

黄淮麦区 34 个小麦主栽品种(系)抗条锈病基因推导

黄 亮^{1,2}, 刘太国^{1*}, 刘 博¹, 高 利¹, 罗培高^{1,2}, 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. 四川农业大学植物遗传育种省级重点实验室, 成都 611130)

摘要 为明确黄淮麦区小麦主栽品种抗条锈病基因组成, 选用来自国内外的 15 个条锈菌菌株和 21 个以 Avocet * S 为遗传背景的小麦抗条锈病近等基因系, 对我国黄淮麦区 34 个小麦主栽品种(系)进行苗期抗条锈病基因推导, 并结合系谱分析明确其抗条锈病基因携带情况。结果表明, Yr3、Yr4、Yr8、Yr9、Yr17、Yr26、Yr27、Yr30、YrA、YrSp、YrSk 分别以单基因或基因组合的形式存在于 19 个小麦品种中, Yr9 比例最高, 占 29.4%, ‘泰农 18’等 9 份品种仅含一个抗条锈病基因, ‘山农 483’等 10 份品种含多个已知或未知基因, 其余品种含有未知基因。该结果将为黄淮麦区小麦品种的合理布局提供依据。

关键词 小麦条锈病; 基因推导; 抗条锈病基因

中图分类号: S 435.121.42 **文献标识码:** A **DOI:** 10.16688/j.zwbh.2018070

Postulation of yellow rust resistance genes in 34 wheat cultivars from Huanghuai wheat growing region

HUANG Liang^{1,2}, LIU Taiguo¹, LIU Bo¹, GAO Li¹, LUO Peigao^{1,2}, CHEN Wanquan¹

(1. State Key Laboratory for Biology of Plant Diseases and Insect Pests, Institute of Plant Protection, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100193, China; 2. Provincial Key Laboratory of Plant Breeding and Genetics, Sichuan Agricultural University, Chengdu 611130, China)

Abstract To understand the composition of yellow rust resistance genes (Yr genes) of 34 wheat cultivars in Huanghuai wheat growing region in China, a total of 15 stripe rust isolates and 21 stripe rust near-isogenic lines, which were under the background of Avocet * S, were selected from domestic and abroad, for genetic analysis of 34 wheat cultivars from Huanghuai wheat planting region. Integrated with the data, such as pedigree of cultivars (lines) and infection type patterns, the distribution of Yr genes was postulated. The results showed that a total of 11 Yr genes or gene combinations of Yr3, Yr4, Yr8, Yr9, Yr17, Yr26, Yr27, Yr30, YrA, YrSp and YrSk were postulated to be present in 19 wheat cultivars, and Yr9 gene was the most frequent (29.4%). Nine cultivars such as ‘Tainong18’ contain single resistance gene, while 10 cultivars such as ‘Shannong483’ contain multiple resistance genes. The other cultivars carried unknown Yr genes. The results will provide information for the reasonable distribution of wheat cultivars in Huanghuai wheat region.

Key words wheat stripe rust; gene postulation; stripe rust resistance genes

小麦条锈病是由禾谷丙锈菌小麦专化型 *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (Pst) 引起的一种世界性小麦真菌病害, 病害流行年份导致小麦严重减产乃至绝收。我国是小麦条锈病发生面积最大、危害损失最重的产麦国家^[1], 新中国成立以来先后发生了 9 次小麦条锈病大流行, 其中有 4 次分别造成小

麦产量损失 600 万、320 万、180 万和 130 万 t^[2]。条锈菌毒性的不断变异和单个抗性基因的过度使用是造成小麦条锈病大暴发的主要原因^[3], 选育并合理运用多基因聚合的广谱持久抗病良种是防治小麦条锈病最经济、环保和有效的方法^[4]。

基因对基因学说的提出为小麦抗病基因遗传研

收稿日期: 2018-02-05 修订日期: 2018-02-24

基金项目: 国家重点研发计划(2016YFD0300705); 国家自然科学基金(31371884, 31611130039, 31871906); 国家现代农业产业技术体系建设专项(CARS-3)

