

山西省不同生态区小麦叶锈菌毒性研究

原宗英, 武英鹏, 李艳芳

(山西省农业科学院植物保护研究所, 山西 太原 030031)

摘要: 利用已知抗叶锈病基因的小麦近等基因系(或单基因系)作鉴别寄主, 监测来自山西省 3 个不同小麦生态区 11 个县(市)的 92 份叶锈标样。在发现的 27 个致病类型(毒性基因组合)中, TRK, TRT, PHT, THT 出现频率分别为 19.6%, 9.8%, 6.5%, 6.5%, 为优势致病类型。对叶锈菌群体毒性基因频率分析结果表明, 毒性基因 V19, V24, V38 的出现频率较低, 分别为 5.4%, 16.5% 和 0。其对应的抗性基因可视为山西省小麦叶锈菌的有效抗病基因。

关键词: 小麦; 叶锈菌; 近等基因系; 毒性基因; 致病类型

中图分类号: S435.121.4⁺3 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-7091(2001)03-0123-04

小麦叶锈病在山西省冬、春麦区普遍发生, 给小麦生产造成严重威胁。系统监测小麦叶锈病菌群体的毒性, 弄清山西省小麦叶锈菌群体毒性基因出现频率及消长动态, 对抗病育种、抗病基因合理利用和部署以及持久控制小麦叶锈病具有十分重要的意义。

1 材料和方法

1.1 材料来源

供试的小麦叶锈菌夏孢子标样为 1998 年、1999 年从山西省南部中熟冬麦区的芮城、运城、万荣、闻喜、临汾、曲沃以及中部晚熟冬麦区的介休、太原和北部春麦区的大同、应县、怀仁等 11 个县(市)采集而来的。以 Thacher 为背景的小麦抗叶锈病近等基因系(或单基因系)由中国农科院植物保护研究所提供。

1.2 试验方法

小麦叶锈菌标样用感病品种铭贤 169 繁殖。成套的小麦抗叶锈病近等基因系(或单基因系)鉴别寄主播种于直径 10 cm 左右的小花盆内, 每盆种 4 个单基因系, 5 盆为 1 套。待第 1 片叶伸展后, 用事先繁殖发病的铭贤 169 菌株进行苗对苗扫抹接种。每一菌株接 1 套单基因系, 每接完 1 套都进行严格消毒, 以防菌株之间相互污染。接种后将成套的单基因系放入保湿桶内保湿 20~24 h, 然后移入温室内, 待充分发病后记载侵染型, 侵染型分 6 级: 0Q(免疫), 0_i(近免疫), 1(高抗), 2(中抗), 3(中感), 4(高感)。毒性基因组合(致病类型)的命名采用小麦叶锈菌密码命名系统(Prt Code System)^[1]。

收稿日期: 2000-02-23

基金项目: 山西省自然科学基金资助项目(19991108)

作者简介: 原宗英(1960-), 女, 助理研究员, 主要从事小麦锈病的研究工作。

2 结果与分析

2.1 致病类型(毒性基因组合)出现频率

根据在 Lr1, Lr2a, Lr2c, Lr3, Lr3ka, Lr9, Lr11, Lr16, Lr17, Lr24, Lr26, Lr30 等 12 个鉴别基因上的反应, 可划分 27 个致病类型。主要致病类型有 TRK, TRT, PHT, THT, PRT, TRJ, SRK, THJ, PHK, PRK, TKK 等, 毒性公式和出现频率列于表 1。

