

新疆伊犁州小麦条锈菌生理小种鉴定及毒性分析

刘琦^{1*}, 陈利¹, 曾明昊¹, 艾尼赛·赛米¹, 马泽宇¹, 马占鸿²

(1. 新疆农业大学农学院, 农林有害生物监测与安全防护重点实验室, 乌鲁木齐 830052;

2. 中国农业大学植物保护学院植物病理学系, 北京 100193)

摘要 伊犁州是新疆小麦条锈病重灾区, 对该地区开展小麦条锈菌生理小种监测意义重大。本研究通过对 2020 年采自新疆伊犁 4 县的 149 份小麦条锈菌样品进行生理小种监测, 以期明确该地区小麦条锈菌生理小种组成及毒性情况。结果表明, 共监测到 28 个生理小种, 其中 CYR 33、Su 11-1、Su 11-12、CYR 32 及 CYR 34 出现频率较高, 分别为 14.09%, 12.75%, 8.05%, 8.05% 和 7.38%; 水源 11 类群为优势类群, 出现频率高达 44.30%。对抗条锈病基因 Yr1、YrA、Yr3、Yr6、YrSu、Yr9 的毒性频率均大于 70%, 表明这些基因在伊犁州抗性基本丧失。新疆伊犁州 4 县小麦条锈菌毒性多样性分析显示, Nei's 遗传多样性指数为 0.34, Shannon 信息指数为 0.50, 表明伊犁州条锈菌毒性多样性水平较高, 毒性组成丰富; 小麦条锈菌毒性相似系数在 0.92~1.00, 其中伊宁县和巩留县的样品遗传距离最近, 察布查尔县与其他 3 县样品遗传距离最远。因此, 新疆伊犁州地区抗锈育种应以抗 CYR 33 和 Su 11-1 为主, 兼顾抗 Su 11-12、CYR 32 和贵农 22 类群中其他类型。另外不同县区应合理进行抗病基因布局, 以期实现小麦条锈病的区域间联合防治。

关键词 新疆伊犁州; 小麦条锈菌; 生理小种; 毒性分析

中图分类号: S435.121.42 **文献标识码:** A **DOI:** 10.16688/j.zwbh.2021454

Physiological race identification and virulence analysis of *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici* in Yili prefecture, Xinjiang

LIU Qi^{1*}, CHEN Li¹, ZENG Minghao¹, AINISAI · SAIMI¹, MA Zeyu¹, MA Zhanhong²

(1. College of Agriculture, Xinjiang Agricultural University, Key Laboratory of the Pest Monitoring and Safety Control of Crops and Forests, Urumqi 830052, China; 2. Department of Plant Pathology, College of Plant Protection, China Agricultural University, Beijing 100193, China)

Abstract Wheat stripe rust, caused by *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici* (*Pst*), occurred severely in Yili prefecture, Xinjiang in 2020. Monitoring the dynamics of physiological race of *Pst* was of great significance for disease control. In this study, 149 samples were collected from four counties of Yili in 2020 to identify the type of physiological race and the virulence. The results showed that 28 physiological races were acquired, among which CYR 33, Su 11-1, Su 11-12, CYR 32 and CYR 34 were the dominant races with frequencies of 14.09%, 12.75%, 8.05%, 8.05% and 7.38%, respectively. Suwon 11 group was the dominant group which had the highest frequency of 44.30%. Over 70% isolates were virulent to Yr1, YrA, Yr3, Yr6, YrSu and Yr9, suggesting that the resistance genes have almost lost in wheat varieties in Yili prefecture. Virulence diversity analysis in the four counties of Yili prefecture showed that the Nei's genetic diversity index was 0.34, the Shannon information index was 0.50, which presented high polymorphism. Clustering analysis indicated that the similarity coefficient of virulence was 0.92–1.00. The isolates in Yining county and Gongliu county had the closest genetic distance, and Qapqal county had large genetic gap to the other counties. Therefore, the future breeding in Yili should mainly consider the resistant genes to CYR 33 and Su 11-1, then Su 11-12, CYR 32 and other pathotypes in Guinong 22.