* 通信作者 E-mail: tgliu@ippcaas.cn

究奠定了良好基础^[5],Dubin 等^[6]总结了 6 条关于小麦抗条锈病基因推导的基本原则,为该理论在小麦抗条锈病基因推导领域的应用提供了重要指导。基因推导克服了传统方法配置杂交组合和遗传分析等费时费力的弊端,一般在 4~8 周就能得到有用的遗传信息,是摸清品种的抗病基因组成的有效手段。我国众多学者先后运用已知基因载体品种与条锈菌的互作关系推导出了部分小麦品种的抗条锈病主效基因,为抗条锈病基因的合理布局提供了理论依据。张玉薇等^[7]推导了 2006—2010 年国家审定的 75 个小麦品种的抗条锈病基因,认为多数品种含有已知或未知抗条锈病基因,其中含 Yr1、Yr2、Yr3、Yr9 等基因的品种所占比例最高。王吐虹等^[8]推导了我国条锈菌菌源地甘肃南部 40 个小麦生产品种的抗条锈病基因,发现主要以 Yr9、Yr24 和 Yr26 基因为主。

2009 年在我国四川首次出现了对重要小麦抗条锈病基因 Yr26 和 Yr10 具有联合毒性的新条锈菌致病类群 G22(代号 V26)^[9]。2016 年该致病类群中流行频率最高的 G22-9 致病类型被正式命名为 CYR34 号生理小种^[10],CYR34 具有超越 CYR32 和 CYR33 成为我国第一优势小种的趋势^[11],严重威胁我国小麦生产安全。黄淮麦区是我国小麦的主产区,摸清当前黄淮麦区小麦主栽品种的抗条锈病基因组成情况,及时调整小麦品种布局,预防小麦条锈病的大范围暴发成为需要解决的首要问题。基于此,我们对目前我国黄淮麦区 34 份小麦主栽品种进行了抗条锈病基因推

导,旨在为这些品种合理布局提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 材料

供试小麦为我国黄淮麦区 34 个小麦主栽品种(表 1),由山东农业大学作物生物学国家重点实验室提供;21 个以 Avocet * S 为背景的小麦抗条锈近等基因系,即‘Avocet * S’、‘Avocet * S/Yr1’、‘Avocet * S/Yr3’、‘Avocet * S/Yr4’、‘Avocet * S/Yr5’、‘Avocet * S/Yr6’、‘Avocet * S/Yr7’、‘Avocet * S/Yr8’、‘Avocet * S/Yr9’、‘Avocet * S/Yr10’、‘Avocet * S/Yr15’、‘Avocet * S/Yr17’、‘Avocet * S/Yr24’、‘Avocet * S/Yr25’、‘Avocet * S/Yr26’、‘Avocet * S/Yr27’、‘Avocet * S/Yr30’、‘Avocet * S/Yr32’、‘Avocet * S/YrA’、‘Avocet * S/YrSp’、Avocet * S/YrSk’由澳大利亚悉尼大学植物育种研究所培育,中国农业科学院植物保护研究所收集、繁殖、保存;对照品种‘铭贤 169’由中国农业科学院植物保护研究所收集、繁殖、保存。

供试的 15 个条锈菌生理小种中,来自国外的 8 个,即 66E74(DK)、98E26(DK)、66E10(DK)、66E154(DK)、86E90(UK)、70E72(DK)、114E26(DK)、98E90(DK);来自国内的 7 个,即 66E26、72E66、70E10、111E239(CYR32)、111E222(CYR33)、127E255(CYR34)、63E254(G22-14),所有菌种均由中国农业科学院植物保护研究所麦类真菌病害研究室保存。

表 1 黄淮麦区 34 个小麦品种(系)

