

利用 STS 标记检测 CIMMYT 小麦品种(系)中 *Lr34/Yr18*、*Rht-B1b* 和 *Rht-D1b* 基因的分布

梁丹^{1,2}, 杨芳萍^{2,3}, 何中虎^{2,4}, 姚大年¹, 夏先春²

(¹安徽农业大学农学院, 合肥 230036; ²中国农业科学院作物科学研究所/国家农作物基因资源与基因改良重大科学工程/国家小麦改良中心, 北京 100081; ³甘肃农业科学院作物研究所, 兰州 730070; ⁴CIMMYT 中国办事处, 北京 100081)

摘要:【目的】明确慢锈基因 *Lr34/Yr18* 和矮秆基因 *Rht-B1b* (*Rht-1*)、*Rht-D1b* (*Rht-2*) 在 CIMMYT 小麦品种中的分布, 帮助慢病性品种选育和株高改良。【方法】使用 3 个 STS 标记, 检测慢锈基因 *Lr34/Yr18* 和矮秆基因 *Rht-B1b*、*Rht-D1b* 在 263 个 CIMMYT 小麦品种和高代品系中的分布。【结果】*csLV34* 标记在含 *Lr34/Yr18* 的材料中扩增出一条 150bp 的特异带, 在不含 *Lr34/Yr18* 的材料中扩增出 229bp 的特异带; 利用 2 对互补引物 NH-BF.2/WR1.2 和 NH-BF.2/MR1 对 *Rht-B1a* 和 *Rht-B1b* 基因进行检测, 在携带 *Rht-B1a* 和 *Rht-B1b* 的材料中分别扩增出一条 400 bp 的特异带; 利用 DF/MR2 标记检测 *Rht-D1b* 基因, 在携带 *Rht-D1b* 的材料中, 扩增出一条 280 bp 的片段。在 263 个品种中, 57 个品种携带 *Lr34/Yr18* 基因, 占总数的 21.7%; 216 个品种含 *Rht-B1b*, 占总数的 82.1%; 38 个品种含 *Rht-D1b*, 占总数的 14.4%。含双矮秆基因型 (*Rht-B1b+Rht-D1b*) 的品种有 12 个, 不含这 2 个矮秆基因的品种 (*Rht-B1a+Rht-D1a*) 有 21 个。【结论】这 3 个 STS 标记可以方便、快速、准确地检测 *Lr34/Yr18*、*Rht-B1b* 和 *Rht-D1b* 基因。在 CIMMYT 材料中, *Rht-B1b* 基因频率很高, *Rht-D1b* 较低。

关键词: 普通小麦; 慢锈基因; 矮秆基因; 分子标记

Characterization of *Lr34/Yr18*, *Rht-B1b*, *Rht-D1b* Genes in CIMMYT Wheat Cultivars and Advanced Lines Using STS Markers

LIANG Dan^{1,2}, YANG Fang-ping^{2,3}, HE Zhong-hu^{2,4}, YAO Da-nian¹, XIA Xian-chun²

(¹College of Agronomy, Anhui Agricultural University, Hefei 230036, Anhu; ²Institute of Crop Science/The National Key Facility for Crop Gene Resources and Genetic Improvement/National Wheat Improvement Center, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081; ³Crop Research Institute, Gansu Academy of Agricultural Sciences, Lanzhou, Gansu 730070; ⁴International Maize and Wheat Improvement Center (CIMMYT) China Office, Beijing 100081)

Abstract: 【Objective】 Characterization of genes *Lr34/Yr18*, *Rht-B1b* (*Rht1*) and *Rht-D1b* (*Rht2*) in 263 CIMMYT wheat cultivars and advanced lines will benefit the improvement of rust resistance and plant height in Chinese wheat breeding program. 【Method】 A total of 263 CIMMYT wheat cultivars and advanced lines were tested by STS markers to understand the distribution of resistance genes *Lr34/Yr18* and dwarfing genes *Rht-B1b* and *Rht-D1b*. 【Result】 The marker *csLV34* could amplify a 150 bp fragment in the lines with *Lr34/Yr18*, and a 229 bp fragment in those lines without *Lr34/Yr18*. Two complementary markers, *NH-BF.2/WR1.2* and *NH-BF.2/MR1*, were used to investigate the alleles *Rht-B1a* and *Rht-B1b*, respectively. They could amplify a 400 bp fragment in the genotypes with *Rht-B1a* and *Rht-B1b*, respectively. The marker *DF/MR2* could generate a 280 bp fragment in the genotype with *Rht-D1b*. Of the 263 lines, 57 generated a 150 bp fragment with the marker *csLV34*, indicating the presence of *Lr34/Yr18* in these lines, with a frequency of 21.7%. Two hundred and sixteen lines (82.1%) were detected to have the allele *Rht-B1b*,

收稿日期: 2008-01-02; 接受日期: 2008-05-23

基金项目: “948” 重大国际合作项目 (2006-G2) 和国家 “863” 计划项目 (2006AA10Z1A7 及 2006AA100102)

作者简介: 梁丹 (1982—), 男, 安徽阜阳人, 硕士研究生, 研究方向为小麦遗传育种。通信作者姚大年 (1955—), 男, 安徽长丰人, 教授, 博士, 研究方向为小麦遗传育种。E-mail: dnyao@163.com。夏先春 (1963—), 男, 安徽六安人, 研究员, 博士, 研究方向为小麦遗传育种。E-mail: xiexianchun@caas.net.cn

and 38 lines (14.4%) contained the allele *Rht-D1b*. Twenty-one lines were detected to possess both the wild-type alleles *Rht-B1a* and *Rht-D1a*, while 12 had two dwarfing genes *Rht-B1b* and *Rht-D1b*. **【Conclusion】** These STS markers could be useful to detect the genes *Lr34/Yr18*, *Rht-B1b* and *Rht-D1b*. The frequency of *Rht-B1b* was much higher than that of *Rht-D1b* in CIMMYT lines.