收稿日期: 2021-08-19 修订日期: 2021-11-02

基金项目: 国家自然科学基金(31860477);新疆农业大学前期资助课题项目(XJAU201718);中国农业大学-新疆农业大学科研合作基金(2019);农业部西北荒漠绿洲作物有害生物综合治理重点实验室开放基金(KFJJ20180108);教育部农作物生物灾害综合治理重点实验室/农业部华东作物有害生物综合治理重点实验室开放基金(2019)

* 通信作者 E-mail: liuqi@xjau.edu.cn

Besides, the rational distribution of wheat varieties should be taken among different counties of Yili in order to achieve the goal of comprehensive control of wheat stripe rust.

Key words Yili prefecture, Xinjiang; *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici* (Pst); physiological race; virulence analysis

由条形柄锈菌小麦专化型 *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (Pst)引起的小麦条锈病是对我国小麦危害最重的气传性真菌病害,也是新疆麦区重要病害之一^[1-3]。该病害具有发生范围广、危害程度重、大区流行等特点。病原菌营活体专性寄生,喜冷凉,其无性孢子可高空远距离传播^[4]。近些年来,小麦条锈菌新的生理小种不断出现,我国小麦品种抗病性渐渐丧失^[5]。目前,防治小麦条锈病较为经济有效的措施是选育和推广抗病品种^[6-7]。小麦条锈菌生理小种具有高度变异特性,是造成病害流行的主要因素,使得小麦品种的抗病性较易被新毒性小种所克服而在 3~5 年内因抗性丧失而失去利用价值^[8]。20 世纪 50 年代以来,我国有 7~8 次大规模小麦品种更替,均是由于小麦品种对条锈菌生理小种的抗病性丧失导致^[9]。已有研究认为,条锈菌在伊犁河谷地区海拔 669 m 可以顺利越冬、

越冬,完成周年循环,形成一个相对独立的流行区系^[10]。

近年来,新疆维吾尔自治区伊犁州小麦条锈病发生危害日趋严重,本研究通过广泛采集伊犁州小麦条锈病样品,采用我国通用鉴别寄主对其进行生理小种鉴定和毒性分析,以期能够掌握伊犁州小麦条锈菌毒性组成,为指导新疆小麦抗病育种、品种合理布局提供重要科学依据。

1 材料与方法

1.1 小麦条锈菌样品的采集

2020 年 5 月采集新疆伊犁州小麦条锈菌样品 149 份(表 1)。采集初始发病样品(即锈孢子堆新鲜饱满,病斑清晰的叶片),单独平放于采样袋内,记录样本详细信息(采集地点、经纬度、海拔高度等),置于实验室 4℃干燥器中冷藏备用。

表 1 2020 年小麦条锈菌样品采集信息

Table 1 Collection information of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in 2020

编号 Code	采集地点 Location	样品数量/份 Sample size	经纬度 Longitude & latitude	海拔高度/m Altitude
YN440	伊宁县胡地亚于孜乡上胡地亚于孜村	19	81°26'22"E, 43°56'39"N	639
YN451	伊宁县巴依托海乡其格勒克麻扎村	24	81°44'42"E, 43°38'22"N	686
CX450	察布查尔县扎库齐牛录乡纳尔浑村	18	81°14'03"E, 43°48'36"N	628
GL453	巩留县良繁场三队	26	82°12'54"E, 43°28'08"N	772
GL454	巩留县巩留镇塔什干沙孜村	17	82°13'08"E, 43°27'54"N	775
GL456	巩留县塔斯托别乡塔斯托别村	23	82°09'40"E, 43°28'22"N	773
XY468	新源县那拉提镇喀拉苏村	22	84°05'43"E, 43°18'48"N	1 448
总计 Total		149	—	

1.2 小麦条锈菌样品纯化与扩繁

1.2.1 小麦种植

小麦条锈菌的分离、扩繁与鉴定均在新疆农业大学农学院人工气候室进行。于接种前 10~15 d 种植感病小麦品种‘铭贤 169’。挑选粒大饱满的种子,均匀播种于装有营养土的小花盆($d=10\text{ cm}$)中,每盆约播 15 粒,置于 $(11.8\pm3)^{\circ}\text{C}$ 人工气候室培养备用。

