



唐婧泉, 刘文林, 孙岩, 等. 东北春小麦抗秆锈病基因 *Sr31* 的分子检测及其抗性分析[J]. 黑龙江农业科学, 2024(2):1-7.

东北春小麦抗秆锈病基因 *Sr31* 的分子检测及其抗性分析

唐婧泉¹, 刘文林¹, 孙岩¹, 杨淑萍¹, 李禹尧², 孙丹¹, 王翔宇¹, 张宏纪¹

(1. 黑龙江省农业科学院 作物资源研究所, 黑龙江 哈尔滨 150086; 2. 黑龙江省农业科学院, 黑龙江 哈尔滨 150086)

摘要:为促进东北春小麦抗性育种, 利用与抗秆锈病基因 *Sr31* 连锁的分子标记 SCSS30.2 和 iag95, 对 300 份东北春小麦抗秆锈病基因进行分子检测及抗性分析。结果表明, 在 300 份春小麦品种中, 有 8 份小麦品种被检测到含有 iag95 或 SCSS30.2 分子标记, 含有抗秆锈病 *Sr31* 基因, 而小麦品种农林 45 号中只鉴定到了含有 iag95 标记, 钢 09-558 中只鉴定到了含有 SCSS30.2 标记。通过 ω -sec 标记, 发现 9.67% 的供试材料含有 1BL/1RS 易位系。其中, 同时携带与抗性基因 *Sr31* 连锁的两个标记 SCSS30.2 和 iag95 的 8 份材料, 均被检测到含有 1BL/1RS 易位系。田间抗性鉴定进一步表明, 被 SCSS30.2 检测到的 9 个材料中, 除黑春 1 号外, 其余材料在田间均表现出了极强的抗病性。而仅被 iag95 标记检测到的农林 45 号, 对 21C3CTHQM 和 34MKGQM 两类生理小种均表现为感病。本研究成功鉴定出携带 *Sr31* 基因及 1BL/1RS 易位系的小麦材料, 可作为小麦抗病育种材料进一步利用。

关键词:小麦; *Sr31* 基因; 分子标记; 1BL/1RS 易位系; 田间抗病性

开放科学(资源服务)标识码(OSID):



小麦是世界上最重要的粮食作物之一, 占世界作物种植面积的 1/5, 能满足人类提供日常所需的膳食营养需求^[1-4]。在小麦各病害中, 流行程度相同的条件下秆锈病造成的损失最大^[5-7]。20 世纪 20 年代至 70 年代, 在我国东北春麦区共发生过 9 次小麦秆锈病大流行和 1 次中度流行, 给小麦的生产带来了极大的危害^[8]。为了解决这一难题, 育种家们开始逐渐引入新的抗性资源来选育抗病小麦品种。然而, 由于当时技术手段的限制, 育种家主要依赖于田间表型鉴定, 致使育种工作效率低, 育种成效慢, 且不能从分子角度解析东北春小麦品种的抗秆锈基因的分布和组成^[8]。

近年来育种趋势显示, 东北春小麦品种的遗传基础逐渐狭窄, 类型单一^[9]。这可能会导致小麦品种对新病害或新生理小种更加敏感, 增加了病害爆发的风险^[10]。在如今全球化和气候变化的背景下^[11], 随着交通和贸易的增加, 病原体可以快速地跨越大陆和国界, 导致病原体的飞速传

播^[12]。大面积种植不抗病的小麦品种, 可能导致病害大面积发生和严重的产量损失。

现全球范围内已经鉴定出了许多抗秆锈基因^[13]。其中, *Sr31* 基因分布广泛, 它源于栽培黑麦, 并与小麦 1BL/1RS 易位系密切相关, 已被广泛用于小麦检测和品种改良中^[14]。这种易位系不仅提高了秆锈病抗性, 而且也能提高小麦的产量和品质^[15]。*Sr31* 与条锈病抗性基因 *Yr9*、叶锈病抗性基因 *Lr26*、白粉病抗性基因 *Pm8* 存在连锁关系^[5, 16-17]。20 世纪 70 年代, 含有 *Sr31* 的小麦在世界麦区推广使用。但在 1999 年, 首次发现了能够克服 *Sr31* 抗性的秆锈菌小种 Ug99^[18], 并且该小种具有强大的变异能力, 可侵染全球绝大部分小麦品种^[19]。近年来, Ug99 的分布已经从非洲东部扩展到亚洲, 威胁着全球的小麦生产^[20]。近年来针对 *Sr31* 基因的分子标记已经被相继开发出来, 为秆锈病基因的分子检测以及抗性鉴定筛选提供了有效手段^[21]。此外, 东北春小

