

研究简报

Research Notes

甘肃 36 个小麦生产品种抗叶锈病基因分析及成株期抗性评价

黄瑾, 金社林*, 曹世勤, 贾秋珍, 骆惠生,
张勃, 孙振宇, 王小明

(甘肃省农业科学院植物保护研究所, 兰州 730070; 农业农村部天水作物有害生物科学观测实验站, 天水 741299)

摘要 为明确甘肃省主要小麦品种可能含有的抗叶锈病基因状况, 用来自甘肃不同地区的 22 个小麦叶锈菌生理小种, 在苗期对测试品种进行抗叶锈基因推导, 并对这些材料进行成株抗叶锈性鉴定。结果表明, 在已知抗叶锈病基因中, *Lr2B*、*Lr13*、*Lr16*、*Lr22A*、*Lr30* 和 *Lr14B* 等基因以单基因或基因组合的形式分别分布在‘灵选 6 号’‘会宁 15’‘兰天 37’‘陇鉴 113’‘兰天 151’‘兰天 134’和‘兰天 40’等 7 个小麦品种中。‘陇鉴 111’‘兰天 31’‘陇鉴 9343’‘天选 67’和‘天选 65’等 14 个品种可能含有与供试已知基因不同的抗性基因, ‘中梁 35’‘陇鉴 110’‘陇原 931’和‘天选 57’等 15 个小麦品种推导其不含有供试的抗叶锈病基因。成株期抗叶锈性鉴定表明: ‘陇原 931’‘陇鉴 9343’‘天选 57’‘天选 67’‘兰天 31’‘临麦 22’‘兰天 134’‘兰天 151’‘陇鉴 113’‘陇麦 838’和‘中梁 35’具有较好的成株期抗性, 具有抗叶锈病应用潜力。

关键词 小麦叶锈病; 基因推导; 抗病基因; 小麦叶锈菌

中图分类号: S 435.121.43 **文献标识码:** A **DOI:** 10.16688/j.zwbh.2019186

Postulation of leaf rust resistance genes of 36 wheat cultivars developed in Gansu and their resistance evaluation at adult-plant stage

HUANG Jin, JIN Shelin*, CAO Shiqin, JIA Qiuzhen, LUO Huisheng,
ZHANG Bo, SUN Zhenyu, WANG Xiaoming

(Institute of Plant Protection, Gansu Academy of Agricultural Sciences, Lanzhou 730070, China; Scientific Observing and Experimental Station of Crop Pests in Tianshui, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Tianshui 741299, China)

Abstract In order to clarify the leaf rust resistance genes in the wheat cultivars developed in Gansu, 36 wheat cultivars were selected to postulate the possible resistance genes contained by inoculating with 22 races of *Puccinia recondita* f.sp. *tritici* at seedling stage, and their leaf rust resistance was evaluated at adult-plant stage with artificial inoculation. The result showed that six leaf rust resistance genes *Lr2B*, *Lr13*, *Lr16*, *Lr22A*, *Lr30* and *Lr14B* either singly or in combination were postulated in 7 cultivars, such as ‘Lingxuan 6’ ‘Huining 15’ ‘Lantian 37’ ‘Longjian 113’ ‘Lantian 151’ ‘Lantian 134’ and ‘Lantian 40’. The fourteen cultivars such as ‘Longjian 111’ ‘Lantian 31’ ‘Longjian 9343’ ‘Tianxuan 67’ ‘Tianxuan 65’ etc. were deduced containing other genes different from the 42 known *Lr* genes used in this study. No *Lr* gene was detected in fifteen cultivars such as ‘Zhongliang 35’ ‘Longjian 110’ ‘Longyuan 931’ ‘Tianxuan 57’ etc. at seedling stage. Besides, the genotypes of ‘Longyuan 931’ ‘Longjian 9343’ ‘Tianxuan 57’ ‘Tianxuan 67’ ‘Lantian 31’ ‘Linmai 22’ ‘Lantian 134’ ‘Lantian 151’ ‘Longjian 113’ ‘Longmai 838’ and ‘Zhongliang 35’ are highly resistant to leaf rust at adult-plant stage and show potential use in wheat production and wheat resistance cultivar breeding.

Key words wheat leaf rust; gene postulation; resistance gene; *Puccinia recondita* f.sp. *tritici*

由隐匿柄锈菌小麦专化型 *Puccinia recondita* f.sp. *tritici* 引起的小麦叶锈病是影响小麦安全生

收稿日期: 2019-04-15 修订日期: 2019-06-17

基金项目: 国家自然科学基金地区基金(31560488); 甘肃省农业科学院农业科技创新专项(2016GAAS43, 2017GAAS100)

* 通信作者 E-mail: shelin_jin@gsagr.ac.cn

产的一种重要病害^[1],该病发生历史久远、分布广泛、流行性强、危害严重,在北美、欧洲、亚洲、大洋洲、非洲等几乎所有小麦种植区均有发生,病害流行年份可造成 40% 以上的产量损失^[2-3]。在我国,小麦叶锈病一直是河北、山西、内蒙古、河南、山东、山西、贵州、云南、黑龙江、吉林小麦生产上的重要病害。小麦叶锈病曾在 1969 年、1973 年、1975 年和 1979 年大流行,造成小麦减产严重,带来巨大的经济损失^[4]。近几年来,该病害在我国西南、西北、华北和东北以及长江流域、黄淮海流域发生逐渐严重。2012 年全国较大范围大发生,在甘肃、陕西、湖北、安徽、江苏、河南、山东、河北和内蒙古等地发生严重^[5]。2015 年和 2016 年黄淮海区小麦叶锈病的发生较往年提前了近一个月^[6]。小麦叶锈菌已知生理小种的毒性变化、新毒性生理小种的出现、叶锈菌群体中毒性小种的组成与数量变化^[7]和抗病品种的单一化长期种植等,是造成品种抗性丧失进而导致叶锈病暴发流行的主要原因^[8]。随着全球气候变暖,气象条件更加适合小麦叶锈病的发生和流行,未来可能会造成更大的危害^[6]。虽然化学防治快速有效,但选育并种植抗病品种是防控该病害最经济、有效和安全的方法^[9]。

