

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2010.00109

## 陕麦 139 抗条锈病基因遗传分析

张 宏 任志龙 胡银岗 王长有 吉万全\*

西北农林科技大学农学院, 陕西杨凌 712100

**摘 要:** 利用常规遗传和单缺体遗传分析方法, 研究了小麦抗条锈病新种质陕麦 139 中抗病基因的遗传方式。结果表明, 陕麦 139×辉县红和陕麦 139×阿勃两组合  $F_1$  植株对条中 32 表现近免疫。 $F_2$  群体对条中 32 抗性调查表明, 陕麦 139×阿勃组合和陕麦 139×辉县红组合的抗感比例分别为 203:16 和 210:13, 经卡方检验, 抗感分离比符合 15:1 ( $\chi^2$  值分别为 0.26 和 0.02,  $\chi^2_{0.05,1} = 3.84$ ), 说明陕麦 139 所含抗性基因对条中 32 的抗性受 2 对独立遗传显性位点控制。21 个单缺体组合的  $F_2$  群体苗期室内接种条中 32 的抗性分离调查结果表明, 阿勃 1BN×陕麦 139 组合抗感分离比例为 75:0 ( $\chi^2=4.65$ ,  $\chi^2_{0.05,1} = 3.84$ ), 阿勃 2DN×陕麦 139 组合抗感分离比例为 132:2 ( $\chi^2=4.40$ ,  $\chi^2_{0.05,1} = 3.84$ ), 远远偏离 15:1, 其余 19 个组合的抗感分离比例经卡方测验均符合 15:1。表明该抗条锈病基因位于 1B 和 2D 染色体, 暂被分别命名为 *YrSM139-1B* 和 *YrSM139-2D*。利用 284 对 SSR 引物检测  $F_2$  群体的抗感池和单株, 发现 *YrSM139-1B* 与 SSR 标记 *Xgwm273* 紧密连锁, 即该标记可作为 *YrSM139-1B* 抗条锈病基因的标记。利用 *Xgwm273* 对陕麦 139 的亲本分析表明, *YrSM139-1B* 抗条锈病基因来自野生二粒小麦 AS846。

**关键词:** 小麦; 抗病基因; 条锈病; 遗传分析

## Characterization of Wheat Stripe Rust Resistance Genes in Shaanmai 139

ZHANG Hong, REN Zhi-Long, HU Yin-Gang, WANG Chang-You, and JI Wan-Quan\*

Northwest A&F University, Yangling 712100, China

**Abstract:** Stripe rust, caused by *Puccinia striiformis* West. f. sp. *tritici*, is one of the most damaging diseases of wheat (*Triticum aestivum* L.) worldwide. Application of resistant varieties has been considered as the most economical and environment-friendly approach to control the disease. Resistance to stripe rust is frequently overcome by the pathogen due to the emergence of new virulent races. Wheat cultivar Shaanmai 139 is resistant to all current Chinese epidemic races of *P. striiformis* f. sp. *tritici*, CYR29, CYR30, CYR31, CYR32, and CYR33. Based on the monosomic genetic analysis, here, we reported the characterization and molecular marker of stripe rust resistance genes to CYR32 in Shaanmai 139. We screened 442  $F_2$  plants derived from two crosses between Shaanmai 139 and two susceptible cultivars Abbondanza and Huixianhong, respectively. The results showed the ratios of the resistant to the susceptible of  $F_2$  population from Shaanmai 139×Abbondanza and Shaanmai 139×Huixianhong were 203:16 and 210:13 respectively, corresponding to 15:1 ( $\chi^2$  is 0.26 and 0.02,  $\chi^2_{0.05,1} = 3.84$ ). Monosomic analysis showed the ratios deviated from 15:1 in the  $F_2$  plants of Shaanmai 139×Abbondanza 1BN and Shaanmai 139×Abbondanza 2DN, while the others ratios corresponded to 15:1. Thus, two resistance loci in Shaanmai 139 were found on chromosomes 1B and 2D, tentatively designated *YrSM139-1B* and *YrSM139-2D*, respectively, according to the analysis of 21 monosomic and nullsomic lines of the cultivar Abbondanza and SSR mapping results. One SSR marker, *Xgwm273*, was closely linked to *YrSM139-1B* in the  $F_2$  population. SSR mapping results showed that *YrSM139-1B* derived from a *T. dicoccoides* accession, AS846.

