



青海审定小麦品种抗叶锈病基因的分子鉴定

刘 韬^{1,3}, 吴丽军^{1,3}, 甘晓龙^{1,3}, 张 波^{1,4}, 刘宝龙^{1,4},
陈文杰^{1,4}, 张连全², 刘登才², 张怀刚^{1,3,4}

(1. 中国科学院 西北高原生物研究所, 西宁 810008; 2. 四川农业大学 小麦研究所, 成都 611130;
3. 中国科学院大学, 北京 100049; 4. 青海省作物分子育种重点实验室, 西宁 810008)

摘 要 为了分析抗叶锈病基因在青海审定小麦品种中的分布状况, 采用 6 个抗叶锈基因 (*Lr1*, *Lr9*, *Lr24*, *Lr29*, *Lr34*, *Lr42*) 的分子标记对青海省审定的 66 个小麦品种进行检测。检测结果显示: 66 份小麦品种中, 16 个品种含 *Lr1*, 占 24.24%; 18 个品种含 *Lr24*, 占 27.27%; 31 个品种含 *Lr29*, 占 46.97%; 5 个品种含 *Lr34*, 占 7.58%; 23 个品种含 *Lr42*, 占 34.85%; 未检测到 *Lr9*。另外, 同时含有 2 个抗叶锈基因的小麦品种 17 份, 占 25.76%, 同时含有 3 个抗性基因的品种 9 份, 占 13.64%, 同时含有 4 个或 4 个以上的品种仅 1 份, 为‘青春 254’。

关键词 普通小麦; 抗叶锈基因; 小麦叶锈病

中图分类号 S512.1; S326

文献标志码 A

文章编号 1004-1389(2018)08-1112-07

小麦叶锈病 (Wheat leaf rust) 作为小麦的三大锈病之一, 是由小麦叶锈菌 (*Puccinia tirticina*) 引起的真菌病害, 影响小麦的产量和品质, 对小麦生产具有极大威胁, 严重爆发时减产 50%^[1-4]。研究培育小麦叶锈病抗病品种是小麦生产上最为经济和安全有效的方法。全面了解目前生产小麦品种的抗叶锈性及其所含有的抗叶锈基因、发掘新的叶锈病抗源已经成为有效控制小麦叶锈病害的一个重要环节。

至今, 国际上已发现抗小麦叶锈病基因超过 100 个, 其中正式命名的有 72 个^[5]。大部分已分子作图并获得紧密连锁或共分离的分子标记。Temam 等^[6]利用 RILs 定位 14 个小麦抗叶锈基因 *Lr1*, *Lr9*, *Lr10*, *Lr19*, *Lr20*, *Lr24*, *Lr27*, *Lr31*, *Lr32*, *Lr34*, *Lr35*, *Lr40*, *Lr46*, *Lr47*, 其中, *Lr34*, *Lr35* 和 *Lr46* 为成株抗性位点。Błaszczuk 等^[7]对 *Lr9*, *Lr19*, *Lr20*, *Lr21*, *Lr24*, *Lr25*, *Lr26*, *Lr28*, *Lr29* 和 *Lr37* 的分子标记在小麦抗叶锈病育种中

进行有效验证, 发现除 *Lr21* 和 *Lr25* 的分子标记以外都具有高度特异性; Vida 等^[8]对 *Lr9*, *Lr24*, *Lr25*, *Lr29*, *Lr35* 和 *Lr37* 的分子标记进行鉴定, 认为这些分子标记可以有效地检测到未知背景的小麦品种所含有的抗叶锈病基因。*Lr9* 来源于小伞山羊草, 对中国叶锈病优势小种表现极高的抗性, 在生产上有很大利用价值^[9]。

