

西科麦 2028 抗条锈性的遗传分析

李邦发

(西南科技大学, 四川绵阳 621010)

摘要:西科麦 2028 是地理远缘小麦材料的杂交后代, 具有突出的抗条锈病性能。为了解西科麦 2028 对小麦条锈病的抗性遗传规律, 以西科麦 2028 和铭贤 169 的杂交群体为研究对象, 采用我国目前小麦条锈菌流行小种 CYR31、CYR32、CYR33、Su11-4 对供试群体进行成株期接种, 分析杂交后代的抗病性及分布情况。结果表明: 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。

关键词:小麦; 西科麦 2028; 抗条锈性; 遗传分析

Inheritance of Resistance to Stripe Rust in Wheat Line Xikemai2028

LI Bang-fa

(Southwest University of Science and Technology, Mianyang Sichuan 621010)

Abstract: Xikemai2028 is a cross between geographically distant wheat materials, with outstanding resistance to stripe rust performance. The inheritance of the stripe rust resistant gene in Xikemai2028 is very important for revealing the resistant mechanism and development of durable resistant cultivars. The populations of Xikemai2028 crossed with susceptible cultivar Mingxian169 was used as materials, and was tested with prevalent stripe rust races CYR31, CYR32, CYR33, Su11-4 at the adult plant stage. The results confirmed that Xikemai2028 had high resistance to all those races. In Xikemai2028/Mingxian169 F_2 , F_3 , BC_1F_1 , and BC_1F_2 population of stripe rust resistance research. The resistance of Xikemai2028 to the race CYR31 was controlled by three dominant gene, and to the race CYR32 by two dominant gene and by one recessive gene. The resistance of Xikemai2028 to the race CYR33 was controlled by one dominant gene, and to the race Su11-4 by one dominant gene and by one recessive gene.

Key words: wheat; Xikemai2028; wheat stripe rust resistance; genetic analysis

小麦条锈病是由小麦条锈菌 (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) 引起的小麦叶部病害, 是全世界范围内小麦上最重要的病害^[1-2]。在我国, 西北冬春麦区、西南冬麦区、黄淮海华北、淮北等地冬麦区都是小麦条锈病的重发区。2002 年, CYR32 小麦条锈菌生理小种在我国暴发流行, 使小麦产量损失 1.3 亿多吨, 有的省份甚至有 10% ~ 20% 以上的小麦面积大部分或颗粒无收^[3-4]。国内外研究和生产实践证明, 选育和推广抗病小麦品种, 是预防小麦条锈病最有效和对环境安全的措施^[3,5]。由于条锈菌生理小

种具有高度的变异性, 长者 10 年, 短则 3 ~ 5 年, 优势生理小种就会使抗病品种被新的毒性小种所克服, 进而导致病害流行。目前, 在北方, 小麦条锈菌生理小种 CYR32、CYR33 和 Su11-4 等已经渐成流行优势小种^[6-7]; 在四川, 除了小麦条锈菌优势生理小种 CYR32、CYR33 和 SU11-4 等外, 毒性更强的 V26 已经成为优势小种^[8], 四川乃至全国的小麦品种和小麦生产将面临严重威胁。积极寻找研究分析小麦条锈病新抗源, 选育小麦新品种, 成为小麦科研工作者最紧迫的任务。

收稿日期: 2014-11-19 修回日期: 2014-12-31 网络出版日期: 2015-08-04

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20150804.1058.008.html>

基金项目: 四川省小麦育种攻关 (SC-YZGG-0015); 四川省教育厅重点项目 (12ZD-1103)