Key words: *Triticum aestivum* L.; slow rusting resistance; dwarfing gene; molecular marker

0 引言

【研究意义】小麦条锈病和叶锈病是中国重要病害。20世纪50年代以来,小麦条锈病先后15次中等规模以上流行,造成大面积减产;小麦叶锈病过去在西南地区发生较重,近年来在华北地区也有逐渐加重的趋势^[1]。利用抗病品种是控制上述两种病害的主要方法,但由于条锈菌和叶锈菌小种变异频繁,品种抗性丧失很快^[2],因此抗病育种始终处于被动状态。在国际上已正式定名的抗条锈主效基因中,只有 *Yr5*、*Yr10*、*Yr15* 和 *Yr26* 等少数基因抗目前的流行小种^[3], 在已定名的60个小麦抗叶锈基因中,对中国小麦有效的抗叶锈基因也只有 *Lr9*、*Lr19*、*Lr24*、*Lr38* 等少数基因(李在峰,私人交流)。因而培育持久抗性品种成为小麦育种的重要目标,慢病性的利用是实现持久抗性的方法之一^[4]。自20世纪60年代以来,矮秆和半矮秆小麦品种的育成和推广对产量的提高起到了关键作用^[5-6],进一步改良株高仍是今后提高产量的途径之一,如何实现矮秆基因最佳组合是育种中面临的重要问题。**【前人研究进展】**小麦慢病性一般由几个到多个基因控制,小种专业化弱或无专业化,较少引起病原菌的变异,抗病性持久稳定。含慢病基因的品种虽然苗期感病,但成株期发病缓慢,病害严重度轻,减产幅度较小。基因 *Lr34* 和 *Yr18* 位于同一位点或紧密连锁,是目前应用最广泛的慢锈基因。Singh^[7-8]发现基因 *Lr34/Yr18* 与叶尖坏死基因 *Ltn1*、抗小麦黄矮病基因 *Btv1* 均紧密连锁。近期研究发现,基因 *Lr34/Yr18* 还与抗白粉基因 *Pm38* 紧密连锁(Lillemo等,私人交流)。Singh等^[4]认为,把 *Lr34/Yr18* 与2~4个微效慢病基因聚合到一起,能选育出近免疫的抗条锈小麦品种。Imtiaz等^[9]使用140个Tiritea×Otane DH系发现 *Lr34/Yr18* 基因位点在7DS染色体上,距SSR标记 *Xgwm44* 的遗传距离为7cM。Spielmeyer等^[10]利用110个重组自交系研究表明 *Lr34/Yr18* 基因与7DS上的微卫星标记 *Xgwm1220* 和 *Xgwm295* 紧密连锁,遗传距离分别为0.9cM和2.7cM。Lagudah等^[11]将一个RFLP标记转化成STS标记(*csLV34*),利用768株Lalbahadur(不含 *Lr34/Yr18* 基因)×Lalbahadur

(含 *Lr34/Yr18* 基因)的F₂代群体进行高密度作图,发现标记 *csLV34* 与 *Lr34/Yr18* 位点遗传距离为0.4cM。利用该引物检测24个已知抗病基因的澳大利亚品种,所得带型与已知抗病基因信息完全吻合。矮秆基因 *Rht-B1b* (*Rht1*) 和 *Rht-D1b* (*Rht2*) 在小麦高产育种中起到重要作用。含矮秆基因 *Rht-B1b* 和 *Rht-D1b* 的品种,穗粒数增加,总体产量表现增加^[12]。Ellis等^[13]根据矮秆基因 *Rht-B1* 和 *Rht-D1* 突变体(*Rht-B1b* 和 *Rht-D1b*)中单个碱基对的差异分别设计两对互补引物来检测 *Rht-B1* 和 *Rht-D1* 位点的等位变异,经19个具有已知矮秆基因型的小麦验证,PCR检测结果与品种的矮秆基因型完全吻合,利用该标记检测157个来自Sunco(含 *Rht-B1b*)×Tasman(含 *Rht-D1b*)的DH系,*Rht-B1* 位点可以解释23%的株高表型变异,*Rht-D1* 位点可以解释44%的表型变异。杨松杰等^[6]利用该标记对中国主要麦区239个品种的 *Rht-B1b* 和 *Rht-D1b* 基因进行检测,*Rht-B1b* 的频率为24.3%,*Rht-D1b* 的频率为46.9%。**【本研究切入点】**CIMMYT小麦在中国育种中发挥了重要作用,对提高产量、改善品质和抗病性做出了贡献,在新疆、甘肃、云南及四川广为利用^[14],近年来在黄淮麦区也育成了邯6172和郑麦044等主栽品种。Lagudah等^[11]开发的STS标记 *csLV34* 能有效地鉴定 *Lr34/Yr18* 基因, Ellis等^[13]开发的STS引物可以准确鉴定 *Rht-B1b* 和 *Rht-D1b* 基因,这为快速准确检测CIMMYT小麦品种中 *Lr34/Yr18*、*Rht-B1b* 和 *Rht-D1b* 的分布提供了可能。**【拟解决的关键问题】**本研究对263个CIMMYT小麦品种(系)的 *Lr34/Yr18*、*Rht-B1* 和 *Rht-D1* 基因进行分子检测,明确这些位点不同等位基因的分布规律,为中国小麦育种提供有用的材料、信息以及分子标记辅助选择方法。

1 材料与方法

1.1 材料

1.1.1 供试材料263份,由CIMMYT小麦项目提供,2006—2007年度种植于墨西哥。这些材料来自于CIMMYT水地育种项目,包括常用亲本、苗头高代品系以及近年来大面积推广的品种。利用Janz(*Rht-B1b*)和Kukri(*Rht-D1b*)作为分子标记检测 *Rht-B1b* 和

Rht-D1b 的对照品种, 种子由澳大利亚 CSIRO 植物研究所提供。

1.2 DNA 提取

采用 SDS 法提取小麦基因组 DNA^[15], 每份材料提取两粒种子的 DNA, 利用紫外分光光度计检测 DNA 浓度, 终浓度调整至 20 ng·μl⁻¹。

1.3 *Lr34/Yr18*、*Rht-B1b* 和 *Rht-D1b* 基因的分子标记检测

1.3.1 *Lr34/Yr18* 基因的分子标记检测

Lr34/Yr18 基因特异性 STS 标记根据 Lagudah 等发表的序列^[11], 由奥科生物技术有限公司合成。引物序列为:

上游引物 csLV34F: 5'-GTTGGTTAAGACTGGT GATGG-3'

下游引物 csLV34R: 5'-TGCTTGCTATTGCTG AATAGT-3'

PCR 反应体系为: 20 μl 总体积中含 20 mmol·L⁻¹ KCl, 20 mmol·L⁻¹ Tris-HCl (pH 8.4), 1.5 mmol·L⁻¹ MgCl₂, Taq DNA 聚合酶 (天为时代) 1 U, dNTP (A、T、C、G) 各 200 μmol·L⁻¹, 每条引物 10 pmol, 模板 DNA 50 ng。