**Keywords:** Common wheat; Resistance gene; *Puccinia striiformis tritici*; Genetic analysis

小麦条锈病是小麦生产的主要病害之一, 严重影响小麦高产稳产。尽管在预测预报基础上适时的化学防治可以有效控制条锈病的危害, 但是化学防治带来的环境污染和生态破坏已引起广泛关注。实

践证明, 利用品种的抗条锈性是控制小麦条锈病, 提高产量最经济有效的方法<sup>[1-2]</sup>。将外源有利基因导入小麦栽培品种, 可有效提高其对多种病虫害的抗性<sup>[3]</sup>。近年来, 国内在新抗病基因的挖掘、鉴定及其

本研究由国家重点基础研究发展计划(973 计划)项目(2006CB708208)和陕西省自然科学基金(2007C111)项目资助。

\* 通讯作者(Corresponding author): 吉万全, E-mail: jiwantuan2003@126.com

Received(收稿日期): 2009-06-29; Accepted(接受日期): 2009-10-05.

遗传作图方面开展了大量研究,尤其是专化抗性基因和数量性状抗条锈病基因等方面,为利用遗传工程手段改良小麦的抗条锈性,建立一种新型的长期、有效、经济和安全的小麦条锈病控制策略和技术体系奠定了基础。目前,各种分子标记技术,如 RAPD、RFLP、SSR 和 RGAP,已成为小麦性状辅助选择和分子作图的有力工具。利用分子标记技术,已将 36 个小麦抗条锈病基因定位在不同的染色体区段<sup>[4-8]</sup>。在这些技术中,SSR 由于扩增稳定,重复性高,实验成本低,以及便于辅助基因聚合等优点而应用最为广泛<sup>[9-11]</sup>。

至今已有近 90 个抗条锈病基因被发现或利用<sup>[4,12]</sup>,其中 44 个已被命名(*Yr1* 至 *Yr41*),暂时被命名的基因 43 个,如 *YrAlp*<sup>[13]</sup>和 *YrTp*<sup>[14]</sup>。由于条锈病菌生理小种的变异,众多的曾在小麦生产上发挥重大作用的抗病基因丧失抗性。目前,生产中对条锈病流行小种条中 32 和条中 33 依然表现抗性的主效基因仅剩 *Yr5*、*Yr15*、*Yr24* (与 *Yr26* 等位)<sup>[15-17]</sup>和 *YrH52*<sup>[18]</sup>。此外,一些新发现的基因,由于与不良农艺性状的基因连锁,难以迅速为小麦育种家利用<sup>[19]</sup>。本研究小组经过 20 年的努力,成功聚合外源抗性基因培育出小麦新品种陕麦 139<sup>[20]</sup>。为更深入研究陕麦 139 抗条锈病的遗传规律,为小麦抗病育种提供资源和促进该优良基因在育种和生产中利用,对陕麦 139 所携带的抗条锈病基因进行了遗传分析和 SSR 连锁标记筛选。

## 1 材料与方法

### 1.1 植物材料和条锈病菌

由阶梯杂交转育方法培育的小麦新品种陕麦 139 (系谱为小偃 22/6/[AS846/(陕麦 8003/8117)F<sub>4</sub>/3/陕 229/4/矮早丰] F<sub>3</sub>/5/N9134)<sup>[20]</sup>,聚合了来自野生二粒小麦 AS846 和中 4 的抗条锈病基因,其种子由本课题组保存。辉县红和阿勃分别用作感病材料 and 对照。阿勃单缺体系 1AN (N 代表缺体)、1BN、1DN、2AN、2BN、2DN、3AN、3BM (M 代表单体)、3DM、4AN、4BM、4DN、5AN、5BM、5DM、6AN、6BN、6DM、7AN、7BN 和 7DM,以及其他供试亲本或品种 AS846、中 4、小偃 22、陕麦 8003、陕 229、矮早丰和 N9134 均由本院保存和提供。条锈病流行小种条中 32 由本校植保学院提供。

