植物病理学报
ACTA PHYTOPATHOLOGICA SINICA 45(1): 41-47(2015)

doi:10.13926/j.cnki.apps.2015.01.006

小麦抗条锈病基因 *Yr26* 毒性小种的发现及其对我国小麦主栽品种苗期致病性分析

刘太国[1], 章振羽[2], 刘 博[1], 高 利[1], 彭云良[2*], 陈万权[1*]

([1]植物病虫害生物学国家重点实验室/中国农业科学院植物保护研究所,北京 100193; [2]四川省农业科学院植物保护研究所,成都 610066)

摘要:本文报道了从四川省郫县采集的对我国小麦条锈病菌鉴别寄主贵农 22 具有毒性的新致病类型,其重要特点为对 *Yr10* 和 *Yr26*(=*Yr24*)2 个重要抗条锈病主效基因具有毒性,按我国小麦条锈病鉴别体系将其划归为 G22 类群;同时明确了其在国际及欧洲鉴别寄主上的反应,将其命名为 82E8,毒性公式(无毒性基因/毒性基因)为 *1*、*3*、*4*、*5*、*11*、*15*、*17*、*18*、*25*、*27*、*28*、*31*、*32*、*Sd*、*Sk*、*Sp*/*2*、*6*、*7*、*8*、*9*、*10*、*24*、*26*、*29*、*30*、*Su*;根据条中 33 号小种的致病特点将其命名为 43E190,毒性公式为 *5*、*10*、*15*、*24*、*26*、*27*、*Sk*、*Sp*/*1*、*2*、*3*、*4*、*6*、*7*、*8*、*9*、*11*、*12*、*17*、*18*、*25*、*28*、*29*、*30*、*31*、*32*、*A*、*Su*,比较了两个致病类型对我国小麦主栽的 115 个小麦品种的致病性,提出了合理利用 *Yr10* 和 *Yr26* 的利用策略。

关键词:*Yr26*; 条锈病基因; 致病性; V26; G22 类群

Detection of virulence to *Yr26* and pathogenicity to Chinese commercial winter wheat cultivars at seedling stage

LIU Tai-guo[1], ZHANG Zhen-yu[2], LIU Bo[1], GAO Li[1], PENG Yun-liang[2], CHEN Wan-quan[1] ([1]State Key Laboratory for Biology of Plant Diseases and Insect Pests/Institute of Plant Protection, Beijing 100193, China; [2]Institute of Plant Protection, Sichuan Academy of Agricultural Sciences, Chengdu 610066, China)

Abstract: New virulences to Chinese stripe rust differentials cv. Guinong 22, collected from Pi County, Sichuan Province, China, were reported, whose important traits were virulent to *Yr10* and *Yr26* which were effective genes to Chinese stripe rust populations in China. The virulence spectrum to International and European differentials was tested. The new isolate CM42-3 was designated 82E8 with virulence formula (avirulence/virulence) *1*、*3*、*4*、*5*、*11*、*15*、*17*、*18*、*25*、*27*、*28*、*31*、*32*、*Sd*、*Sk*、*Sp*/*2*、*6*、*7*、*8*、*9*、*10*、*24*、*26*、*29*、*30*, *Su*. And *CY33* was named 43E190 by the international nomenclature of physiologic races with virulence formula *5*、*10*、*15*、*24*、*26*、*27*、*Sk*、*Sp*/*1*、*2*、*3*、*4*、*6*、*7*、*8*、*9*、*11*、*12*、*17*、*18*、*25*、*28*、*29*、*30*、*31*、*32*、*A*、*Su*. The pathogenicity to 115 bread wheat cultivars was carried out, indicating the potential threat of 82E8 to Chinese winter wheat varieties. In addition, the reasonable strategy of deployment of *Yr10* and *Yr26* was discussed.

