

春小麦品种墨波成株期抗条锈基因遗传解析

张调喜¹ 闫佳会¹ 侯璐^{1*} 姚强¹ 郭青云^{1*} 马麟²

(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; 青海省农林科学院, 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. 大通县农业技术推广中心, 青海 西宁 810100)

摘要: 为明确春小麦品种墨波成株期抗条锈性遗传基础, 以墨波与感病品种 Taichung29(T29) 杂交创建 $F_{2:3}$ 分离群体, 通过青海西宁市和海东市 2 个试验点 2 年田间病圃鉴定, 应用植物数量性状主基因+多基因混合遗传模型单个分离世代分析方法对墨波/T29 F_2 群体的抗性遗传效应进行了分析。结果发现群体单株/家系的病害严重度和反应型在 2 个试验点均未呈现连续性分布, 但是在不同区段内, 群体株系间又表现出较明显的连续性变异, 初步推测, 墨波成株期对小麦条锈病抗性具有由主效基因和微效基因共同控制的特征; 遗传分析结果表明, 墨波的成株期抗条锈性最优遗传模型均为 2 对主基因遗传, 并受微效基因影响, 在海东市试验点用反应型数据分析得到的最优遗传模型为 C-6 模型 2MG-EEAD, 即 2 对等显性主基因遗传, 在海东市及西宁市试验点用严重度数据分析得到的最优遗传模型均为 C-1 模型 2MG-ADI, 即 2 对主基因加性-显性-上位性遗传。

关键词: 春小麦; 墨波; 抗条锈性; 遗传模型

Genetic analysis of spring wheat Mobo stripe rust resistance at adult stage

Zhang Tiaoxi¹ Yan Jiahui¹ Hou Lu^{1*} Yao Qiang¹ Guo Qingyun^{1*} Ma Lin²

(1. Key Laboratory of Agricultural Integrated Pest Management, Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Qinghai University; State Key Laboratory of Plateau Ecology and Agriculture, Qinghai Academy of Agriculture and Forestry Sciences; Scientific Observing and Experimental Station of Crop Pest in Xining, Ministry of Agriculture,

Xining 810016, Qinghai Province, China; 2. Datong Agricultural Technology Promotion Center, Xining 810100, Qinghai Province, China)

Abstract: In order to clarify the resistance hereditary rule of spring wheat Mobo (Potam-S70) to stripe rust, Mobo was crossed with the susceptible cultivars Taichung 29 (T29) to produce $F_{2:3}$ segregating populations. Stripe rust resistance of $F_{2:3}$ segregating populations was tested separately on Xining and Haidong fields in two years. The method of joint segregation analysis of single generation of major gene plus polygene mixed inheritance model was used to analyze the inheritance of resistance stripe rust in Mobo. The results showed for F_2 and F_3 line populations, both the disease severity and infection type data which were uncontinuous distributions with some part showed continuous, preliminary indicated that stripe rust resistance of Mobo was complicated controlled by major gene and minor genes together. Genetic analysis showed that, stripe rust resistance of Mobo was controlled by two major genes, partially by minor genes, when tested in Haidong, and analysis on infection type data results showed the most fitted genetic model for the resistance was C-6 2MG-EEAD, which is, two equal dominance effect major genes, but analysis on disease severity data, as well as tested in Xining, either analysis on infection

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

* 通信作者 (Authors for correspondence), E-mail: mantou428@163.com, guoqingyunqh@163.com

收稿日期: 2017-12-12

type data or disease severity data, the most fitted genetic model for the resistance was C-1 2MG-ADI, two additive-major-epistatic interaction major genes.

Key words: spring wheat; Mobo (Potam-S70); stripe rust resistance; inheritance model

小麦条锈病是由小麦条锈菌 *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* 引起的世界性小麦病害,是影响小麦生产最重要的病害,该病害在低温和潮湿环境下易发生,从小麦一叶期到成熟期都可以发生感染(Chen, 2005)。选育和利用抗病品种是防治小麦条锈病最经济、安全和有效的措施(Line & Chen, 1995; Chen, 2005; 陈万权等, 2013),然而,小麦条锈菌群体毒性结构复杂,新毒性小种不断形成,容易使小麦品种抗病性“丧失”,致使小麦条锈病周期性流行。不断发掘新的抗条锈病基因,实现抗病基因的多样化及合理布局是一项有战略意义的基础研究工作,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。