近年来, 随着全球气候变化, 青海也变得湿润多雨, 成为小麦锈病的繁育地。而叶锈菌孢子对环境的适应能力强于条锈菌和秆锈菌孢子, 既耐低温也耐高温。因此, 叶锈病入侵青海并爆发将成为可能。2017 年 6 月, 中科院西北高原生物研究所张怀刚课题组在青海西宁周边考察时发现, 西大通县长宁镇 (N36°49', E101°45') 种植的部分小麦感染叶锈病 (图 1), 不过未大规模爆发。所以了解青海当地审定小麦品种抗叶锈基因的分布状况, 通过基因聚合培育抗叶锈病品种非常迫切。

收稿日期 2017-09-08 修回日期 2017-10-19

基金项目: 中国科学院战略性 A 类先导科技专项子课题 (XDA08030106); 青海省重点研发与转化计划 (2016-HZ-808)。

第一作者: 刘 韬, 男, 硕士研究生, 从事小麦抗病遗传育种研究。Email: liutao415@mails.ucas.ac.cn

通信作者: 张怀刚, 男, 研究员, 博士生导师, 主要从事小麦遗传育种研究。Email: hgzhang@nwipb.cas.cn

张 波, 男, 副研究员, 硕士生导师, 主要从事麦类作物遗传育种研究。Email: zhangbo@nwipb.cas.cn



图 1 发现于青海西宁的叶锈病感病株叶片

Fig. 1 Wheat leaf rust detected in Xining, Qinghai province

本研究利用与 6 个抗叶锈基因紧密连锁的分子标记,对青海省审定的 66 个小麦品种进行抗叶锈基因检测,调查青海省当地普通小麦品种叶锈病抗性基因的分布情况,以期小麦叶锈病抗病育种提供材料和理论基础。

1 材料与方法

1.1 供试材料

青海省审定的小麦品种 66 份(表 1)。

1.2 试验方法

1.2.1 DNA 提取 采集小麦新鲜叶片,在液氮中冷冻研磨后,用 CTAB 法^[10]提取基因组 DNA,用微量紫外检测仪 NANODROP2000C (Thermo)测量 DNA 质量浓度。将 DNA 均稀释到 200 mg/L,用 10 g/L 的琼脂糖胶在 110 V 电压下电泳 30 min,检测 DNA 的质量。

1.2.2 特异性引物的选择 小麦抗叶锈病基因 *Lr1*^[11]、*Lr9*^[12]、*Lr24*^[13]、*Lr29*^[14]、*Lr34*^[15]、*Lr42*^[16]是目前发现的能够有效抵抗小麦叶锈病的抗性基因。上述基因已经被分别定位到小麦染色体上:*Lr1*定位到 5DL^[17],*Lr9*定位到 6BL^[17],*Lr24*定位到 3DL^[17],*Lr29*定位到 7DS^[17],*Lr34*定位到 7DS^[17],*Lr42*定位到 1D^[16]。根据查阅相关 NCBI 数据库(<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>)、GrainGenes2.0(<https://wheat.pw.usda.gov>)、参考文献得到与抗性基因相应的引物序列

22 对,通过试验对比,选取稳定性比较高的 6 对引物(表 2)进行相应的抗性基因扩增,各引物目的片段大小见表 2。引物均由北京奥科鼎盛生物科技有限公司合成。

1.2.3 PCR 扩增以及电泳检测 用 6 对引物对 66 份小麦品种的基因组进行 PCR 扩增分析。PCR 扩增体系(20 μ L)为:10 \times Taq buffer(200 mmol/L Tris-HCl,200 mmol/L KCl,15 mmol/L MgCl₂) 2 μ L,2.5 mmol/L dNTPs 1.6 μ L,2.5 U/ μ L Taq DNA polymerase 0.4 μ L,各引物正反向序列均为 5 pmol,DNA 200 ng。PCR 程序为:95 $^{\circ}$ C 变性 4 min,然后 35 个循环 95 $^{\circ}$ C 变性 30 s,55 $^{\circ}$ C~68 $^{\circ}$ C 复性(各引物根据试验前期摸索的最适退火温度确定)30 s,72 $^{\circ}$ C 延伸 30 s~1 min(根据目的片段大小确定),最后 72 $^{\circ}$ C 延伸 10 min。不同的 PCR 产物根据各基因目的条带大小,制作各自的琼脂糖分离胶或 PAGE 胶;然后琼脂糖胶在 TAE 缓冲液中,110 V 电压下,电泳 30 min;取出后在凝胶成像仪中拍照保存。而 PAGE 胶在 TBE 缓冲液中,160 V 电压下,电泳 2 h,将胶在置于含 EB 的 TBE 溶液(10 μ L:100 mL)中浸泡 10 min,取出后在凝胶成像仪中拍照保存。