Key words: *Yr26*; stripe rust resistant gene, pathogenicity; V26; pathotype G22

中图分类号: S432.44 **文献标识码**: A **文章编号**: 0412-0914(2015)01-0041-07

由条形柄锈菌小麦专化型 *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici* 引起的小麦条锈病一直是威胁我国西

收稿日期: 2014-01-08; **修回日期**: 2014-10-14

基金项目: 国家科技支撑计划(2012BAD19BA04);国家"973"计划(2011CB100403;2010CB951503;2013CB127704);国家自然科学基金(31371884);公益性行业(农业)科研专项(200903035);现代农业产业技术体系(CARS-03)

通讯作者: 陈万权,研究员,主要从事麦类真菌病害研究;E-mail:wqchen@ippcaas.cn
彭云良,研究员,主要从事粮食作物病害研究;E-mail:45066367@qq.com

第一作者: 刘太国,男,黑龙江明水人,副研究员,主要从事麦类真菌病害研究;E-mail:tgliu@ippcaas.cn。

北、西南、黄淮海等冬麦区和西北春麦区最重要的小麦真菌病害。小麦-条锈菌是符合基因-基因关系的典型病害互作系统,病菌产生的新毒性和新生理小种对小麦抗病育种工作带来新的严峻挑战。尽管可以利用栽培措施和药剂防治小麦条锈病,但合理利用抗病品种仍是最为经济、有效、安全的方式[1,2]。小种专化抗病性在品种育成初期可以有效地控制病害,但当新毒性和新生理小种出现、流行后即会"丧失"抗病性,如繁 6 及其姊妹系等品种抗病性"丧失"就是因为条中 30(CYR30)和条中 31(CYR31)新生理小种的出现[3]。相似的例子在欧美国家也并不少见。如在澳大利亚,对 *Yr17*、*Lr37*、*Sr38*、*Lr24* 基因等毒性菌株的出现造成了大规模品种更替[4]。在美国和加拿大,新毒性小种的发现与定名也与抗病基因的失效有关[5]。到目前为止,我国已发生 7 次小麦品种大面积"丧失"抗性而被替代[6~8]。研究表明,小麦条锈菌群体毒性的改变是造成历次小麦品种抗性丧失的根本原因,系统监测小麦条锈菌群体毒性是一项不可或缺的基础性研究工作,小麦条锈菌的生理专化研究可以给病害预测预报、抗病育种、品种合理利用、基因布局与调整、综合防治策略措施的制定与实施提供最为基本的信息,是持续治理小麦条锈病的关键环节。我国从 1957 年开始研究小麦条锈病菌的生理专化及毒性变异,在几次小麦品种大规模丧失抗性的准确预测上发挥了重要的作用。在 2009-2010 年度小麦条锈病菌的系统监测中首次发现对小麦抗条锈病基因 Yr26 具有毒性的菌株[9],初步明确该菌株毒性基因的种类。本文对其毒性特点及对我国小麦品种的致病性进行研究,以期为广大育种工作提供信息、为及时调整抗条锈病育种方向和育种策略提供参考。

1 材料与方法

1.1 病菌标样的采集、繁殖与保存

病菌采自四川省郫县种植川麦 42 的试验田。菌系的分离、接种、繁殖、保存、鉴定方法按照中华人民共和国农业行业标准(NY/T 1443.1-2007)《小麦抗病虫性评价技术规范:第 1 部分 小麦抗条锈病评价技术规范》中描述的方法。温室平均温度 14±3℃,光照时间 10~14 h · d^{-1}。

1.2 鉴定寄主、单基因系与小麦生产品种

中国小麦条锈病菌鉴别寄主采用 Trigo Eureka(*Yr6*)、Fulhard、保春 128、南大 2419、维尔(*Yrvir1*、*Yr-Vir2*)、阿勃、早洋、阿夫(*YrA*、+)、丹麦 1 号(Yr3)、尤皮Ⅱ号(*YrJu1*、*YrJu2*、*YrJu3*、*YrJu4*)、丰产 3 号(*Yr1*)、洛夫林 13(*Yr9*、+)、抗引 655(*Yr1*、*YrKy1*、*YrKy2*)、水源 11(*YrSu*)、中四、洛夫林 10(*Yr9*)、Hybrid 46(*Yr3b*、*Yr4b*)、*Triticum spelta album*(*Yr5*)、贵农 22 和铭贤 169 等 20 个品种(系);国际和欧洲鉴定寄主、单基因系按[10,11]和我国小麦主栽品种见表 1。