表 1 山西省小麦叶锈菌主要致病类型及出现频率

致病类型	毒性公式(无毒力/有毒力)	出现频率(%)
TRK	3ka, 24/ 1, 2a, 2c, 3, 9, 11, 16, 17, 26, 30	19.6
TRT	24/ 1, 2a, 2c, 3, 3ka, 9, 11, 16, 17, 26, 30	9.8
PHT	2a, 9, 24/ 1, 2c, 3, 3ka, 11, 16, 17, 26, 30	6.5
THT	9, 24/ 1, 2a, 2c, 3, 3ka, 11, 16, 17, 26, 30	6.5
PRT	2a, 24/ 1, 2c, 3, 3ka, 9, 11, 16, 17, 26, 30	4.3
TRJ	3ka, 24, 30/ 1, 2a, 2c, 3, 9, 11, 16, 17, 26	4.3
SRK	3, 3ka, 24/ 1, 2a, 2c, 9, 11, 16, 17, 26, 30	3.3
THJ	3ka, 9, 24, 30/ 1, 2a, 2c, 3, 11, 16, 17, 26	2.2
PHK	2a, 3ka, 9, 24/ 1, 2c, 3, 11, 16, 17, 26, 30	2.2
PRK	2a, 3ka, 24/ 1, 2c, 3, 9, 11, 16, 17, 26, 30	2.2
TKK	3ka, 9/ 1, 2a, 2c, 3, 11, 16, 17, 24, 26, 30	2.2
其他		36.9

注: 其他表示出现频率小于 1.1%

由表 1 可见, TRK 出现的频率最高, 为 19.6%; TRT 的出现频率居第 2, 为 9.8%; PHT 和 THT 的出现频率均为 6.5%, 排第 3 位; 其余类型的出现频率在 4.3% 以下。

从主要致病类型的地区分布来看(表 2), TRK 在山西省 3 大麦区均有分布, 并在各麦区都居首位; TRT 主要分布在中部晚熟冬麦区和北部春麦区; PHT, THT 主要集中在中部晚熟冬麦区。各区生态条件和种植小麦遗传类型的不同, 对小麦叶锈菌致病类型的空间格局会产生一定影响。

表 2 山西省小麦叶锈菌主要类型的地区分布

致病类型	菌株数	频率(%)	分 布		
			南部中熟冬麦区	中部晚熟冬麦区	北部春麦区
TRK	18	19.6	4	7	7
TRT	9	9.8	1	4	4
PHT	6	6.5	1	5	0
THT	6	6.5	1	4	1
PRT	4	4.3	2	1	1
TRJ	4	4.3	1	2	1
SRK	3	3.3	0	1	2
THJ	2	2.2	1	1	0
PHK	2	2.2	0	2	0
PRK	2	2.2	0	1	1
TKK	2	2.2	1	1	0
其他	34	36.9	16	9	9
菌株数	92	100	28	38	26

2.2 毒性基因频率

将采自山西省不同生态区 11 个县(市)的 92 个小麦叶锈菌株分别接种在 20 个已知抗叶锈病基因的小麦近等基因系(或单基因系)上, 根据基因对基因原理, 分析了山西省小麦叶锈菌群体的毒性基因频率(表 3)。从表 3 可以看出: ①毒性基因 V19, V24 和 V38 出现的频率较低, 分别为 5.4%, 16.5%和 0, 其对应的抗性基因即 Lr19, Lr24, Lr38 为山西省小麦叶锈菌的有效抗病基因, 可供转育利用; ②毒性基因 V2a, V3ka, V9, V21 的出现频率在 42.4%~79.3%之间, 它们年度间的频率(表 3)和生态区间的频率(表 4)有一定差异, 其对应的抗性基因在不同区域内有一定的利用价值; ③毒性基因 V1, V2c, V3, V10, V11, V13, V14a, V16, V17, V18, V26, V30, V37 的出现频率在 83.7%以上, 其对应的抗性基因为山西省小麦叶锈菌的无效基因, 在抗锈育种上如单独利用无重要价值。

表 3 山西省小麦叶锈菌群体的毒性基因频率

毒性基因	对应的抗病基因系	频率(%)		
		1998	1999	加权平均
V1	TcLr1	100.0	100.0	100.0
V2a	TcLr2a	57.1	84.2	73.9
V2c	TcLr2c	100.0	100.0	100.0
V3	TcLr3	85.7	96.5	92.4
V3ka	TcLr3ka	71.4	24.6	42.4
V9	TcLr9	44.4	75.0	64.0
V10	TcLr10	100.0	98.0	98.8
V11	TcLr11	97.1	98.2	97.8
V13	TcLr13	100.0	100.0	100.0
V14a	TcLr14a	100.0	100.0	100.0
V16	TcLr16	100.0	94.7	96.7
V17	TcLr17	97.1	96.5	96.7
V18	TcLr18	80.0	87.7	84.8
V19	TcLr19	0	8.8	5.4
V21	TcLr21	48.6	98.2	79.3
V24	TcLr24	17.6	15.8	16.5
V26	TcLr26	100.0	98.0	98.8
V30	TcLr30	88.6	80.7	83.7
V37	V. P. M.	100.0	100.0	100.0
V38	Zhong #4(unawned)	0	0	0
测试菌株数		35	57	92