PCR 反应条件为: 首先 94℃ 变性 1 min, 然后 57℃ 退火 1 min, 72℃ 延伸 1 min, 4 个循环; 再 94℃ 变性 30 s, 57℃ 退火 30 s, 72℃ 延伸 30 s, 29 个循环; 最后 94℃ 变性 1 min, 57℃ 退火 1 min, 72℃ 延伸 5 min。扩增产物以 2.0% 的琼脂糖凝胶电泳检测, 缓冲体系为 1×TAE 溶液, 150 V 电压电泳 30 min, 溴化乙锭染色后, 用 GelDoc XR System 扫描成像并存入计算机。

1.3.2 *Rht-B1b* 和 *Rht-D1b* 基因的分子标记检测

Rht-B1b 和 *Rht-D1b* 特异性 STS 引物根据 Ellis 等^[13] 发表并作部分修改的序列 (Ellis, 私人交流), 由奥科生物技术有限公司合成。引物 NH-BF.2 与 WR1.2 用于检测 *Rht-B1a* (野生型) 基因, NH-BF.2 与 MR1 用于检测 *Rht-B1b* (突变型) 基因; 引物 DF 与 MR2 用于检测 *Rht-D1b* (突变型) 基因。引物序列为:

NH-BF.2: 5'-TCTCCTCCCTCCCCACCCCAAC -3';

WR1.2: 5'-CCATGGCCATCTCGAGCTGC-3';

MR1: 5'-CATCCCATGGCCATCTCGAGCTA -3'。

Rht-D1b 特异性引物序列为:

DF: 5'-CGCGCAATTATTGGCCAGAGATAG-3';

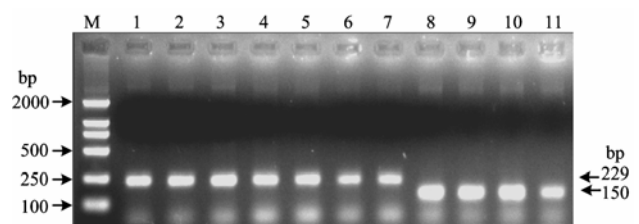
MR2: 5'-CCCCATGGCCATCTCGAGCTGCTA -3'。

PCR 反应体系、反应条件以及电泳检测均参照杨松杰等发表论文^[6]。

2 结果与分析

2.1 *Lr34/Yr18* 基因检测

Lr34/Yr18 基因标记 csLV34 是共显性标记 (图 1), 在含和不含 *Lr34/Yr18* 基因的材料中分别扩增出一条 150 bp 和 229 bp 的片段。对 263 份小麦品种 (系) 的检测表明 (表 1), 57 个品种 (系) 扩增出 150 bp 片段, 含 *Lr34/Yr18* 基因, 占总数的 21.7%; 206 个品种 (系) 扩增出 229 bp 片段, 不含 *Lr34/Yr18* 基因, 占总数的 78.3%。



M: 2000 bp DNA ladder; 1: SERI/RAYON; 2: KRONSTAD F2004; 3: KAMBARA1; 4: WHEATEAR; 5: WEEBILL1; 6: ATTILA*2/PBW65; 7: WAXWING; 8: SERI1B*2/3/KAUZ*2/BOW//KAUZ; 9: FRET2*2/BRAMBLING; 10: FRET2*2/4/SNI/TRAP#1/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ; 11: KAMB1*2/BRAMBLING
第 8、9、10、11 材料含 *Lr34/Yr18* 基因
Entries 8, 9, 10 and 11 contain genes *Lr34/Yr18*

图 1 部分 CIMMYT 小麦品种 (系) *Lr34/Yr18* 基因的检测

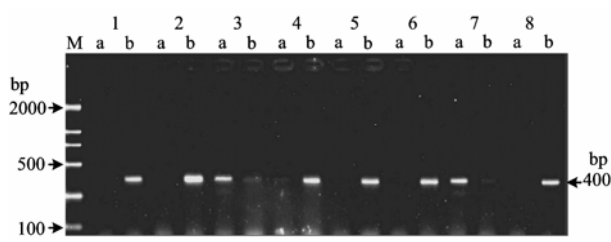
Fig. 1 PCR product amplified with the STS marker csLV34 for *Lr34/Yr18* gene in some CIMMYT cultivars and lines

2.2 *Rht-B1b* 基因检测

利用已知矮秆基因品种 Janz 和 Kukri 作为对照, 前者含 *Rht-B1b* 基因, 后者含 *Rht-D1b* 基因^[6]。利用 Ellis 提供的两对引物, 检测 *Rht-B1* 基因位点 (图 2), 在携带 *Rht-B1a* 的材料中, 用 NH-BF.2/WR1.2 引物可扩增出一条 400 bp 的片段; 在携带 *Rht-B1b* 的材料中, 用 NH-BF.2/MR1 引物可扩增出一条 400 bp 的片段; 两对引物 PCR 产物互补出现, 可以相互验证。在检测的 263 个品种 (系) 中 (表), 47 个品系含 *Rht-B1a* 基因, 占总数的 17.9%; 216 个品系携带 *Rht-B1b* 基因, 占总数的 82.1%, 两对引物检测结果完全互补。

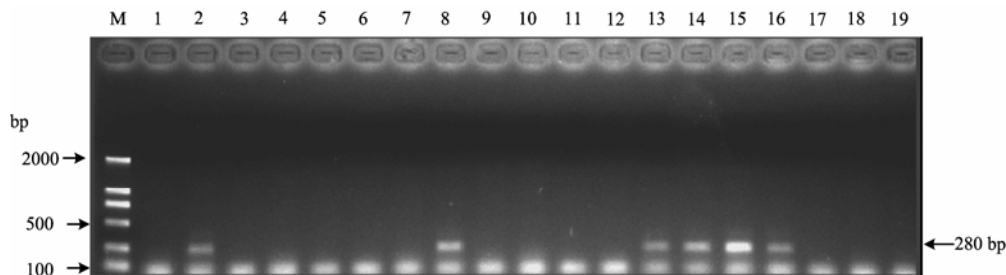
2.3 *Rht-D1b* 基因检测

利用已知矮秆基因品种 Janz 和 Kukri 作为对照,



M: 2000 bp DNA ladder; 1: BABAX/LR42//BABAX*2/3/VIVITSI; 2: ATTILA/3*BCN*2//BAV92; 3: PRL/2*PASTOR; 4: ATTILA*2/PBW65; 5: SERI.1B*2/3/KAUZ*2/BOW//KAUZ; 6: WEEBILL1; 7: Kukri; 8: Janz
a: *Rht-B1a* 基因特异性引物的 PCR 扩增产物; b: *Rht-B1b* 基因特异性引物的 PCR 扩增产物
a: PCR product amplified with the primer set NH-BF.2/WR1.2 for the allele *Rht-B1a*; b: PCR product amplified with the primer set NH-BF.2/MR1 for the allele *Rht-B1b*