1.3 侵染型分级

侵染型按 0~9 级划分。其中,0~6 级为抗病,7~9 级为感病[12,13]。

2 结果与分析

2.1 小麦条锈菌新致病类型的毒性谱

将单基因系或已知基因载体品系成套种植于塑料盒中,进行所采集条锈菌的致病性,并设置条中 33 号(CYR33)作为对照小种。结果表明,获得的新致病类型(CM42-3 是菌株代号,并非确定的生理小种名称。)按照国际命名为 82E8,其毒性公式(无毒性基因/毒性基因)为 *1*、*3*、*4*、*5*、*11*、*15*、*17*、*18*、*25*、*27*、*28*、*31*、*32*、*Sd*、*Sk*、*Sp/2*、*6*、*7*、*8*、*9*、*10*、*24*、*26*、*29*、*30*、*Su*。而本文中条中 33 按照国际命名为 43E190 的毒性公式为 *5*、*10*、*15*、*24*、*26*、*27*、*Sk*、*Sp/1*、*2*、*3*、*4*、*6*、*7*、*8*、*9*、*11*、*12*、*17*、*18*、*25*、*28*、*29*、*30*、*31*、*32*、*A*、*Su*。

2.2 新致病类型对我国小麦生产品种苗期致病性测定

利用 CM42-3 菌株和 CYR33 对我国小麦主栽品种进行苗期抗病性鉴定,结果表明,对 CM42-3菌株表现高感的品种为 44 份,其中 21 份对 CY33 也表现高感,另有 12 个品种对 CYR33 表现抗病,如偃展 4110、扬麦 15、中梁 200192 表现中抗,而川麦 42 等其余 9 个品种表现高抗,说明新致病类型对生产品种抗条锈病丧失有潜在的危胁。对 CM42-3 菌株表现高抗的 55 个品种中对 CYR33 表现高抗的有京冬 8 号等 13 个,表现中感的为衡 7228、兰天 21 和花培 5 号,表现高感的品种 30 个。

Table 1　Infection types of Isolate CM42-3 and race CYR33 of *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici Pst* on near-isogenic lines and known *Yr* genes at the seedling stage

Entry	YR gene	Tester line	CM42-3	CY33
1	YR1	Chinese 166/6 * Avocet S	0	7
2	YR1	Chinese 166 (W1)	1	7
3	YR2	Kalyansona	6-7	6-7
4	YR2,6	Heines Kolben (W3)	2-3	5-6
5	YR2,6	Heines Peko (E3)	5-6	6-7
6	YR2,HVVII	Heines VII (E8)	2-4C	7
7	YR3,ND,+	Nord Deprez (E4)	4-5	7
8	YR3,V23,+	Vilmorin 23 (W4)	5	6-7
9	YR4,H46	Hybrid 46 (E1)	4-5	5
10	YR5	Triticum spelta/6 * Avocet S (W)	0	0
11	YR6	Oxley/6 * Avocet S	7	7
12	YR7	Lee/6 * Avocet S	7	7
13	YR7,25	Reichersberg 42 (E2)	4	6-7
14	YR7,22,23	Lee (W2)	7	7
15	YR8	Compair/6 * Avocet S	7	7
16	YR8,19	Compair (E5)	7	7
17	YR9	Clement/6 * Avocet S	7	7
18	YR9,12,cle	Clement (W)	1	6-7
19	YR10	Moro/6 * Avocet S	1-2	0
20	YR10,Mor	Moro (W5)	7	1
21	YR11	Joss Cambier/3 * Avocet S	4-5CN	7
22	YR12	Mega/3 * Avocet S	7	7
23	YR15	T.dicoccoides/6 * Avocet S	0-1	0
24	YR17	(Shortim/VMP)/6 * Avocet S	5-6	6-7
25	YR18	Jupateco R/6 * Avocet S	4-5	7
26	YR24	(Meering//K733/T.tauschii)/3 * Avocet S	6-7	1-2CN
27	YR26	Haynadia villosa/3 * Avocet S	6-7	1-2CN
28	YR27	YR27/6 * Avocet S	5-6	5-6
29	YR28	Avocet-YRA *	5-6	6-7
30	YR29	Pavon 76	7	7
31	YR30	Parula	6-7	7
32	YR31	Avocet-YRA *	4-5	7
33	YR32	YR32/6 * Avocet S	5-6	6-7
34	YRA	Avocet R	7	6-7
35	YRSK	Opata 85/3 * Avocet S	5-6	5-6