Table 1 34 Wheat cultivars (lines) of Huanghuai wheat region used in this study

序号 No.	品种(系)名称 Cultivar (line)	系谱 Pedigree	序号 No.	品种(系)名称 Cultivar (line)	系谱 Pedigree
1	泰山 23	烟 881414/876161	18	山农 483	衍生自‘矮孟牛’
2	烟农 23 号	烟 1061/鲁麦 14	19	川 35050	/
3	唐麦 8 号	中麦 9 号///昌农 921//北京 14 号/抗引 655	20	济麦 22	临远 7069/鲁麦 14//935106
4	豫麦 49	百农 791//温选 1 号/郑州 761/3/65(14)3/抗锈辉县红	21	临优 145	临汾 5064/陕优 225
5	豫麦 54	百农 8717/3/[(偃大 72-629-52/石 82-5594)F ₁ // 百农 84-4046-1]F ₂	22	新麦 16	郑州 891/内乡 82C6/豫麦 2 号
6	周 99233	/	23	新麦 18	(C6/新乡 3577)F ₃ dls/新麦 9 号
7	小偃 216	(郑引 4 号/小偃 96×775-1)/小偃 107//兰考 906	24	新麦 26	新麦 9408/济南 17
8	西农 85	/	25	郑麦 9023	{(小偃 6 号/西农 65)//[83(2)3—3/84(14)43]}F ₃ /陕 213
9	AN3(初 94)	/	26	烟 99603	/
10	德选 1 号	/	27	澳大利亚红麦	/
11	昌乐 5 号	济南 4 号变株	28	加拿大超强筋麦	/
12	晋麦 33 号	耐雪/5027//036//76-1295////卫东 7 号/向阳 4 号	29	蓝 58	普通小麦/长穗偃麦草
13	品资早 99-2	/	30	AN2(珍珠绿)	/
14	平阳 298	/	31	山农 8355	鲁麦 22 号/自育材料 286

续表 1 Table 1(Continued)

序号 品种(系)名称 No. Cultivar (line)			系谱 Pedigree	序号 品种(系)名称 No. Cultivar (line)			系谱 Pedigree
15	泰农 18	莱州 137/烟 369-7		32	河农 4198	河农 326/#409//河农 94342	
16	LS3283	莱州 137/烟 369-7//临麦 6 号		33	中优 9507	中作 8131-1 衍生系	
17	山农 25	J1697(L156/莱州 137)//烟 1933/陕 82-29		34	临旱 822	/	

1.2 方法

将所有小麦品系成套播种于 20 cm×30 cm 的塑料盒中,用 30 孔的模板打穴,按照编号将近等基因系和待测小麦品种催芽后依次播种于穴内,每穴 6~8 粒,覆土、浇水、盖膜,置于育苗间内培养,2~3 d 后待所有小麦发芽后揭去薄膜,继续培养 3~4 d,待小麦第一片叶完全展开时分生理小种进行人工接菌。接种采用刘太国等^[12]的方法:每 10 mg 条锈菌新鲜夏孢子加 1 mL 矿物油(Soltrol® 170)配制孢子悬浮液,随后均匀喷洒在小麦叶片上,4~6 h 后待矿物油完全晾干,将 0.001%吐温水溶液均匀喷洒在叶片表面,放入洗净的接种桶中盖上薄膜,置于保湿间(黑暗、10℃),保湿 24 h 后取出,人工温室(14~18℃,光照 16 h/d)培养 15 d,待对照品种‘铭贤 169’和‘Avocet * S’完全发病后调查。按照 0~9 级^[13]标准进行调查,即 0~6 为低侵染型,7~9 为高侵染型。根据基因对基因学说和 Dubin 等^[6]提出的 6 条基因推导原则,比较所有参试条锈菌生理小种对待测品种和近等基因系的侵染型,并参考系谱分析待测品种携带的抗条锈病基因。

2 结果与分析

由表 2、表 3 结果看出,‘初 94’、‘德选 1 号’、‘昌乐 5 号’、‘品资早 99-2’、‘泰农 18’、‘LS3283’、‘山农 25’等与 Yr9 抗谱一致,推测这 7 个品种含有 Yr9 基因。‘小偃 216’含有 Yr9 和其他抗性基因。Yr4 仅对菌株 63E254(G22-14)具有抗性,‘豫麦 49’含有 Yr4,‘豫麦 54’含有 Yr4 和其他抗性基因。‘山农 483’和‘川 35050’含有 Yr9、Yr4 和其他抗性基因。‘唐麦 8 号’可能含有 YrA 和 YrSp。‘烟农 23’可能含有 Yr3、Yr8 和 Yr17 基因,‘泰山 23’可能含有 Yr8、Yr30、YrA、YrSk,‘西农 85’可能含有 Yr8、Yr17、YrSk,‘晋麦 33’可能含有 Yr27、YrA、YrSp,‘周 99233’可能含有 Yr26,‘平阳 298’可能含有 YrA 和其他抗性基因。另外,‘济麦 22’、‘临优 145’、‘新麦 16’、‘新麦 18’、‘新麦 26’、‘郑麦 9023’、‘烟 99603’、‘澳大利亚红麦’、‘加拿大超强筋麦’、‘蓝 58’、‘AN2(珍珠绿)’、‘山农 8355’、‘河农 4198’、‘中优 9507’、‘临旱 822’等 15 个品种与供试的已知基因的抗谱均不一致,推测这些品种可能含有供试基因之外的其他抗性基因。