表 1 66 份青海省审定小麦品种
Table 1 66 wheat cultivars released in Qinghai province

品种名称	Cultivar	审定年份	Registered	品种名称	Cultivar	审定年份	Registered
阿勃	Abo	1957		民和 853	Minhe 853	1998	
高原 182	Plateau 182	1969		高原 175	Plateau 175	1998	
香农 3 号	Xiangnong 3	1970		高原 584	Plateau 584	1999	
墨波	Mobo	1976		高原 363	Plateau 363	1999	
高原 506	Plateau 506	1978		民和 588	Minhe 588	1999	
互助红	Huzhu red	1979		高原 932	Plateau 932	1999	
高原 338	Plateau 338	1981		高原 448	Plateau 448	1999	
青农 469	Qingnong 469	1984		青春 587	Qingchun 587	2000	
青农 524	Qingnong 524	1984		互麦 13	Humai 13	2000	
瀚海 304	Hanhai 304	1986		高原 671	Plateau 671	2000	
宁春 9 号	Ningchun 9	1986		高原 314	Plateau 314	2001	
高原 602	Plateau 602	1987		兰天 3 号	Lantian 3	2001	
青春 533	Qingchun 533	1988		高原 115	Plateau 115	2001	
互麦 12	Humai 12	1988		青春 952	Qingchun 952	2001	
柴春 236	Chaichun 236	1988		民和 665	Minhe 665	2001	
新哲 9 号	Xinze 9	1988		高原 142	Plateau 142	2002	
柴春 018	Chaichun 018	1988		青春 144	Qingchun 144	2003	
柴春 044	Chaichun 044	1988		墨引 1 号	Moyin 1	2003	
互麦 11	Humai 11	1988		宁春 26	Ningchun 26	2003	
高原 465	Plateau 465	1990		乐麦 6 号	Lemai 6	2003	
高原 466	Plateau 466	1990		墨引 2 号	Moyin 2	2003	
青春 415	Qingchun 415	1993		互麦 14	Humai 14	2004	
东春 1 号	Dongchun 1	1994		甘春 20	Ganchun 20	2004	
柴春 901	Chaichun 901	1994		青春 39	Qingchun 39	2005	
高原 356	Plateau 356	1994		青春 37	Qingchun 37	2005	
高原 158	Plateau 158	1994		互麦 15	Humai 15	2005	
青春 891	Qingchun 891	1994		通麦 1 号	Tongmai 1	2005	
青春 254	Qingchun 254	1996		青春 38	Qingchun 38	2005	
青春 570	Qingchun 570	1996		山旱 901	Shanhan 901	2005	
高原 V028	Plateau V028	1997		源卓 3 号	Yuanzhuo 3	2005	
乐麦 5 号	Lemai 5	1998		曹选 5 号	Caoxuan 5	2007	
高原 205	Plateau 205	1998		高原 437	Plateau 437	2008	
高原 913	Plateau 913	1998		高原 412	Plateau 412	2009	