目前,国际上已经发现了 100 余个小麦抗叶锈基因,其中正式命名的有 73 个。大多数已命名的抗病基因具有小种专化性,容易“丧失”抗性^[9-10],仅有 *Lr12*、*Lr13*、*Lr22* (等位基因 *a* 和 *b*)、*Lr34*、*Lr35*、*Lr37*、*Lr46*、*Lr48*、*Lr49*、*Lr67* 和 *Lr68* 等 12 个为成株抗叶锈病基因,其中 *Lr34*、*Lr46*、*Lr67* 和 *Lr68* 为成株微效基因,具有持久抗病性^[11]。因此探明品种的抗性特点及所具有的抗病基因对栽培持久抗性品种具有重要的意义。基因推导主要通过在一定环境条件下寄主与病原物相互作用的侵染型来判断,自 Flor^[12] 提出基因对基因学说以来,许多学者已利用已知基因载体品系与锈菌的互作关系,在推导中国小麦品种苗期抗病基因方面做了大量工作^[13]。用这种方法简单快速,且结果便于比较归类,因此,是小麦抗叶锈病基因快速检测的手段之一,并广泛应用^[14]。陈万权等^[15]在我国 24 份小麦品种中,推导出 *Lr1*、*Lr2c*、*Lr3bg*、*Lr10*、*Lr13*、*Lr14a*、*Lr16*、*Lr23*、*Lr26* 和 *Lr32* 等 10 个抗叶锈病基因;Li 等^[1]在我国小麦材料中鉴定出含有 *Lr1*、*Lr26* 以及新基因 *LrZH84*^[16]等;胡亚亚等^[17]在 14 份小麦材料中

推导出 *Lr1*、*Lr10*、*Lr26*、*Lr34* 和 *Lr50* 等 5 个抗叶锈病基因;安哲等^[18]在 31 个小麦品种中推导出可能含有 *Lr1*、*Lr2a*、*Lr11*、*Lr17*、*Lr18*、*Lr25*、*Lr30*、*Lr3bg* 和 *Lr50* 等 9 个抗叶锈基因;严晓翠等^[19]在 30 个小麦品种中检测到 *Lr1*、*Lr26*、*Lr13* 和 *Lr46* 等 4 个抗叶锈病基因;张林等^[20]在河南 16 个主栽小麦品种中推导出可能含有 *Lr1*、*Lr16*、*Lr26* 和 *Lr30* 抗叶锈基因;这些抗叶锈病基因的鉴定为我国不同地区品种的合理布局提供了有力的参考依据。

小麦叶锈病在甘肃过去一直为次要病害,但是近年来发生日趋加重。尤其在 2012 年,陇南市、天水市、平凉市、庆阳市、定西市小麦叶锈病中度偏重发生,局部地区大发生,总发病面积 52 万 hm^2 ,占播种面积的 70% 以上,发病严重田块产量损失超过 20%^[21]。2013 年和 2014 年,叶锈病在甘肃陇南麦区和中部麦区的一些区域仍然中度偏重发生。明确甘肃省主要小麦品种的抗叶锈基因及基因组合情况,掌握抗病基因分布情况,对于针对性开展抗病育种和进行抗病基因的合理布局,保证甘肃省小麦生产安全有着重要意义。为此,本研究以基因推导和成株期鉴定方法为主,对甘肃省 36 个小麦品种进行了抗叶锈基因分析,以明确主要小麦品种抗叶锈病基因组成情况,为甘肃省小麦品种合理布局,抗病育种及小麦叶锈病综合防控提供可靠依据。

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试品种:42 个携带已知抗叶锈病基因的鉴别寄主由华中农业大学兰彩霞教授和河北农业大学李在峰教授提供(表 1)。36 个甘肃省小麦主栽品种(表 2)由甘肃省农业科学院提供。感病品种‘铭贤 169’为对照。用于基因推导的 22 个不同毒性的小麦叶锈菌生理小种采自甘肃不同的小麦生态区,包括 THTS①、MHTN、SKSS、THTP、NHFN、NHFP、TCTP、TK-TT、TKTS、PKTT、THJS、NHTP、PHSS、LKKN、PCTT、PKJS①、THPS、PKJS②、SHTF、THTS②、PHTT 和 NHKP 等;用于成株期抗性鉴定的小麦叶锈菌混合小种由不同毒性谱的多个小种混合组成,包含上述 22 个不同毒性的小麦叶锈菌生理小种和甘肃自然种群中的优势毒性小种,由甘肃省农业科学院植物保护研究所麦病组保存。

1.2 苗期抗叶锈鉴定及基因推导

试验在甘肃省农业科学院植物保护研究所兰州温室进行。将所有供试品种及近等基因系(或单基因系)分别种植于直径为 9 cm 的花盆中,并以感病材料‘铭贤 169’为对照,每品种播种 7~9 粒。待小麦幼苗第 1 片叶完全展开时,采用孢子悬浮液喷雾法进行接种,置于(20±5)℃下黑暗保湿 24 h 后,移入温度为 15~28℃的温室内常规培养;待感病对照充分发病后,按 Roelfs 的标准^[22]对每套小麦品种进行叶锈病侵染型(抗感反应型)鉴定,并根据 Dubin 等^[23]提出的基因推导原则进行抗病基因推导。