表 2 15 个条锈菌生理小种与 21 个近等基因系相互作用的反应型¹⁾

Table 2	Infection types of 21 Yr near-isogenic lines inoculated with 15 pathotypes of <i>Puccinia striiformis</i> f. sp. <i>tritici</i>															
品种名称 Cultivar	反应型 Infection type															
	66E74	98E26	66E10	66E154	86E90	70E72	114E26	98E90	66E26	72E66	70E10	127E255	63E254	111E239	111E222	
AVS* /Yr1	1	1	2	5	2	3	1	2	1	1	1	7	7	7	7	
AVS* /Yr3	7	6	7	7	7	7	7	7	7	3	7	7	7	7	7	
AVS* /Yr4	7	7	7	7	7	7	7	7	7	7	7	8	4	7	7	
AVS* /Yr5	2	1	1	0	1	2	1	1	1	0	0	2	0	0	1	
AVS* /Yr6	7	7	7	7	5	3	7	7	7	7	7	7	7	7	7	
AVS* /Yr7	7	7	7	7	7	4	8	7	7	7	7	7	7	7	7	
AVS* /Yr8	7	7	6	7	7	4	7	7	7	5	7	8	7	7	7	
AVS* /Yr9	3	1	5	5	0	1	3	0	1	0	1	7	7	7	7	
AVS* /Yr10	3	2	0	0	1	1	7	1	1	1	1	7	7	4	4	
AVS* /Yr15	2	1	1	5	0	7	4	1	2	1	2	0	0	2	0	
AVS* /Yr17	1	7	7	7	5	7	2	6	5	4	7	7	7	7	7	
AVS* /Yr24	3	3	7	2	5	1	2	2	1	2	2	7	7	4	4	
AVS* /Yr25	3	7	2	1	1	1	7	7	4	1	3	7	7	7	7	
AVS* /Yr26	1	2	4	1	5	2	4	3	1	2	3	8	8	0	2	
AVS* /Yr27	7	7	7	7	6	6	7	6	7	5	7	7	7	7	7	
AVS* /Yr30	7	7	7	7	5	7	7	7	7	6	5	7	7	4	4	
AVS* /Yr32	3	4	6	5	6	2	1	4	1	6	7	7	7	7	0	
AVS* /YrA	7	7	7	7	7	7	2	7	7	7	7	7	7	7	7	

续表 2 Table 2(Continued)

品种名称 Cultivar	反应型 Infection type														
	66E74	98E26	66E10	66E154	86E90	70E72	114E26	98E90	66E26	72E66	70E10	127E255	63E254	111E239	111E222
AVS * /YrSp	4	1	6	2	1	1	7	5	3	6	2	7	7	7	7
AVS * /YrSk	5	6	7	5	6	7	7	7	3	3	7	8	7	7	7
AVS	7	7	7	7	7	7	7	7	7	7	7	7	7	8	8
铭贤 169	7	8	8	8	7	7	7	8	7	8	7	8	8	8	7

1) 0: 不产生任何病症; 1: 产生少量坏死和/或褪绿斑点, 不产生夏孢子; 2: 产生较大坏死和/或褪绿病斑并连接成片, 不产生夏孢子; 3: 产生大片坏死和/或褪绿病斑并连成片, 有很少夏孢子堆; 4: 产生大量成片坏死和/或褪绿病斑, 有少量小型夏孢子堆; 5: 叶片坏死和/或褪绿, 较少量小型夏孢子堆; 6: 叶片坏死和/或褪绿, 中等大小夏孢子堆; 7: 叶片坏死和/或褪绿, 较多中等大小夏孢子堆; 8: 叶片稍有褪绿, 大量大型夏孢子堆; 9: 叶片无坏死或褪绿, 大量大型夏孢子堆。下同。
0: No visible signs or symptom; 1: Necrotic and/or chlorotic flecks, no sporulation; 2: Necrotic and/or chlorotic blotches or stripes, no sporulation; 3: Necrotic and/or chlorotic blotches or stripes, trace sporulation; 4: Necrotic and/or chlorotic blotches or stripes, light sporulation; 5: Necrotic and/or chlorotic blotches or stripes, intermediate sporulation; 6: Necrotic and/or chlorotic blotches or stripes, moderate sporulation; 7: Necrotic and/or chlorotic blotches or stripes, abundant sporulation; 8: Chlorosis behind sporulating area, abundant sporulation; 9: No necrosis or chlorosis, abundant sporulation. The same below.