### 1.2 杂交组合配制和单体系镜检

镜检确认 5 个阿勃单体系植株,并以 5 个阿勃

单体系和 16 个缺体系为母本分别与陕麦 139 杂交,对 F<sub>1</sub>代再镜检  $2n = 20II+1I$  单体植株,套袋自交获得单体 F<sub>2</sub>代。以阿勃和辉县红为母本分别与陕麦 139 杂交,将 F<sub>1</sub>代套袋自交获 F<sub>2</sub>代。

采用花粉母细胞涂片方法镜检单体系。选取适当的幼穗,以醋酸洋红染色制片,观察减数分裂中期 I 鉴定单体植株。

### 1.3 抗性鉴定与统计方法

采用单缺体分析技术,在本校植物保护学院温室内进行抗性鉴定。播种 21 个单体系的 F<sub>2</sub>代(每组合 60 粒以上)及 2 个普通二体杂交组合(每组合 200 粒以上),待幼苗长至一叶一心期,以感病亲本辉县红、阿勃和抗病亲本陕麦 139 为对照,采用涂抹法接种条中 32 菌种诱导发病。待辉县红和阿勃充分发病后(15 d 左右)调查一次,5 d 后重复调查一次,统计抗感分离比例。按照 6 级标准进行抗性鉴定分级<sup>[2,21]</sup>,其中 0、0<sub>1</sub>、1 和 2 级为抗病,3 和 4 级为感病。遗传分析采用卡方适合性测验。

### 1.4 基因组 DNA 提取和 SSR 分析

利用微量 CTAB 法<sup>[22]</sup>提取陕麦 139、AS846、中 4、小偃 22、陕麦 8003、陕 229、矮早丰、N9134、辉县红、阿勃和陕麦 139×阿勃组合的 F<sub>2</sub>代 104 个单株的 DNA。选取 10 个反应型为 0 的抗病单株和 8 株反应型为 4 的感病单株,分别按等体积混合组成抗感池。选用已发表的 275 对 SSR 引物<sup>[9-11]</sup>进行分子标记分析。PCR 在 PTC200 (Peltier Thermal Cycler) 上进行,反应体系 20 μL,含 0.6 U *Taq* DNA 聚合酶 (TaKaRa), 2 μL 10×PCR 缓冲液, 0.2 mmol L<sup>-1</sup> dNTPs, 4 pmol 引物, 25 ng 模板 DNA。反应条件为 94℃ 预变性 3 min; 94℃ 变性 45 s, 50、55 或 60℃ (因引物而异) 退火 1 min, 72℃ 延伸 1 min, 35 个循环; 最后 72℃ 充分延伸 10 min。

将 PCR 产物以 8% 聚丙烯酰胺凝胶电泳分离(交联度 1.3%), 电泳缓冲液为 1×TBE 缓冲液(0.09 mol L<sup>-1</sup> Tris-borate, 2 mmol L<sup>-1</sup> EDTA, pH 8.3), 140 V 恒压电泳 3.5 h, 银染显影。利用 Gentools 分析谱带片段长度。

## 2 结果与分析

### 2.1 抗性鉴定和常规遗传分析

苗期接种鉴定表明,含抗病基因的小麦新品种陕麦 139 对 3 个流行条锈菌小种条中 30、条中 31 和条中 32 均表现抗性,即该材料是一个优良的条锈

病抗原。陕麦 139×辉县红组合的 21 株  $F_1$  代植株和陕麦 139×阿勃组合 14 株  $F_1$  代植株对条中 32 菌系均表现近免疫。陕麦 139×阿勃组合的  $F_2$  群体中反应型为 0、1、2、3 和 4 的植株分别为 39、135、29、6 和 10 株; 陕麦 139×辉县红组合的  $F_2$  群体中反应型为 0、1、2、3 和 4 的植株分别为 29、158、23、6 和 7 株。两个群体的抗感比例分别为 203:16 和 210:13, 经卡方检验符合 15:1 (卡方值分别为 0.26 和 0.02,  $\chi^2_{0.05,1} = 3.84$ ), 说明陕麦 139 所含抗性基因对条中 32 的抗性受 2 对独立遗传显性位点控制(表 1)。