1.3 成株期田间抗性鉴定

试验在甘肃省农业科学院植物保护研究所甘谷试验站进行。2017 年 10 月中旬将小麦按照行距 25 cm、行长 2 m 播种于试验田,垂直于播种行种植‘铭贤 169’作为接种行。在翌年 5 月初小麦拔节期,选择天晴无风的傍晚,用小麦叶锈菌混合菌种 1 g 加 1 000 mL 水,制备成 0.1% 的孢子悬浮液(含 0.1% 吐温 80)进行喷雾接种,保湿 14 h。待小麦到乳熟期,感病对照品种‘铭贤 169’严重度达到 80% 时,按 Roelfs 的侵染型分级标准^[22]进行病害调查,记载严重度、侵染型,成株期抗叶锈鉴定可参照 Li 等^[1]的方法。

2 结果与分析

2.1 苗期抗叶锈病基因分析

苗期接种鉴定出 22 个小麦叶锈菌生理小种对已知抗叶锈病基因载体品种及测试品种的侵染型(表 1,表 2)。在 42 个已知抗叶锈基因中,携带 *Lr9*、*Lr41* 和 *Lr47* 的载体品种对所有供试叶锈菌生理小种均表现抗病,但是由于待测材料的表现型与它们的抗性反应不同,因此推断 36 个供试材料可能不含有抗叶锈基因 *Lr9*、*Lr41* 和 *Lr47*。而携带 *Lr22B*、*Lr1*、*Lr12*、*Lr17* 和 *Lr26* 的载体品种对 22 个供试的小麦叶锈菌生理小种均表现为高感,因此这些基因也无法通过苗期接种鉴定而推导出来。在测试的 36 个品种中,共发现 7 个小麦品种具有 *Lr2B*、*Lr13*、*Lr14A*、*Lr16*、*Lr22A* 和 *Lr30* 等 6 个抗病基因,有 29 个品种不具有本试验选用的近等基因系所具有的已知抗叶锈基因。其中 *Lr2B* 对 THTP、NHFN、NHFP、PHSS、LKKN、PKJS①、PKJS②、

SHTF 和 NHKP 表现低反应型,对其他生理小种表现高反应型,*Lr13* 对 TKTT 表现低反应型,*Lr16* 对 TCTP 和 PCTT 表现低反应型,*Lr30* 对 SKSS、THJS、PHSS 和 PKJS②表现低反应型,‘灵选 6 号’对 MHTN、PKTT、LKKN、THPS 和 THTS②表现高反应型,对其他小种均表现低反应型,对所有 *Lr2B*、*Lr13*、*Lr16* 和 *Lr30* 无毒的小种均表现抗性,推断‘灵选 6 号’可能含有 *Lr2B*、*Lr13*、*Lr16*、*Lr30* 和其他未知基因或基因组合;*Lr22A* 对小种 THTP、LKKN 表现低反应型,对其他小种表现高反应型,‘会宁 15’‘兰天 37’和‘陇鉴 113’对所有 *Lr22A* 无毒的小种均表现抗性,表明这 3 个材料中可能含有 *Lr22A*。*Lr14A* 只对小种 PKJS①表现低反应型,对其他小种表现高反应型,‘兰天 151’和‘兰天 134’对 PKJS①表现低反应型,说明‘兰天 151’和‘兰天 134’可能含有 *Lr14A*;*Lr13* 对 TKTT 表现低反应型,对其他小种表现高反应型,‘兰天 40’除对 TKTT、THPS、PKJS②、THTS②表现低反应型外,对其他小种的反应型与 *Lr13* 一致,因此推导其可能含有 *Lr13* 基因。‘陇鉴 111’‘定西 48’‘陇鉴 385’‘兰天 31’‘陇中 2 号’‘陇鉴 9343’‘天选 67’‘静东 031’‘庄浪 13’‘临麦 22’‘陇春 30’‘成县 11’和‘天选 65’等 13 个品种与供试抗病基因品种的抗感反应型均不相同,由此推测这 13 个品种的抗性是由除供试抗叶锈基因之外的某个已知抗病基因或者多个已知或未知抗叶锈基因互作所产生的;‘天选 48’仅对 1 个供试小种表现抗性,该品种也不具有本试验所用的单基因系所具有的抗叶锈病基因。‘中梁 35’‘陇鉴 110’‘陇原 931’‘陇麦 838’‘陇春 27’‘武春 10 号’‘天选 57’‘会宁 18’‘定西 41’‘定西 42’‘临麦 33’‘临麦 34’‘临麦 35’‘陇中 1 号’‘甘春 24’15 个小麦品种对 22 个供试小种均表现感病,推导这些品种中不含有对这些小种表现抗性的抗叶锈基因。

2.2 成株期抗叶锈病鉴定

对这 36 个小麦品种接种混合小种进行了成株期抗叶锈鉴定,发现仅有‘陇原 931’表现免疫,7 个品种‘陇鉴 9343’‘天选 57’‘天选 67’‘兰天 31’‘临麦 22’‘兰天 134’‘兰天 151’在成株期表现低反应型(反应型在 0;~2 之间),有 28 个品种在成株期对混合小种表现感病,其中‘陇鉴 113’‘陇麦 838’和‘中梁 35’虽表现中度感病,但严重度仅为 20%,有慢叶锈病特性,是具有抗叶锈性应用潜力的品种。

表 1 已知抗叶锈病单基因系对 22 个小麦叶锈菌生理小种的苗期反应型

Table 1 Infection types of monogenic lines with known leaf rust resistance genes to 22 races of *Puccinia recondita* f. sp. *tritici*