表 2 微卫星引物
Table 2 SSR markers

抗性基因	引物名称	引物序列	退火温度/°C	片段大小/bp
Resistance gene	Primer	Primer sequence	Annealing temperature	Size of fragment
<i>Lr1</i>	WR003	5' GGGACAGAGACCTTGGTGGA 3' 5' GACGATGATGATTTGCTGCTGG 3'	63	760
<i>Lr9</i>	J13	5' TCCTTTTATTCCGCACGCCGG 3' 5' CCACACTACCCCAAAGAGACG 3'	68	1 100
<i>Lr24</i>	S1302-609	5' CGCAGGTTCCAAATACTTTTC 3' 5' CGCAGGTTCTACCTAATGCAA 3'	55	607
<i>Lr29</i>	OPY10	5' GTGACCTCAGGCAATGCA 3' 5' GTGACCTCAGAACCGATG 3'	60	850
<i>Lr34</i>	csLv34	5' GTTGGTTAAGACTGGTGATGG 3' 5' TGCTTGCTATTGCTGAATAGT 3'	55	150
<i>Lr42</i>	Wmc432	5' ATGACACCAGATCTAGCAC 3' 5' AATATTGGCATGATTACACA 3'	55	200

2 结果与分析

2.1 SSR 引物的筛选及最适退火温度的确定

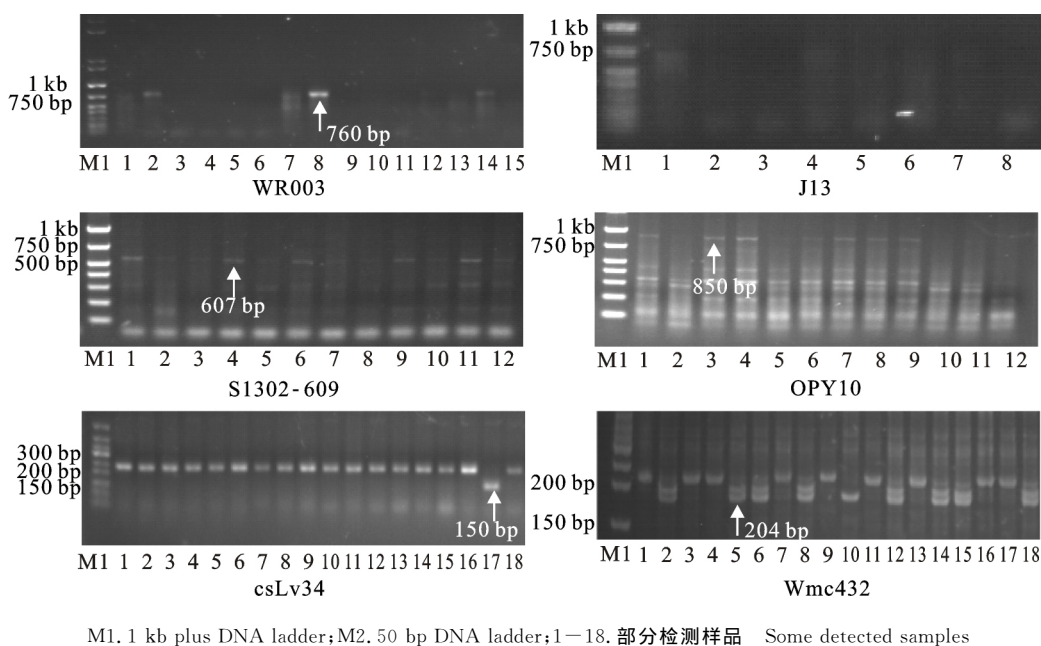
由于参考文献和数据库中给出的引物有多对,最终筛选到最适合的 6 对引物和其最适退火温度(表 2); *Lr1* 的引物 WR003, 63 °C; *Lr9* 的引物 J13, 68 °C; *Lr24* 的引物 S1302-609, 55 °C; *Lr29* 的引物 OPY10, 60 °C; *Lr34* 的引物 CSLV34, 55 °C; *Lr42* 的引物 Wmc432, 55 °C。

2.2 各抗性基因在普通小麦中的分布

分别用确定的 6 对引物及最适退火温度对 66 份青海审定小麦品种分别进行 PCR 扩增检

测,部分电泳图如图 2,结果发现(表 3),在 66 份小麦品种中,有 16 份含有 *Lr1*, 占 24.24%;有 18 份含有 *Lr24*, 占 27.27%;有 31 份含有 *Lr29*, 占 46.97%;有 5 份含有 *Lr34*, 占 7.58%;有 23 份含有 *Lr42*, 占 34.85%。