## 2.2 陕麦 139 抗条锈基因的染色体定位

对获得的 21 个单缺体组合的  $F_2$  群体的幼苗, 室内苗期接种条中 32 单菌种诱发后, 抗性分离调查结果表明, 阿勃 1BN×陕麦 139 组合抗感分离比例为 75:0 ( $\chi^2=4.65$ ,  $\chi^2_{0.05,1}=3.84$ ), 阿勃 2DN×陕麦 139 组合抗感分离比例为 132:2 ( $\chi^2=4.40$ ,  $\chi^2_{0.05,1}=3.84$ ), 远远偏离 15:1 比例(表 2)。其余 19 个组合的抗感分离比例经卡方测验均符合 15:1 比例。表明陕麦 139 的抗条锈病基因位于 1B 和 2D 染色体上, 暂将其分别定名为 *YrSM139-1B* 和 *YrSM139-2D*。

表 1 陕麦 139 抗条锈基因常规遗传分析  
Table 1 Resistance mode to stripe rust resistance for Shaanmai 139

群体 Population	总株数 No. of total plants	抗病株数 No. of resistant plants	感病株数 No. of susceptible plants	$\chi^2$ (15:1)
Shaanmai 139/Abbondanza $F_1$	14	14	0	
Shaanmai 139/Abbondanza $F_2$	219	203	16	0.26
Shaanmai 139/Huixianhong $F_1$	21	21	0	
Shaanmai 139/Huixianhong $F_2$	223	210	13	0.02

$\chi^2_{0.05}=3.84$ ;  $\chi^2_{0.01}=6.63$ .

表 2 陕麦 139 和 21 个单体系的  $F_2$  群体对条中 32 抗性分离  
Table 2 Segregation pattern of resistance to CYR32 in  $F_2$  plants derived from the crosses of Shaanmai 139 with each of 21 Ab monosomics or nullsomics lines

群体 Population	总株数 No. of total plants	抗病株数 No. of resistant plants	感病株数 No. of susceptible plants	$\chi^2$ (15:1)
Abbondanza 1AN/Shaanmai 139	91	83	8	0.57
Abbondanza 1BN/Shaanmai 139	75	75	0	4.65
Abbondanza 1DN/Shaanmai 139	80	74	6	0.05
Abbondanza 2AN/Shaanmai 139	83	74	9	2.26
Abbondanza 2BN/Shaanmai 139	69	63	6	0.35
Abbondanza 2DN/Shaanmai 139	134	132	2	4.40
Abbondanza 3AN/Shaanmai 139	78	71	7	0.58
Abbondanza 3BM/Shaanmai 139	87	78	9	1.84
Abbondanza 3DM/Shaanmai 139	134	123	11	0.58
Abbondanza 4AN/Shaanmai 139	67	62	5	0.03
Abbondanza 4BM/Shaanmai 139	65	58	7	1.56
Abbondanza 4DN/Shaanmai 139	69	63	6	0.35
Abbondanza 5AN/Shaanmai 139	65	60	5	0.05
Abbondanza 5BM/Shaanmai 139	82	75	7	0.39
Abbondanza 5DM/Shaanmai 139	87	81	6	0.01
Abbondanza 6AN/Shaanmai 139	63	56	7	1.78
Abbondanza 6BN/Shaanmai 139	83	78	5	0.02
Abbondanza 6DM/Shaanmai 139	163	149	14	1.15
Abbondanza 7AN/Shaanmai 139	84	77	7	0.32
Abbondanza 7BN/Shaanmai 139	98	91	7	0.03
Abbondanza 7DM/Shaanmai 139	81	74	7	0.44
Shaanmai 139/Abbondanza $F_2$	219	203	16	
Shaanmai 139	26	26		
Abbondanza	31	31		

$\chi^2_{0.05}=3.84$ ;  $\chi^2_{0.01}=6.63$ .  $P<0.05$ .