收稿日期: 2023-10-19

基金项目: 黑龙江省农业科学院院级科研项目(2021YYYYF003); “十四五”重点研发计划项目(2022YFD1200701); 核能开发科研项目(春小麦核辐射生物诱变新品种创制与示范); 黑龙江省外向型农业产业技术协同创新体系。

第一作者: 唐婧泉(1995—), 女, 硕士, 研究实习员, 从事小麦遗传育种研究。E-mail: tangjingquan2020@163.com。

通信作者: 张宏纪(1969—), 男, 博士, 研究员, 从事小麦遗传育种研究。E-mail: fumai@163.com。

麦材料中可能也含有 *Sr31* 基因^[22],因此,对东北春麦资源中 *Sr31* 的分子标记鉴定有助于掌握该基因的组成和分布,进而增强小麦的持久抗性,并降低小麦秆锈病爆发的风险^[23]。

综上所述,东北春麦区已育成众多春小麦品种,在小麦生产过程中起到重要作用,但是东北春麦区小麦抗秆锈病基因和机理的相关报道较少,特别是 *Sr31* 基因对东北春麦抗秆锈的贡献尚不清楚。为此,本研究选用 300 份东北春小麦代表性品种进行分子检测和抗性分析,明确东北春麦区小麦抗秆锈病基因 *Sr31* 的组成和抗性,为春小麦抗性育种提供可靠的材料和参考。

1 材料与方法

1.1 材料

供试材料为东北春小麦代表性品种 300 份

表 1 抗性基因及分子标记

目的基因	标记	正向引物序列(5'~3')	反向引物序列(5'~3')
<i>Sr31</i>	iag95 ^[24]	CTCTGTGGATAGTTACTTGATCGA	CCTAGAACATGCATGGCTGTTACA
	SCSS30.2 ^[25]	GTCCGACAATACGAACGATT	CCGACAATACGAACGCCTTG
1BL/1RS 易位系	<i>w</i> -sec ^[26]	ACCTTCCTCATCTTTGTCTCT	CCGATGCCTATACCACTACT

1.2.2 DNA 提取及 PCR 反应 小麦幼苗生长至 10 d 时,取其叶片 2 g,利用 CTAB 法提取 DNA^[24]。使用 TaKaRa 品牌的 *Taq* DNA 聚合酶展开 PCR 扩增。扩增体系设定如下:DNA 样品 50 ng,10×PCR 缓冲溶液 2 μL,2.5 mmol·L⁻¹ dNTPs 混合液 1.6 μL,10 μmol·L⁻¹ 的引物 0.8 μmol·L⁻¹,*Taq* DNA 聚合酶 0.16 μL,再加去离子水至 20 μL。具体反应条件参考各引物来源文献^[25-27]。扩增产物在琼脂糖凝胶电泳中进行检测,缓冲液体系为 1×TAE 溶液,140 V 电压电泳 40 min,溴化乙锭染色。

1.2.3 田间抗性鉴定 在沈阳农业大学植物保护学院的试验田内进行成株阶段的抗性评估。试验布局采用双列模式,列间和行间距各为 25 cm,每列长度为 100 cm。在布局中,每个品种单独播种于一行中,每隔 10 行设置一行易感品种作为对照。在小麦返青拔节阶段开始接种,接种前,对实验地进行喷水处理,以提高湿度,并在傍晚进行接种。首先,用 0.05% 的吐温 20 溶液喷湿小麦叶片,然后利用喷粉器对叶片进行夏孢子喷粉接种(夏孢子与滑石粉的比例为 1:30)。接种后,用塑料薄膜覆盖叶片,以保持湿度,持续 14 h。

(附表 1,详见 OSID 码),这些材料涵盖了上世纪初到近年来推广的有代表性品种,且地理分布范围广,遗传背景清晰。阳性对照单抗基因系由黑龙江省农业科学院植物保护研究所提供,阴性对照选择春小麦品种“克华”。对于田间表型抗性的鉴别,选择了 Little club 作为易感品种进行对比。