图 2 部分 CIMMYT 小麦品种 (系) *Rht-B1* 基因位点的检测
Fig. 2 PCR product amplified with the STS marker for *Rht-B1* gene in some CIMMYT cultivars and lines



M: 2000 bp DNAladder; 1: Janz; 2: Kukri; 3: WBL1*2/KUKUNA; 4: WBL1/KUKUNA//KAMB1; 5: WBL4/KUKUNA//WBL1; 6: HEILO; 7: WBL1*2/KKTS; 8: RABE/LAJ3302; 9: PAVON F 76; 10: FRET2*2/KUKUNA; 11: HE1/3*CNO79//2*SERI/3/ATTILA/4/WH 542; 12: JUCHI F2000; 13: KIRITATI; 14: PFAU/WEAVER*2//KIRITATI; 15: PGO//CROC_1/AE.SQUARROSA (224)/3/2*BORL95/4/CIRCUS; 16: KENYA NYANGUMI; 17: BAU/TNMU; 18: CATBIRD; 19: GONDO
第 2、8、13、14、15、16 材料含 *Rht-D1b* 基因
Entries 2, 8, 13, 14, 15 and 16 contain the allele *Rht-D1b*

图 3 部分 CIMMYT 小麦品种 (系) *Rht-D1b* 基因的检测

Fig. 3 PCR product amplified with the STS marker for *Rht-D1b* gene in some CIMMYT cultivars and lines

止, 利用分子标记检测 *Lr34/Yr18* 基因在国内还没有报道, CIMMYT 也未对其小麦品种进行系统检测。本试验利用 *cvLV34* 标记检测了 263 份 CIMMYT 小麦品种 (系) 中 *Lr34/Yr18* 基因的等位变异, 结果表明该标记扩增带型清晰易读, 稳定性好, 可用于大规模品种鉴定。

Singh 等^[16]对 27 份印度和巴基斯坦小麦进行抗病鉴定, 至少有 15 个品种含 *Lr34/Yr18* 基因, 在 20 世纪 90 年代 CIMMYT 小麦品种中, 60% 左右含 *Lr34/Yr18* 基因^[17], 印度和巴基斯坦推广的小麦品种绝大多数从 CIMMYT 引进, 因而含 *Lr34/Yr18* 基因的比例较高。在本试验检测的 263 个 CIMMYT 品种 (系)

用 Ellis 提供的一对引物 DF/MR2 检测 *Rht-D1* 基因位点, 在携带 *Rht-D1b* 的材料中可扩增出一条 280 bp 的片段 (图 3)。在 263 份 CIMMYT 品种 (系) 中 (表), 通过 PCR 扩增, 38 个品种 (系) 得到一条与 *Rht-D1b* 基因相对应的 280bp 左右的片段, 占总数的 14.4%; 210 个品种 (系) 没有扩增产物, 占总数的 85.6%。分子检测表明, 在 263 份 CIMMYT 材料中, 双矮秆基因型 (*Rht-B1b+Rht-D1b*) 共 12 个, 占总数的 4.5%; 高秆基因型 (*Rht-B1a+Rht-D1a*) 21 个, 占总数的 7.9%。

3 讨论

分子标记辅助选择在育种中越来越受到重视, 筛选并验证可靠的分子标记有助于快速、准确聚合抗病基因。在澳大利亚已将 *Lr34/Yr18* 基因及其紧密连锁的分子标记 *cvLr34* 成功应用于小麦育种^[11]。但迄今为

中, 仅有 57 个品种 (系) 含 *Lr34/Yr18* 基因, 占总数的 21.7%, 频率与 20 世纪 90 年代差别较大, 原因需进一步研究。在中国 216 个推广品种中, 含 *Lr34/Yr18* 基因的品种仅占总数的 3.7%; 但在 422 个农家品种中, 85.1% 的品种含 *Lr34/Yr18* 基因 (本实验室资料, 待发表)。与农家种相比, 中国小麦推广品种含 *Lr34/Yr18* 基因很少, 可能原因是在国内小麦育种中偏重主效抗病基因的选择, 忽视了慢病性的利用。尽管育成主效抗病基因的品种在一定时间内高抗, 但随着新小种的出现, 其抗性迅速丧失, 因而造成很大损失。所以在育种中要重视慢病性基因的选择, 利用分子标记聚合慢病基因和主效基因, 有计划地培育一批持久抗病品

表 263 份 CIMMYT 小麦品种系谱及其 *Lr34/Yr18*、*Rht-B1* 和 *Rht-D1* 基因位点的等位变异Table Allelic variation at the loci *Lr34/Yr18*, *Rht-B1* and *Rht-D1* in 263 CIMMYT wheat cultivars and advanced lines