表 3 15 个条锈菌生理小种与 34 个小麦品种相互作用的反应型和推导的基因
Table 3 Infection types expressed by interaction of 15 tested pathotypes of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* and 34 tested cultivars and postulated Yr genes

品种名称 Cultivar	反应型 Infection type															携带基因
	66E74	98E26	66E10	66E154	86E90	70E72	114E26	98E90	66E26	72E66	70E10	127E255	63E254	111E239	111E222	Postulated Yr gene
泰山 23	5	6	6	3	6	1	4	7	2	3	5	2	7	5	4	Yr8、Yr30、YrA、YrSk
烟农 23 号	2	6	3	7	5	6	2	6	4	6	7	7	7	8	7	Yr3、Yr8、Yr17
唐麦 8 号	4	3	5	3	1	3	3	2	2	2	4	8	7	7	7	YrA、YrSp
豫麦 49	7	7	7	7	7	7	7	7	7	7	7	7	4	8	7	Yr4
豫麦 54	3	0	1	4	5	0	1	4	1	0	0	7	4	6	4	Yr4+
周 99233	1	1	0	1	6	4	0	0	1	3	1	7	7	0	2	Yr26
小偃 216	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	7	7	7	7	Yr9+
西农 85	6	4	5	5	6	3	3	5	3	4	7	7	7	7	7	Yr8、Yr17、Yrsk
AN3(初 94)	4	3	2	2	4	5	1	2	0	4	3	7	7	7	7	Yr9
德选 1 号	6	4	2	4	4	4	4	4	4	4	4	8	7	8	7	Yr9
昌乐 5 号	4	3	3	4	4	4	4	4	4	4	4	7	7	8	7	Yr9
晋麦 33 号	4	1	0	2	1	4	1	0	3	1	3	7	7	6	7	Yr27、YrA、YrSp
品资早 99-2	4	1	1	6	1	4	0	1	2	5	1	7	7	7	7	Yr9
平阳 298	0	1	1	2	1	1	1	1	3	1	1	5	7	7	2	YrA+
泰农 18	1	1	0	6	1	0	1	1	1	0	1	7	7	7	7	Yr9
LS3283	5	0	0	6	1	0	1	1	1	5	1	7	7	7	7	Yr9
山农 25	0	1	0	6	1	1	1	1	1	1	1	8	7	7	7	Yr9
山农 483	0	0	0	6	0	0	0	0	1	0	0	7	0	7	7	Yr4、Yr9+
川 35050	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	0	7	0	7	7	Yr9、Yr4+
济麦 22	0	0	0	6	0	5	1	0	6	6	0	4	7	7	4	
临优 145	7	7	7	7	7	1	7	7	6	7	5	7	7	0	0	
新麦 16	1	2	5	7	5	3	2	3	5	1	3	3	7	7	0	
新麦 18	7	7	7	7	7	7	7	7	7	7	7	5	7	7	2	
新麦 26	7	6	7	7	7	7	7	7	7	6	5	6	7	0	2	
郑麦 9023	7	3	7	6	4	6	7	5	4	6	7	7	7	7	6	
烟 99603	6	1	4	7	1	4	1	1	1	5	1	8	7	7	7	
澳大利亚红麦	4	5	6	6	5	6	3	2	4	5	3	7	7	7	7	
加拿大超强筋麦	5	7	6	7	6	3	7	6	5	6	4	7	4	7	7	
蓝 58	5	1	3	3	6	2	3	7	7	0	5	8	7	7	7	
AN2(珍珠绿)	4	3	3	4	2	4	4	3	2	1	1	4	7	7	5	
山农 8355	5	5	3	5	5	5	2	4	3	5	2	7	7	7	0	
河农 4198	7	7	7	6	5	5	7	6	4	5	7	7	8	5	4	
中优 9507	5	1	0	3	1	3	2	1	0	7	1	7	6	7	7	
临早 822	4	1	0	2	1	1	2	2	1	1	2	5	7	7	7	