Lr 基因 Lr gene	对小麦叶锈菌生理小种的反应型 Infection type to races of <i>Puccinia recondita</i> f. sp. <i>tritici</i>																					
	THTS①	MHTN	SKSS	THTP	NHFN	NHEP	TCTP	TKTT	TKTS	PKTT	THJS	NHTP	PHSS	LKKN	PCTT	PKIS①	THPS	PKJS②	SHTF	THTS②	PHTT	NHKP
Lr22B	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3
Lr1	3	3	3	3	3	4	3	3	3	3	4	3	3	3	3	3	4	3	3	3	3	3
Lr2A	3	2	3	3	1	1	3	3	3	2	3	2	1~2	0;~1	2	2	3	0;	3	3	1	0;
Lr2B	3	3	3	0;~2	2	1	3	3	3	3	3	3	0;~1	2	3	2	3	1~2	2	3	3	1
Lr2C	3	2	3	3	3	3	3	3	4	3	3	3	3	2	3	2	3	3	3	3	3	3
Lr3	3	3	1	3	0;	1	3	3	3	3	3	1	3	0;~1	3	3	3	3	2	3	3	1~2
Lr3KA	3	3	3	3	2	0;	3	3	3	3	0;	3	3	0;~1	3	1	3	0;~2	3	3	3	0;
Lr3BG	3	3	2	0;	0;	1	3	3	3	3	3	0;	3	1~2	3	2	3	3	3	3	3	1
Lr10	3	1	3	2	0;	1	0	3	3	3	3	2	3	0;	3	1	3	3	0;~1	3	3	0;
Lr11	3	3	3	3	2	2	3	3	3	3	3	3	3	3	3	1	2	3	3	3	3	3
Lr12	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	4	3	3	3	3	3	3	3
Lr13	3	3	3	3	3	3	3	2	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3
Lr14A	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	1	3	3	3	3	3	3
Lr14B	3	3	3	0;~2	3	3	3	3	3	3	3	1	3	3	3	3	3	2	3	3	3	3
Lr15	3	3	0	3	3	3	3	0;~1	3	2	3	3	3	3	2	3	2	3	3	3	1	3
Lr16	3	3	3	3	3	3	0;	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3
Lr17	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3
Lr18	2	1	2	3	2	3	3	3	2	3	2	3	2	2	3	2	2	0;~1	3	1	3	3
Lr21	3	3	2	3	3	2	3	3	2	3	3	3	3	0;~1	3	1	3	3	2	2	3	3
Lr22A	3	3	3	0	3	3	3	3	3	4	3	3	3	2	3	3	3	3	3	3	3	3
Lr26	3	3	3	3	3	3	4	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	4	3
Lr30	3	3	0;	3	3	3	3	3	3	3	0;	3	2	3	3	3	3	0;~1	3	3	3	3
Lr32	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	1~2	3	3	3	3	3	3	3
Lr33	3	3	3	3	3	3	3	3	4	3	3	3	3	3	2	3	3	3	3	3	3	3
Lr34	3	3	3	3	3	3	3	3	2	3	3	3	3	3	0;	3	3	3	3	3	3	3
Lr35	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	2	3	3	3	3	3	3	3
Lr36	2	1	3	2	1	1	3	2	2	1	3	1	2	2	0;~2	2	1	3	3	2	0;	2
Lr37	3	3	3	3	3	3	3	2	3	3	3	2	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3
LrB	3	3	3	3	3	4	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	0;~1	3	3	3
Lr41	0;	0;	0	0;	0;	1	0	0;~1	2	0;	0;	0;	1~2	0;	2	2	0;~1	0;	0;~2	0;	0;	0;
Lr44	3	1	1	3	0;	1	3	3	3	3	1	1	2	0;~1	3	2	3	0;	2	2	3	0;
Lr45	3	3	3	3	0;	3	3	3	3	0;	3	3	3	0;	3	3	3	3	3	3	3	0;
Lr47	0;	0;	0;	0;	0;	0;	0;	0;~1	0;~1	0;	0;	0;	1~2	0;	0;	0	0;	0;	0;~1	0;	0;	0;
Lr51	1	1	1	0	1	0;	0;~1	0;~2	0;	2	1	0;	0;~1	3	0;~1	3	0;	0;	0;	0;	2	0;~1
Lr53	3	3	3	0;	3	1	3	2	0;	3	3	3	0;	0;	0;~2	0;	3	1	0;	3	0	3
Lr9	0;	0;	0	0;	0	0;	0;	0;	0;~1	0;	0	0;	0;~1	0;	0;	0	0	0;	2	0;	0;	0;
Lr19	0;	0;	0	3	0;	0;	0;	3	0;	0;	0;	0;	0;~1	0;	0;	0;	0;	0;~1	0;~1	0;	0;	0;
Lr23	2	1	1	0;	2	2	0;	0;~1	2	3	2	1	2	0;~1	2	1	2	0;	2	1	0;	2
Lr24	0;	0;	3	2	0;	1	3	3	3	0;	0;	0;	0;~1	3	0;~2	1	0;	3	0;~2	0;	0;	0;
Lr28	0;	0	0	0;	0;	0;	0;	3	0;~1	0;	0;	0;	0;~1	0;	3	0	0;	0;	0;	0;	0	0;
Lr20	2	3	3	3	3	0;~1	2	0;~2	2	0;~2	3	0;	0;~2	3	0;~2	0;	1	0;	2	3	2	0;~1
Lr10,Lr27+31	2	1	0;	0;~2	0;	1	2	1~2	2	3	1	0;	1~2	0;~1	0;~1	1	1	0;~1	0;~2	1	3	0;

表 2 36 个小麦品种对 22 个小麦叶锈菌生理小种的苗期反应型¹⁾

Table 2 Infection types of 36 tested wheat cultivars or lines to 22 races of *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* at seedling stage