序号 Code	系谱/名称 Pedigree	<i>Rht-B1</i>	<i>Rht-D1</i>	<i>csLV34</i>
1	SERI/RAYON	b	a	-
2	KRONSTAD F2004	b	a	-
3	KAMBARA1	b	a	-
4	WHEATEAR	b	a	-
5	WEEBILL1	b	a	-
6	WEEBILL1	b	a	-
7	SERI.1B*2/3/KAUZ*2/BOW//KAUZ	b	a	+
8	ATTILA*2/PBW65	b	a	-
9	WAXWING	b	a	-
10	PRL/2*PASTOR	a	a	-
11	PBW65/2*PASTOR	a	a	-
12	ALTAR 84/AE.SQUARROSA (221)/3*BORL95/3/URES/JUN//KAUZ/4/WBLL1	b	a	-
13	ATTILA/3*BCN*2//BAV92	b	a	-
14	ATTILA/3*BCN//BAV92/3/PASTOR	b	a	-
15	BABAX//IRENA/KAUZ/3/HUITES	a	a	-
16	BABAX/LR42//BABAX*2/3/KURUKU	b	a	-
17	BABAX/LR42//BABAX*2/3/PAVON 7S3, +LR47	b	a	-
18	BABAX/LR42//BABAX*2/3/TUKURU	b	a	-
19	BABAX/LR42//BABAX*2/3/VIVITSI	b	a	-
20	BABAX/LR42//BABAX*2/3/VIVITSI	b	a	-
21	BABAX/LR42//BABAX*2/3/VIVITSI	b	a	-
22	BABAX/LR42//BABAX*2/4/SNI/TRAP#1/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ	b	a	-
23	BABAX/LR42//BABAX*2/4/SNI/TRAP#1/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ	a	a	-
24	BL2064//SW89-5124*2//FASAN/3/TILHI	b	a	+
25	CAL/NH//H567.71/3/SERI/4/CAL/NH//H567.71/5/2*KAUZ/6/PASTOR	b	a	-
26	CAR//KAL/BB/3/NAC/4/VEE/PJN//2*TUI/5/MILAN	b	a	-
27	CHIBIA//PRLII/CM65531/3/FISCAL	b	a	-
28	CHIBIA//PRLII/CM65531/3/SKAUZ/BAV92	b	a	-
29	CHIBIA//PRLII/CM65531/3/SW89.5181/KAUZ	b	a	-
30	CNO79//PF70354/MUS/3/PASTOR/4/BABAX	b	a	-
31	ELVIRA/5/CNDO/R143//ENTE/MEXI75/3/AE.SQ/4/2*OCI	b	a	-
32	FRET2*2/4/SNI/TRAP#1/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ	b	a	+
33	FRET2*2/4/SNI/TRAP#1/3/KAUZ*2/TRAP//KAUZ	b	a	+
34	FRET2*2//BRAMBLING	b	a	+
35	FRET2*2//BRAMBLING	b	a	+
36	FRET2*2//BRAMBLING	b	a	+
37	FRET2/KUKUNA//FRET2	b	a	+
38	FRET2/TUKURU//FRET2	b	a	-
39	FRET2/WBLL1//KAMB1	b	a	-
40	GAN/AE.SQUARROSA (408)//2*OASIS/5*BORL95	b	a	-
41	INQALAB 91*2/TUKURU	b	a	-
42	IRENA/2*PASTOR	b	a	-
43	KAMB1*2//BRAMBLING	b	a	-
44	KAMB1*2//BRAMBLING	b	a	+

续表 Continued

序号 Code	系谱/名称 Pedigree	<i>Rht-B1</i>	<i>Rht-D1</i>	<i>csLV34</i>
45	KAMB1*2/KIRITATI	b	a	-
46	KAUZ*2/MNV//KAUZ/3/MILAN/4/BABAX	b	a	-
47	KAUZ//ALTAR 84/AOS/3/MILAN/KAUZ/4/HUITES	b	a	-
48	KAUZ//ALTAR 84/AOS/3/MILAN/KAUZ/4/HUITES	b	a	-
49	KAUZ//ALTAR 84/AOS/3/MILAN/KAUZ/4/HUITES	b	a	-
50	KAUZ//ALTAR 84/AOS/3/MILAN/KAUZ/4/HUITES	b	a	-
51	KAUZ/PASTOR//PBW343	b	a	-
52	KAUZ/PASTOR//PBW343	b	a	-
53	KIRITATI//ATTILA*2/PASTOR	b	a	+
54	KIRITATI//PBW65/2*SERI.1B	a	a	-
55	KIRITATI//PBW65/2*SERI.1B	b	a	+
56	KIRITATI//PBW65/2*SERI.1B	b	b	-
57	KIRITATI//PBW65/2*SERI.1B	a	b	-
58	KIRITATI//PRL/2*PASTOR	a	b	+
59	KIRITATI//PRL/2*PASTOR	a	b	+
60	KIRITATI//SERI/RAYON	b	a	-
61	KIRITATI/3/HUW234+LR34//PRL/VEE#10	b	a	+
62	KIRITATI/4/SERI.1B*2/3/KAUZ*2/BOW//KAUZ	b	a	+
63	KIRITATI/4/SERI.1B*2/3/KAUZ*2/BOW//KAUZ	b	a	+
64	KIRITATI/WBLL1	b	a	+
65	KIRITATI/WBLL1	b	a	-
66	MILAN/S87230//BABAX	b	a	-
67	MINO	b	a	-
68	NAC/TH.AC//3*PVN/3/MIRLO/BUC/4/2*PASTOR	b	a	-
69	OASIS/SKAUZ//4*BCN*2/3/PASTOR	b	a	-
70	OASIS/SKAUZ//4*BCN/3/2*PASTOR	b	a	-
71	OASIS/SKAUZ//4*BCN/3/PASTOR/4/KAUZ*2/YACO//KAUZ	b	a	+
72	PBW343/WBLL1//PANDION	b	b	-
73	PF74354/LD/ALD/4/2*BR12*2/3/JUP//PAR214*6/FB6631/5/HP 1731	a	b	-
74	PFAU/SERI.1B//AMAD/3/WAXWING	b	b	-
75	PFAU/WEAVER*2//BRAMBLING	b	b	+
76	PFAU/WEAVER*2//KIRITATI	b	b	-
77	PFAU/WEAVER*2//KIRITATI	b	b	-
78	PFAU/WEAVER*2//KIRITATI	b	b	+
79	PFAU/WEAVER*2//TRANSFER#12,P88.272.2	b	a	-
80	PICUS/3/KAUZ*2/BOW//KAUZ/4/TILHI	b	a	-
81	PRINIA/PASTOR	b	a	-
82	SITE/MO//PASTOR/3/TILHI	b	a	-
83	SKAUZ/BAV92//CHUM18/7*BCN	b	a	+
84	TAM200/PASTOR//TOBA97	b	a	-
85	THELIN#2//ATTILA*2/PASTOR/3/PRL/2*PASTOR	b	a	-
86	THELIN//2*ATTILA*2/PASTOR	b	a	-
87	THELIN//2*ATTILA*2/PASTOR	b	a	-
88	THELIN/2*WBLL1	b	a	-
89	THELIN/2*WBLL1	b	a	-