青海省是我国小麦条锈菌主要越冬流行区(姚强等, 2014a),该省小麦种植垂直分布,春小麦和冬小麦交错种植,每年拥有大量的小麦条锈菌越冬菌源,主要以晚熟春麦上的菌源为主,可以保持大量的菌源到早播冬麦出苗后,为我国东部冬麦区秋苗发病提供较多的有效菌源。同时青海省种植的春小麦中抗条锈病品种较少,对我国小麦条锈菌越冬菌源区的区域治理造成非常不利的局面。

为增加抗病基因的多样性,国内研究者做了大量的工作,中国农业科学院植物保护研究所徐世昌课题组对大量国内小麦农家品种和生产品种进行了系统的抗条锈性鉴定和研究,其中,刘太国等(2015)对中国冬小麦区域试验品种进行了抗病性评价,王吐虹等(2015)对40个小麦农家品种和甘肃省南部40个生产品种进行了抗条锈病性鉴定和抗病基因推导等;在春小麦研究方面,曹世勤等(2013)分别对甘肃省26个春小麦品种(系)进行了苗期抗条锈基因分析及成株期抗病性评价,此外还对4291份冬小麦和710份春小麦进行了系统的抗条锈性鉴定(曹世勤等, 2017);李永平等(2016)对86份贵协系小麦种质资源进行抗条锈性分析,王万军等(2016)对临麦系列春小麦品种进行了抗条锈性评价,周新力等(2015)对80份国外春小麦种质资源进行了抗条锈病性评价,姚强等(2014b)也对120个春小麦品种(系)做了成株期抗条锈性评价,并对青海春小麦品种青春39进行了苗期抗条锈性基因遗传分析,侯璐等(2017)对搜集的81份春小麦种质资源进行了

系统的抗条锈性鉴定,并对4份春麦种质资源进行了苗期抗病基因遗传分析(侯璐, 2017)。但国内对春小麦成株期抗条锈病基因的遗传分析研究鲜有报道。

墨波(Potam-S70)亲本为INIA “S”/Napo63, 1972年引入我国后,经广东、河北、山东、山西、北京等地试种,抗3锈、耐水、耐肥、抗倒、适应性较广,云南省也于1974年引进(刘三才等, 1997; 张勇等, 2011),本研究组从2010—2016年连续进行大田成株期观察,发现墨波一直表现近免疫,是很好的抗病品种(姚强, 2014),研究其抗病遗传机制对科学利用这一抗病资源具有重要意义。因此,本试验分析墨波的成株期抗条锈性特点和抗病基因遗传规律,以期为其在国内抗病育种中的合理利用提供理论指导。

1 材料与方法

1.1 材料

春小麦品种墨波由本研究室保存;春小麦感病对照品种Taichung 29(T29)由中国农业科学院植物保护研究所徐世昌研究员提供,本研究室保存;以墨波与T29杂交后繁种获得的F_{2:3}代群体为本试验研究群体材料,由本研究室创建保存。

1.2 方法

于2015年和2016年分别在青海省海东市和西宁市青海省农林科学院植物保护研究所小麦条锈病抗性鉴定自然发病圃进行抗性鉴定。

每年播种时间为4月上旬,亲本墨波和Taichung 29先各播种1行,行长1 m,行距0.3 m, 2015年将F₂群体单粒播种,每行播10粒,播种30行,每个试验点1个处理,其中每20行中间加设1行Taichung 29作为感病对照,鉴定圃的四周各种3行Taichung 29作诱发行。2015年F₂群体单株收获所得F₃家系群体于2016年继续于同一地点测试,每个F₃家系种1行,每个试验点1个处理,每20行中间加设1行Taichung 29作为感病对照,鉴定圃的四周各种3行Taichung 29作诱发行。

从7月上旬当Taichung 29充分发病的时候开始调查,对亲本墨波和Taichung 29实行单行整体评估,对F₂群体实行单株调查(2015年),对F₃家系群体每个家系实行单行整体评估调查(2016年),记录发病反应型和严重度,反应型按0~9级的方法记录

(Hou et al., 2015); 严重度根据调查叶片的发病面积占总叶面积百分比, 按 0、2、5、10、15、20、25、30、35、40、45、50、55、60、65、70、75、80、85、90、95、100 分级记录。共调查 2 次, 间隔 7 d, 选用调查 2 次中最大严重度作最终统计。