同时,涉及到的小麦秆锈病小种包括 21C3CTHTM 和 34MRGQM,它们最近 20 年内在我国小麦生产中都占据了主导地位。

1.2 方法

1.2.1 引物选择 参照公开报道的小麦秆锈病抗性基因相关的分子标记进行选择,进而确认其实际应用效果。对所选材料进行 PCR 验证,所有的特异性引物由上海生工生物技术有限公司提供(表 1)。

抗性评估依据 Roelfs 等^[28] 的分级准则和 Cobb 改良量表来评估病害严重程度。锈菌孢子堆占叶面积的 0.37% 对应于 1% 的病害严重程度,病害等级分为 1%、5%、10%、20%、30%、40%、50%、60%、70%、80%、90% 和 100% 共 12 个等级^[29]。当对照品种出现明显的病害后(接种后的第 14 天),进行首次病害状况调查,之后每隔 5 d 进行 1 次,共进行 3 次调查。最终的评估结果以最高的反应类型和病害严重程度为准。0 表示免疫性,R 表示抗病性,MR 指示中等的抗病性,MS 表示中度易感,S 则代表易感。

2 结果与分析

2.1 *Sr31* 和 1BL/1RS 易位系的分子标记鉴定

利用与抗性基因 *Sr31* 连锁的两个标记 SCSS30.2 和 iag95 对供试材料进行检测。由图 1 可以看出,SCSS30.2 和 iag95 标记在含有抗性基因 *Sr31* 的阳性材料中分别可扩增出 576 bp 和 1 100 bp 的 PCR 片段。在检测的 300 份材料中,有 8 个品种中同时存在 iag95 和 SCSS30.2,这 8 个材料分别为北麦 1 号、北麦 6 号、克春 5 号、克春 8 号、克春 9 号、黑春 1 号、新曙光 8 号和吉春 1004。而农林 45 号中只鉴定到了 iag95,钢 09-558 中只鉴

定到了 SCSS30. 2。此外,本研究用 ω -sec 鉴定 1BL/1RS 易位系的存在^[30]。结果表明,有 29 份材料鉴定到了 ω -sec 标记,意味着它们含有 1BL/1RS 易位系。8 个同时存在 iag95 和 SCSS30. 2 的品种也鉴定到了 1BL/1RS 易位系,而农林 45 号和钢 09-558 没有鉴定到 1BL/1RS 易位系。

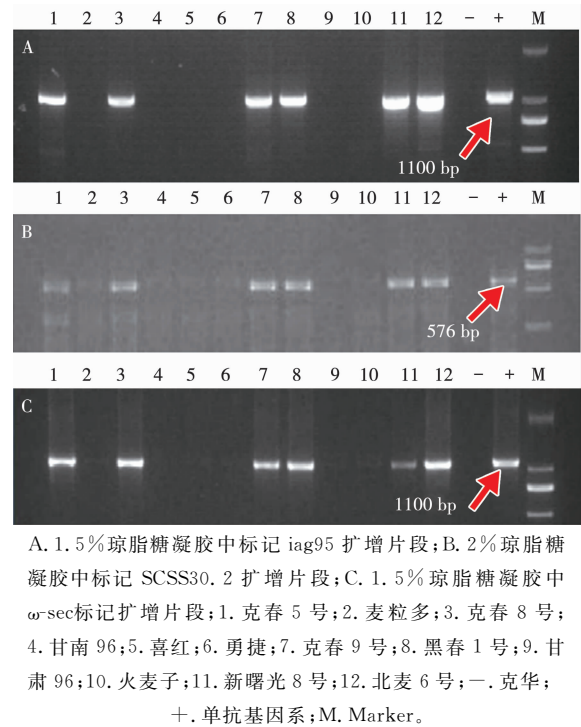


图 1 部分品种的 PCR 扩增产物电泳图

2.2 田间抗病鉴定

本研究利用小麦秆锈病的典型症状进行田间抗病鉴定,结果表明,阴性对照品种 Little club 表现为易感(S)(图 2)。在标记 SCSS30. 2 鉴定到的 9 个材料中:北麦 1 号、北麦 6 号、克春 5 号、克春 8 号、克春 9 号、黑春 1 号、新曙光 8 号、吉春 1004 和钢 09-558 表现出极强的田间抗病性,只有黑春 1 号的严重度和普遍率为 5%,其他材料都表现为免疫。而只被标记 iag95 检测到的材料农林 45 号在 21C3CTHQM 和 34MKGQM 两类小种抗性鉴定中都表现为感病(表 2)。