续表 Continued

序号 Code	系谱/名称 Pedigree	<i>Rht-B1</i>	<i>Rht-D1</i>	<i>csLV34</i>
90	THELIN/3/2*BABAX/LR42//BABAX	b	a	-
91	THELIN/3/BABAX/LR42//BABAX/4/BABAX/LR42//BABAX	b	a	-
92	TOBA97/PASTOR	b	a	-
93	TOBA97/PASTOR	b	a	-
94	TUKURU//BAV92/RAYON	b	a	+
95	TUKURU//BAV92/RAYON	b	a	+
96	VEE/PJN//KAUZ/3/PASTOR/4/FISCAL	b	a	-
97	VORB/FISCAL	b	a	-
98	WAXWING*2/4/SNI/TRAP#1/3//KAUZ*2/TRAP//KAUZ	b	a	-
99	WAXWING*2/KIRITATI	b	a	-
100	WAXWING*2/KIRITATI	b	a	-
101	WAXWING*2/KIRITATI	b	a	-
102	WAXWING*2/KUKUNA	b	a	-
103	WAXWING*2/KUKUNA	b	a	-
104	WAXWING*2/TUKURU	b	a	-
105	WAXWING*2/VIVITSI	b	a	-
106	WAXWING*2/VIVITSI	b	a	-
107	WAXWING*2/VIVITSI	b	a	-
108	WAXWING/4/SNI/TRAP#1/3//KAUZ*2/TRAP//KAUZ	b	a	-
109	WBLL1*2/4/SNI/TRAP#1/3//KAUZ*2/TRAP//KAUZ	b	a	-
110	WBLL1*2/4/YACO/PBW65/3//KAUZ*2/TRAP//KAUZ	b	a	-
111	WBLL1*2/BRAMBLING	b	a	-
112	WBLL1*2/BRAMBLING	b	a	-
113	WBLL1*2/BRAMBLING	b	a	-
114	WBLL1*2/BRAMBLING	b	a	-
115	WBLL1*2/BRAMBLING	b	a	-
116	WBLL1*2/BRAMBLING	b	a	-
117	WBLL1*2/BRAMBLING	b	a	-
118	WBLL1*2/BRAMBLING	b	a	-
119	WBLL1*2/CHAPIO	b	a	-
120	WBLL1*2/KIRITATI	b	a	-
121	WBLL1*2/KIRITATI	b	a	-
122	WBLL1*2/KIRITATI	b	a	-
123	WBLL1*2/KIRITATI	b	a	-
124	WBLL1*2/KIRITATI	b	a	-
125	WBLL1*2/KKTS	b	a	-
126	WBLL1*2/KKTS	b	a	-
127	WBLL1*2/KUKUNA	b	a	-
128	WBLL1*2/KUKUNA	b	a	-
129	WBLL1*2/TUKURU	b	a	-
130	WBLL1/3/STAR//KAUZ/STAR/4//BAV92/RAYON	b	a	-
131	WBLL1/KUKUNA//KAMB1	b	a	-
132	WBLL4/KUKUNA//WBLL1	b	a	-
133	WEAVER/3/SAPI/TEAL//HUI/4/CROC_1/AE.SQUARROSA (213)//PGO/5//SKAUZ*2/SRMA	b	a	+
134	BL 1496/MILAN/3/CROC_1/AE.SQUARROSA (205)//KAUZ	b	a	-

续表 Continued

序号 Code	系谱/名称 Pedigree	<i>Rht-B1</i>	<i>Rht-D1</i>	<i>csLV34</i>
135	BOW/NKT//CBRD/3/CBRD	b	a	-
136	KIRITATI//HUW234+LR34/PRINIA	b	b	+
137	RABE/LAJ3302	b	b	+
138	THELIN#2/TUKURU	a	a	+
139	V763.2312/V879.C8.11.11.11(36)//STAR/3/STAR	b	a	-
140	VK237/2*PASTOR	b	a	-
141	WAXWING*2/KIRITATI	b	a	-
142	WAXWING*2/VIVITSI	b	a	+
143	PAVON F 76	a	b	-
144	FRET2*2/KUKUNA	b	a	+
145	HE1/3*CNO79//2*SERI/3/ATTILA/4/WH 542	b	a	+
146	JUCHI F2000	b	a	+
147	KAMB1*2/KHVAKI	b	a	+
148	KIRITATI	a	b	+
149	PFAU/WEAVER*2//KIRITATI	a	b	-
150	PGO//CROC_1/AE.SQUARROSA (224)/3/2*BORL95/4/CIRCUS	a	b	-
151	PGO//CROC_1/AE.SQUARROSA (224)/3/2*BORL95/4/CIRCUS	b	b	-
152	PGO/SERI//BAV92	b	a	+
153	TAM200/TUI/6/PVN//CAR422/ANA/5/BOW/CROW//BUC/PVN/3/YR/4/TRAP#1	b	a	+
154	TAM200/TUI/6/PVN//CAR422/ANA/5/BOW/CROW//BUC/PVN/3/YR/4/TRAP#1	b	a	+
155	WL6736/5/2*BR12*3/4/IAS55*4/CI14123/3/IAS55*4/EG,AUS//IAS55*4/ALD/6/OASIS/5*BORL95/7/BORL95	a	b	-
156	TAM200/TUI	b	a	-
157	TAM200/TUI/3/BABAX/LR42//BABAX	b	a	-
158	CHIL/CHUM18/4/BUC/BJY/3/CNDR/ANA//CNDR/MUS	b	a	-
159	HAR3116	a	a	-
160	KAUZ//ALTAR 84/AOS/3/KAUZ/4/SW94.15464	a	b	+
161	MILAN/SHA7/3/THB/CEP7780//SHA4/LIRA/4/SHA4/CHIL	a	b	-
162	NING MAI 9415.16//SHA4/CHIL/3/NING MAI 50	b	a	-
163	NING MAI 9558//CHIL/CHUM18	a	a	-
164	YANG87-158*2//MILAN/SHA7	b	a	-
165	ZHENGZHOU 872//WIZZA_23/CONA-D/3/SUNSU	a	b	-
166	CHEN/AE.SQ//2*WEAVER/3/OASIS/5*BORL95	a	b	-
167	CHEN/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//BCN/3/CMH81.38/2*KAUZ	b	a	-
168	CNDO/R143//ENTE/MEXI_2/3/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)/4/WEAVER/5/PASTOR	a	b	-
169	CROC_1/AE.SQUARROSA (205)//FCT/3/PASTOR	b	a	+
170	CHIBIA/DULUS	b	b	-
171	K6295.4A	a	a	+
172	YANAC	b	a	+
173	KENYA NYANGUMI	b	b	+
174	KENYA SWARA	a	a	+
175	K4208	b	a	+
176	PVN//CAR422/ANA/5/BOW/CROW//BUC/PVN/3/YR/4/TRAP#1	a	b	-
177	SD3746	b	a	-
178	STOA	a	a	-
179	HEILO	b	a	-