在 66 份青海青海审定小麦品种中均未检测出 *Lr9* 抗性基因(表 3)。结果还发现,在检测的小麦品种中同时含有 2 个抗性基因的品种有 17 份(表 3),占 25.76%;同时含有 3 个或 3 个以上的品种有 9 份,占 13.64%(表 3)。综上所述可以看出,同时含有多个抗叶锈病基因的品种很少,每个品种的抗叶锈病基因过于单一。



M1. 1 kb plus DNA ladder; M2. 50 bp DNA ladder; 1—18. 部分检测样品 Some detected samples

图 2 引物对青海审定小麦的检测

Fig. 2 Detection of bread wheat cultivars released in Qinghai province with molecular markers

表 3 66 份青海审定小麦品种抗叶锈基因检测结果统计

Table 3 Molecular detection results of leaf rust resistance genes in 66 wheat cultivars released in Qinghai province

品种 Cultivar	抗叶锈基因 Leaf rust resistance gene					
	<i>Lr1</i>	<i>Lr9</i>	<i>Lr24</i>	<i>Lr29</i>	<i>Lr34</i>	<i>Lr42</i>
乐麦 5 号 Lemai 5	—	—	+	—	—	+
互麦 13 Humai 13	—	—	+	—	—	—
高原 205 Plateau 205	—	—	—	—	—	+
高原 314 Plateau 314	—	—	+	+	—	+
兰天 3 号 Lantian 3	—	—	—	+	—	—
高原 913 Plateau 913	—	—	+	+	—	+
高原 448 Plateau 448	—	—	—	—	—	—
青春 144 Qingchun 144	—	—	+	+	—	+
高原 V028 Plateau V028	—	—	—	+	—	—
青春 415 Qingchun 415	+	—	—	+	—	—
柴春 236 Chaichun 236	—	—	—	+	—	—

(续表 3 Continued table 3)

品种 Cultivar	抗叶锈基因 Leaf rust resistance gene					
	<i>Lr1</i>	<i>Lr9</i>	<i>Lr24</i>	<i>Lr29</i>	<i>Lr34</i>	<i>Lr42</i>
民和 665 Minhe 665	+	-	-	+	-	-
新哲 9 号 Xinzhe 9	-	-	-	+	+	-
高原 671 Plateau 671	-	-	-	-	-	+
高原 115 Plateau 115	-	-	+	+	-	-
高原 437 Plateau 437	-	-	-	-	-	+
高原 412 Plateau 412	-	-	+	-	-	-
青春 533 Qingchun 533	-	-	+	-	-	+
高原 465 Plateau 465	-	-	+	+	-	+
高原 182 Plateau 182	-	-	-	+	+	-
高原 356 Plateau 356	-	-	-	+	-	-
青春 254 Qingchun 254	+	-	+	+	-	+
高原 338 Plateau 338	-	-	+	-	-	-
瀚海 304 Hanhai 304	-	-	+	-	-	-
高原 584 Plateau 584	-	-	-	-	-	-
高原 602 Plateau 602	-	-	-	+	-	-
香农 3 号 Xiangnong 3	-	-	-	+	-	-
墨引 1 号 Moyin 1	-	-	+	-	-	+
互麦 12 Humai 12	-	-	-	-	-	+
墨波 Mobo	-	-	-	+	-	+
互麦 14 Humai 14	-	-	-	+	-	-
青春 39 Qingchun 39	+	-	+	-	-	-
宁春 9 号 Ningchun 9	-	-	-	-	-	+
青农 524 Qingnong 524	-	-	-	-	-	+
青春 37 Qingchun 37	-	-	-	-	-	+
高原 506 Plateau 506	+	-	-	-	-	-
高原 142 Plateau 142	+	-	+	+	-	-
互麦 15 Humai 15	-	-	-	+	-	-
宁春 26 Ningchun 26	-	-	-	-	-	-
阿勃 Abo	-	-	-	+	-	-
民和 853 Minhe 853	+	-	+	+	-	-
东春 1 号 Dongchun 1	-	-	-	-	-	-
青春 952 Qingchun 952	-	-	+	+	-	+
通麦 1 号 Tongmai 1	+	-	-	-	-	+
青春 38 Qingchun 38	+	-	-	-	-	-
山旱 901 Shanhan 901	+	-	-	+	-	-
高原 363 Plateau 363	+	-	-	+	+	-
高原 175 Plateau175	+	-	-	+	-	-
源卓 3 号 Yuanzhuo 3	-	-	+	+	-	-
青农 469 Qingnong 469	-	-	-	-	-	-
柴春 901 Chaichun 901	-	-	-	-	-	-
柴春 018 Chaichun 018	-	-	-	+	-	-
互助红 Huzhu Red	+	-	-	-	-	-
甘春 20 Ganchun 20	-	-	-	-	-	+
民和 588 Minhe 588	+	-	-	-	-	+
曹选 5 号 Caoxuan 5	+	-	-	-	-	-
乐麦 6 号 Lemai 6	-	-	-	-	-	+
柴春 044 Chaichun 044	-	-	-	-	-	+
高原 932 Plateau 932	-	-	-	-	+	-
墨引 2 号 Moyin 2	-	-	-	-	+	+
高原 158 Plateau 158	-	-	-	-	-	-
青春 891 Qingchun 891	-	-	-	-	-	-
互麦 11 Humai 11	-	-	-	-	-	-
青春 570 Qingchun 570	-	-	-	-	-	-
高原 466 Plateau 466	+	-	-	+	-	-
青春 587 Qingchun 587	-	-	-	-	-	-