由表 3 可知,在 300 份材料田间抗性统计中,利用 21C3CTHQM 和 34MKGQM 两个生理小种分别检测到了 5 个抗性等级的材料。抗性等级为免疫(0)的材料在两个小种的检测中都达到 60%以上,分别为 64. 67%和 69. 00%;抗病(R)材料分别为 23. 00%和 19. 33%;中抗(MR)比例分别为 4. 33%和 4. 00%。中感(MS)比例分别为 7. 00%和 6. 33%;感病(S)的比例分别为 1. 00%和 1. 33%。在两个生理小种的检测中,不同抗性等级的材料数量分布相似,都是免疫材料数量最多,其次是抗病(R),最少的为感病(S)。两个生理小种检测结果相同的材料一共有 266 份,占全部材料的 88. 67%。其中,对两个小种都为免疫表现的材料为 188 份。



图 2 春小麦秆锈病田间感病对照

表 2 含有抗性基因 *Sr31* 的材料

品种	<i>Sr31</i>		1BL/1RS 易位系	21C3CTHQM 小种抗性 ^[28-29]	34MKGQM 小种抗性	亚群 ^[31]
	SCSS30.2	iag95				
农林 45 号	—	+	—	60S80	50S80	3
钢 09-558	+	—	—	0	0	2
北麦 1 号	+	+	+	0	0	2
北麦 6 号	+	+	+	0	0	2
克春 5 号	+	+	+	0	0	2
克春 8 号	+	+	+	0	0	2
克春 9 号	+	+	+	0	0	2
黑春 1 号	+	+	+	5R5	0	2
新曙光 8 号	+	+	+	0	0	1
吉春 1004	+	+	+	0	0	3

注:锈病调查时分别记载各品种上锈病的“严重度、反应分级、普遍率”,如反应分级为 S 级,严重度为 50%,普遍率为 80%,则记载为 50S80。

2.3 含有 *Sr31* 材料的亚群分析

有研究者在 2021 年对本研究所用群体进行遗传分析,并利用 55K SNP 芯片的基因数据进行群体结构分析,结果表明,东北春麦主要资源的群体可分为 3 个亚群^[32]。农林 45 号和吉春 1004 属于第三亚群,新曙光 8 号属于第一亚群,其他材料都属于第二亚群(表 3)。即第二亚群中包括更多携带 *Sr31* 抗病基因的品种,该亚群包含 75 份品种,主要来自于 1990 年到 2010 年在黑龙江省种植的品种,如北麦 1 号、克春 9 号、北麦 6 号和克春 8 号;第一亚群包含 126 个品种,主要来自于 1950 年到 1980 年在黑龙江省种植的品种,如克红、克早 8 号、克坚和新曙光 5 号;第三亚群包含 50 份品种,主要来自吉林、美国、加拿大和日本。

表 3 300 份材料田间抗性统计

生理小种	抗性等级	数量	比例/%
21C3CTHQM 小种	0	194	64.67
	R	69	23.00
	MR	13	4.33
	MS	21	7.00
	S	3	1.00
34MKGQM 小种	0	207	69.00
	R	58	19.33
	MR	12	4.00
	MS	19	6.33
	S	4	1.33
21C3CTHQM 小种 和 34MKGQM 小种	0	188	62.67
	R	49	16.33
	MR	8	2.67
	MS	18	6.00
	S	3	1.00

注:表中“21C3CTHQM 小种和 34MKGQM 小种”是指两个小种检测为相同抗性等级的材料,并统计对应数量。

3 讨论

3.1 *Sr31* 的抗性表现和分布

在 300 份东北春麦资源中,有 188 份材料对两种秆锈病生理小种均表现免疫,占全部材料 62.67%(表 3)。但是鉴定到含 *Sr31* 基因的材料仅有 8 个,说明 *Sr31* 不是东北春麦区主效抗性基因,该群体中还存在其他抗秆锈病基因,只有进行更多的抗性基因检测,才能更好地分析东北春小麦的抗病基因组成。