第一作者主要从事小麦遗传育种与栽培研究。E-mail: 1434909198@qq.com

小麦新品系西科麦 2028 是用绵阳 94-317/以色列 I43//以色列 I43 人工授粉杂交选育而成,穗大粒多粒重,结实小穗 19~23 个,单穗结实粒数 45~60 粒,千粒重常年稳定在 60 g 以上,子粒均匀饱满,白粒,角质度 90% 左右,无芒。经多年田间和四川省植保所接种鉴定,对条锈病免疫及近免疫,对白粉病也表现高抗。前人对来源于不同抗源的一些品种(系)进行了抗条锈性的遗传分析,马东方等^[9]对小偃 6 号成株期的高温抗条锈性进行了遗传分析;姚强等^[10]对小偃 9323 在常温下的抗条锈性进行了遗传分析;张宏等^[11]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;李强等^[12]对来源于簇毛麦抗性种质 V26 的贵农 22 的抗条锈基因进行了遗传分析及分子标记;张颢等^[13]对源于硬粒小麦-节节麦人工合成种的小麦新品种川麦 38 抗条锈性及遗传进行了报道。西科麦 2028 是地理和生态远缘小麦杂交后代,其突出的抗病性及高光合性和子粒性状,均是小麦育种的优良种质资源,本研究对西科麦 2028 抗条锈病进行遗传分析,为小麦育种寻找新的抗源和利用提供一些参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试材料为小麦抗病材料西科麦 2028 和感病品种铭贤 169。通过西科麦 2028/铭贤 169 杂交、自交、回交,获得试验所需的足够的 F_2 、 F_3 、 BC_1F_1 、 BC_1F_2 种子。供试的小麦条锈菌生理小种条中 31 (CYR31)、条中 32 (CYR32)、条中 33 (CYR33) 及水源菌系 11-4 (Su11-4) 由四川省农科院植保所从甘肃农科院植保所获得,隔离扩大繁殖后存于干燥器中备用。

1.2 试验方法

2013 年,将西科麦 2028、铭贤 169 以及其杂交获得的 F_2 、 F_3 和回交后代 BC_1F_1 、 BC_1F_2 种植于西南科技大学小麦试验基地。为便于操作和田间调查,播种行行长 1 m,行距 30 cm,每行播种 22 粒,粒距 10 cm,单粒三角形方式播种。将每一接种生理小种的亲本以及 F_2 、 F_3 、 BC_1F_1 、 BC_1F_2 播种在相连位置, P_1 、 P_2 各种 2 行, F_2 种植 30 行, F_3 种植 50 个株系, 1 个株系种植 4 行, BC_1F_1 种植 30 行, BC_1F_2 种植 30 个株系, 1 个株系种植 4 行。在试验材料四周平行种植铭贤 169 作诱发行。孕穗期进行接种,接种前以清水用喷雾器将小麦叶片喷雾 1 次,再将供试菌系

与滑石粉按 1:50 的比例混合均匀,用棉签蘸取涂抹接种,大约 20 d 左右,待到诱发材料充分发病后进行调查统计。

1.3 调查统计方法

在感病品种铭贤 169 充分发病后,采用全国统一的 0、0;、1、2、3、4 等 6 级标准,并参照《四川省小麦抗条锈病性田间鉴定技术规范》进行调查统计。以 0、0;、1、2 级为抗病,3、4 级为感病。

1.4 数据分析

采用 SPSS 统计分析软件进行数据分析。统计亲本以及杂交后代 F_2 、 F_3 和 BC_1F_1 、 BC_1F_2 各世代单株及株系(家系)的抗病、分离、感病株数量,计算各自的分离比例,并用 χ^2 法 ($P \leq 0.05$) 进行适合度测验,确定最适合分离比率。

2 结果与分析

2.1 西科麦 2028 对 CYR31 的抗性遗传分析

接种条中 31 号生理小种后,亲本西科麦 2028 调查 40 个单株,全部表现免疫,铭贤 169 调查 38 株,全部 3 级感病。 F_2 调查 193 株,免疫到中抗的抗病株数为 190 株,感病植株 3 株,经卡方检验符合 63R:1S 的遗传分离比例 ($\chi^2 = 0.08 < \chi_{0.05,1}^2 = 3.84$)。因此,西科麦 2028 对 CYR31 的抗病性由 3 对显性基因独立控制。在西科麦 2028 与铭贤 169 杂交后的回交 1 代 BC_1F_1 中,接种 CYR31 后,调查 78 株,抗病株 69 株,感病株 9 株,经卡方检验符合 7R:1S 的遗传分离比例 ($\chi^2 = 0.18 < \chi_{0.05,1}^2 = 3.84$)。进一步说明西科麦 2028 对 CYR31 的抗病性完全由 3 对显性基因独立控制(表 1)。