1.3 数据分析

采用 Excel 2007 软件统计数据并绘制墨波/T29 F_2 群体在 2 个试验点中的严重度和反应型的频率分布条形图; 利用刘兵 (2013) 研制的植物数量性状主基因+多基因混合遗传的分离分析软件 SEA-F2 进行分析, 用极大似然和期望最大化算法估计分布参数, AIC (Akaike's information criterion, 赤池信息准则) 值较小且适合性检验较优的模型为适宜遗传模型。采用最小二乘法从一阶分布参数估计一阶

传参数, 并估计主基因和多基因遗传方差和遗传率等二阶遗传参数。

2 结果与分析

2.1 亲本及 $F_{2:3}$ 群体对条锈病的抗性

2015 年和 2016 年在海东市和西宁市 2 个试验点小麦条锈病发病都比较充分。感病亲本 Taichung 29 的病害反应型均为 9, 严重度为 80%, 抗病亲本墨波 Mobo 的反应型为 2, 严重度为 5%, F_2 群体 2015 年和对应的 F_3 家系群体 2016 年分别均呈现不连续分布, 但是在不同区段内, 又表现出较明显的连续性变异 (图 1)。初步推测, 墨波对小麦条锈病的成株期抗性由主效基因控制, 又受微效基因影响, 可能是由主效基因和微效多基因共同控制的复杂遗传。

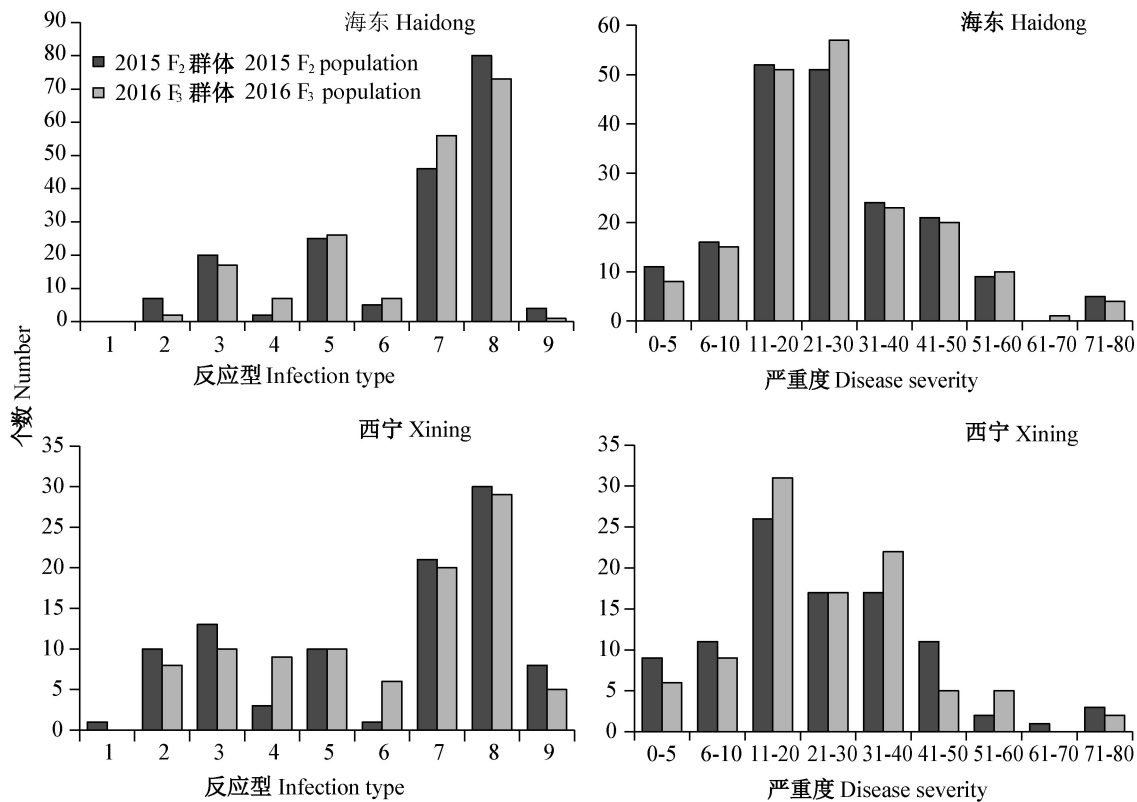


图 1 墨波/T29 $F_{2:3}$ 群体在海东市和西宁市试验点所测试反应型和病害严重度的频率分布条形图

Fig. 1 Frequency distributions of infection type and disease severity of $F_{2:3}$ populations from Mobo (resistant)/T29 (susceptible) tested on Haidong and Xining fields