在农林 45 号的鉴定过程中,仅检测到分子标记 iag95 的存在,然而,该材料对主流秆锈病生理小种均表现为感病^[33]。一般而言,*Sr31* 被认为对小麦秆锈病具有显著的抗病效果^[34]。因此农林 45 号有可能并未携带抗病基因 *Sr31*,但携带了与 *Sr31* 连锁的标记 iag95。

Sr31 抗性基因广泛存在于世界上的小麦品种中,但是其不抗 Ug99^[18,35],为了避免通过传统抗性育种得到的抗秆锈栽培品种中主效抗性基因为 *Sr31*,世界范围内开展了众多对 *Sr31* 的分子标记检测。Pretorius 等^[36]在 65 个南非小麦品种中检测到 5 个品种含有 *Sr31* 基因。Purnhauser 等^[37]利用分子标记检测对匈牙利 220 个小麦品种进行检测,发现 24.1% 的小麦品种含有 *Sr31*。陈万权等^[38-39]推导出 49 个来自 17 个国家的小麦种质资源中有 11 个品系携带 *Sr31*,44 个江苏主要小麦品种中的 9 个品种携带 *Sr31*。李丹丹等^[40]在 2019 年对黑龙江省 83 份小麦品种的检测中发现,6 份小麦品种可能含有 *Sr31*。与前人研究结果相似,本研究中鉴定到 8 个可能含有 *Sr31* 的材

料。这表明东北春麦资源抗秆锈 *Sr31* 基因相对其他地区比例较少。此外,还发现包含 *Sr31* 基因的样本几乎全部来源于 1990 年到 2010 年在黑龙江省培育并广泛种植的品种。相对地,从其他地区引进的品种以及 1950 年到 1980 年在黑龙江省种植的小麦品种中,*Sr31* 基因出现频率极低。表明,*Sr31* 基因可能是在 20 世纪末到 21 世纪初的黑龙江小麦育种活动中逐渐被引入和固定的。

3.2 东北春麦资源中存在 *Sr31* 较少的原因

抗秆锈病基因 *Sr31* 位于 1BL/1RS 易位系上^[41],1BL/1RS 易位系携带了许多抗病和丰产基因^[42-44]。研究表明,1BL/1RS 易位系对条锈病、叶锈病和赤霉病具有较高的抗性^[45]。1BL/1RS 易位系也可以提高小麦的千粒重、穗粒数和籽粒重,从而提高产量^[46]。本研究中鉴定到可能含有 *Sr31* 的 8 份材料全部存在 1BL/1RS 易位系,但是全部材料中有 21 份鉴定出 1BL/1RS 易位系却不含 *Sr31*。当小麦品种含有 1BL/1RS 易位系时,它通常也会携带 *Sr31* 基因,提供对秆锈病的抗性。然而,即使小麦携带 *Sr31* 基因,也不一定表示它具有完整的 1BL/1RS 易位系。Lukaszewski 等^[47]描述了一种技术,可以通过诱导同源重组来操作 1RS/1BL 易位系转位,从而只转移与 *Sr31* 相关的特定 1RS 区段,而不是整个 1RS 染色体臂。

中国东北春麦资源中,部分材料存在 1BL/1RS 易位系但不存在 *Sr31*,这可能由以下几个原因造成,(1)选择压力:上世纪含有抗秆锈基因的材料 Yaroslav 等引入后,东北春小麦主要面临的是非秆锈病的病害或其他生物和非生物压力^[8],这使得育种者主要关注于改良其他性状,而不是具有 *Sr31* 抗性的品种。这意味着 1BL/1RS 易位系可能因为其他与它相关的有益性状被选入,而不是因为其携带的 *Sr31* 基因。(2)遗传随机性:随着时间的推移,某些遗传变异可能会在群体中丢失,这是一个随机的过程,*Sr31* 在这一过程中在大部分品种中丢失了。

3.3 1BL/1RS 易位系和 *Sr31* 鉴定结果的应用

ω -secalin 蛋白对小麦筋性的负向调控已逐渐得到学界的认识。有研究明确指出,在 1BL/1RS 易位系的小麦中, ω -sec 与较低的筋性和较差的面包制作品质紧密相关^[48-49]。本研究显示,东