品种名称 Cultivar	对小麦叶锈菌生理小种的反应型 Infection type to races of <i>Puccinia recondita</i> f. sp. <i>tritici</i>																						携带基因 Postulated <i>Lr</i> gene
	THITS①	MHTN	SKSS	THIP	NHEN	NHEP	TCIP	TKTT	TKTS	PKTT	THIS	NHTP	PHSS	LKKN	PCTT	PKJS①	THPS	PKJS②	SHTF	THTS②	PHIT	NHKP	
灵选 6 号 Lingxuan 6	2	3	2	0	0	1	0	2	2	3	2	0	1	3	0	2	3	1	2	3	1	0	<i>Lr2B, Lr13, Lr16, Lr30, +</i>
陇原 931 Longyuan 931	3	3	3	3	4	3	3	4	3	3	4	3	3	3	4	3	3	3	3	3	4	3	无
陇鉴 110 Longjian 110	3	3	3	3	3	3	3	3	4	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	4	3	无
陇鉴 111 Longjian 111	2	3	3	3	2	3	4	3	3	3	3	2	3	3	3	3	3	3	3	4	3	3	+
陇鉴 113 Longjian 113	3	3	1	2	3	3	3	2	3	3	3	3	3	2	3	3	3	3	3	3	0	2	<i>Lr22A, +</i>
陇鉴 385 Longjian 385	3	3	3	3	3	3	4	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	+
陇鉴 9343 Longjian 9343	3	3	0	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	+
陇麦 838 Longmai 838	3	3	3	3	3	3	4	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	4	3	3	3	无
陇春 27 Longchun 27	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	无
陇春 30 Longchun 30	3	3	3	3	0	3	3	3	4	3	3	3	3	3	3	3	4	3	3	3	3	0	+
会宁 15 Huining 15	2	2	2	2	3	1	3	0	3	4	2	3	3	1	0	3	0	3	3	3	3	0	<i>Lr22A, +</i>
会宁 18 Huining 18	3	3	4	3	3	3	3	3	3	3	4	3	3	3	3	3	3	4	3	3	3	3	无
天选 48 Tianxuan 48	3	3	3	3	3	3	4	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	+
天选 57 Tianxuan 57	3	3	3	4	3	3	3	3	3	3	4	3	3	3	3	3	3	4	3	3	3	3	无
天选 65 Tianxuan 65	4	3	3	3	3	3	3	4	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	+
天选 67 Tianxuan 67	3	3	4	3	3	3	3	4	3	3	3	3	3	3	3	3	0	3	3	3	3	3	+
中梁 35 Zhongliang 35	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	4	3	3	3	无
定西 41 Dingxi 41	3	3	4	3	3	3	3	3	3	3	4	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	无
定西 42 Dingxi 42	3	3	3	4	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	无
定西 48 Dingxi 48	3	3	3	4	3	3	2	3	4	3	3	3	3	3	3	3	4	3	3	3	2	3	+
陇中 1 号 Longzhong 1	3	3	3	3	3	3	4	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	无
陇中 2 号 Longzhong 2	3	3	3	3	0	2	3	3	3	3	3	0	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	+
兰天 31 Lantian 31	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	0	3	3	3	3	3	+
兰天 37 Lantian 37	2	2	3	2	3	3	3	3	3	3	3	3	3	2	3	3	3	3	3	3	3	3	<i>Lr22A, +</i>
兰天 40 Lantian 40	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	1	0	3	0	3	3	<i>Lr13, +</i>
兰天 134 Lantian 134	2	2	1	2	0	1	3	3	2	3	2	3	1	0	3	2	3	3	2	3	3	3	<i>Lr14A, +</i>
兰天 151 Lantian 151	3	3	3	3	3	3	3	3	3	2	3	3	3	3	3	2	3	3	3	3	3	3	<i>Lr14A</i>
静东 031 Jingdong 031	3	2	3	3~	3	3	3	3	2	3	3	3	3	3	3	3	0	3	3	3	3	3	+
庄浪 13 Zhuanglang 13	3	2	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	+
成县 11 Chengxian 11	3	3	3	3	3	3	3	0	3	3	3	3	3	3	3	3	2	3	3	3	3	3	+
临麦 22 Linmai 22	3	3	3	3	3	3	3	0	3	3	3	3	3	3	3	3	0	3	3	3	3	3	+
临麦 33 Linmai 33	3	3	3	4	3	3	3	4	4	3	3	3	3	3	3	3	4	3	3	3	3	3	无
临麦 34 Linmai 34	3	3	3	4	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	4	3	3	3	3	3	3	无
临麦 35 Linmai 35	3	3	4	3	3	4	3	3	3	4	4	3	3	3	3	4	3	3	3	3	3	3	无
甘春 24 Ganchun 24	3	3	4	3	3	3	4	3	3	3	3	3	3	3	3	3	4	3	3	3	3	3	无
武春 10 号 Wuchun 10	3	3	3	4	3	3	4	3	3	4	3	3	3	4	3	4	4	3	3	3	3	3	无

1) “+”表示根据基因推导含有未知基因或基因组合。“+”presented unknown gene(s) possibly contained in cultivar by gene postulation.