2.2 遗传模型的选择

用主基因+多基因混合遗传的 F_2 群体分析方法对墨波的成株期抗条锈性基因进行分析, 2 个试验点中均得到 0 对主基因 (A)、1 对主基因 (B) 和 2 对主基因 (C) 3 类 11 种遗传模型的 AIC 值。海东市试验点结果表明, 用严重度数据分析时, C-1 和 C-2 的 AIC 值为最低的 2 个, 分别为 1 417.689 和 1 575.280,

适合性检验结果 (数据省略) 显示, 这 2 个模型统计量均未达到显著水平, 而 C-1 模型的 AIC 值最小, 因此, C-1 模型可以作为最适遗传模型; 用反应型数据分析时, C-1 和 C-6 的 AIC 值为最低的 2 个, 分别为 559.874 和 597.841; 结合适合性检验结果 (数据省略), C-1 和 C-6 达到显著的检验个数分别为 2 和 1, 所以 C-6 模型可以作为最适遗传模型 (表 1)。

由此可见,选用严重度数据或反应型数据分析 作用方式(C-1:2MG-ADI 为加性-显性-上位性, 最优遗传模型均为2对主基因遗传,只是主基因的 C-6:2MG-EEAD 等显性)有所不同。

表1 墨波/T29 F₂ 群体在海东市试验地所测试抗条锈病反应型和严重度在不同遗传模型下的极大似然函数和 AIC 值
Table 1 Maximum likelihood values and AIC values in different genetic models for stripe rust infection type (IT) and disease severity (DS) tested in the F₂ populations from Mobo/T29 in Haidong

模型代码 Model code	严重度 Disease severity		反应型 Infection type	
	极大似然函数值 Log_max_likelihood_value	AIC	极大似然函数值 Log_max_likelihood_value	AIC
A 0MG	-794.067	1 592.134	-386.342	776.684
B-1 1MG-AD	-784.541	1 577.083	-336.897	681.794
B-2 1MG-A	-794.073	1 594.145	-386.338	778.676
B-3 1MG-EAD	-794.068	1 596.135	-336.897	681.794
B-4 1MG-AEND	-794.068	1 596.135	-336.897	681.794
C-1 2MG-ADI	-698.845	1 417.689	-269.937	559.874
C-2 2MG-AD	-781.640	1 575.280	-336.896	685.792
C-3 2MG-A	-794.080	1 596.161	-386.336	780.671
C-4 2MG-EA	-794.070	1 594.139	-386.338	778.676
C-5 2MG-AED	-794.068	1 596.136	-295.921	599.841
C-6 2MG-EEAD	-794.068	1 594.136	-295.920	597.841

MG:主基因; A: 加性效应; D: 显性效应; E: 相等; I: 互作; N: 负向。MG: Major gene; A: additive; D: dominance; E: equal; I: interaction; N: negative.

西宁市试验点结果表明,用严重度数据分析时, C-1 和 C-5 的 AIC 值为最低的2个,分别为290.461 和359.443,适合性检验结果(数据省略)显示:这2个模型统计量均未达到显著水平,而C-1模型的 AIC 值最小,作为最适遗传模型;用反应型数据分析时,则C-1和C-2的 AIC 值为最低的2个,分别为

748.720 和811.907;适合性检验结果(数据省略)显示这2个模型统计量未达到显著水平,而C-1模型的 AIC 值最小,可作为最适遗传模型(表2)。由此可见,选用严重度数据或反应型数据分析最优遗传模型均为C-1模型,即2对加性-显性-上位性主基因遗传。

表2 墨波/T29 F₂ 群体在西宁试验地所测试抗条锈病反应型和严重度在不同遗传模型下的极大似然函数和 AIC 值
Table 2 Maximum likelihood values and AIC values in different genetic models for stripe rust infection type (IT) and disease severity (DS) tested in the F₂ populations from Mobo/T29 in Xining