1.2.2 菌种活化

于接种前一天,用流水冲洗掉病叶表面的尘土杂质,叶片正面向上平整地铺放于铺有湿润滤纸的直径 10 cm 的培养皿底部,盖上培养皿盖,于 4℃黑

暗条件下保湿 8~12 h。待产生鲜黄色夏孢子时,即可用于接种。

1.2.3 接种

当小麦第 1 叶完全展开时接种小麦条锈菌。去除叶片表面蜡质后,喷施 0.01%吐温 80 水溶液,然后挑取单个夏孢子堆转移至小麦叶片表面的液滴上。接种完成后将花盆置于泡沫箱(相对湿度为 80%)中黑暗保湿 24~36 h,温度为 $(11.8\pm3)^{\circ}\text{C}$ 。随后转移至人工气候室内罩上玻璃罩继续培养,培养条件为 $(11.8\pm3)^{\circ}\text{C}$ 、L//D=12 h//12h,光照强度为 8 000~10 000 lx,约 10 d 左右叶片出现潜育斑。

1.2.4 菌种扩繁

接种后 15~20 d,叶片表面逐渐产生夏孢子堆后进行菌种收集及扩繁。用玻璃棒轻敲小麦叶片,将夏孢子收集至离心管中,存于 4℃干燥器中冷藏备用。重复接种 3~5 次直至扩繁到 10~15 mg 足够用于生理小种鉴定的夏孢子量。

1.3 小麦条锈菌生理小种鉴定

1.3.1 小麦条锈菌鉴别寄主

以感病品种‘铭贤 169’作为对照,采用中国通用的 19 个小麦条锈菌鉴别寄主品种对本研究采集的小麦条锈菌生理小种进行鉴定。鉴别寄主及其所含抗性基因如表 2 所示。

表 2 鉴别寄主及其所携带的抗条锈基因

Table 2 Differential host and its stripe rust resistance genes

编号 Code	小麦品种 Wheat variety	抗条锈基因 Yr gene	编号 Code	小麦品种 Wheat variety	抗条锈基因 Yr gene
J1	Trigo Eureka	Yr6	J11	丰产 3 号	Yr1
J2	Fulhard	Yr+	J12	洛夫林 13	Yr9
J3	保春 128	Yr+	J13	抗引 655	Yr1,YrKy1,YrKy2,YrKy3,YrKy4
J4	南大 1429	Yr+	J14	水源 11	YrSu
J5	维尔	YrVir1,YrVir2,YrVir3,YrVir4	J15	中四	Yr+
J6	阿勃	Yr+	J16	洛夫林 10	Yr9
J7	早洋	Yr+	J17	Hybrid 46	Yr3b,Yr4b
J8	阿夫	YrA	J18	<i>Triticum spelta album</i>	Yr5
J9	丹麦 1 号	Yr3	J19	贵农 22	Yr10,Yr24,Yr26
J10	尤皮 2 号	YrJu1,YrJu2,YrJu3,YrJu4	J20	铭贤 169	—

1.3.2 生理小种鉴定

待鉴别寄主麦苗长至 1 叶 1 心期用 10 mL 喷瓶喷雾接菌。与扩繁接种方法相同,将纯化扩繁的菌种接种于鉴别寄主小麦叶片上,待指示品种‘铭贤 169’充分发病后,逐叶调查并记载每个分离物在各个鉴别寄主上的侵染型。侵染型分级按 0、0₁、1、2、3、4 共 6 级标准(表 3)进行划分,其中 0~2 级为抗病(R),3~4 级为感病(S)。根据侵染型类型判定条锈菌生理小种类型^[11]。

1.4 数据处理

毒性分析采用二元归类法,即抗病型(0~2 级)记作“0”,感病型(3~4 级)记作“1”,每个寄主品种作为一个毒性位点,基于简单的相似矩阵,利用 Popgen 1.32 软件计算毒性多态性位点数、多态性位点百分率、有效等位基因数、Nei’s 基因多样性指数、Shannon 信息指数、Nei’s 遗传距离,Nei’s 遗传分化指数。根据 Nei’s 遗传距离,用 NTsys 2.10e 软件对条锈菌群体进行聚类分析^[12]。

表 3 小麦条锈病菌苗期侵染型分级标准

Table 3 Scale and infection type of wheat stripe rust at seedling stage

侵染型 Infection type	级别 Scale	症状描述 Symptom description
抗病 Resistant	0	叶上不产生任何可见的症状
	0 ₁	叶上产生小型枯死斑,不产生夏孢子堆
	1	叶上产生枯死条点或条斑,夏孢子堆很小,数目很少
	2	夏孢子堆小到中等大小,较少,其周围叶组织枯死或显著褪绿
感病 Susceptible	3	夏孢子堆较大,较多,其周围叶组织有褪绿现象
	4	夏孢子堆大得多,周围不褪绿