续表 Continued

序号 Code	系谱/名称 Pedigree	<i>Rht-B1</i>	<i>Rht-D1</i>	<i>csLV34</i>
180	BAU/TNMU	b	a	-
181	CATBIRD	b	a	+
182	GONDO	b	a	-
183	GUAM92//PSN/BOW	b	a	-
184	IVAN/6/SABUF/5/BCN/4/RABI//GS/CRA/3/AE.SQUARROSA (190)	b	a	-
185	KAUZ//TRAP#1/BOW	b	a	+
186	NG8675/CBRD	b	a	-
187	NING MAI 9558	a	b	+
188	SHA3/CBRD	b	a	-
189	SHA3/SERI//SHA4/LIRA	a	a	+
190	SHA5/WEAVER	a	a	-
191	SHA8/GEN	b	a	-
192	TINAMOU	b	a	-
193	WUH1/VEE#5//CBRD	b	a	-
194	WAXWING*2/KIRITATI	b	a	-
195	WAXWING*2/TUKURU	b	a	-
196	WAXWING*2/BRAMBLING	b	a	-
197	ACHTAR*3//KANZ/KS85-8-4	b	a	-
198	ACHTAR*3//KANZ/KS85-8-5	b	a	-
199	ALTAR 84/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)//OPATA	b	a	-
200	KANZ*4/KS85-8-4	a	a	-
201	PRL/SARA//TSI/VEE#5	b	a	-
202	BH1146*3/ALD//BUC/3/DUCULA/4/DUCULA	b	a	+
203	PF839197/BR35//BR23/3/PASTOR	b	a	-
204	TNMU/6/PEL74144/4/KVZ//ANE/MY64/3/PF70354/5/BR14/7/BR35	b	a	-
205	ALTAR 84/AE.SQ//OPATA/3/2*WH 542	b	a	-
206	CHUM18/BORL95//CBRD	b	a	+
207	CROC_1/AE.SQUARROSA (205)//KAUZ/3/SASIA	b	a	-
208	CROC_1/AE.SQUARROSA (205)//KAUZ/3/SASIA	b	a	-
209	KAUZ//ALTAR 84/AOS/3/MILAN/KAUZ	b	a	+
210	SW89.3064//CMH82.17/SERI	a	b	-
211	W462//VEE/KOEL/3/PEG//MRL/BUC	b	a	-
212	W485/HD29	a	b	-
213	CNDO/R143//ENTE/MEXI_2/3/AEGILOPS SQUARROSA (TAUS)/4/WEAVER/5/2*PASTOR	b	a	-
214	VOROBAY	b	a	-
215	SOROCA	b	a	+
216	HEILO	b	a	-
217	HEILO	b	a	-
218	MILAN/AMSEL	b	a	-
219	OR791432/VEE#3.2//MILAN	b	a	-
220	OR791432/VEE#3.2//MILAN	b	a	-
221	PASTOR//MUNIA/ALTAR 84	b	a	-
222	PASTOR/TEERI	b	a	-
223	PASTOR/TEERI	b	a	-

续表 Continued

序号 Code 系谱/名称 Pedigree	<i>Rht-B1</i>	<i>Rht-D1</i>	<i>csLV34</i>	
226	INQALAB 91	b	a	-
227	INQALAB 91*2/KUKUNA	b	a	+
228	INQALAB 91*2/TUKURU	b	a	-
229	KANCHAN	a	b	-
230	PBW343	b	a	-
231	PBW343*2/KHVAKI	b	a	+
232	PBW343*2/KUKUNA	b	a	+
233	PBW343*2/TUKURU	b	a	+
234	58769	a	a	-
235	SW 8488 (W)	a	b	-
236	SW00-91382	a	b	-
237	SW02-90137	a	a	-
238	SW03-81497	a	a	-
239	SW22725	a	a	-
240	YUNMAI 47	b	a	-
241	SW1231	b	a	-
242	86715	a	b	-
243	R131	b	a	-
244	80.8	a	a	-
245	SW2148	a	b	-
246	3570	a	b	-
247	CHUANMAI 42	b	a	-
248	CHUANMAI 47	a	b	-
249	CHUANMAI 43	b	a	-
250	SC SHINE	b	a	-
251	STALLION	b	a	-
252	SMART	b	a	-
253	KLEIN DON ENRIQUE	b	a	-
254	ONIX	b	a	-
255	CEP8880/3/BOW//BUC/BUL/4/EMB27	b	a	-
256	ITAPUA 40-OBLIGADO	b	a	-
257	ITAPUA 50-AMISTAD	a	a	-
258	INIA CABURE	a	a	+
259	INIA CHURRINCHE	b	a	-
260	KLEIN DON ENRIQUE	b	a	-
261	OR 1	b	a	-
262	ITAPUA 40-OBLIGADO	b	a	-
263	PANDORA	b	a	-

“a”在基因位点 *Rht-B1*、*Rht-D1* 分别代表 *Rht-B1a*、*Rht-D1a*；“b”在基因位点 *Rht-B1*、*Rht-D1* 分别代表 *Rht-B1b*、*Rht-D1b*；“+”表示品种（系）中含 *Lr34/Yr18* 基因；“-”表示品种（系）中不含 *Lr34/Yr18* 基因

“a” for *Rht-B1* and *Rht-D1* loci represents the alleles *Rht-B1a* and *Rht-D1a*, respectively; “b” for *Rht-B1* and *Rht-D1* loci represents the alleles *Rht-B1b* and *Rht-D1b*, respectively; “+” indicates the lines with the genes *Lr34/Yr18*, and “-” indicates those without *Lr34/Yr18*

种。

在这批 CIMMYT 材料中, *Rht-B1b* 基因频率很高, 而 *Rht-D1b* 基因比例较低, 且含双矮秆基因型 (*Rht-B1b+Rht-D1b*) 的品系较少。这些品种 (系) 矮秆基因型 *Rht-B1b* 和 *Rht-D1b* 的比例与先前报道的中国小麦的矮秆基因 *Rht-B1b* 和 *Rht-D1b* 比例差别较大^[6], 在中国小麦中, *Rht-B1b* 基因频率明显低于 *Rht-D1b*