注：“+”表示阳性；“-”表示阴性。

Note: “+”indicates presence; “-”indicates absence.

3 讨论

在中国,叶锈病发病地主要为长江流域,多为西南和华东地区。但近年来,随着全球气候变暖,青海也变得湿润多雨,逐年成为小麦锈病的繁育地。叶锈病对环境的适应能力强于条锈病和秆锈病,既耐低温也耐高温。因此,叶锈病入侵青海并突然爆发将成为可能。2017年7月对西宁周边区县进行调查时发现,在西宁大通县长宁镇发现小麦叶锈病感病株(图1)。虽后期未见该病在西宁周边爆发,但这一现象足以说明青海部分地区已逐渐满足小麦叶锈病的发病条件。本研究以66份青海省审定的小麦品种为试验材料,结果发现有10份材料不含有以上6种任何一种抗性基因,32份供试材料只含有其中1种抗性基因,研究表明:对青海省春小麦主栽品种‘阿勃’和‘高原448’^[18]而言,‘高原448’不含以上6个抗叶锈病基因的任何一个,而‘阿勃’也只含有1个(表5)。这是一个危险信号,一旦小麦叶锈病孢子的某小种适应青海气候环境,极有可能引起叶锈病在青海爆发,导致小麦减产和品质下降。本研究也有不足之处,结论有可能不准确,因为目前抗叶锈病的基因还未完全发现,这些小麦品种中可能存在未曾检测到的其他抗叶锈病基因。

本研究的另一结果表明,供试材料中含有的抗性基因极其单一,42份不含有或只含有1个抗性基因,占供试材料的63.64%。因此,引进、发掘和合理利用优良种质资源,使一个品种同时聚合多个抗性基因,提高小麦抗性基因的多样化,是防治小麦叶锈病的有效措施。

本研究明确了青海审定66份小麦品种的抗叶锈性及其抗叶锈基因的单一性等问题,为小麦种质的抗叶锈性评价提供基础信息;同时,也为青海省的小麦抗病育种提供依据和材料。

参考文献 Reference:

[1] 胡亚亚,冯丽娜,冀红柳,等. 粗山羊草 Y192 中抗叶锈基因 *LrY192* 的 SSR 定位[J]. 中国农业科学, 2011, 44(10): 2022-2028.
HU Y Y, FENG L N, JI H L, et al. SSR mapping of leaf rust resistance gene *LrY192* in *Aegilops tauschii* Y192[J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2011, 44(10): 2022-2028.