Continued Table 1

Entry	YR gene	Tester line	CM42-3	CY33
36	YRSP	Spaldings Prolific/6*Avocet S (E7)	1	0-1
37	YRSu	Suwon 92/Omar (W7)	6-7	7
38	YR32,CV	Carstens V (E6)	2-3CN	7
39	YR25,SD	Strubes Dickkopf (W6)	2-3CN	7
40		Avocet S	7	7
41	YR6	Trigo Eureka	5-6	4-5
42		Fulhard	7	7
43		Lutesens 128	4-5	7
44		Mentana	8	7
45	YRVil1,YRVil2	Virgilio	1	6-7
46		Abbondanza	6-7	6-7
47		Early premium	6-7	7
48	YRA,+	Funo	7	7
49	YR3	Danish 1	1-3	6-7
50	YRJu1, Ju2, Ju3, Ju4	Jubilejina II	7	7
51	YR1	Fengchan 3	6-7	7
52	YR9,+	Lovrin 13	1	7
53	YRKy1, Ky2	Kangyin 655	0-1	0-1
54	YRSu	Suwon 11	7	7
55		Zhong 4	2-4	0
56	YR9	Lovrin 10	0-1	6-7
57	YR3b, 4b, H46	Hybrid 46	1-2CN	4-5
58	YR5	*Triticum spelta* L. var. *album* Perc.	0-1	0-1
59		Guinong 22	6-7	1-2CN
60		Mingxian 169	7	7
61	YR26	YR26/6*AOC(SF09-338)	7	1-2CN
62	YR26	Yr26/6*Avoces S (SF08-367)	6-7	1
63		Lantian 17 (WF08-676)	6-7	NT
64		Lantian 18 (WF08-677)	1	NT
65		Nannong 04Y10 (WJ07-22)	7	NT
66		Nannong 05Y628 (WJ07-28)	7	NT
67		Nannong 06Y86	8	NT
68		Chuanmai 42(Chuan 99-1572)(WF08-640)	6-7	NT
69		Chuan 99-1572	8	NT

Note: NT=Not test.

Table 2　Evaluation of 115 commercial cultivars for resistance to isolate CM42-3 and race CY33 of *Pst* at the seedling stage

Entry	Cultivar	CM42-3	CY33	Entry	Cultivar	CM42-3	CY33
1	Zhengmai 9023	7	7	38	Zhengmai 98	0	NT
2	Yumai 18	0-1	7	39	Emai 14	5-7	7
3	Yannong 19	7	NT	40	Miannong 4	0-1	NT
4	Shi 4185	0-1	7	41	Heng95 Guan26	0-1	0
5	Jimai 19	7	NT	42	Lantian 10	0-1	NT
6	Yumai 34	7	7	43	Xinmai 11	0-1	0
7	Yumai 49	7	7	44	Yanzhan 4110	7	3-4
8	Han 6172	0-1	7	45	Zhoumai 16	0-1	7
9	Mianyang 26	7	7	46	Shannong 664	0-1	7
10	Wanmai 19	5-7	7	47	Wanmai 369	0	7
11	Han 4564	1	7	48	Gaoyou 9409	7	NT
12	Yangmai 158	7	NT	49	Zhengnong 16	7	NT
13	Jinmai 47	7	NT	50	Chuanmai 39	7	7
14	Zimai 12	3	3	51	Chuanmai 42	7	2
15	Chuanmai 107	7	NT	52	Yangmai 15	7	3
16	Mianyang 28	7	NT	53	Wanmai 48	2-3	2
17	Yumai 69	7	7	54	Xinmai 18	7	NT
18	Xiaoyan 22	2-4	7	55	Zhongyuan 98-68	7-8	7
19	Yangmai 11	8	7	56	GS Zhengmai 004	0-1	7
20	Jingdong 8	1	0	57	Zhoumai 17	0-1	NT
21	Lumai 23	7	7	58	GS Zhengmai 005	3-4	7
22	Yumai 47	0-1	7	59	Jimai 21	0-1	7
23	Huaimai 20	0-1	7	60	Taishan 22	1-3	NT
24	Jinan 17	4	2	61	Heng 5229	0-1	0
25	Weimai 8	1	NT	62	Changhan 58	7	0
26	Jimai 20	7	2	63	Yannong 21	7	7
27	Yumai 58	7	0	64	Chang 4640	1-2	7
28	Jinmai 54	7	NT	65	Chuannong 19	1-2	NT
29	8901-11	7	0	66	Yangmai 17	7	2
30	Jing 9428	7-8	7	67	Zhengmai 366	1	0
31	Yumai 41	7	0	68	Lianmai 2	0-1	7
32	Wanmai 38	5-6	4	69	Xinong 979	7	7
33	Yumai 54	3-5CN	7	70	Zhoumai 18	0-1	7
34	Lumai 1	0-1	7	71	Fanmai 5	0-1	7
35	Shaan 229	0-1	NT	72	Bainong AK58	0-1	0
36	Luohan 2	3-4	7	73	Wanmai 50	3	0
37	Gaoyou 503	7	7	74	Wanmai 53	3	4