3 讨论

本研究结果显示,从参试的 34 份小麦品种中共推导出 11 个基因,这些基因以单基因或基因组合的

形式存在于 19 个小麦品种中,部分品种间抗病谱存在细微差异,其中 10 个品种携带 Yr9,3 个品种携带 Yr8,携带 Yr4 和 YrA 的品种各 4 份,携带 Yr17、YrSp 和 YrSk 的品种各 2 份,携带 Yr3、Yr26、Yr27 和 Yr30

基因的品种各 1 份。其中仅含 1 个基因的品种共 9 份,含一个及以上已知或未知基因的共 10 份,有 15 个品种未能推导出含有已知基因但对部分小种依然具有较高的抗性,其抗性可能是由其他抗性基因决定的。

Yr9 对 CYR32、CYR33、CYR34、G22-14 表现感病,对其余的参试菌株表现抗病,在所有参试的 34 份小麦中 Yr9 基因所占的比例最高,达到了 29.4%,其原因是 Yr9 基因位于小麦 1BL/1RS 易位系上,该易位系具有抗病性、丰产性和稳产性,于 20 世纪后期引入我国并在生产中大量使用^[14],所以我国目前的小麦品种大多含有该易位系。黄亮等^[15]、李敏州等^[16]的研究结果中 Yr9 基因的含量均超过 30%,与本研究结果基本保持一致。根据系谱分析发现,‘泰农 18’(莱州 137/烟 369-7)、“LS3283”(莱州 137/烟 369-7//临麦 6 号)、“山农 25”[J1697(L156/莱州 137)//烟 1933/陕 82-29]3 个品种均具有‘莱州 137’的血统,且‘莱州 137’为‘洛夫林 10’和‘洛夫林 13’的衍生品种,带有小麦 1BL/1RS 易位系^[15],所以推测它们的 Yr9 基因来自于‘莱州 137’;‘山农 483’为‘矮孟牛’的衍生品种,而‘矮孟牛’为亲本‘牛朱特’的子 1 代,所以推测‘山农 483’的 Yr9 基因来源于‘牛朱特’;‘小偃 216’[(郑引 4 号/小偃 96×775-1)/小偃 107//兰考 906]具有‘兰考 906’的遗传背景,‘兰考 906’又名‘豫麦 66’,是通过小麦细胞工程选育的具有六倍体小黑麦血统的高产品系,所以推测‘小偃 216’的 Yr9 基因源自于‘兰考 906’。

黄淮麦区是我国的主要产麦区,小麦的种植面积和产量分别占全国的 45% 和 51%^[17],享有我国“粮仓”的美誉,小麦条锈病是该地区小麦生产的主要病害之一,每年都有不同程度的发生,影响小麦产量和品质。本试验参试品种‘郑麦 9023’((小偃 6 号/西农 65)//[83(2)3-3/84(14)43]}F3/陕 213)和‘济麦 22’(临远 7069/鲁麦 14//935106)是黄淮麦区重要的主推品种,每年的种植面积均领先其他小麦品种,虽然本试验在这两个品种中并没有推导出已知抗性基因,但是研究发现这两个品种对部分参试菌株具有较好的抗性,初步认为这两个品种可能含有其他未检测到的抗条锈病基因,‘济麦 22’具有‘鲁麦 14’的血统,研究表明‘鲁麦 14’含有未知抗条锈基因^[18],所以‘济麦 22’的未知抗条锈基因可能来自‘鲁麦 14’。

植物的抗病性并不只是单基因遗传控制,更多的是基因间相互作用的结果,基因间的相互作用会造成抗病性互补、累加等优势^[19]。基因间相互作用现象在本试验中也有体现,例如本试验的供试品种‘山农 483’,聚合了抗条锈病基因 Yr9 和 Yr4 之后兼具了两个基因的抗性,使‘山农 483’的抗性增强、抗性谱扩宽,这样的现象在其他学者的研究中也有体现,如聚合了抗条锈基因 Yr1、Yr2、Yr9、Yr32 的持久抗性品种‘Savannah’抗性得到了明显的提高^[20]。所以在育种过程中将多个抗条锈基因聚合到同一小麦品种中是增强抗病性、拓宽抗病谱的有效途径。