2.2 西科麦 2028 对 CYR32 的抗性遗传分析

接种条中 32 号生理小种后,亲本西科麦 2028 调查 38 个单株,29 株表现免疫,9 株表现近免疫。铭贤 169 调查 37 株,3 级感病 23 株,4 级感病 14 株。 F_2 调查 251 株,免疫到中抗的抗病株数为 240 株,中感到高感病植株 11 株,经卡方测验符合 61R:3S 的遗传分离比例 ($\chi^2 = 3.72 < \chi_{0.05,1}^2 = 3.84$)。因此说明西科麦 2028 对 CYR32 的抗病性由 2 对显性基因和 1 对隐性基因控制。在西科麦 2028 与铭贤 169 杂交后的回交 2 代 BC_1F_2 中,接种 CYR32 后,调查 124 株,抗病株 36 株,感病株 88 株,经卡方检验符合 1R:3S 的遗传分离比例 ($\chi^2 = 0.87 < \chi_{0.05,1}^2 = 3.84$),表明该家系抗性由 1 对隐性基因控制,进一步证明西科麦 2028 对 CYR32 的抗病性由 2 对显性基因和 1 对隐性基因独立控制(表 2)。

表 1 西科麦 2028 对 CYR31 的抗性遗传分析

Table 1 Inheritance analysis of xikemai2028 to the stripe rust CYR31

亲本和组合 Parents or Combination	世代 Generation	反应型及调查株数 Infection type and observed number of plants or lines						抗(分离)感比例 Ratio of resistant (segregating) susceptible	理论比例 Expected ratio	卡方值 χ^2 value
		0	0;	1	2	3	4			
		西科麦 2028 Xikemai2028	P ₁	40	0	0	0			
铭贤 169 Mingxian169	P ₂	0	0	0	0	38	0			
西科麦 2028 × 铭贤 169	F ₂	98	50	29	13	3	0	190:3	63R:1S	0.08
Xikemai2028 × Mingxian169	BC ₁ F ₁	35	22	15	6	4	5	78:9	7R:1S	0.18

表 2 西科麦 2028 对 CYR32 的抗性遗传分析

Table 2 Inheritance analysis of xikemai2028 to the stripe rust CYR32

亲本和组合 Parents or Combination	世代 Generation	反应型及调查株数 Infection type and observed number of plants or lines						抗(分离)感比例 Ratio of resistant (segregating) susceptible	理论比例 Expected ratio	卡方值 χ^2 value
		0	0;	1	2	3	4			
		西科麦 2028 Xikemai2028	P ₁	29	9	0	0			
铭贤 169 Mingxian169	P ₂	0	0	0	0	23	14			
西科麦 2028 × 铭贤 169	F ₂	118	43	24	55	3	8	240:11	61R:3S	3.72
Xikemai2028 × Mingxian169	BC ₁ F ₂	14	13	9	0	45	43	36:88	1R:3S	0.87

2.3 西科 2028 对 CYR33 的抗性遗传分析

接种条中 33 号生理小种后,亲本西科麦 2028 调查 35 个单株,20 株表现免疫,15 株表现近免疫。铭贤 169 调查 34 株,全部 4 级感病。F₂ 接种 CYR33 后,调查 236 株,免疫到中抗的抗病株数为 179 株,中感到高感病植株 57 株,经卡方测验符合 3R:1S 的遗传分离比例($\chi^2 = 0.05 < \chi_{0.05,1}^2 = 3.84$)。因此说明西科麦 2028 对 CYR33 的抗病性由 1 对显性基因控制。在西科麦 2028 与铭贤 169

杂交后代回交 1 代 BC₁F₁ 中,接种 CYR33 后,调查 61 株,抗病植株 33 株,感病植株 28 株,经卡方检验符合 1R:1S 的遗传分离比例($\chi^2 = 0.26 < \chi_{0.05,1}^2 = 3.84$) (表 3)。用 CYR33 接种了 F₃ 43 个株系,完全抗病的株系 12 个,感病和抗病分离的株系 20 个,纯感病的株系 11 个,基本符合 1R:2RS:1S 的遗传分离比例($\chi^2 = 0.5 < \chi_{0.05,2}^2 = 5.99$)。由此进一步证明,西科麦 2028 对 CYR33 的抗病性由 1 对显性基因独立控制。