表 3 36 个小麦品种田间成株期抗病性

Table 3 The resistance of the 36 cultivars to wheat leaf rust at adult-plant stage

No.	品种 Cultivar	系谱 Pedigree	反应型 Infection	严重度/% Severity
1	灵选 6 号 Lingxuan 6	—	3	40
2	陇原 931 Longyuan 931	—	0	0
3	陇鉴 110 Longjian 110	陇鉴 127/94t143-1-3-2	3	60
4	陇鉴 111 Longjian 111	1R-1/兰天 10 号	3	40
5	陇鉴 113 Longjian 113	—	3	20
6	陇鉴 385 Longjian 385	—	3	60
7	陇鉴 9343 Longjian 9343	贵农 21/兰天 1 号	2	20
8	陇麦 838 Longmai 838	—	3	20
9	陇春 27 Longchun 27	8858-2/陇春 8 号	3	40
10	陇春 30 Longchun 30	CM4860(CIMMYT 引进)	3	40
11	会宁 15 Huining 15	655-10-19-9/红农 1 号	3	60
12	会宁 18 Huining 18	奥伯尔/雅安 745507//天蓝偃麦草	3	40
13	天选 48 Tianxuan 48	9362-13-4-4/天 94-3	3	60
14	天选 57 Tianxuan 57	(RAH122/94×天 882)/(绵 89-41×89-181)	1	5
15	天选 65 Tianxuan 65	温麦 8 号/96c1-1	3	40
16	天选 67 Tianxuan 67	cp20-38-4-3-2/02-204-1-1-1-2-2-1	0;~2	20
17	中梁 35 Zhongliang 35	中 294-250/08T021	3	20
18	定西 41 Dingxi 41	8124-10/东乡 77-011	3	40
19	定西 42 Dingxi 42	8124-10/东乡 77-011	3	40
20	定西 48 Dingxi 48	—	3	40
21	陇中 1 号 Longzhong 1	84WR21-4-2/洛 8912	3	40
22	陇中 2 号 Longzhong 2	88113-28-4/陇原 935	3	40
23	兰天 31 Lantian 31	Long Bow/兰天 10 号	1	40
24	兰天 37 Lantian 37	兰天 23/周麦 17	3	60
25	兰天 40 Lantian 40	—	3	40
26	兰天 134 Lantian 134	陇原 932/兰天 15	0;~2	40
27	兰天 151 Lantian 151	—	0;~2	40
28	静东 031 Jingdong 031	—	3	40
29	庄浪 13 Zhuanglang 13	兰天 15/豫麦 53	3	40
30	成县 11 Chengxian 11	8937(植 763/8548 F1)/8966(巴地亚/77H29F1)	3	40
31	临麦 22 Linmai 22	—	2	20
32	临麦 33 Linmai 33	92 元 11/贵农 20	3	60
33	临麦 34 Linmai 34	94 云 05(94 选 4149/贵农 20)/92 元-1(82316/临麦 26)	3	60
34	临麦 35 Linmai 35	ZH15/9130-8	3	60
35	甘春 24 Ganchun 24	(张春 11 号/93-7-31//23416-8-1)/(矮败小麦/高加索)	3	40
36	武春 10 号 Wuchun 10	—	3	40

3 讨论

本试验利用基因推导和成株期抗锈性相结合的方法,评价了甘肃省 36 个供试小麦品种的抗叶锈性,从而掌握甘肃省主要小麦品种的抗叶锈性状况,为品种的合理布局及抗病育种提供参考。试验发现 36 个小麦品种中共有 16 个品种对供试的所有叶锈菌均表现感病,占测试品种的 44.4%;经苗期基因推导仅‘会宁 15’‘兰天 37’‘陇鉴 113’‘兰天 151’‘兰天 134’‘兰天 40’和‘灵选 6 号’含有已知抗病基因,占测试品种的 19.4%。‘兰天 151’和‘兰天 134’含有 *Lr14A* 基因,可能该抗病基因来源于同一亲

本;‘会宁 15’‘兰天 37’和‘陇鉴 113’可能携带有 *Lr22A*,‘兰天 40’可能携带有 *Lr13*,但此 4 个品种叶锈病田间严重度分别是 60%、60%、20%和 40%。‘会宁 15’‘兰天 37’和‘兰天 40’表现为成株期感病,‘陇鉴 113’表现为慢锈品种,因此‘会宁 15’‘兰天 37’和‘陇鉴 113’是否携带 *Lr22A*,‘兰天 40’是否携带 *Lr13* 有待进一步试验验证;供试材料中未推导出目前有效的抗叶锈病基因 *Lr9*、*Lr41* 和 *Lr47*。抗叶锈基因 *Lr1* 和 *Lr26* 是我国小麦品种中出现频率比较高的两个抗病基因^[25-27],但由于本试验缺少对 *Lr1* 和 *Lr26* 表现低毒力的生理小种,因此未能对 *Lr1* 和 *Lr26* 抗病基因进行推导。通过对甘肃省 36

个小麦主产品种的苗期抗叶锈性分析发现,这些品种对当地 22 个小麦叶锈菌生理小种表现出高度感病,且缺乏含有效抗叶锈病基因的品种,一旦条件适宜,小麦叶锈病在甘肃地区极易发生和流行,这应该引起生产管理部门和育种专家的注意和重视。

慢锈性一般在成株期表现,该类抗性对病原菌生理小种专化性较弱,表现潜育期长、孢子堆小和产孢量少^[24]。本研究通过成株期抗病性鉴定,得到‘陇原 931’‘陇鉴 9343’‘天选 57’‘天选 67’‘兰天 31’‘临麦 22’‘兰天 134’和‘兰天 151’8 个表现抗病的品种,‘陇鉴 113’‘陇麦 838’和‘中梁 35’3 个表现成株慢锈性的品种,这些材料中可能携带未知的成株抗叶锈基因,在小麦生产中具有应用潜力。