需要引起重视的是,参试的 34 份小麦品种对我国当前流行的条锈菌生理小种 CYR32、CYR33、CYR34 以及条锈菌致病类型 G22-14 大多表现感病,这意味着我国黄淮麦区将持续受到小麦条锈病的威胁,在品种布局时应尽量考虑周全,将条锈病造成的危害降到最低。

本研究虽然采用基因推导的方法推测了参试品种的抗条锈病基因,但是受含抗条锈近等基因系的品种数量和小麦条锈菌的致病性等的限制,部分品种依然无法推导出可能的抗性基因,并且部分参试品种未能查到相应的系谱,影响了试验结果的准确性。所以在使用基因推导方法确定抗病基因时,应尽量多地使用已知基因载体品种和毒性差异更显著的致病菌生理小种,并且使用的菌株应涵盖更多毒性谱,在条件允许的情况下可使用分子标记、等位性测验等手段进行验证,从而提高试验结果的准确度。

参考文献

- [1] 陈万权,康振生,马占鸿,等. 中国小麦条锈病综合治理理论与实践[J]. 中国农业科学,2013,46(20):4254-4262.
- [2] WAN Anmin, CHEN Xianming, HE Zhonghu. Wheat stripe rust in China [J]. Australian Journal of Agricultural Research, 2007, 58(6): 605-619.
- [3] 李振岐. 我国小麦品种抗条锈性丧失原因及其解决途径[J]. 中国农业科学,1980,13(3):72-77.
- [4] 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.
- [5] FLOR H H. The complementary genic systems in flax and flax rust [J]. Advances in Genetics, 1956, 8(4): 29-54.
- [6] DUBIN H J, JOHNSON R, STUBBS R W. Postulated genes for resistance to stripe rust in selected CIMMYT and related wheats [J]. Plant Disease, 1989, 73(6): 472-475.

- [5] SABRINA R, WEBER R W S, DANIEL R, et al. Spread of *Botrytis cinerea* strains with multiple fungicide resistance in German horticulture [J]. *Frontiers in Microbiology*, 2017, 7:2075.
- [6] MADE W. Synergism and antagonism in fungicide mixtures containing sterol demethylation inhibitors [J]. *Phytopathology*, 1996, 86: 1280–1283.
- [7] GREENBERG R, C RESNICK C. A gas liquid chromatographic method for determining imazalil residues in citrus fruit [J]. *Pest Management Science*, 2010, 8(1): 59–64.
- [8] BUS V G. ED₅₀ levels of *Penicillium digitatum* and *P. italicum* with reduced sensitivity to thiabendazole, benomyl and imazalil [J]. *Postharvest Biology & Technology*, 1992, 1(4): 305–315.
- [9] BUS V G, BONGERS A J, RISSE L A. Occurrence of *Penicillium digitatum* and *P. italicum* resistant to benomyl, thiabendazole, and imazalil on citrus fruit from different geographic origins [J]. *Plant Disease*, 1991, 75: 1098–1100.
- [10] ZHU Jinwen, XIE Qingyun, LI Hongye. Occurrence of imazalil resistant biotype of *Penicillium digitatum* in China and the resistant molecular mechanism [J]. *Journal of Zhejiang University Science A*, 2006, 7(2): 362–365.
- [11] WIGLER P W, PATTERSON F K. Inhibition of the multi-drug resistance efflux pump [J]. *Biochimica et Biophysica Acta*, 1993, 1154(2): 173–181.
- [12] 黄邦彦, 吴立. 柑橘贮藏防腐剂抑霉唑的引进和应用试验 [J]. *中国南方果树*, 1982 (4): 19–20.
- [13] YIN Dafang, CHEN Xiang, MA Zhonghua, et al. Multiple resistance to QOIs and other classes of fungicides in *Botrytis cinerea* populations from strawberry in Zhejiang Province, China [J]. *European Journal of Plant Pathology*, 2015, 141(1): 169–177.
- [14] BARDAS G A, MYRESIOTIS C K, KARAOGLANIDIS G S. Stability and fitness of anilinopyrimidine-resistant strains of *Botrytis cinerea* [J]. *Phytopathology*, 2008, 98(4): 443–450.
- [15] MYRESIOTIS C, KARAOGLANIDIS G, TZAVELLA-KLONARI K. Resistance of *Botrytis cinerea* isolates from vegetable crops to anilinopyrimidine, phenylpyrrole, hydroxylanilide, benzimidazole, and dicarboximide fungicide [J]. *Plant Disease*, 2007, 91(4): 407–413.
- [16] 乔广行, 林秀敏, 等. 8 种杀菌剂对番茄灰霉病菌多重抗药性菌株生物活性测定 [J]. *农药*, 2013, 52(1): 57–59.
- [17] SUN Haiyan, WANG Hancheng, CHEN Yu, et al. Multiple resistance of *Botrytis cinerea* from vegetable crops to carbendazim, diethofencarb, procymidone and pyrimethanil in China [J]. *Plant Disease*, 2010, 94(5): 551–556.
- [18] FERNANDEZ-ORTUNO D, CHEN F P, SCHNABEL G. Resistance to cyprodinil and lack of fludioxonil resistance in *Botrytis cinerea* isolates from strawberry in North and South Carolina [J]. *Plant Disease*, 2013, 97(1): 81–85.