表 3 西科麦 2028 对 CYR33 的抗性遗传分析

Table 3 Inheritance analysis of xikemai2028 to the stripe rust CYR33

亲本和组合 Parents or Combination	世代 Generation	反应型及调查株数 Infection type and observed number of plants or lines						抗(分离)感比例 Ratio of resistant (segregating) susceptible	理论比例 Expected ratio	卡方值 χ^2 value
		0	0;	1	2	3	4			
		西科麦 2028 Xikemai2028	P ₁	20	15	0	0			
铭贤 169 Mingxian169	P ₂	0	0	0	0	0	34			
西科麦 2028 × 铭贤 169	F ₂	79	45	31	24	31	26	190:57	3R:1S	0.05
Xikemai2028 × Mingxian169	BC ₁ F ₁	17	16	0	0	15	13	33:28	1R:1S	0.26
	F ₃							12:20:11	1R:2RS:1S	0.5

F₃ 为株系数 F₃ is the number of lines

2.4 西科 2028 对 Su11-4 的抗性遗传分析

当接种 Su11-4 生理小种后,亲本西科麦 2028 调查 36 个单株,29 株表现免疫,7 株表现近免疫。

铭贤 169 调查 37 株,全都 4 级感病。F₂ 调查 250 株,免疫到中抗的抗病株数为 207 株,中感到高感的病株 43 株,经卡方测验符合 13R:3S 的遗传分离比

例($\chi^2 = 0.38 < \chi_{0.05,1}^2 = 3.84$)。因此说明西科麦 2028 对 Su11-4 的抗病性由 1 对显性基因和 1 对隐性基因重叠或独立控制。在西科麦 2028 与铭贤 169 杂交后的回交 2 代 BC₁F₂ 分离群体中,接种水源 11-4 生理小种后,筛选出 1 个由 1 对隐性基因控制的群体,鉴定调查的总株数为 286 株,其中有抗病株 78 株,感病株 208 株,经卡方检验符合 1R:3S 的遗传分离比例($\chi^2 = 0.67 < P\chi_{0.05,1}^2 = 3.84$)。因此说明,西科麦 2028 对 Su11-4 的抗病性由 1 对显性基因和 1 对隐性基因重叠或独立控制(表 4)。接种 F₃

株系,调查 3 个抗病单株较多的株系,抗病单株分别是 55 株、58 株、74 株,感病单株分别是 19 株、21 株、25 株,都符合 3R:1S 的遗传分离比例,表明这些株系具有 1 对显性杂合抗病基因。调查 2 个感病单株较多的株系,其抗病单株分别为 16 株和 24 株,感病植株分别为 45 株和 69 株,符合 1R:3S 的遗传分离比例,表明这些株系亲本基因型含有 1 对隐性抗病基因。由此进一步证明,西科麦 2028 对 Su11-4 生理小种的抗病基因由 1 对显性基因和 1 对隐性基因控制。

表 4 西科麦 2028 对 Su11-4 的抗性遗传分析

Table 4 Inheritance analysis of xikemai2028 to the stripe rust Su11-4

亲本和组合 Parents or Combination	世代 Generation	反应型及调查株数 Infection type and observed number of plants or lines						抗(分离)感比例 Ratio of resistant (segregating) susceptible	理论比例 Expected ratio	卡方值 χ^2 value
		0	0;	1	2	3	4			
		西科麦 2028 Xikemai2028	P ₁	29	7	0	0			
铭贤 169 Mingxian169	P ₂	0	0	0	0	0	37			
西科麦 2028 × 铭贤 169	F ₂	56	75	51	25	19	24	207:43	13R:3S	0.38
Xikemai2028 × Mingxian169	BC ₁ F ₂	36	24	18	0	79	129	78:208	1R:3S	0.67
	F ₃₋₁							187:65	3R:1S	1.25
	F ₃₋₂							40:114	1R:3S	0.97

F₃₋₁:3 个分离抗病植株较多的株系;F₃₋₂:2 个分离感病植株较多的株系

F₃₋₁:3 separation plant more lines, F₃₋₂:2 separation of susceptible plants more lines