北春麦资源中 9.67% 的品种可能存在 ω -secalin 蛋白的表达。通过筛选不含 ω -secalin 但含有 1BL/1RS 易位系上优良抗病基因的小麦品种,可以在保证其抗病性基础上提高加工品质。此外,本研究同时检测到两个分子标记的小麦品种北麦 1 号、北麦 6 号、克春 5 号、克春 8 号、克春 9 号、黑春 1 号、新曙光 8 号和吉春 1004 含有 *Sr31* 抗秆锈基因,可以作为种质资源进行广泛应用,这为提高东北春小麦抗病能力和产量提供了材料支撑。

4 结论

本研究对 300 份东北春小麦资源的抗秆锈基因进行了分子标记检测和抗性鉴定。其中有 8 个品种中同时存在 iag95 和 SCSS30.2,占全部品种的 2.67%,表现出极强的田间抗病性。这 8 个材料分别为北麦 1 号、北麦 6 号、克春 5 号、克春 8 号、克春 9 号、黑春 1 号、新曙光 8 号和吉春 1004。有 9.67% 的材料鉴定到了 ω -sec 标记,意味着它们可能含有 1BL/1RS 易位系。

参考文献:

- [1] SHEWRY P R, HEY S J. the contribution of wheat to human diet and health[J]. Food and Energy Security, 2015, 4(3):178-202.
- [2] 李海泳,殷贵鸿. 从国家粮食安全角度探讨我国小麦育种发展趋势[J]. 江苏农业科学, 2022, 50(18):36-41.
- [3] 庞碧玉,冯爱芬,曹振雪,等. 中国粮食供需研究及预测:以小麦为例[J]. 河南科技学院学报(自然科学版), 2020, 48(3):15-21.
- [4] 刘春华. 探讨粮食安全与小麦栽培发展趋势[J]. 种子科技, 2017, 35(6):10,12.
- [5] 李振岐,曾士迈. 中国小麦锈病[M]. 北京:中国农业出版社, 2002.
- [6] 王广金,赵远玲,王永斌. 小麦秆锈病的危害与防治研究综述[J]. 黑龙江农业科学, 2010(12):169-171.
- [7] 李明菊. 中国小麦秆锈病越冬初菌源基地云南小麦秆锈病危害分析[J]. 云南农业科技, 2003(5):28-29.
- [8] 肖步阳. 春小麦生态育种[M]. 北京:中国农业出版社, 2006.
- [9] TEMESGEN B. Effects of crop evolution under domestication and narrowing genetic bases of crop species[J]. Open Journal of Plant Science, 2021:49-54.
- [10] GOVINDARAJ M, VETRIVENTHAN M, SRINIVASAN M. Importance of genetic diversity assessment in crop plants and its recent advances: an overview of its analytical perspectives[J]. Genetics Research International, 2015, 2015:431487.
- [11] COAKLEY S M, SCHERM H, CHAKRABORTY S. Climate change and plant disease management[J]. Annual Review