2 结果与分析

2.1 149 个小麦条锈菌样品的生理小种鉴定结果

149 份样品可明确归类为 28 个生理小种类型,并将其分为以下几个小种类群,其中毒性谱较窄的古老小种有 CYR 17、CYR 18、CYR 24 和

CYR 26;洛 10 类群的小种有 CYR 28 和洛 10-2;洛 13 类群的生理小种有 CYR 29、洛 13-2 和洛 13-3;Hybrid 46 类群的生理小种有 CYR 30、CYR 31、CYR 32、Hy-4、Hy-7 和 Hy-8;水源 11 类群的生理小种有 Su 11-1、Su 11-2、Su 11-4、Su 11-7、Su 11-8、Su 11-9、Su 11-10、Su 11-12、Su 11-13 和 CYR

33; 贵农 22 类群的生理小种有 CYR 34、贵 22-13 和贵 22-14(表 4)。

表 4 2020 年伊犁州小麦条锈菌生理小种鉴定结果

Table 4 Physiological race of <i>Puccinia striiformis</i> f. sp. <i>tritici</i> identified in Yili prefecture in 2020				
类群 Group	生理小种 Physiological race	样品数量/个 Sample quantity	小种频率/% Frequency of race	类群频率/% Frequency of group
古老小种类群 Ancient physiological race group	CYR 17	1	0.67	10.07
	CYR 18	3	2.01	
	CYR 24	4	2.68	
	CYR 26	7	4.70	
洛 10 类群 Lovrin 10 group	CYR 28	2	1.34	7.38
	洛 10-2	9	6.04	
洛 13 类群 Lovrin 13 group	CYR 29	4	2.68	6.04
	洛 13-2	4	2.68	
	洛 13-3	1	0.67	
Hybrid 46 类群 Hybrid 46 group	CYR 30	6	4.03	18.12
	CYR 31	6	4.03	
	CYR 32	12	8.05	
	Hy-4	1	0.67	
	Hy-7	1	0.67	
	Hy-8	1	0.67	
水源 11 类群 Suwon 11 group	Su 11-1	19	12.75	44.30
	Su 11-2	1	0.67	
	Su 11-4	1	0.67	
	Su 11-7	4	2.68	
	Su 11-8	3	2.01	
	Su 11-9	3	2.01	
	Su 11-10	1	0.67	
	Su 11-12	12	8.05	
	Su 11-13	1	0.67	
	CYR 33	21	14.09	
贵农 22 类群 Guinong 22 group	CYR 34	11	7.38	14.09
	贵 22-13	7	4.70	
	贵 22-14	3	2.01	
总计 Total		149		

2.2 致病类群分析

2020 年新疆伊犁州监测到 CYR 17、CYR 18、CYR 24、CYR 26 生理小种共 15 份,占比 10.07%;洛 10 类群 11 份,占比 7.38%;洛 13 类群 9 份,占比 6.04%;Hybrid 46 类群 27 份,占比 18.12%;水源 11 类群 66 份,占比 44.30%;贵农 22 类群 21 份,占比 14.09%(表 4)。

监测结果表明,水源 11 类群、Hybrid 46 类群和贵农 22 类群是危害新疆伊犁州小麦生产的主要致病类群,3 个类群出现频率为 76.51%。水源 11 类群出现频率最高,出现频率高达 44.30%,为伊犁州的优势致病类群。

2.3 小种类型分析

在 Hybrid 46 类群中,CYR 32 小种出现频率最高,为 8.05%,是本类群中的优势小种;而 CYR 30

和 CYR 31 出现频率均为 4.03%,呈现低频发生,不再具备流行优势。

水源 11 类群中,CYR 33 小种出现频率为 14.09%,为 2020 年监测到的该类群中及伊犁州所有类群中出现频率最高的生理小种。且 CYR 33 小种分布范围广,在所监测的 7 个县(乡)中均被检出,由此判定 CYR 33 为新疆伊犁州小麦条锈菌优势生理小种。其次是 Su11-1 和 Su11-12,出现频率为 12.75%和 8.05%,Su11-2、Su11-4、Su11-7、Su11-8、Su11-9、Su11-10、Su11-13 出现频率在 0.67%~2.68%。