[2] 师丽红,张 娜,胡亚亚,等. 10 个小麦新品种(系)抗小麦叶锈性评价[J]. 中国农业科学, 2011, 44(14): 2900-2908.
SHI L H, ZHANG N, HU Y Y, et al. Evaluation of wheat leaf rust resistance of 10 new wheat cultivars (lines) [J]. *Scientia Agricultura Sinica*, 2011, 44(14): 2900-2908.

[3] 孙 一,胡亚亚,杨文香,等. 6 个小麦品系的抗叶锈性评价[J]. 麦类作物学报, 2011, 32(4): 762-768.
SUN Y, HU Y Y, YANG W X, et al. Evaluation of the resistance to leaf rust of 6 wheat lines [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2011, 32(4): 762-768.

[4] 胡亚亚,张 娜,李林懋,等. 14 个小麦品种(系)抗叶锈性分析[J]. 作物学报, 2011, 37(12): 2158-2166.
HU Y Y, ZHANG N, LI L M, et al. Analysis of wheat leaf rust resistance genes in 14 wheat cultivars or lines [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2011, 37(12): 2158-2166.

[5] 胡亚亚,孙 一,张河山,等. 8 个小麦育种亲本抗叶锈基因分析[J]. 植物遗传资源学报, 2014, 15(4): 802-809.
HU Y Y, SUN Y, ZHANG H SH, et al. Wheat leaf rust resistance genes of eight wheat breeding parents [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2014, 15(4): 802-809.

[6] TEMAM H R L, BOWDEN B S, GILL T S. Chromosomal locations in common wheat of three new leaf rust resistance genes from *Triticum monococcum* [J]. *Euphytica*, 1998, 101(1): 127-131.

[7] BŁASZCZYK L, KRAMER I, ORDON F, et al. Validity of selected DNA markers for breeding leaf rust resistant wheat [J]. *Cereal Research Communications*, 2008, 36(2): 201-213.

[8] VIDA G, GAL M, UHRIN A, et al. Molecular markers for the identification of resistance genes and marker-assisted selection in breeding wheat for leaf rust resistance [J]. *Euphytica*, 2009, 170(1/2): 67-76.

[9] 刘子记,梁 永,朱 婕,等. 小麦抗叶锈病基因 *Lr9* 的分子标记及其检测[J]. 麦类作物学报, 2013, 33(2): 236-242.
LIU Z J, LIANG Y, ZHU J, et al. Genetic improvement and marker assisted selection of wheat with leaf rust resistance gene *Lr9* [J]. *Journal of Triticeae Crops*, 2013, 33(2): 236-242.

[10] 张晓祥,王 玲,寿路路. 一种快速提取小麦基因组 DNA 的改良 CTAB 方法[J]. 中国农业通报, 2012, 28(36): 46-49.
ZHANG X X, WANG L, SHOU L L. A rapid modified CTAB method of extracting genomic DNA from wheat leaf [J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2012, 28(36): 46-49.

[11] QIU J W, SCHURCH A C, YAHIAOUI N, et al. Physical mapping and identification of a candidate for the leaf rust resistance gene *Lr1* of wheat [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2007, 115(2): 159-168.

[12] GUPTA S K, CHARPE A, KOUL S, et al. Development and validation of molecular markers linked to an *Aegilops umbellulata*-derived leaf-rust-resistance gene, *Lr9*, for marker-assisted selection in bread wheat [J]. *Genome*, 2005, 48(5): 823-830.

[13] GUPTA S K, CHARPE A, KOUL S, et al. Development and validation of SCAR markers co-segregating with an *Agropyron elongatum* derived leaf rust resistance gene *Lr24* in wheat [J]. *Euphytica*, 2006, 150(1/2): 233-240.