模型代码 Model code	严重度 Disease severity		反应型 Infection type	
	极大似然函数值 Log_max_likelihood_value	AIC	极大似然函数值 Log_max_likelihood_value	AIC
A 0MG	-216.474	436.948	-409.442	822.884
B-1 1MG-AD	-188.746	385.492	-406.040	820.079
B-2 1MG-A	-177.772	361.544	-409.445	824.891
B-3 1MG-EAD	-188.746	385.492	-409.441	826.881
B-4 1MG-AEND	-188.746	385.492	-409.441	826.881
C-1 2MG-ADI	-135.230	290.461	-364.360	748.720
C-2 2MG-AD	-188.746	389.492	-399.954	811.907
C-3 2MG-A	-177.728	363.456	-409.457	826.915
C-4 2MG-EA	-205.650	417.300	-409.443	824.887
C-5 2MG-AED	-175.721	359.443	-409.441	826.882
C-6 2MG-EEAD	-188.472	382.945	-409.441	824.882

MG: 主基因; A: 加性效应; D: 显性效应; E: 相等; I: 互作; N: 负向。MG: Major gene; A: additive; D: dominance; E: equal; I: interaction; N: negative.

2.3 最适遗传模型相关参数估计

根据最优遗传模型估计调查发病反应型和严重度的一阶和二阶遗传参数(表3)。在海东市试验点,墨波/T29 F₂群体在墨波成株期抗条锈性以严重度数据分析,为由C-1模型即2对加性-显性-上位性主效基因作用,2对主基因(A和B)加性效应均表现为正向效应($d_a>0, d_b>0$),显性效应均表现为负向效应($h_a<0, h_b<0$),2对主基因间加性×显性互作为负向($j_{ab}<0$),其它互作均为正向作用;以反应型数据分析,则为C-6模型即2对等显性主基因作用,加性效应表现为1个正向效应($d_a>0$)。

在西宁市试验点以严重度数据分析,墨波成株期抗条锈性为C-1模型即2对加性-显性-上位性主基因作用,2对主基因(A和B)加性效应均表现

为正向效应($d_a>0, d_b>0$),显性效应均表现为负向效应($h_a<0, h_b<0$),2对主基因间加性×显性互作为负向($j_{ab}<0$),其它互作均为正向作用;以反应型数据分析,墨波成株期抗条锈性结果也为C-1模型,2对主基因(A和B)加性效应均表现为正向效应($d_a>0, d_b>0$),显性效应表现为1个正向效应,1个负向效应($h_a>0, h_b<0$),基因间加性×加性互作为负向($i<0$),2对主基因间加性×显性互作为负向效应($j_{ab}<0$),其它互作均为正向效应。

在海东市试验点,墨波成株期抗条锈性主基因遗传率为99.07%和92.69%,西宁试验地主基因遗传率为99.35%和99.39%。说明在不同地点,墨波成株期抗条锈性均具有极高的遗传率,而且主基因的遗传率差异不大,主基因的遗传稳定性很高。

表3 墨波/T29 F₂群体在最优遗传模型下遗传参数的估计值

Table 3 Genetic parameters estimated from the best models in the F₂ populations from Mobo/T29

参数 Parameter	海东 Haidong		西宁 Xining		参数 Parameter	海东 Haidong		西宁 Xining	
	严重度 Disease severity	反应型 Infection type	严重度 Disease severity	反应型 Infection type		严重度 Disease severity	反应型 Infection type	严重度 Disease severity	反应型 Infection type
m	38.82	5.18	37.50	5.94	j_{ab}	-2.36	-	-4.17	-0.06
d_a	26.18	1.24	27.50	2.56	j_{ba}	11.48	-	13.15	0.91
d_b	11.31	-	10.00	0.94	l	15.04	-	17.05	1.29
h_a	-21.96	-	-21.83	0.20	σ^2_{mg}	271.96	3.33	297.70	5.35
h_b	-2.64	-	-4.17	-0.44	$h^2_{mg}(\%)$	99.07	92.69	99.35	99.39
i	3.69	-	5.00	-0.44					

m : 群体平均值; d_a : 第1对主基因加性效应; d_b : 第2对主基因加性效应; h_a : 第1对主基因显性效应; h_b : 第2对主基因显性效应; i : 2对主基因间加性×加性互作; j_{ab} : 2对主基因间加性×显性互作; j_{ba} : 2对主基因间显性×加性互作; l : 2对主基因间显性×显性互作; σ^2_{mg} : 主基因遗传方差; h^2_{mg} : 主基因遗传率; -: 没有数据。 m : Total average; d_a : additive effects for the first major gene; d_b : additive effects for the second major gene; h_a : dominance effects for the first major gene; h_b : dominance effects for the second major gene; i : additive-by-additive for the two major genes; j_{ab} : additive-by-dominance for the two major genes; j_{ba} : dominance-by-additive for the two major genes; l : dominance-by-dominance interaction effects for the two major genes; σ^2_{mg} : genetic variance major-gene; h^2_{mg} : heritability for major-gene major-gene; -: no data.