3 讨论

本研究结果表明,小麦抗源材料西科麦 2028 对小麦条锈菌 CYR31 的抗病性由 3 对显性基因独立控制;对小麦条锈菌 CYR2 的抗病性由 2 对显性基因和 1 对隐性基因重叠或独立控制;对小麦条锈菌 CYR33 的抗病性由 1 对显性基因独立控制;对小麦条锈菌 Su11-4 的抗病性由 1 对显性基因和 1 对隐性基因重叠或独立控制。因对多数小麦条锈菌表现为显性基因控制,在人工杂交育种选择方面,便于识别和单株选择,利用效率较高。西科麦 2028 为自育中心亲本和地理生态远缘材料以色列 I43 的杂交后代,自育成以来,连续多年抗病鉴定,无论是田间自然鉴定,还是接种鉴定,都表现免疫或近免疫。其农艺性状优良,子粒性状尤其突出,是抗病育种和高光效育种的优异种质资源。对西科麦 2028 的抗病性、生理生化指标、光合作用和遗传特性进行分析研究,发掘其内在的利用价值具有非常重要的意义。

2006—2010 年李强等^[14]连续 5 年对陕西小麦条锈病生理小种的动态变化进行了调查分析,5 年

均出现了致病类型的生理小种条中 31 号、32 号、33 号、Su11-4、Su11-5、Su11-11 等,而条中 33 号和 32 号分布范围广,出现频率高,致病性强,成为陕西省优势流行小种。贾秋珍等^[15]2004-2009 年对甘肃省不同麦区的 1996 份小麦条锈菌标样进行系统研究分析,共监测到 37 个小种和致病类型。条中 33 号 2006-2009 年均居首位,条中 32 号 2006-2008 年居第 2 位,为甘肃省优势流行小种。陕西省近 5 年小麦条锈菌优势流行小种与主要小种(类型)组成与甘肃省基本相同。左希等^[16]对 2009 年贵州省 78 份小麦条锈菌标样鉴定结果表明,出现频率居前三位的小种依次为条中 32 号、条中 31 号和条中 33 号。李明菊等^[17]对 2008 年云南省小麦条锈菌生理小种监测结果表明,条中 32 号居首位,其次为条中 33 号,而且 Su11-4、Hy-8 和 Su11-11 呈上升趋势。张培禹等^[18]研究,四川省 20 世纪 90 年代开始,条中 31、条中 32、条中 33 生理小种逐渐上升。目前, CYR33 已上升为第 1 优势小种, CYR32 为第 2 流行小种;而 SU11-4 和 SU11-7 出现的频率也逐渐上升。综合上述调查研究和分析,说明条中 33 号、条

中 32 号以及部分水源系已经成为目前我国小麦条锈菌优势流行小种, 在小麦育种和生产上需要特别重视。任勇等^[8]对四川省 134 份品种(系)最新研究认为, 在四川条锈菌新致病类型 V26 对四川小麦品种(系)的毒性已经超过当前的优势小种 CYR32 和 CYR33, 感染小麦品种的频率更高, 对来源于簇毛麦为抗源的 92R 系、贵农系衍生的小麦品种也开始感染。V26 的出现和上升, 四川乃至全国的小麦品种将面临更大的感病风险和成灾损失。因此, 进一步拓宽小麦条锈病抗源, 提高小麦品种抗病基因的多样性; 加强科研单位之间的合作, 互相交换亲本材料和抗源材料, 提高小麦育成品种对多种生理小种的抗病能力和持久性, 降低灾害损失, 以确保我国的粮食安全。

通过对抗条锈病基因的遗传分析, 并对其进行分子标记, 染色体定位, 直至基因克隆都是分子辅助育种的重要过程。张颀等^[19]对川麦 42 进行了抗条锈基因的遗传分析, 表明其可以作为高产、抗条锈的基因资源。G. Q. Li 等^[20]对川麦 42 进行了基因定位, 得到了与抗病基因紧密连锁的标记。李强等^[12]对小麦品种贵农 22 进行了条锈基因的遗传分析和分子标记, 确定抗 Su11-11 生理小种的抗条锈基因 *YrGn 22*, 并定位在 1BL 染色体上, 认为可能是一个不同于已知抗条锈病基因的可利用的新基因。前人研究证明, 对不同抗源的种质资源进行遗传分析和分子标记及基因定位, 对培育抗病小麦品种具有重要意义。西科麦 2028 自从稳定成系以来, 表现出持久的优良抗病性, 且农艺性状优良容易利用, 是培育丰产抗病小麦品种的优良种质资源。西科 2028 的亲本是绵阳 94-317 和以色列 I43, 由于绵阳 94-317 是繁六的衍生种, 抗病性已经丧失, 所以抗病基因可能来源于地理远缘材料以色列 I43 或基因重组, 有待进一步研究分析。从西科麦 2028 的血缘关系来看, 拓展小麦新抗源, 不仅要重视小麦近缘种属抗性