### 2.3 SSR 分析

利用 9 对位于 1B 染色体的 SSR 引物对陕麦 139×阿勃组合的  $F_2$  群体进行分析, 3 个 SSR 标记 *Xgwm11*、*Xgwm18* 和 *Xgwm273* 可在陕麦 139 和两个感病亲本上扩增出产物, 而仅仅只有 *Xgwm273* 在陕麦 139 和感病亲本阿勃之间, 以及抗感池之间同时稳定地表现多态性(图 1), 在 *Xgwm11* 和 *Xgwm18* 位点未表现特异多态性。对 104 个  $F_2$  单株的 SSR 分析表明, 30 个抗条锈病单株携带陕麦 139 的特异谱带, 48 个抗病单株同时表现陕麦 139 和阿勃的带型, 即表现杂合带型, 另外 20 抗病单株表现感病亲本 Ab 的特异带型, 6 个感病  $F_2$  单株完全表现阿勃带型。结果表明陕麦 139 所携带的 1B 上的抗性基因与 *Xgwm273* 连锁, 进一步证实了单体分析结果。

### 2.4 陕麦 139 抗条锈病基因来源分析

在陕麦 139 的亲本组合中, 野生二粒品系 AS846 的苗期抗性鉴定表明其抗条中 32 小种(免疫), 而小偃 22、陕麦 8003、陕 229、矮早丰和 N9134 均高度感病。小麦中间材料 8117 起源于中 4/6811//8006 组合, 而 6811 和 8006 在苗期同多数其他亲本一样高感条中 32, 携带有中间偃麦草抗条锈病基因的中 4 与野生二粒小麦 AS846 都对条中 32 小种表现抗性。系谱分析表明, AS846 和中 4 是陕麦 139 抗条锈病基因的两个供体。

SSR 分析证实, 陕麦 139 携带与 AS846 相同的特异谱带位点(图 2), 而不同于其他亲本, 说明 *YrSM139-1B* 基因来自 AS846。目前, 在 1B 染色体上在依然表现抗病的基因有 *Yr15* 和 *Yr24/Yr26*, 而且它们也都位于 *Xgwm11*、*Xgwm18*、*Xgwm273*、*Xgwm413* 附近, 因此, 认为 *YrSM139-1B* 抗条锈病抗性基因可能是 *Yr15*、*Yr24/Yr26* 或 *YrH52* 的等位基因, 也可能是一个新基因。

## 3 讨论

目前, 2D 染色体上已报道抗条锈病基因共 4 个, 为 *Yr8*、*Yr16*、*Yr37* 和 *YrCK*, 分别来自顶芒山羊草 (*Aegilops cosoma*)、地方品种 Cappelle、黏果山羊草 (*Ae. kotschy*) 和普通小麦 Cook。在本研究中, 野生二粒小麦品系 AS846 和中 4 在 2D 染色体上携带抗病基因的来源均与这 4 个已报道的抗病基因的亲本来源不同, 但是利用所选的 15 对 2D 染色体引物未能筛选到该基因的标记。

在 1B 染色体上, 已报道的抗条锈病基因有 8 个, 超过 10 个复等位位点<sup>[4]</sup>。目前所有携带 *Yr3* 或 *Yr10* 的小麦品种对条中 32 小种已经完全丧失了抗性<sup>[16-17]</sup>; *Yr10* 来源于斯卑尔脱小麦 (*T. spelta*)<sup>[23]</sup>, 而且与褐颖基因 *Rgl* 紧密连锁<sup>[3]</sup>, 而陕麦 139 没有任何褐颖性状; *Yr9* 起源于黑麦, 也已丧失对 CYR31 和 CYR32 的抗性。此外, 尽管有报道认为 *Yr21* 是一个苗期和成株期抗条锈病基因, 但是目前未见报道携带 *Yr21* 基因的中国品种。*Yr29* 基因是具有中等抗性水平的成株期抗性基因, 其与叶锈抗性基因 *Lr46* 紧密连锁<sup>[24]</sup>; *Yr1Ap* 基因是部分显性抗性基因, 存在于地方品种 Alpowa<sup>[13]</sup>; *YrXu* 存在于 PI31<sup>[25]</sup>; *Yr24* 和 *Yr26* 来自硬粒小麦<sup>[3,26]</sup>, 均与 *Xgwm11* 标记位点连锁, 然而陕麦 139 中 1B 染色体上的抗病基因在 *Xgwm11* 和 *Xgwm18* 位点没有多态性; 图谱分析表明 *Yr15* 位于 *Xgwm413-1B* 位点附近, 来自野生二粒小麦品系 G25<sup>[27]</sup>, 而陕麦 139 的 *YrSM139-1B* 来自野生二粒小麦品系 AS846。由此认为, *YrSM139-1B* 不同于上述基因, 是一个新基因或是与 *Yr15*、*Yr24/Yr26* 和 *YrH52* 等位的基因, 它们之间的关系有待进一步研究。