3 讨论

马东方等(2013)对小偃6号的成株期高温抗条锈病基因进行遗传分析,发现小偃6号对CYR30、CYR32的抗病性均由2对隐性基因累加作用控制,对Su11-4的抗病性由1对显性基因控制;周春宏等(2015)研究发现西藏地方小麦品种曲白春成株期对小麦条锈菌的抗性由2对独立显性基因控制;李邦发(2015)对西科麦2028的成株期抗条锈性基因的遗传分析发现,西科麦2028对CYR31的抗病性由3对显性基因控制,对CYR32由2对显性和1对隐性基因控制,对CYR33由1对显性基因控制,对

Su11-4由1对显性和1对隐性基因控制;苏萍萍等(2017)对小麦种质P10078的研究发现,其成株期抗病性由1对显性主效基因控制。即国内目前对小麦成株期抗条锈病基因遗传分析的报道,主要是根据孟德尔遗传规律进行分析,用 χ^2 法($P\leq 0.05$)适合性测验,确定抗病基因的数目以及基因间互作方式,获得1对、2对或3对抗条锈病基因的作用规律。本研究墨波与Taichung 29杂交群体后代的抗病性结果不符合体现纯数量性状遗传的连续性分布,证明有主效基因作用,但群体中抗病反应中间型较多,说明可能也有微效基因影响,抗病反应中间型较多时,

进行抗病、感病划分时误差较大,特别是对小麦条锈病发病严重度结果进行抗病、感病的划分还未见到参考的标准,难以根据孟德尔经典遗传规律进行简单的抗病、感病单株(或家系)数目分离比分析,故直接应用植物数量性状主基因+多基因混合遗传模型单个分离世代分析方法分析墨波成株期抗病基因的遗传特点和作用方式,避免了人为划分抗感界限,减少个体分级的主观性,且可以结合反应型和严重度的数据更充分地进行分析。

本研究选取春小麦品种墨波作为母本与Taichung 29 杂交获得的F_{2:3}分离群体,分2年在西宁市和海东市2个试验点进行田间条锈病试验。结果表明,墨波成株期抗条锈性由2对主基因作用,并受微效基因影响,除了在海东市试验地用反应型数据分析得到的最优遗传模型为2对等显性主效基因作用外,其它的最优遗传模型均为2对加性-显性-上位性主效基因作用。根据墨波的抗性遗传特点,可通过抗病基因的聚合以进一步提高寄主的抗病性和抗性持久性,也可以进一步定位抗病基因,获得与抗病基因紧密连锁的分子标记,为分子标记辅助选择育种服务。

致谢:江苏省农业科学院经济作物研究所狄佳春副研究员对本研究提供数据分析指导,特此致谢!

参 考 文 献 (References)