Continued Table 2

Entry	Cultivar	CM42-3	CY33	Entry	Cultivar	CM42-3	CY33
75	Fumai 936	7	7	96	Zhongliang 25	2-3	7
76	Pumai 9	7	7	97	Zhongliang 26	7	7
77	Qinnong 142	0	NT	98	Zhongliang 200192	7	4
78	Yunong 949	7	NT	99	Zhongliang 99293	7	2
79	Xumai 29	0-1	0	100	Zhongliang 9589	0-1	2
80	Heng7228	0-1	3	101	A3-5	0	7
81	Hedong TX-006	0-1	7	102	Tian 9633-1	0-1	7
82	Yunhan 22-33	7	7	103	Chang 6878	2-4	7
83	Lantian 11	0-1	7	104	Lunxuan 987	0-1	7
84	Lantian 12	0-1	7	105	Xu 856	0-1	7
85	Lantian 14	0-1	7	106	Shijiazhuan 8	0	0
86	Lantian 15	4	2	107	Huapei 5	0-1	4
87	Lantian 17	7	1	108	Ping'an 6	0-2	7
88	Lantian 18	1	2	109	Xiangmai 986	0	NT
89	Lantian 19	4-5CN	7	110	Tongzhoumai 916	4	7
90	Lantian 20	0-1	7	111	Xinmai 19	7	7
91	Lantian 21	0-1	2-3	112	Zhengmai 9694	0-1	7
92	Lantian 22	0-1	2	113	Luomai 21	0-1	7
93	Lantian 23	0-1	2	114	04 Zhong 3604	0-1	0
94	Zhongliang 22	0-1	7	115	Taikong 6	7-8	7
95	Zhongliang 24	0-1	7				

Note: NT=Not test.

3 结论与讨论

作者于2010年首次报道对小麦条锈病抗病基因 *Yr26* 有毒性的菌株[9]。为确保毒性鉴定结果的准确性与可靠性,作者找到含有 *Yr26* 不同来源的品系、明确含有 92R137 的载体品系如南农 04Y10(系谱为 92R137/扬麦 158//扬麦 158)、南农 05-628(普通小麦-簇毛麦易位系 92R137/扬麦 158)、南农 06Y86(MV964091/宁麦 9 号)、兰天 17 号(92R137/兰天 6 号)、含有 *Yr26*(=*Yr24*)的川麦 42[14]及参加国家小麦品种区域试验抗病性鉴定的品系川 99-1572(审定名为川麦 42)进行毒性测定,结果表明,可对我国小麦条锈病鉴别寄主贵农 22 致病的新菌株 CM42-3 确证为对 *Yr10* 和 *Yr26* 具有联合毒性。在中国小麦条锈病菌生理专化研究中,按以往致病类型命名办法,将从川麦 42 分离的 CM42-3 菌株毒性类型划归为 G22 致病类群[15],(对贵农 22 鉴别寄主具有毒性的类群);而 G22-1 类型在中国小麦条锈菌鉴别寄主上的反应与 CM42-3 的相同,也曾称之为 V26,但不论其菌株代号或致病类型,其对 *Yr10* 和 *Yr26* 具有联合毒性的本质是未曾改变的。明确了其国际命名和毒性谱,同时以我国小麦条锈病流行小种 CY33 进行比对试验,也明确了其国际命名和毒性谱。

自该毒性报道以来,在生产中连年监测到具有同样毒性或其变异的菌株,是一个非常危险的信号,应该引起广大育种工作者的注意。本文详细地进行了菌株 CM42-3 致病类型的毒性谱测定,并研究了其对我国生产品种的潜在危胁。从结果上看,其对于某些小麦品种具有重大危胁,如兰天 17、川麦 42、济麦 20、豫麦 58、藁麦 8901-11、豫麦 41、偃展 4110、扬麦 15、扬麦 17、长旱 58、中梁 200192、中梁 99293 等,因为这些品种在当地生产中都占有一定面积,在品种推广应用时务必加强对条锈病发生