陕麦 139 是经过杂交回交而育成的携带起源于野生二粒小麦 AS846 和中间偃麦草的抗条锈病基因新品种。尽管在染色体 1B 上已有 10 余个抗条锈病

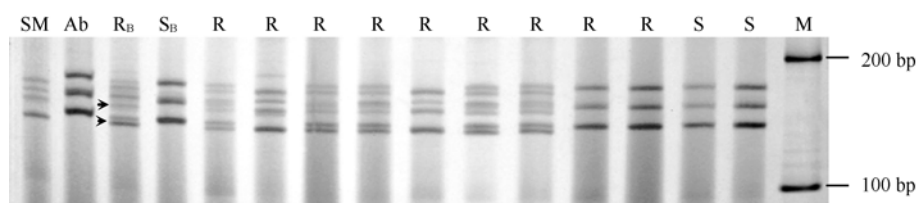


图 1 SSR 标记 *Xgwm273* 对陕麦 139×阿勃的  $F_2$  群体 SSR 分析结果

Fig. 1 Analysis results of the  $F_2$  plants from the cross Shaanmai 139×Abbondanza with SSR marker *Xgwm273*

M: DL2000; SM: 陕麦 139; Ab: 阿勃;  $R_B$ : 抗池;  $S_B$ : 感池; R: 抗病单株; S: 感病单株。箭头示与 *YrSM139-1B* 连锁的 *Xgwm273* 多态性条带。

M: DL2000; SM: Shaanmai 139; Ab: Abbondanza;  $R_B$ : resistant bulk;  $S_B$ : susceptible bulk; R: resistant individual; S: susceptible individual. Arrows show the polymorphic band amplified with marker *Xgwm273* linked to the resistance gene *YrSM139-1B*.

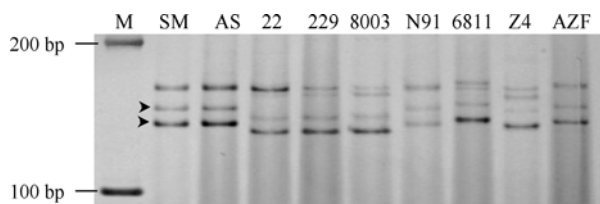


图 2 抗条锈病基因来源的 SSR 分析结果

Fig. 2 Analysis results of the origin of stripe rust resistance gene *YrSM139-1B*

M: DL2000; SM: 陕麦 139; AS: AS846; 22: 小偃 22; 229: 陕 229; 8003: 陕麦 8003; N91: N9134; Z4: 中 4; AZF: 矮早丰  
M: DL2000; SM: SM139; AS: AS846; 22: Xiaoyan 22; 229: Shaan 229; 8003: Shaanmai 8003; N91: N9134; Z4: Zhong 4; AZF: Aizaofeng.

