Genetica Sinica, 2004, 31(3): 270-274.
- [3]Weng D X, Xu S C, Lin R M, et al. Microsatellite marker linked with stripe rust resistant gene *Yr9* in wheat[J]. Acta Genetica Sinica, 2005, 32(9): 937-941.
- [4]邵映田,牛永春,朱立煌,等. 小麦抗条锈病基因 *Yr10* 的 AFLP 标记[J]. 科学通报,2001,46(8): 669-672.
- [5]Peng J H, Fahima T, Huang Q Y, et al. High-density molecular map of chromosome region harboring stripe-rust resistance genes *YrH52* and *Yr15* derived from wild emmer wheat, *Triticum dicoccoides*[J]. Genetica, 2000, 109(3): 199-210.
- [6]刘亚萍. 小麦抗条锈病近等基因系的抗条锈性分析及 *Yr24* 的 SSR 标记[D]. 杨凌:西北农林科技大学,2005.
- [7]严俊,杨足君,程剑平. 野生二粒小麦抗条锈病基因 *YrH52* 的 RGA 分子标记[J]. 麦类作物学报,2011,31(4): 590-597.
- [8]殷贵鸿,王建武,闻伟镔,等. 小麦抗条锈病基因 *YrZH84* 的 RGAP 标记及其应用[J]. 作物学报,2009,35(7): 1274-1281.
- [9]李嘉. 小麦抗条锈病基因的遗传分析与分子标记定位[D]. 雅安:四川农业大学,2011.
- [10]朱晓娜,陈耀锋,曹婷,等. 白延红小麦抗条锈基因聚合及抗条中 32 号基因分子标记筛选[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版),2008,36(3): 187-191.
- [11]李在峰. 中国小麦品种条锈鉴定及抗条锈新基因 *YrZH84* 的分子标记[D]. 北京:中国农业科学院,2006.
- [12]伍玲,谭君,朱华忠,等. 四川近年小麦区试品系中 *Yr5*、*Yr10* 和 *Yr15* 的分子标记检测[J]. 西南农业学报,2007,20(2): 316-320.
- [13]李峰奇,韩德俊,魏国荣,等. 黄淮麦区 126 个小麦品种(系)抗条锈病基因的分子检测[J]. 中国农业科学,2008,41(10): 3060-3069.
- [14]张胜利,周岩,赵俊杰,等. 小麦抗条锈病基因 *Yr5* 分子标记检测[J]. 湖北农业科学,2011,50(9): 1901-1903.
- [15]张胜利,周岩,魏琦超,等. 小麦抗条锈病基因 *Yr9* 分子标记检测[J]. 广东农业科学,2011(2): 134-135.
- [16]张胜利,李东方,贺杰,等. 小麦不同抗性材料中抗条锈病基因 *Yr24* 分子标记分布研究[J]. 广东农业科学,2011(7): 147-148.
- [17]王欣,张怀刚,刘宝龙,等. 青海省小麦品种中 *Yr10* 和 *Yr15* 基因及其 1BL/1RS 易位的分子检测[J]. 西北植物学报,2011,31(1): 57-63.
- [18]薛文波,许鑫,穆京妹,等. 中国小麦主栽品种抗条锈性评价与基因分析[J]. 麦类作物学报,2014,34(8): 1054-1060.
- [19]张玉薇,刘博,刘太国,等. 小麦品种抗条锈病基因 *Yr10*、*Yr18* 及 1BL/1RS 易位的分子检测[J]. 植物保护,2014,40(1): 54-59,94.
- [20]李敏州,李强,巢凯翔,等. 陕西省 115 个小麦品种(系)抗条锈病基因的分子检测[J]. 植物病理学报,2015,45(6): 632-640.
- [21]徐琪,李北,薛文波,等. 小麦抗条锈基因 *Yr1* 和 *Yr2* 分子检测体系研究[J]. 麦类作物学报,2016,36(12): 1605-1610.
- [22]陈天青,黄芳,李文贞,等. 西南地区小麦品种(系)抗条锈病基因多样性调查[J]. 植物保护学报,2016,43(2): 184-192.
- [23]孙建鲁,王吐虹,冯晶,等. 100 个小麦品种资源抗条锈性鉴定及重要抗条锈病基因的 SSR 检测[J]. 植物保护,2017,43(2): 64-72.
- [24]李北,徐琪,杨宇衡,等. 重庆麦区小麦品种(系)抗条锈性评价与基因分析[J]. 中国农业科学,2017,50(3): 413-425.
- [25]黄亮,刘太国,肖星芷,等. 中国 79 个小麦品种(系)抗条锈病评价及基因分子检测[J]. 中国农业科学,2017,50(16): 3122-3134.
- [26]白微微,高海峰,张航,等. 新疆主要小麦品种(系)中抗条锈病基因的分子检测[J]. 新疆农业科学,2017,54(3): 497-504.
- [27]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): 5013-5023.