贵农 22 类群中,CYR 34(贵农 22-9)小种出现频率为 7.38%,已上升为该类群中的优势小种,也是目前公认致病力最强的生理小种,在 19 个鉴别寄主中,只对‘中四’和‘*T. spelta album*’无毒力,是值得关注和警惕的生理小种。

2.4 毒性频率分析

由毒性频率分析结果(表 5)可知,149 个条锈菌样品对 20 种抗条锈基因均具有毒性,毒性频率为 14.09%~87.25%,表明该地区条锈菌群体的毒性基因类型多样。小麦条锈菌在携带抗条锈基因 *Yr1*、*YrA*、*Yr3*、*Yr6*、*YrSu*、*Yr9* 的载体品种上的毒性频率为 87.25%、86.58%、83.89%、83.89%、72.48%、73.15%,均大于 70%,表明这些抗性基

因在伊犁州基本失效;而在携带抗条锈基因 *YrVir1*、*YrVir2*、*YrVir3*、*YrVir4*(‘维尔’),*YrJu1*、*YrJu2*、*YrJu3*、*YrJu4*(‘尤皮 II’),*YrKy1*、*YrKy2*、*YrKy*、*YrKy4*(‘抗引 655’),*Yr3b*、*Yr4b*(‘Hybrid 46’),*Yr10*、*Yr24*、*Yr26*(‘贵农 22’)载体品种上的毒性频率为 51.68%、41.61%、40.94%、30.20%、14.09%,是抗病育种时值得关注的抗性基因。

表 5 149 个小麦条锈菌样品的毒性基因及毒性频率

鉴别寄主 Differential host	抗条锈基因 Resistant gene	毒性频率/% Frequency of virulence
丰产 3 Fengchan 3	<i>Yr1</i>	87.25
阿夫 Funo	<i>YrA</i>	86.58
Trigo Eureka	<i>Yr6</i>	83.89
丹麦 1 Danish 1	<i>Yr3</i>	83.89
洛夫林 10 Lovrin10	<i>Yr9</i>	73.15
水源 11 Suwon 11	<i>YrSu</i>	72.48
洛夫林 13 Lovrin 13	<i>Yr9</i>	56.38
维尔 Virgilio	<i>YrVir1</i> , <i>YrVir2</i> , <i>YrVir3</i> , <i>YrVir4</i>	51.68
尤皮 II Jubilejina II	<i>YrJu1</i> , <i>YrJu2</i> , <i>YrJu3</i> , <i>YrJu4</i>	41.61
抗引 655 Kangyin 655	<i>YrKy1</i> , <i>YrKy2</i> , <i>YrKy3</i> , <i>YrKy4</i>	40.94
Hybrid 46	<i>Yr3b</i> , <i>Yr4b</i>	30.20
贵农 22 Guinong 22	<i>Yr10</i> , <i>Yr24</i> , <i>Yr26</i>	14.09

2.5 小麦条锈菌毒性多样性分析

2.5.1 小麦条锈菌毒性多样性

对伊犁州 2020 年小麦条锈菌群体毒性多样性参数进行统计分析发现(表 6),在物种水平上,多态性位点数为 17 个,多态性位点占比 89.47%;*Nei*’s 遗传多样性指数为 0.34;Shannon 信息指数为 0.50;表明整体多态性水平较高。在群体水平上,等

位基因数为 1.79~1.89;有效等位基因数分布于 1.57~1.64;*Nei*’s 遗传多样性指数为 0.32~0.34,平均 0.33;Shannon 信息指数为 0.47~0.49,平均 0.48;多态性位点数为 15~17,平均为 16;多态性位点占比 78.95%~89.47%,平均 84.21%。由 *Nei*’s 遗传多样性指数和 Shannon 信息指数可知,伊犁州 4 县条锈菌毒性多样性水平差异不显著。

表 6 2020 年伊犁州小麦条锈菌群体毒性多样性指数¹⁾

群体 Population	样本数/个 Sample quantity	<i>N_a</i>	<i>N_e</i>	<i>H</i>	<i>I</i>	<i>NP</i>	<i>P</i> /%
伊宁县 Yining	43	1.84	1.57	0.32	0.47	16	84.21
察布查尔县 Qapqal	17	1.79	1.64	0.34	0.49	15	78.95
巩留县 Gongliu	66	1.89	1.59	0.33	0.49	17	89.47
新源县 Xinyuan	23	1.84	1.61	0.33	0.48	16	84.21
群体水平 Population level	37.25	1.84	1.60	0.33	0.48	16	84.21
物种水平 Species level	149.00	1.89	1.62	0.34	0.50	17	89.47