抗性基因, 但是这两个抗性基因依然是小麦抗条锈病育种的重要资源。此外, 无论该抗性基因与现有抗性基因连锁还是等位, 它们必定可以在一定程度上促进基因连锁标记的筛选研究以及分子作图研究。

#### 4 结论

陕麦 139 对条中 32 的抗性受 2 对独立遗传显性位点控制; 两主效抗条锈病基因位于 1B 和 2D 染色体, 暂被分别定名为 *YrSM139-1B* 和 *YrSM139-2D*。*YrSM139-1B* 与 SSR 标记 Xgwm273-165 bp/200 bp 紧密连锁, 即该标记可作为抗条锈病基因 *YrSM139-1B* 的标记。*YrSM139-1B* 抗条锈病基因来自野生二粒小麦 AS846。

#### References

- [1] Li Z-Q(李振岐), Zeng S-M(曾士迈). Stripe Rust in China (中国小麦锈病). Beijing: China Agriculture Press, 2002. pp 41–50, 164–173 (in Chinese)
- [2] Yang Z-M(杨作民), Xie C-J(解超杰), Sun Q-X(孙其信). Situation of the sources of stripe rust resistance of wheat in the post-CY32 era in China. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2003, 29 (2): 161–168 (in Chinese with English abstract)
- [3] McIntosh R A, Hart G E, Devos K M, Gale M D, Rogers W J. Catalogue of gene symbols for wheat. In: Slinkard A E ed. Proc. 9th Int. Wheat Genet. Symp., Vol. 5. University of Saskatchewan: University Extension Press, 1998. pp 1–236
- [4] Zhang H(张宏). Genetic Analysis of Stripe Rust Resistance Gene and Expression, Isolation and Characterization of Genes in Wheat Infected by *Puccinia striiformis*. PhD Dissertation of Northwest A&F University, 2009. pp 14–17 (in Chinese with English abstract)
- [5] Bariana H S, Parry N, Barclay I R, Loughman R, McLean R J, Shankar M, Wilson R E, Willey N J, Francki M. Identification and characterization of stripe rust resistance gene *Yr34* in common wheat. *Theor Appl Genet*, 2006, 112: 1143–1148
- [6] Uauy C, Brevis J C, Chen X M, Khan I A, Jackson L F, Chicaiza O, Distelfeld A, Fahima T, Dubcovsky J. High-temperature adult-plant (HTAP) stripe rust resistance gene *Yr36* from *Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides* is closely linked to the grain protein content locus *Gpc-B1*. *Theor Appl Genet*, 2005, 112: 97–105
- [7] Chicaiza O, Khan I A, Zhang X, Brevis C J, Jackson L, Chen X M, Dubcovsky J. Registration of five wheat isogenic lines for leaf rust and stripe rust resistance genes. *Crop Sci*, 2006, 46: 485–487
- [8] Luo P G, Hu X Y, Ren Z L, Zhang H Y, Shu K, Yang Z J. Allelic analysis of stripe rust resistance genes on wheat chromosome 2BS. *Genome*, 2008, 51: 922–927
- [9] Röder M S, Korzun V, Wendehake K, Plaschke J, Tixier M H, Leroy P, Ganal W. A microsatellite map of wheat. *Genetics*, 1998, 149: 2007–2023
- [10] Pestsova E, Ganal M W, Röder M S. Isolation and mapping of microsatellite markers specific for the D genome of bread wheat. *Genome*, 2000, 43: 688–697
- [11] Somers D J, Isaac P, Edwards K. A high-density microsatellite consensus map for bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Theor Appl Genet*, 2004, 109: 1105–1114
- [12] Chen X M. Epidemiology and control of stripe rust (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) on wheat. *Can J Plant Pathol*, 2005, 27: 314–337
- [13] Lin F, Chen X M. Genetics and molecular mapping of genes for race-specific and all-stage resistance and non-specific high-temperature adult-plant resistance to stripe rust in spring wheat cultivar Alpowa. *Theor Appl Genet*, 2007, 114: 1277–1287
- [14] Yin X-G(殷学贵), Shang X-W(尚勋武), Pang B-S(庞斌双), Song J-R(宋建荣), Cao S-Q(曹世勤), Li J-C(李金昌), Zhang X-Y(张学勇). Molecular mapping two novel stripe rust resistance gene *YrTp1* and *YrTp2* in A-3 derived from *Triticum aestivum* × *Thinopyrum ponticum*. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2006, 39(1): 10–17 (in Chinese with English abstract)
- [15] Li G Q, Li Z F, Yang W Y, Zhang Y, He Z H, Xu S C, Singh R P, Qu T T, Xia X C. Molecular mapping of stripe rust resistance gene *YrCH42* in Chinese wheat cultivar Chuanmai 42 and its allelism with *Yr24* and *Yr26*. *Theor Appl Genet*, 2006, 112: 1434–1440
- [16] Jing C-Q(井长勤), Chen R-Z(陈荣振), Feng G-H(冯国华), Liu D-T(刘东涛), Zhang H-Y(张会云). Analyses of resistance genes to stripe rust in 52 important wheat cultivars. *Jiangsu J Agric Sci* (江苏农业学报), 2005, 21(1): 30–34 (in Chinese with English abstract)
- [17] Wan A-M(万安民), Zhao Z-H(赵中华), Wu L-R(吴立人). Reviews of occurrence of wheat stripe rust disease in 2002 in China. *Plant Protect* (植物保护), 2003, 29(2): 5–8 (in Chinese with English abstract)
- [18] Peng J H, Fahima T, Röder M S, Li Y C, Dahan A, Grama A, Ronin Y I, Korol A B, Nevo E. Microsatellite tagging of the stripe-rust resistance gene *YrH52* derived from wild emmer wheat, *Triticum dicoccoides*, and suggestive negative crossover interference on chromosome 1B. *Theor Appl Genet*, 1999, 98: 862–872
- [19] Dong S-J(董淑静), Xu W-G(许为钢). Progress on stripe rust