基因推导适合对单基因或单个主效基因进行分析。多基因互作、环境条件和品种遗传背景对基因表达效能有一定影响,在一定程度上影响了基因推导结果的准确性^[18],易受小种鉴别力不足或遗传背景等因素的影响,使鉴定结果受到限制。分子标记辅助筛选鉴定是采用与抗叶锈基因紧密连锁的分子标记对相应基因进行有效追踪的方法,是进行抗病基因鉴定的重要辅助工具,具有快速、准确和不受环境条件限制的特点^[28]。目前,已开发的与小麦抗叶锈基因 *Lr1*、*Lr2c*、*Lr9*、*Lr10*、*Lr12*、*Lr14a*、*Lr16*、*Lr19*、*Lr20*、*Lr21*、*Lr24*、*Lr25*、*Lr26*、*Lr28*、*Lr29*、*Lr32*、*Lr34*、*Lr35*、*Lr37*、*Lr38*、*Lr41*、*Lr42*、*Lr47* 和 *Lr50* 等紧密连锁或共分离的 STS(sequence tagged site)、SCAR(sequence characterized amplified regions)、SSR(simple sequence repeats)和 RAPD(random amplified polymorphic DNA) 标记可用于抗叶锈基因的快速、准确鉴定^[20]。本研究开展了 36 个小麦主栽品种的基因推导和成株期的抗病表型鉴定,为甘肃小麦品种的抗叶锈性特点提供了信息,同时也为甘肃省的抗锈育种提供理论依据;今后应加强有效的小麦叶锈病抗锈资源的分析,同时将基因推导法与分子标记检测法结合起来,为甘肃省小麦抗叶锈病育种、品种布局及综合防控提供更准确、可靠、有效的指导与依据。

参考文献

[1] LI Zaifeng, XIA Xianchun, HE Zhonghu, et al. Seedling and slow rusting resistance to leaf rust in Chinese wheat cultivars [J]. Plant Disease, 2010, 94(1): 45–53.

[2] ORDOÑEZ M E, GERMÁN S E, KOLMER J A. Genetic differentiation within the *Puccinia triticina* population in South America and comparison with the North American population suggests common ancestry and intercontinental migration [J]. Phytopathology, 2010, 100(4): 376–383.

[3] KNOTT D R. The wheat rust breeding for resistance [M]//GROSSMAN M, LINSKEN S H F, MALIGA P, et al. Monographs on theoretical and applied genetics. Berlin: Springer-Verlag, 1989: 191–198.

[4] 葛润静, 刘太国, 高利, 等. 2011–2012 年度中国六省小麦叶锈菌群体毒性分析[J]. 植物病理学报, 2015, 45(2): 175–180.

[5] 张林亚. 河北省 2001–2010 年小麦叶锈菌群体毒性与 EST-SSR 遗传多样性分析[D]. 保定: 河北农业大学, 2014.

[6] 金夏红, 冯国华, 刘东涛, 等. 小麦抗叶锈病遗传研究进展[J]. 麦类作物学报, 2017, 37(4): 504–512.

[7] MCINTOSH R A, YAMAZAKI Y, DEVOS K M, et al. Catalogue of gene symbols for wheat [C]//Proceedings of the 10th International Wheat Genetics Symposium. Paestum, Italy, 2003, 4: 1–6.

[8] LINE R F. Stripe rust of wheat and barley in North America: A retrospective historical review [J]. Annual Review of Phytopathology, 2002, 40: 75–118.

[9] MCINTOSH R A, DUBCOVSKY J, ROGERS W J, et al. Catalogue of gene symbols for wheat; 2011 supplement [J]. Annual Wheat Newsletter, 2011(57):303–321.

[10] HERRERA-FOESSEL S A, SINGH R P, HUERTA-ESPINO J, et al. *Lr68*: A new gene conferring slow rusting resistance to leaf rust in wheat [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2012, 124(8):1475–1486.

[11] BJARKO M E, LINE R F. Heritability and number of genes controlling leaf rust resistance in four cultivars of wheat [J]. Phytopathology, 1988, 4(78): 457–461.

[12] FLOR H H. Host-parasite interaction in flax rust-its genetics and other implications [J]. Phytopathology, 1955, 45: 680–685.

[13] 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.

[14] 杨文香, 朱之增, 王焕如, 等. 我国小麦叶锈菌鉴别寄主抗病性基因的推导[J]. 植物病理学报, 1994, 24(2): 181–184.

[15] 陈万权, 秦庆明, 陈扬林, 等. 我国 40 个小麦品种抗叶锈性研究[J]. 植物病理学报, 2001, 31(1): 16–25.

[16] ZHOU Huixin, XIA Xianchun, HE Zhonghu, et al. Molecular mapping of leaf rust resistance gene *LrNJ97* in Chinese wheat line Neijing 977671 [J]. Theoretical and Applied Genetics, 2013, 126(8): 2141–2147.

[17] 胡亚亚, 张娜, 李林懋, 等. 14 个小麦品种(系)抗叶锈性分析[J]. 作物学报, 2011, 37(12): 2158–2166.

[18] 安哲, 卢占芳, 张涛, 等. 31 个小麦品种(系)抗叶锈性分析[J]. 河北农业大学学报, 2018, 41(3): 7–13.

3 讨论

小新壳梭孢 *Neofusicoccum parvum* (Pennycook & Samuels) Crous, Slippers & A. J. L Phillips 是子囊菌葡萄座腔菌科 Botryosphaeriaceae 的一种无性型菌物^[2-3]。新壳梭孢 *Neofusicoccum* 是 Crous 等基于形态学和分子生物学证据于 2006 年建立的一个新属,其对应的有性型为葡萄座腔菌属 *Botryosphaeria*,小新壳梭孢是新壳梭孢 *Neofusicoccum* 的模式种^[3]。小新壳梭孢是引起多种林木和果树病害的常见病原真菌^[4-5],它对油桐、柑橘、蓝莓、鳄梨、芒果、桃、杏等多种林木和果树均可造成危害,引起枝条枯萎或茎干溃疡^[6-9]。