1) 群体水平为各群体样本数的平均值,物种水平为总样本数。*N_a*:观察等位基因数;*N_e*:有效等位基因数;*H*:*Nei*’s(1973)基因多样性指数;*I*:Shannon 信息指数;*NP*:多态性位点数;*P*:多态性位点百分率。
Population level was the average of samples from different populations, and species level was the total samples of all populations. *N_a*: Observed number of alleles; *N_e*: Effective number of alleles; *H*: *Nei*’s diversity index; *I*: Shannon’s information index; *NP*: Number of polymorphic loci; *P*: Percent of polymorphic loci.

2.5.2 小麦条锈菌不同群体间遗传相似性分析

由表 7 可知,2020 年伊宁县和巩留县小麦条锈

菌的 *Nei*’s 遗传一致度($GI=0.992\ 5$)及遗传距离($GD=0.007\ 5$)最近。在群体水平上,2020 年伊犁

州小麦条锈菌的遗传距离为 0.007 5~0.078 9(<0.10),*Nei's* 遗传一致度为 0.924 1~0.992 5(>0.90),表明 4 县小麦条锈菌间的遗传距离较近,群体毒性结构相似。

表 7 2020 年伊犁州小麦条锈菌 4 个群体间遗传距离和 *Nei's* 遗传一致度¹⁾

Table 7 Genetic distance and genetic consistency among four populations of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in Yili prefecture in 2020

群体 Population	伊宁 Yining	察布查尔 Qapqal	巩留 Gongliu	新源 Xinyuan
伊宁 Yining		0.924 9	0.992 5	0.981 5
察布查尔 Qapqal	0.078 1		0.924 1	0.967 1
巩留 Gongliu	0.007 5	0.078 9		0.981 5
新源 Xinyuan	0.018 7	0.033 4	0.018 7	

1) 对角线上方为 *Nei's* 遗传一致度(GI),下方为遗传距离(GD)。
Data above the diagonal was the *Nei's* genetic consistency (GI) and below was the genetic distance (GD).

对伊犁州不同小麦条锈菌群体毒性相似性进行聚类分析发现(图 1),2020 年 4 个小麦条锈菌群体的毒性相似系数在 0.92~1.00,说明整体毒性相似系数较高,毒性多态性不显著,遗传距离较近,毒性结构相似。当种群之间相似系数阈值为 0.99 时,伊宁和巩留群体聚为一类,其毒性相似程度最高;在相似系数阈值为 0.96 时,察布查尔群体与其他群体聚在不同分支,表明其与其他各县条锈菌毒性相似程度最低。

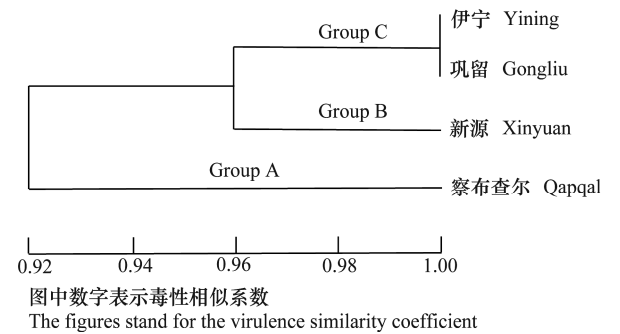


图 1 2020 年伊犁州小麦条锈菌群体毒性聚类分析树状图
Fig. 1 Virulence dendrogram of the *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* population in Yili prefecture in 2020

3 结论与讨论

小麦条锈菌生理小种毒性变异是导致小麦品种抗锈性丧失的主要原因^[12-13]。了解小麦条锈菌群体毒性结构,监测生理小种毒性变异是预测小麦条锈病发生流行、小麦品种抗条锈寿命及抗病育种的重