(责任编辑: 杨明丽)

(上接 163 页)

- [7] 张玉薇, 刘太国, 刘博, 等. 中国 75 个国审小麦品种抗条锈基因推导 [J]. *植物保护学报*, 2014, 41(1): 45–53.
- [8] 王吐虹, 郭青云, 蔺瑞明, 等. 中国 40 个小麦农家品种和甘肃南部 40 个生产品种抗条锈病基因推导 [J]. *中国农业科学*, 2015, 48(19): 3834–3847.
- [9] LIU Taiguo, PENG Yunliang, CHEN Wanquan, 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] 刘博, 刘太国, 章振羽, 等. 中国小麦条锈菌条中 34 号的发现及其致病特性 [J]. *植物病理学报*, 2017, 47(5): 1–8.
- [11] 张勃, 贾秋珍, 黄瑾, 等. 小麦条锈菌新菌系贵 22-9 和贵 22-14 发展趋势与毒性分析 [J]. *西北农业学报*, 2015, 24(7): 125–130.
- [12] 刘太国, 章振羽, 刘博, 等. 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 [J]. *植物病理学报*, 2015, 45(1): 41–47.
- [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, 1968–87 [R]. USDA Technical Bulletin No. 1788. National Technical Information Service, 1992.
- [14] WIESER H, KIEFFER R, LELLEY T. The influence of 1B/1R chromosome translocation on gluten protein composition and technological properties of bread wheat [J]. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 2000, 80(11): 1640–1647.
- [15] 黄亮, 刘太国, 肖星芷, 等. 中国 79 个小麦品种(系)抗条锈病评价及基因分子检测 [J]. *中国农业科学*, 2017, 50(16): 3122–3139.
- [16] 李敏州, 李强, 巢凯翔, 等. 陕西省 115 个小麦品种(系)抗条锈病基因的分子检测 [J]. *植物病理学报*, 2015, 45(6): 632–640.
- [17] 李峰奇, 韩德俊, 魏国荣, 等. 黄淮麦区 126 个小麦品种(系)抗条锈病基因的分子检测 [J]. *中国农业科学*, 2008, 41(10): 3060–3069.
- [18] 牛永春, 乔奇, 吴立人. 豫鲁皖三省重要小麦品种抗条锈基因推导 [J]. *植物病理学报*, 2000, 30(2): 122–128.
- [19] 李博, 张志毅, 张德强, 等. 植物杂种优势遗传机理研究 [J]. *分子植物育种*, 2007, 5(S1): 36–44.
- [20] ERIKSEN L, AFSHARI F, CHRISTIANSEN M J, et al. Yr32 for resistance to stripe (yellow) rust present in the wheat cultivar Carstens V [J]. *Theoretical & Applied Genetics*, 2004, 108(3): 567–575.

(责任编辑: 杨明丽)