本研究中侵染厚皮香的小新壳梭孢在 PDA 培养基上不产生分生孢子,病组织在 25℃ 恒温保湿培养 10~14 d 后在发病部位可产生分生孢子器和分生孢子,分生孢子为梭形无色单孢,为类壳梭孢无性型,未发现其他类型的分生孢子。在 PDA 培养基和病组织上均未观察到有性世代,这与前人^[3,10-11]的研究结果一致,小新壳梭孢不易在人工培养基或病斑组织上产生有性世代。虽然 ITS 序列被认为是中等保守的,不易区分种间差异^[12],但在本研究中基于 rDNA-ITS 构建的系统发育树可以将小新壳梭孢和新壳梭孢其他种如 *N. arbuti* 或 *N. ribis* 很好地区分开来。

厚皮香枯梢病病原菌的鉴定为此病害的防治提供了基础和依据,但该病害的发生流行规律、侵染循环及防治措施等还需进一步研究明确,尤其是小新壳梭孢寄主范围广泛,本研究中的小新壳梭孢 2017SHTg 是否也可引起其他多种植物的溃疡或枯梢值得进一步研究。

参考文献

- [1] 罗卿权,路广亮,徐颖,等. 芽黄红瑞木枝干溃疡病原菌的鉴定及药剂防治[J]. 植物保护, 2017, 43(3): 122-128.
- [2] PENNYCOOK S R, SAMUELS G J. *Botryosphaeria* and *Fusicoccum* species associated with ripe fruit rot of *Actinidia deliciosa* (Kiwifruit) in New Zealand [J]. Mycotaxon, 1985, 24: 445-458.
- [3] CROUS P W, SLIPPERS B, WINGFIELD M J, et al. Phylogenetic lineages in the Botryosphaeriaceae [J]. Studies in Mycology, 2006, 55: 235-253.
- [4] 赵嘉平,梁军,吕全,等. 葡萄座腔菌属系统分类评述[J]. 林业科学研究, 2007, 20(3): 415-422.
- [5] BEGOUDE B A D, SLIPPERS B, WINGFIELD M J, et al. Botryosphaeriaceae associated with *Terminalia catappa* in Cameroon, South Africa and Madagascar [J]. Mycological Progress, 2010, 9(1): 101-123.
- [6] 王璠,黄俊斌,李国怀. 葡萄座腔菌属(*Botryosphaeria*)引起的果树病害及研究进展[J]. 植物保护, 2013, 39(6): 7-13.
- [7] 程燕林,梁军,吕全,等. 葡萄座腔菌科研究进展—鉴定,系统发育学和分子生态学[J]. 生态学报, 2011, 31(11): 3197-3207.
- [8] 廖旺娇,邹东霞,黄乃秀,等. 广西桉树溃疡病病原菌的鉴定[J]. 西南农业学报, 2016, 29(9): 1184-1189.
- [9] 袁志林,陈益存,汪阳东. 一种新发生的油桐叶枯病原真菌[J]. 菌物学报, 2011, 30(4): 658-662.
- [10] PLOETZ R C, PÉREZMARTÍNEZ J M, PALMATEER A J, et al. *Neofusicoccum parvum* causes a lethal dieback of *Syzygium paniculatum* in Florida [J]. Plant Pathology, 2010, 58(4): 801.
- [11] SHEN Y M, CHAO C H, LIU H L. First report of *Neofusicoccum parvum* associated with stem canker and dieback of Asian pear trees in Taiwan [J]. Plant Disease, 2010, 94(8): 1062.
- [12] 余仲东,赵官成,淡静雅,等. 葡萄座腔菌属 ITS-nrDNA 的分子系统学分析[J]. 菌物学报, 2010, 29(2): 285-293.

(责任编辑:王 音)

(上接 177 页)

- [19] 闫晓翠,李在峰,杨华丽,等. 30 个重要小麦生产品种抗叶锈性基因分析[J]. 中国农业科学, 2017, 50(2): 272-285.
- [20] 张林,王静,张梦雅,等. 河南省 16 个主栽小麦品种抗叶锈基因分析[J]. 植物遗传资源学报, 2017, 18(3): 546-554.
- [21] 齐爱勇. 小麦品种(系)苗期和成株期抗叶锈病基因发掘和分子定位[D]. 保定:河北农业大学, 2015.
- [22] ROELFS A P, SINGH R P, SAARI E E. Resistance to leaf and stem rusts of wheat: concepts and methods of disease management [M]. Edo. DE Mexico: CIMMYT, Mexico D F, 1992: 42-45.
- [23] DUBIN H J, JOHNSON R, STUBBS R W. Postulated genes for resistance to strip rust in selected CIMMYT and related wheat [J]. Plant Disease, 1989, 73(6): 472-475.
- [24] SINGH R P, HUERTA-ESPINO J, WILLIAM H M. Genetics

and breeding for durable resistance to leaf and stripe rusts in wheat [J]. Turkish Journal of Agriculture and Forestry, 2004, 29(2): 121-127.

- [25] HARRINGTON J B, REITZ L P, WORZELLA W W, et al. A summary of genetic studies in hexaploid and tetraploid wheat [J]. Journal of the American Society of Agronomy, 1946, 38:1082-1099.
- [26] MCINTOSH R A, WELLINGS C R, PARK R F. Wheat Rust: An atlas of resistance genes [M]. Canberra: CSIRO Publishing, 1995.
- [27] 师丽红,张娜,胡亚亚,等. 10 个小麦新品种(系)抗小麦叶锈性评价[J]. 中国农业科学, 2011, 44(14): 2900-2908.
- [28] 丁艳红,刘欢,师丽红,等. 28 个小麦微核心种质抗叶锈性分析[J]. 作物学报, 2010, 36(7): 1126-1134.

(责任编辑:王 音)