基因的频率, 其主要原因是育种目标和亲本来源不同。杨松杰等^[6]研究发现, 在中国品种中, *Rht-B1b* 基因来自农林 10 (*Rht-B1b+Rht-D1b*) 和 St2422/464, *Rht-D1b* 基因来自农林 10 号、水源 86、辉县红和蚰包麦, 其中来自于农林 10 号和 St2422/464 的 *Rht-B1b* 矮秆基因型仅 24 个品种, 说明在中国小麦育种中矮秆基因 *Rht-B1b* 利用较少; 而 CIMMYT 的绝大多数品种的矮

源都是农林 10 号或者其衍生系^[18], *Rht-B1b* 基因频率较高的原因还有待进一步研究。这些 CIMMYT 品种(系)含双矮秆基因型(*Rht-B1b+Rht-D1b*)的频率与中国小麦品种类似^[6]。先前的研究表明, 含双矮秆基因(*Rht-B1b+Rht-D1b*)品种的产量稍高于高秆基因型(*Rht-B1a+Rht-D1a*), 但低于含单个矮秆基因的品种(*Rht-B1b* 或 *Rht-D1b*)^[12], 这或许是导致含双矮秆基因(*Rht-B1b+Rht-D1b*)的品系较少的原因。

4 结论

抗病性和丰产性是小麦育种的重要目标。本文报道 263 份 CIMMYT 品种(系)慢锈性基因 *Lr34/Yr18* 和矮秆基因 *Rht-B1b*、*Rht-D1b* 等位基因的分布, 可以为中国和 CIMMYT 小麦育种提供有用的材料、信息以及分子标记辅助选择方法。

References

- [1] 李振歧, 曾士迈. 中国小麦锈病. 北京: 中国农业出版社, 2002: 2-3.
Li Z Q, Zeng S M. *Wheat Rust in China*. Beijing: China Agriculture Press, 2002: 2-3. (in Chinese)
- [2] 王凤乐, 吴立人, 王安民. 中国小麦条锈菌群体毒性变异研究. 中国农业科学, 1995, 28: 8-14.
Wang F L, Wu L R, Wan A M. Studies on virulence variation of wheat stripe rust population in China. *Scientia Agriculture Sinica*, 1995, 28: 8-14. (in Chinese)
- [3] 闫红飞, 杨文香, 张维宏, 刘大群. 小麦抗叶锈基因 *Lr38* 差异表达的初步研究. 中国农业科技导报, 2007, 9: 118-120.
Yan H F, Yang W X, Zhang W H, Liu D Q. Preliminary study on differential expression of wheat leaf rust resistance gene *Lr38*. *Journal of Agricultural Science and Technology*, 2007, 9: 118-120. (in Chinese)
- [4] Singh R P, Huerta-Espino J, Rajaram S. Achieving near-immunity to leaf and stripe rusts in wheat by combining slow rusting resistance genes. *Acta Phytopathologica Hungarica*, 2000, 35(1-4): 133-139.
- [5] Hedden P. The genes of the Green Revolution. *Trends in Genetics*, 2003, 19: 5-9.
- [6] 杨松杰, 张晓科, 何中虎, 夏先春, 周 阳. 用 STS 标记检测矮秆基因 *Rht-B1b* 和 *Rht-D1b* 在中国小麦中的分布. 中国农业科学, 2006, 39: 1680-1687.
Yang S J, Zhang X K, He Z H, Xia X C, Zhou Y. Distribution of dwarfing genes *Rht-B1b* and *Rht-D1b* in Chinese bread wheats detected by STS marker. *Scientia Agriculture Sinica*, 2006, 39: 1680-1687. (in Chinese)
- [7] Singh R P. Association between gene *Lr34* for leaf rust resistance and leaf tip necrosis in wheat. *Crop Science*, 1992, 32: 874-878.
- [8] Singh R P. Genetic association of gene *Bdv1* for barley yellow dwarf virus with genes *Lr34* and *Yr18* for adult plant resistance to rusts in bread wheat. *Plant Disease*, 1993, 77: 1103-1106.
- [9] Imtiaz M, Ahmad M, Cromey M G, Griffin W B, Hampton J G. Detection of molecular markers linked to the durable adult plant stripe rust resistance gene *Lr34/Yr18* in bread wheat (*Triticum aestivum* L.). *Plant Breeding*, 2004, 123: 401-404.
- [10] Spielmeyer W, McIntosh R A, Kolmer J, Lagudah E S. Powdery mildew resistance and *Lr34/Yr18* genes for durable resistance to leaf and stripe rust cosegregate at a locus on the short arm of chromosome 7D of wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 2005, 111: 731-735.
- [11] Lagudah E S, McFadden H, Singh R P, Huerta E J, Bariana H S, Spielmeyer W. Molecular genetic characterization of the *Lr34/Yr18* slow rusting resistance gene region in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 2006, 114: 21-30.
- [12] Allan R E. Agronomic comparisons between *Rht1* and *Rht2* semidwarf genes in winter wheat. *Crop Science*, 1989, 29: 1103-1108.
- [13] Ellis M H, Spielmeyer W, Rebetzke G J, Richards R A. "Perfect" markers for the *Rht-B1b* and *Rht-D1b* dwarfing genes in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 2002, 105: 1038-1042.
- [14] 何中虎, 庞家智. CIMMYT 麦类改良进展. 北京: 中国农业科技出版社, 1995: 32-33.
He Z H, Pang J Z. *Progress of CIMMYT Wheat Improvement*. Beijing: China Agriculture and Science Press, 1995: 32-33. (in Chinese)
- [15] Devos K M, Gale M D. The use of random amplified polymorphic DNA markers in wheat. *Theoretical and Applied Genetics*, 1992, 84: 567-572.
- [16] Singh R P, Gupta A K. Genes for leaf rust resistance in Indian and Pakistani wheats tested with Mexican pathotypes of *Puccinia recondita* f.sp. *tritici*. *Euphytica*, 1991, 57: 27-36.
- [17] Bahl P N, Salimath P M, Mandal A K. *Genetics, Cytogenetics and Breeding of Crop Plants*. Oxford & IBH Publishing Co. PVT LTD, New Delhi and Calcutta, 1997: 75-144.
- [18] Perkins J H. *This Translation of Ethics and Geopolitics and the Green Revolution*. Oxford University Press, 1997: 303-313.