流行情况监测,提早预防、以免造成重大损失。

菌株 CM42-3 毒性中具有对 *Yr10* 和 *Yr26* 的联合毒性这一现实对我国小麦的安全生产具有重大危胁。目前这 2 个基因是我国有效的抗条锈病主效基因,在生产上被广泛利用,尤其在四川、甘肃、贵州等地的小麦抗条锈育种中应用最为广泛。因此,必需根据这一情况调整抗条锈病育种所用的有效基因,减少 Moro(*Yr10*)、簇毛麦 92R137(*Yr26*)等基因和抗源的使用频率,适当减少推广含有这些基因的品种,减少哺育品种,降低新毒性小种的出现频率,从而避免小麦品种大面积"丧失"抗性。

参考文献

[1] Wang C, Zhang Y P, Han D J. *et al*. SSR and STS markers for wheat stripe rust resistance gene *Yr26*[J]. Euphytica, 2008, 159:359-366.

[2] Wu L R, Wan A M. Strategies of sustainable control of wheat stripe rust in China(in Chinese)[J]. Scientia Agricultura Sinica(中国农业科学), 2000, 33(5): 46-54.

[3] Niu Y C, Wu L R. The breakdown of resistance to stripe rust in Fan 6-Mianyang wheat cultivars and strategies for its control (in Chinese)[J]. Acta Phytopathologica Sinica(植物病理学报), 1997, 27(1):5-8.

[4] Park R F. Breeding cereals for rust resistance in Australia[J]. Plant Pathology, 2008, 57(4):591-602.

[5] Chen X M. Epidemiology and control of stripe rust (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) on wheat[J]. Canadian Journal of Plant Pathology, 2005, 27(3): 314-337.

[6] Li Q, Xia T, Li J J, *et al*. Determination of pathogenic range of T4 new strains of *Puccinia strifformis* f.sp. *tritici* to 'Zhong 4'(in Chinese)[J]. Acta Phytopathologica Sinica(植物病理学报), 2011, 41(6): 604-610.

[7] Wan A M, Niu Y C, Wu L R, *et al*. Physiologic specification of stripe rust of wheat in China during 1991-1996(in Chinese)[J]. Acta Phytopathologica Sinica(植物病理学报), 1999, 29(1):15-21.

[8] Zeng S M, Zhang S Z. Epidemiology research for plant resistance breeding [M]. Beijing(北京): Science Press(科学出版社),1998.

[9] Liu T G, Peng Y L, Zhang, Z. Y. *et al*. First detection of virulence in *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in China to resistance genes *Yr24* (= *Yr26*) present in wheat cultivar Chuanmai 42[J]. Plant Disease, 2010, 94(9):1163.

[10] Wellings C R. *Puccinia striiformis* in Australia: a review of the incursion, evolution, and adaptation of stripe rust in the period 1979-2006[J]. Australian Journal of Agricultural Research, 2007, 58(6):567-575.

[11] Johnson R, Stubbs R W, Chamberl, N. H., *et al*. Nomenclature for physiologic races of *Puccinia striiformis* infecting wheat[J]. Transactions of the British Mycological Society, 1972, 58(6):475-480.

[12] Hovmøller M S, Henriksen K E. Application of pathogen surveys, disease nurseries and varietal resistance characteristics in an IPM approach for the control of wheat yellow rust[J]. European Journal of Plant Pathology, 2008, 121(3):377-385.

[13] Line R F, Qayoum, A. Virulence, aggressiveness, evolution and distribution of races of *Puccinia striiformis* (the cause of stripe rust of wheat) in North America, 1968-1987[R]. USDA Bulletin, 1992, 178-844.

[14] Li G Q, Li Z F, Yang W Y, *et al*. Molecular mapping of stripe rust resistance gene *YrCH42* in Chinese wheat cultivar Chuanmai 42 and its allelism with *Yr24* and *Yr26*[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2006, 112(8):1434-1440.

[15] Liu T. G, Wang B T, Jia Q Z, *et al*. Physiologic specialization of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in China during 2010-2011 (in Chinese)[J]. Journal of Triticeae Crops(麦类作物学报), 2012, 32(3):574-578.

责任编辑:曾晓葳