表 4 山西省不同生态区小麦叶锈菌毒性基因频率

生态区	菌株数	毒性基因频率(%)					
		V2a	V3	V3ka	V9	V21	V30
南部中熟冬麦区	28	78.6	100	35.7	68.4	92.9	75.0
中部晚熟冬麦区	38	60.5	97.4	71.4	52.9	76.3	92.1
北部春麦区	26	88.5	76.9	34.6	77.3	69.2	80.8

注: 各生态区之间毒性基因频率差异不大者未列入

有些毒性基因的出现频率在不同生态区之间存在有一定的差异。由表 4 可知, 毒性基因 V3ka 在南部中熟冬麦区和北部春麦区的出现频率较低, 其对应的抗性基因 Lr3ka 在以上两个地区为有效抗病基因。而毒性基因 V2a 和 V9 在中部晚熟冬麦区的出现频率相对较低, 它

们相对应的抗性基因 Lr2a 和 Lr9 在中部晚熟冬麦区是有效的。这一结果说明,就某一特定抗性基因而言,在某一地区无效,不等于在另一地区也无效,这对指导生态育种及抗锈基因的合理利用和部署是有重要意义的。

3 讨论

山西省在小麦叶锈菌的毒性基因研究上起步较晚,有关报道也很少^[2]。本研究的结果表明山西省小麦叶锈菌的毒性比较强,毒谱也较宽,大多数毒性基因的频率明显高于全国平均水平^[3,4];另外,从山西省出现的主要致病类型(毒性基因组合)来分析,大多为毒力比较强的致病类型。在研究小麦叶锈菌毒性基因的基础上,应进一步分析推导小麦品种的抗叶锈基因,从而弄清山西省重要小麦品种和育种材料所携带的抗病基因状况,为抗病基因多样化和抗病基因合理布局提供理论依据。目前,作者正在着手这方面的工作。

参考文献:

- [1] Long D L. A North American system of nomenclature for *puccinia recondita* f. sp. *tritici* [J]. Phytopathology, 1989, 79: 525—529.
- [2] 原宗英,李艳芳. 山西省小麦叶锈菌群体的毒性基因分析[J]. 山西农业科学, 1999, 27(2): 52—54.
- [3] 陈万权,秦庆明,陈扬林,等. 1992—1996 年我国小麦叶锈菌毒性动态[J]. 植物病理学报, 1998, 28(2): 101—106.
- [4] 秦庆明,陈万权,陈扬林. 1997 年我国小麦叶锈菌群体毒性分析[A]. 植物保护 21 世纪展望[M]. 北京: 中国科学技术出版社, 1998. 256—259.

A Study on the Virulence of *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* in Different Ecological Areas of Shanxi

YUAN Zong-ying, WU Ying-peng, LI Yan-fang

(Institute of Plant Protection, Shanxi Academy of Agricultural Sciences, Taiyuan 030031, China)

Abstract: 92 materials of *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* from 11 counties or cities in 3 ecological areas of Shanxi were tested by using near-isogenic lines(or monogenic lines) of wheat leaf rust resistance as differential hosts. The results indicated that the prevalent pathotypes were TRK, TRT, PHT and THT with the frequency of 19.6%, 9.8%, 6.5% and 6.5% respectively, among the 27 detected pathotypes. The analysis of virulence dynamics of *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* showed that the frequencies of V19, V24 and V38 were 5.4%, 16.5% and 0, respectively. It means that the wheat leaf rust could be effectively controlled by the corresponding resistance genes in Shanxi.

Key words: Wheat leaf rust; Near-isogenic lines; Virulence genes; Pathotype