- of Phytopathology,1999,37:399-426.
- [12] BROWN J K M, HOVMØLLER M S. Aerial dispersal of pathogens on the global and continental scales and its impact on plant disease[J]. Science, 2002,297(5581):537-541.
- [13] BARANWAL D. Genetic and genomic approaches for breeding rust resistance in wheat [J]. Euphytica, 2022, 218 (11):159.
- [14] SCHLEGEL R, KORZUN V. About the origin of 1RS. 1BL wheat-rye chromosome translocations from Germany [J]. Plant Breeding,1997,116(6):537-540.
- [15] VILLAREAL R L, MUJEEB-KAZI A, RAJARAM S. Agronomic performance of wheat doubled haploids derived from *Triticum timopheevi* [J]. Field Crops Research, 1998,59(3):187-195.
- [16] DYCK P L. Transfer of a gene for stem rust resistance from *Triticum araraticum* to hexaploid wheat[J]. Genome, 1992,35(5):788-792.
- [17] DYCK P L. Inheritance of leaf rust and stem rust resistance in ‘Roblin’ wheat[J]. Genome,1993,36(2):289-293.
- [18] PRETORIUS Z A, SINGH R P, WAGOIRE W W, et al. Detection of virulence to wheat stem rust resistance gene *Sr31* in *Puccinia graminis*. f. sp. *tritici* in Uganda [J]. Plant Disease,2000,84(2):203.
- [19] 姜玉英,陈万权,赵中华,等. 新型小麦秆锈病菌 Ug99 对我国小麦生产的威胁和应对措施[J]. 中国植保导刊, 2007,27(8):14-16.
- [20] SINGH R P, HODSON D P, HUERTA-ESPINO J, et al. Will stem rust destroy the world’s wheat crop? [J]. Advances in Agronomy,2008,98:271-309.
- [21] NIU Z X, KLINDWORTH D L, FRIESEN T L, et al. Targeted introgression of a wheat stem rust resistance gene by DNA marker-assisted chromosome engineering[J]. Genetics,2011,187(4):1011-1021.
- [22] LIN Q J, GAO Y, WU X X, et al. Evaluation of resistance to wheat stem rust and identification of resistance genes in wheat lines from Heilongjiang Province[J]. PeerJ,2021,9: e10580.
- [23] del SAL G, MANFIOLETTI G, SCHNEIDER C. The CTAB-DNA precipitation method:a common mini-scale preparation of template DNA from phagemids, phages or plasmids suitable for sequencing[J]. BioTechniques,1989,7(5):514-520.
- [24] CHAI J F, ZHOU R H, JIA J Z, et al. Development and application of a new codominant PCR marker for detecting 1BL•1RS wheat-rye chromosome translocations[J]. Plant Breeding,2006,125(3):302-304.
- [25] RÖDER M S, KORZUN V, WENDEHAKE K, et al. A microsatellite map of wheat[J]. Genetics,1998,149(4): 2007-2023.
- [26] MAGO R, SPIELMEYER W, LAWRENCE G, et al. Identification and mapping of molecular markers linked to rust resistance genes located on chromosome 1RS of rye using wheat-rye translocation lines[J]. Theoretical and Applied Genetics,2002,104(8):1317-1324.
- [27] DAS B K, SAINI A, BHAGWAT S G, et al. Development of SCAR markers for identification of stem rust resistance gene *Sr31* in the homozygous or heterozygous condition in bread wheat[J]. Plant Breeding,2006,125(6):544-549.
- [28] ROELFS A P, SINGH R P, SAARI E E, et al. Rust diseases of wheat: concepts and methods of disease management [M]. Cimmyt,1992.
- [29] PETERSON R F, CAMPBELL A B, HANNAH A E. A diagrammatic scale for estimating rust intensity on leaves and stems of cereals[J]. Canadian Journal of Research, 1948,26(5):496-500.
- [30] 余利,何方,陈桂玲,等. 利用 1RS 特异标记和染色体原位杂交技术鉴定小麦 1BL•1RS 易位系[J]. 作物学报,2011, 37(3):563-569.
- [31] LI Y Y, TANG J Q, LIU W L, et al. The genetic architecture of grain yield in spring wheat based on genome-wide association study[J]. Frontiers in Genetics,2021,12:728472.
- [32] 李禹尧. 东北春小麦主要农艺性状全基因组关联分析及候选基因挖掘[D]. 大庆:黑龙江八一农垦大学,2022.
- [33] XU X F, YUAN D P, LI D D, et al. Identification of stem rust resistance genes in wheat cultivars in China using molecular markers[J]. PeerJ,2018,6:e4882.
- [34] PLOTNIKOVA L, POZHERUKOVA V, KNAUB V, et al. What was the reason for the durable effect of *Sr31* against wheat stem rust? [J]. Agriculture,2022,12(12):2116.
- [35] JIN Y, SINGH R P. Resistance in U. S. wheat to recent eastern African isolates of *Puccinia graminis* f. sp. *tritici* with virulence to resistance gene *Sr31* [J]. Plant Disease, 2006,90(4):476-480.
- [36] PRETORIUS Z A, JIN Y, BENDER C M, et al. Seedling resistance to stem rust race Ug99 and marker analysis for *Sr2*, *Sr24* and *Sr31* in South African wheat cultivars and lines[J]. Euphytica,2012,186(1):15-23.
- [37] PURNHAUSER L, BÓNA L, LÁNG L. Identification of *Sr31* and *Sr36* stem rust resistance genes in wheat cultivars registered in Hungary[J]. Cereal Research Communications, 2011,39(1):53-66.
- [38] 陈万权,王剑雄. 76 个小麦种质资源抗叶锈及秆锈基因初步分析[J]. 作物学报,1997,23(6):655-663.
- [39] 陈万权,秦庆明,王奎荣,等. 江苏省重要小麦品种抗叶锈病和秆锈病基因初步分析[J]. 植物保护学报,1997,24 (3):225-234.
- [40] 李丹丹,高越,徐晓凤,等. 黑龙江省 83 份小麦品种抗秆锈病基因的分子检测[J]. 植物病理学报,2019,49(2): 235-245.
- [41] VILLAREAL R L, RAJARAM S, MUJEEB-KAZI A, et al. The effect of chromosome 1B/1R translocation on the yield

potential of certain spring wheats (*Triticum aestivum* L.)[J]. Plant Breeding,1991,106(1):77-81.