- Cao SQ, Lü XH, Huang J, Feng J, Zhang B, Luo HS, Jia QZ, Wang XM, Wang WJ, Jin SL, et al. 2013. Postulation of resistant genes at seedling stage and evaluation of adult resistance to stripe rust of 26 spring wheat cultivars (lines) from Gansu Province. *Journal of Triticeae Crops*, 33(4): 771-776 (in Chinese) [曹世勤, 吕小欢, 黄瑾, 冯晶, 张勃, 骆惠生, 贾秋珍, 王晓明, 王万军, 金社林, 等. 2013. 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. 麦类作物学报, 33(4): 771-776]
- Cao SQ, Wang XM, Jia QZ, Sun ZY, Luo HS, Zhang B, Huang J, Jin MA, Wang WJ, Jin SL. 2017. Evaluation of resistance to stripe rust in wheat varieties (lines) during 2003—2013 in Longnan region, Gansu Province. *Journal of Plant Genetic Resources*, 18(2): 253-260 (in Chinese) [曹世勤, 王晓明, 贾秋珍, 孙振宇, 骆惠生, 张勃, 黄瑾, 金明安, 王万军, 金社林. 2017. 2003—2013年小麦品种(系)抗条锈性鉴定及评价. 植物遗传资源学报, 18(2): 253-260]
- Chen WQ, Kang ZS, Ma ZH, Xu SC, Jin SL, Jiang YY. 2013. Integrated management of wheat stripe rust caused by *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in China. *Scientia Agricultura Sinica*, 46(20): 4254-4262 (in Chinese) [陈万权, 康振生, 马占鸿, 徐世昌, 金社林, 姜玉英. 2013. 中国小麦条锈病综合治理理论与实践. 中国农业科学, 46(20): 4254-4262]
- Chen XM. 2005. Epidemiology and control of stripe rust [*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*] on wheat. *Canadian Journal of Plant Pathology*, 27: 314-337
- Hou L. 2017. Stripe rust resistance gene evaluation and genetic analysis of 4 spring wheat germplasm resources. *Journal of Triticeae Crops*, 37(1): 80-86 (in Chinese) [侯璐. 2017. 4个春小麦种质资源抗条锈性鉴定和抗性遗传分析. 麦类作物学报, 37(1): 80-86]
- Hou L, Chen XM, Wang MM, See DR, Chao SM, Bulli P, Jing JX. 2015. Mapping a large number of QTL for durable resistance to stripe rust in winter wheat Druchamp using SSR and SNP markers. *PLoS ONE*, 10(5): e0126794
- Hou L, Yan JH, Yao Q, Li QR, Ma YQ, Guo QY. 2017. Identification and analysis of 81 spring wheat germplasm resources resistance to stripe rust. *Plant Protection*, 43(3): 171-176 (in Chinese) [侯璐, 闫佳会, 姚强, 李秋荣, 马永强, 郭青云. 2017. 81份春小麦种质资源抗条锈病评价. 植物保护, 43(3): 171-176]
- Li BF. 2015. Inheritance of resistance to stripe rust in wheat line Xike-mai 2028. *Journal of Plant Genetic Resources*, 16(5): 1093-1097 (in Chinese) [李邦发. 2015. 西科麦 2028 抗条锈性的遗传分析. 植物遗传资源学报, 16(5): 1093-1097]
- Li YP, Cao SQ, Jin SL, Feng J, Tan CR. 2016. Resistance analysis on spring wheat cultivar of Linmai lines to stripe rust in Linxia, Gansu Province. *Plant Protection*, 42(2): 209-213 (in Chinese) [李永平, 曹世勤, 金社林, 冯晶, 谭瑞榕. 2016. 临麦系列春小麦品种抗条锈性分析. 植物保护, 42(2): 209-213]
- Line RF, Chen XM. 1995. Successes in breeding for and managing durable resistance to wheat rusts. *Plant Disease*, 79(12): 1254-1255
- Liu B. 2013. SEA: a software package of segregation analysis of quantitative traits in plants. Master Thesis. Nanjing: Nanjing Agricultural University (in Chinese) [刘兵. 2013. 植物数量性状分离分析 windows 软件包 SEA 的研制. 硕士学位论文. 南京: 南京农业大学]
- Liu SC, Zheng DS, Zhu XX, Li ZF. 1997. Utilization of Mexican wheat cultivars in Yunnan Province (One). *Yunnan Agriculture*, (8): 14-15 (in Chinese) [刘三才, 郑殿升, 朱湘霞, 李宗福. 1997. 墨西哥小麦在云南的利用(一). 云南农业, (8): 14-15]
- Liu TG, Qiu J, Zhou YL, Xu SC, Chen HG, Liu Y, Gao L, Liu B, Zheng CL, Chen WQ. 2015. Multi-disease resistance evaluation of Chinese advanced winter wheat lines for the national regional test. *Scientia Agricultura Sinica*, 48(15): 2967-2975 (in Chinese) [刘太国, 邱军, 周益林, 徐世昌, 陈怀谷, 刘艳, 高利, 刘博, 郑传临, 陈万权. 2015. 中国冬小麦区域试验品种抗病性评价. 中国农业科学, 48(15): 2967-2975]
- Ma DF, Zhou XL, Jing JX, Wang WL, Wang LL. 2013. Inheritance analysis of adult plant high-temperature stripe rust resistance in wheat cultivar Xiaoyan 6. *Journal of Plant Protection*, 40(1): 33-37 (in Chinese) [马东方, 周新力, 井金学, 王文立, 王岭岭. 2013. 小偃6号成株期高温抗条锈性遗传分析. 植物保护学报, 40(1): 33-37]
- Su PP, Zeng QD, Li HY, Wang QL, Wu JH, Mu JM, Kang ZS, Han DJ. 2017. Characterization of resistance to stripe rust and inheritance at adult stage in wheat germplasm P10078. *Journal of Triticeae*