要前提,能为小麦条锈病的有效防治提供理论依据。王付平^[14]的研究表明,新疆条锈菌群体遗传多样性丰富,不同地域群体不存在遗传分化,相似度较高。在新疆没有监测到贵农 22 类群的生理小种。李伟华等^[15]的研究表明,伊犁河谷地区小麦条锈菌主要致病类群为 Hybrid 46 类群、水源 11 类群、贵农 22 类群,出现频率分别为 31.25%、22.92% 和 18.75%,但其样品均采自新源县,具有地缘局限性。贾秋珍等^[16]2017 年至 2018 年对采自甘肃省不同生态区的 572 份小麦条锈菌样品进行生理小种鉴定及监测,发现主要致病类群为贵农 22 类群,主要流行小种为 CYR 34 生理小种,且出现频率稳定;而本研究结果显示,在新疆,贵农 22 类群出现频率为 14.09%,CYR 34 生理小种出现频率为 7.38%,这两个类群(小种)在新疆虽不占主导地位,但出现频率逐步提升,表明相对于甘肃而言,新疆小麦条锈菌毒性变异速率较慢,可能与新疆推广的小麦品种抗性或者新疆条锈菌有性生殖阶段的作用或者地理隔离及气候因素有关,需要进一步深入分析。

本研究采集的小麦条锈菌样品分布于伊犁州 4 县 7 地,主要致病类群为水源 11 类群、Hybrid 46 类群和贵农 22 类群,出现频率分别为 44.30%、18.12%和 14.09%。伊犁州小麦条锈菌毒性多态性较为丰富,在物种水平上多态性位点达 17 个,多态性位点百分率达 89.47%;*Nei's* 遗传多样性指数及 Shannon 信息指数说明伊犁州小麦条锈菌群体毒性多样性水平较高,群体间毒性相似系数较高。

各群体间的地理距离与其毒性多态性并无显著相关性。例如,伊宁县与巩留县相距较远,但是聚类图显示两地小麦条锈菌的毒性结构相同;伊宁县与察布查尔县地理位置相邻,但二者毒性结构并不相似。可能受采集样本量及样点的地理环境、小麦品种布局、种植面积的影响,也可能受到小麦条锈菌自身的寄生适合度的影响。本研究只针对伊犁州部分县市的小麦条锈菌生理小种进行了详细鉴定,采样范围仍相对局限,在以后的研究中应扩大取样范围并形成持续动态的监测。

参考文献

[1] 马占鸿. 中国小麦条锈病研究与防控[J]. 植物保护学报, 2018, 45(1): 1-6.

- [7] 董立尧, 高原, 房加鹏, 等. 我国水稻田杂草抗药性研究进展[J]. 植物保护, 2018, 44(5): 69-76.
- [8] 谷涛, 李永丰, 张自常, 等. 杂草对激素类除草剂抗药性研究进展[J]. 植物保护, 2021, 47(1): 15-26.
- [9] 史骏, 湛江华, 汪峰, 等. 粳粳杂交稻提早拔草减药的施肥技术[J]. 浙江农业科学, 2021, 62(2): 268-269.
- [10] 郝春新, 倪汉文. 除草剂减量用药对稗草及狗尾草的防除效果评价[J]. 杂草科学, 2013, 31(2): 62-64.
- [11] 袁元荣, 袁骄艳, 顾永林, 等. 淹水有机栽培模式下水稻产量与品质特征[J]. 中国稻米, 2020, 26(6): 64-66.
- [12] 田志慧, 袁得军, 袁国徽, 等. 双环磺草酮·双唑草腈对杂草稻

的生物活性及对水稻的安全性[J]. 植物保护, 2020, 46(5): 229-234.

- [13] 杨永杰, 张建萍, 唐伟, 等. 水稻“播喷同步”和“插喷同步”封闭除草技术[J]. 中国稻米, 2020(5): 48-52.
- [14] 张建萍, 唐伟, 于晓玥, 等. 几种除草剂在机直播稻田“播喷同步”封闭除草技术中的应用[J]. 浙江农业科学, 2020(3): 484-486.
- [15] 王新华, 叶程成, 龚丽华. 机插稻田杂草发生与防除初探[J]. 上海农业科技, 2015(5): 152-153.
- [16] 金周浩, 姚士桐, 陆志杰, 等. 机插单季晚稻田杂草发生规律及防治药剂[J]. 浙江农业科学, 2011(5): 1097-1099.