- resistance genes and resistant breeding in wheat. *Chin Agric Sci Bull* (中国农学通报), 2009, 25(13): 190–196 (in Chinese with English abstract)
- [20] Ren Z-L(任志龙), Zhang H(张宏), Wang K-F(王康峰), Wang Y-J(王亚娟), Cai D-M(蔡东明), Ji W-Q(吉万全), Song Y-L(宋玉莲). Development of wheat germplasm with disease resistance: Yuanfeng 139. *Chin Agric Sci Bull* (中国农学通报), 2006, 22(7): 228–231 (in Chinese with English abstract)
- [21] Wang J-X(王剑雄). Identification of Disease Resistance in Germplasm Resources of Food Crops (粮食作物种质资源抗病鉴定方法). Beijing: Agriculture Press, 1991. pp 10–18 (in Chinese with English abstract)
- [22] Saghai-Marooif M A, Soliman K M, Jorgensen R A, Allard R W. Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: Mendelian inheritance, chromosomal locations and population dynamics. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1984, 81: 8014–8018
- [23] Kema G H J, Lange W. Resistance in spelt wheat to yellow rust: II. Monosomic analysis of the Iranian accession 415. *Euphytica*, 1992, 63: 219–224
- [24] William M, Singh R P, Huerta-Espino J, Ortiz Islas S, Hoisington D. Molecular marker mapping of leaf rust resistance gene *Lr46* and its association with stripe rust resistance gene *Yr29* in wheat. *Phytopathology*, 2003, 93: 153–159
- [25] Pu Z-J(蒲宗君), Yan Z-H(颜泽洪), Wei Y-M(魏育明), Yang W-Y(杨武云), Zheng Y-L(郑有良), Zhang Z-Y(张增艳). Identification and SSR mapping of a stripe rust resistance gene in wheat line PI31. *Acta Phytopathol Sin* (植物病理学报), 2006, 36(4): 342–346 (in Chinese with English abstract)
- [26] Ma J X, Zhou R H, Dong Y C, Lan F, Wang X M, Jia J Z. Molecular mapping and detection of the yellow rust resistance gene *Yr26* in wheat transferred from *Triticum turgidum* L. using microsatellite markers. *Euphytica*, 2001, 120: 219–226
- [27] Peng J H, Fahima T, Huang Q Y, Dahan A, Li Y C, Grama A, Nevo E. High-density molecular map of chromosome region harbouring stripe-rust resistance genes *YrH52* and *Yr15* derived from wild emmer wheat. *Genetica*, 2000, 109: 199–210