- Crops, 37(4): 500–503 (in Chinese) [苏萍萍, 曾庆东, 李海洋, 王琪琳, 吴建辉, 穆京妹, 康振生, 韩德俊. 2017. 小麦种质P10078的成株期条锈病抗性特征及遗传规律. 麦类作物学报, 37(4): 500–503]
- Wang TH, Guo QY, Lin RM, Yao Q, Feng J, Wang FT, Chen WQ, Xu SC. 2015. Postulation of stripe rust resistance genes in Chinese 40 wheat landraces and 40 commercial cultivars in the southern region of Gansu Province. *Scientia Agricultura Sinica*, 48(19): 3834–3847 (in Chinese) [王吐虹, 郭青云, 蔺瑞明, 姚强, 冯晶, 王凤涛, 陈万权, 徐世昌. 2015. 中国40个小麦农家品种和甘肃南部40个生产品种抗条锈病基因推导. 中国农业科学, 48(19): 3834–3847]
- Wang WJ, Cao SQ, Wang XM, Zhang LY, Huang J, Sun ZY, Zhang B, Jia QZ, Jin SL, Zhang QQ. 2016. Identification of resistance to stripe rust in 86 Guixie wheat germplasm. *Plant Protection*, 42(2): 198–203 (in Chinese) [王万军, 曹世勤, 王晓明, 张立昇, 黄瑾, 孙振宇, 张勃, 贾秋珍, 金社林, 张庆勤. 2016. 86份贵协系小麦种质资源对条锈病的抗病性评价. 植物保护, 42(2): 198–203]
- Yao Q. 2014. Identification and evaluation of adult-plant resistance to stripe rust in 120 spring wheat varieties (lines). *Acta Agriculturae Boreali-Occidentalis Sinica*, 23(7): 96–101 (in Chinese) [姚强. 2014. 120个春小麦品种(系)成株期抗条锈性鉴定与评价. 西北农业学报, 23(7): 96–101]
- Yao Q, Guo QY, Yan JH, Zhang G, Hou SY, Chen WQ. 2014a. Survey on overwintering *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* at different altitudes in eastern Qinghai. *Journal of Plant Protection*, 41(5): 578–583 (in Chinese) [姚强, 郭青云, 闫佳会, 张贵, 侯生英, 陈万权. 2014a. 青海东部麦区小麦条锈菌越冬调查初报. 植物保护学报, 41(5): 578–583]
- Yao Q, He MM, Yan JH, Guo QY. 2014b. Genetic analysis of resistance to stripe rust in spring wheat cultivar Qingchun 39. *Journal of Triticeae Crops*, 34(1): 39–42 (in Chinese) [姚强, 贺苗苗, 闫佳会, 郭青云. 2014b. 春小麦品种青春39的抗条锈性遗传分析. 麦类作物学报, 34(1): 39–42]
- Zhang Y, Li SZ, Wu ZL, Yang WX, Yu YX, Xia XC, He ZH. 2011. Contribution of CIMMYT wheat germplasm to genetic improvement of grain yield in spring wheat of Sichuan, Yunnan, Gansu, and Xinjiang provinces. *Acta Agronomica Sinica*, 37(10): 1752–1762 (in Chinese) [张勇, 李式昭, 吴振录, 杨文雄, 于亚雄, 夏先春, 何中虎. 2011. CIMMYT种质对四川、云南、甘肃和新疆春性小麦产量遗传增益的贡献. 作物学报, 37(10): 1752–1762]
- Zhou CH, Xu ZB, Feng B, Xiang C, Wang T. 2015. Genetic analysis of stripe rust resistance in Tibetan wheat landrace Qubai Chun. *Journal of Triticeae Crops*, 35(3): 312–316 (in Chinese) [周春宏, 徐智斌, 冯波, 项超, 王涛. 2015. 西藏地方小麦品种曲白春的抗条锈性遗传分析. 麦类作物学报, 35(3): 312–316]
- Zhou XL, Zhan GM, Huang LL, Han DJ, Kang ZS. 2015. Evaluation of resistance to stripe rust in eighty abroad spring wheat germplasms. *Scientia Agricultura Sinica*, 48(8): 1518–1526 (in Chinese) [周新力, 詹刚明, 黄丽丽, 韩德俊, 康振生. 2015. 80份国外春小麦种质资源抗条锈性评价. 中国农业科学, 48(8): 1518–1526]

(责任编辑:高峰)