基因的发掘, 而且地方品种和地理生态远缘材料之间的杂交研究也非常值得重视。

参考文献

- [1] 李振岐, 曾士迈. 中国小麦锈病[M]. 北京: 中国农业出版社, 2002; 41-50, 164-173
- [2] 杨作民, 解超杰, 孙其信. 后条中 32 时期我国小麦条锈抗源之现状[J]. 作物学报, 2003, 29(2): 161-168
- [3] 吴立人, 牛永春. 我国小麦条锈病持续控制的策略[J]. 中国农业科学, 2000, 33(5): 46-54
- [4] 万安民, 赵中华, 吴立人. 2002 年我国小麦条锈病发生回顾[J]. 植物保护, 2003, 29(2): 5-8
- [5] Johnson R. The concept of durable resistance [J]. Phytopath, 1979, 69: 198-199
- [6] 韩德俊, 王琪琳, 张立, 等. “西北-华北-长江中下游”条锈病流行区系当前小麦品种(系)抗条锈病性评价[J]. 中国农业科学, 2010, 43(14): 2889-2896
- [7] 刘天国, 王保通, 贾秋珍, 等. 2010-2011 年度工国小麦条锈病菌生理专化研究[J]. 麦类作物学报, 2012, 32(3): 574-578
- [8] 任勇, 李生荣, 周强, 等. 134 份四川小麦品种(系)的条锈病抗性评价[J]. 麦类作物学报, 2014, 34(6): 847-853
- [9] 马东方, 周新力, 井金学, 等. 小偃 6 号成株期高温抗条锈性遗传分析[J]. 植物保护学报, 2013, 40(1): 33-37
- [10] 姚强, 张贵, 贺苗苗, 等. 小偃 9323 的抗条锈性遗传分析[J]. 麦类作物学报, 2010, 30(1): 43-45
- [11] 张宏, 任志龙, 胡银岗, 等. 陕麦 139 抗条锈病基因遗传分析[J]. 作物学报, 2010, 36(1): 109-114
- [12] 李强, 贺苗苗, 董海丽, 等. 小麦品种贵农 22 抗条锈基因的遗传分析及分子标记[J]. 植物病理学报, 2011, 41(5): 495-501
- [13] 张颀, 杨武云, 彭云良, 等. 源于硬粒小麦-节节麦人工合成种的小麦品种川麦 38 抗条锈性及遗传分析[J]. 西南农业学报, 2006, 19(1): 14-18
- [14] 李强, 李高宝, 王保通, 等. 2006-2010 年陕西省小麦条锈菌生理小种变化动态[J]. 植物保护, 2012, 38(4): 133-136
- [15] 贾秋珍, 金社林, 曹世勤, 等. 2004-2009 年甘肃省小麦条锈菌生理专化研究[J]. 中国农学通报, 2011, 27(9): 85-90
- [16] 左希, 蒋选利, 李星星, 等. 2009 年贵州省小麦条锈菌生理小种的鉴定[J]. 贵州农业科学, 2011, 39(3): 91-93
- [17] 李明菊, 顾中量, 郭方, 等. 2008 年云南省小麦条锈菌生理小种变异监测[J]. 西南农业学报, 2009, 22(1): 81-86
- [18] 张培禹, 曾庆东, 王琪琳, 等. 四川盆地小麦品种(系)抗条锈性的鉴定与评价[J]. 麦类作物学报, 2012, 32(4): 779-783
- [19] 张颀, 杨武云, 彭云良, 等. 小麦新品种川麦 42 抗条锈性遗传分析[J]. 植物保护学报, 2006, 33(3): 287-290
- [20] Li G Q, Li Z F, Yang W Y, et al. Molecular mapping of stripe rust resistance gene *YrCH 42* in chinese wheat cultivar chuanmai42 and its allelism with *Yr24* and *Yr26* [J]. Theore Appl Genet, 2006, 112(14): 1434-1440