[14] TAR M, PUMHAUSER L, CSOSZ L, et al. Identification

- of molecular markers for an efficient leaf rust resistance gene (*Lr29*) in wheat[J]. *Acta Biologica Szegediensis*, 2002,46(3):133-134.
- [15] LAGUDAH E S, KRATTINGER S G, HERRERA F S, *et al.* Gene-specific markers for the wheat gene *Lr34/Yr18/Pm38* which confers resistance to multiple fungal pathogens[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2009, 119(5): 889-898.
- [16] SUN X C, BAI G H, CARVER B F, *et al.* Molecular mapping of wheat leaf rust resistance gene *Lr42* [J]. *Crop Science*, 2010, 50(1): 59-66.
- [17] 陈玉婷, 魏学友, 高峰, 等. 17 个粗山羊草品种(系)抗叶锈基因的鉴定[J]. 河北农业大学学报, 2010, 33(5): 34-39.
- [18] 刘 韬, 尚 玥, 张 波, 等. 66 份青海审定小麦及 86 份人工合成小麦抗秆锈病小种 Ug99 的基因组成分析[J]. 西北农业学报, 2017, 26(4): 523-532.
- LIU T, SHANG Y, ZHANG B, *et al.* Comparison analysis of the distribution of stem rust race Ug99 resistance gene in 66 bread wheat cultivars released in Qinghai province and 86 synthetic hexaploid wheat lines[J]. *Acta Agriculturae Boreali-occidentalis Sinica*, 2017, 26(4): 523-532.

Molecular Identification of Leaf Rust Resistance Genes in Bread Wheat Cultivars Released in Qinghai Province

LIU Tao^{1,3}, WU Lijun^{1,3}, GAN Xiaolong^{1,3}, ZHANG Bo^{1,4}, LIU Baolong^{1,4}, CHEN Wenjie^{1,4}, ZHANG Lianquan², LIU Dengcai² and ZHANG Huaigang^{1,3,4}

(1. Northwest Institute of Plateau Biology, Chinese Academy of Sciences, Xining 810008, China; 2. Triticeae Research Institute, Sichuan Agricultural University, Chengdu 611130, China; 3. University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100049, China; 4. Qinghai Province Key Laboratory of Crop Molecular Breeding, Xining 810008, China)

Abstract To analyze the distribution of leaf rust resistance genes in 66 bread wheat cultivars which were released in Qinghai Province, six molecular markers of leaf rust resistance genes (*Lr1*, *Lr9*, *Lr24*, *Lr29*, *Lr34*, *Lr42*) were applied to test 66 wheat cultivars. Of the 66 Qinghai released cultivars, 16 cultivars carry *Lr1* gene; 0 cultivars carry *Lr9* gene; 18 cultivars carry *Lr24* gene; 31 cultivars carry *Lr29* gene; 5 cultivars carry *Lr34* gene; and 23 cultivars carry *Lr42* gene; accounting for 24.24%, 0%, 27.27%, 46.97%, 7.58% and 34.85% of the detected samples, respectively. Meanwhile, 17 samples contain two resistance genes, accounting for 25.76%; 9 samples contain three resistance genes, accounting for 13.64%; only 'Qingchun 254' contain four resistance genes. The distribution of Leaf Rust Resistance Genes in 66 wheat cultivars in Qinghai province provides the resources of resistance gene and has potential value for improving the resistance of leaf rust by pyramiding leaf rust resistant genes.

Key words Bread wheat; Leaf rust resistance gene; Wheat leaf rust

Received 2017-09-08 **Returned** 2017-10-19

Foundation item The Strategic Priority Research Program of Chinese Academy of Sciences (No. XDA08030106); the Key Research Program of Qinghai Province (No. 2016-HZ-808).

First author LIU Tao, male, master student. Research area: wheat disease resistance genetics and breeding. E-mail: liutao415@mails.ucas.ac.cn

Corresponding author ZHANG Huaigang, male, research fellow, doctoral supervisor. Research area: wheat genetics and breeding. E-mail: hgzhang@nwipb.cas.cn

ZHANG Bo, male, associate research fellow, master supervisor. Research area: wheat genetics and breeding. E-mail: zhangbo@nwipb.cas.cn

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