[42] 李婷,李双,周小玲,等. 1BL/1RS 易位小麦面筋蛋白的分离重组及其面条品质研究[J]. 粮油食品科技,2021,29(5):71-77.

[43] 吕婷婷,张珍悦,姚晓妮,等. 小麦-黑麦 1RS-1BS/1BL 小片段易位系抗赤霉病鉴定及分子细胞遗传学分析[J]. 农业生物技术学报,2020,28(7):1193-1202.

[44] 宫文萍,韩冉,任天恒,等. 1293 份小麦品种(系)1RS/1BL 易位和抗条锈病基因 *Yr41* 的分子检测[J]. 山东农业科学,2020,52(8):1-6.

[45] REN T H, YANG Z J, YAN B J, et al. Development and characterization of a new 1BL. 1RS translocation line with resistance to stripe rust and powdery mildew of wheat[J]. Euphytica,2009,169(2):207-213.

[46] VILLAREAL R L, del TORO E, MUJEEB-KAZI A, et al. The 1BL/1RS chromosome translocation effect on yield characteristics in a *Triticum aestivum* L. cross[J]. Plant Breeding,1995,114(6):497-500.

[47] LUKASZEWSKI A J. Manipulation of the 1RS, 1BL translocation in wheat by induced homoeologous recombination[J]. Crop Science,2000,40(1):216-225.

[48] DHALIWAL A S, MARES D J, MARSHALL D R. Measurement of dough surface stickiness associated with the 1B/1R chromosome translocation in bread wheats[J]. Journal of Cereal Science,1990,12(2):165-175.

[49] SHEWRY P R, HALFORD N G, LAFIANDRA D. Genetics of wheat gluten proteins[J]. Advances in Genetics,2003,49:111-184.

Molecular Detection and Resistance Analysis of the Stem Rust Resistance Gene *Sr31* in Northeast Spring Wheat

TANG Jingquan¹, LIU Wenlin¹, SUN Yan¹, YANG Shuping¹, LI Yuyao², SUN Dan¹, WANG Xiangyu¹, ZHANG Hongji¹

(1. Crop Resource Institute, Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin 150086, China; 2. Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin 150086, China)

Abstract: In order to identify the presence of the resistance gene *Sr31* in wheat materials the linked molecular markers SCSS30.2 and iag95 were used and to further determine the existence of the 1BL/1RS translocation in these materials. Using the PCR method, target fragments of 576 bp and 1100 bp were successfully amplified from positive control materials with SCSS30.2 and iag95, respectively. Among the 300 tested wheat materials, 10 varieties were detected with either the iag95 or SCSS30.2 molecular markers, with eight varieties carrying both markers. Using the ω -sec marker, we identified 9.67%, of materials possessing the 1BL/1RS translocation. Notably, all 8 materials identified as possibly containing the *Sr31* gene were found to carry the 1BL/1RS translocation. Field disease resistance evaluations further revealed that, of the nine materials detected with the SCSS30.2 marker, all except Heichun 1 demonstrated strong field resistance. In contrast, the Nonglin 45, detected only with the iag95 marker, displayed susceptibility to both 21C3CTHQM and 34MKGQM pathotypes. In conclusion, this research successfully identified wheat materials carrying the *Sr31* gene and the 1BL/1RS translocation, offering valuable molecular tools and germplasm resources for wheat resistance breeding.

Keywords: wheat; *Sr31* gene; molecular markers; 1BL/1RS translocation; field disease resistance

著作权使用说明

本刊已许可中国知网、维普网、万方数据、博看网、长江文库、超星等知识服务平台以数字化方式复制、汇编、发行、信息网络传播本刊全文。本刊支付的稿酬已包含著作权使用费,所有署名作者向本刊提交文章发表之行为视为同意上述声明。

黑龙江农业科学编辑部