(责任编辑: 田 喆)

(上接 319 页)

- [2] 李晶, 曾娟, 姜玉英, 等. 新疆小麦条锈病发生特点及流行规律初探[J]. 中国植保导刊, 2010, 30(6): 16-19.
- [3] WELLINGS C R. Global status of stripe rust: a review of historical and current threats [J]. Euphytica, 2011, 179(1): 129-141.
- [4] 康振生, 王晓杰, 赵杰, 等. 小麦条锈菌致病性及其变异研究进展[J]. 中国农业科学, 2015, 48(17): 3439-3453.
- [5] 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.
- [6] 李振岐, 曾士迈. 中国小麦锈病[M]. 北京: 中国农业出版社 2002: 49.
- [7] 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.
- [8] 蔚睿, 金彦刚, 吴舒舒, 等. 黄淮麦区小麦新品种(系)抗条锈水平与抗病基因分析[J]. 麦类作物学报, 2020, 40(3): 278-284.
- [9] 王明玉, 冀凯燕, 冯晶, 等. 104 个小麦品种抗条锈性及遗传多样性分析[J]. 植物保护学报, 2018, 45(1): 27-36.

- [10] 高海峰, 白微微, 陈利, 等. 新疆小麦条锈病和白粉病越冬调查[J]. 新疆农业科学, 2017, 54(9): 1670-1678.
- [11] 中华人民共和国农业部. NY/T 1443.1-2007, 小麦抗病虫害性评价技术规范第 1 部分: 小麦抗条锈病评价技术规范[S]. 北京: 中国农业出版社, 2007.
- [12] 樊玉, 薛楠, 李高宝, 等. 2013 年鄂西北小麦条锈菌群体毒性结构分析[J]. 麦类作物学报, 2015, 35(12): 1739-1745.
- [13] 李佼佼, 兰永红, 夏滔, 等. 2011 年西藏地区小麦条锈菌生理小种群结构分析[J]. 麦类作物学报, 2012, 32(5): 973-976.
- [14] 王付平. 新疆小麦条锈菌群体毒性和分子多样性分析及与中国西部其他流行区间的关系[D]. 杨凌: 西北农林科技大学, 2015.
- [15] 李伟华, 刘太国, 高海峰, 等. 伊犁河谷小麦条锈病菌源地调查研究[J]. 新疆农业科学, 2017, 54(9): 1679-1687.
- [16] 贾秋珍, 曹世勤, 王小明, 等. 2017 年—2018 年甘肃省小麦条锈菌生理小种变异监测[J]. 植物保护, 2021, 47(2): 214-218.

(责任编辑: 田 喆)

(上接 326 页)

- [22] RYSS A Y. Genus *Pratylenchus* Filipjev: multientry and monentry keys and diagnostic relationships (Nematoda: Tylenchida: Pratylenchidae) [J]. Zoosystematica Rossica, 2002, 10: 241-255.
- [23] WANG Ke, HAO Penghui, LIU Yankun, et al. Occurrence of *Pratylenchus coffeae* causing root rot of soybean in Shandong province of China [J]. Plant Disease, 2020, 105(4): 1227.
- [24] 陈晓玲, 李小妮, 高永峰, 等. 广州香蕉病原线虫咖啡短体线虫的形态学鉴定方法研究[J]. 广东农业科学, 2008(2): 55-57.
- [25] 王硕, 刘焱琨, 夏艳辉, 等. 河南烟草根际短体线虫鉴定及其致病性分析[J]. 西北农林科技大学学报(自然科学版), 2021, 49(1): 85-93.
- [26] 赵来顺, 杨宝君, 杨文博. 薯蓣的一种新病害—红斑病研究简报[J]. 植物病理学报, 1991, 21(3): 234.
- [27] TONG Fuchun, XIAO Yihua, WANG Qinli. Soil nematode

community structure on the northern slope of Changbai Mountain, Northeast China [J]. Journal of Forestry Research, 2010, 21(1): 93-98.

- [28] LIPHADZI K B, KASSIM A K, BENSCH C N, et al. Soil microbial and nematode communities as affected by glyphosate and tillage practices in a glyphosate-resistant cropping system [J]. Weed Science, 2005, 53(4): 536-545.
- [29] 刘方明, 孟维初, 刘今子, 等. 不同土地利用方式下土壤线虫群落的垂直分布分析[J]. 湖北农业科学, 2012, 51(19): 4266-4269.
- [30] 王晓平, 刘道峰, 张兆斌. 不同栽培因子对嘉祥细毛长山药产量的影响[J]. 山东农业科学, 2011(10): 40-42.
- [31] 许念芳, 宋计平, 刘少军, 等. 不同药剂对重茬山药线虫病防治效果[J]. 生物灾害科学, 2021, 44(2): 168-171.

(责任编辑: 田 喆)