

河北省小麦白粉菌群毒性基因研究*

高胜国

(河北省农林科学院植物保护研究所, 保定 071000)

摘 要 1993~ 1994年, 自河北省收集 154个小麦白粉菌株, 接种在 15个已知抗白粉病基因小麦品种及近等基因系上。结果表明, V_{1+} V_{3a} V_{3b} V_{3c} V_5 V_6 V_7 V_8 V_{1+2+9} 毒性基因出现频率最高, 均在 96% 以上; V_{17} 出现频率次之, 为 51. 9%; V_2 V_{4a} V_2 再次之, 出现频率分别是 25. 3%、26. 8% 和 9. 1%; 出现频率最低的是 V_{4b} 仅 3. 9%。在毒性基因组合中, 出现频率最高的是 V_{1+} V_{3a+} V_{3b+} V_{3c+} V_{5+} V_{6+} V_7 V_{8+} V_{1+2+9} 达 98. 1%, 其次是 V_{2+} V_{2+6} V_{2+} V_{4a} V_{4a+} V_{2+6} V_{4a+} V_{4b} V_{2+} V_{4b} V_{2+} V_{4a+} V_{4b} 出现频率分别为 3. 1%、2. 5%、1. 8%、1. 8%、1. 2%、1. 2%, 再次是 V_{4b+} V_{2+6} V_{2+} V_{4b+} V_{4b} V_{2+} V_{4b+} V_{4b+} V_{2+6} 出现频率均为 0. 6%, 这说明含有相应抗病基因的品种是高度抗病的, 能将其相应的抗病基因重组在一起, 对抗白粉病是有效的。

关键词 小麦 白粉菌 毒性基因

目前, 小麦白粉病在河北省已发展成为小麦上的重要病害。对其防治最经济有效的措施是使用抗病品种, 但品种抗性常随抗病良种种植面积的逐渐扩大, 其抗病性亦逐步丧失。经常注意病原菌群毒性基因构成的变化, 以便有针对性地选择使用抗源, 延缓品种抗性的丧失。因此了解病原群体的毒性基因结构、分布和频率变化, 对于小麦抗白粉病育种是十分必要的。小麦白粉病原菌群体毒性基因结构存在区域差异^[1]。我国小麦栽培面积广, 品种繁多, 生态条件各异, 为各种各样的白粉菌毒性基因群体创造了生存环境。故此有必要分别对各地区病原菌群体的毒性基因结构加以研究, 以便针对性地防治各地区小麦白粉病。本研究旨在查明河北省小麦白粉菌群毒性基因结构, 了解已知抗性基因在河北省的有效性, 为河北省小麦白粉病抗病育种的抗源选用及品种布局提供依据。

1 材料和方法

1.1 菌株的采集和保存

白粉菌标样采自河北 22个县、市, 于 1993~ 1994年间在小麦田间感病植株上采得, 后经单孢子堆分离和隔离繁殖, 共存活 154个菌株, 分别置于冰箱内, 保存在试管苗上。

1.2 毒性基因测定

供试的每个白粉菌株分别接种在 14个已知抗白粉病基因代表品种或近等基因系上, 依据

1991- 01- 25收稿。
* 河北省自然科学基金资助课题。

其表现的病害侵染型, 表示该菌系所具有的毒性。 试验按常规方法隔离种植各供试小麦品种, 幼苗 1 叶 1 心期接种, 采用活体苗法。 接种 10~ 12d 后记载各品种对各白粉菌株的反应级别, 按中国农科院植物保护研究所提出的小麦白粉病苗期抗性分级标准标划分。 侵染型共分 5 级, 0~ 2 级表示无毒性, 3~ 4 级表示有毒性

2 结果与分析

毒性基因鉴定结果以 V_{1k} V_{3a} V_{3b} V_{3c} V_5 V_6 V_7 V_8 V_{1+2+9} 的毒性基因出现频率最高, 均在 96% 以上, V_{17} 次之, 出现频率为 51. 9%, 再次是 V_3 V_{4a} V_{2+6} , 出现频率分别为 25. 3%、20. 8%、9. 1%, 出现频率最低的是 V_{4b} , 仅为 3. 9% (表 1)。 鉴定结果表明, 目前, 河北省小麦白粉菌由于 V_{2+6} V_{4a} 毒性基因出现频率较低, 说明含有相应抗病基因的品种如 C II 2633 Maris Huntsman Amada 等均有利用价值。 V_3 V_{4a} 毒性基因出现频率亦较低但已开始上升, 达 20% 以上, 仍有应用价值, 若与其它抗性较好的基因一起使用则较为可靠。

毒性基因组合测试结果表明, 同时具有 V_{1k} V_{3a} V_{3b} V_{3c} V_5 V_6 V_7 V_8 V_{1+2+9} 的毒性基因组合, 其出现频率高达 96% 以上 (表 2), 表明这些毒性基因在很大程度上可以联合致病, 因此即使将 P_{m1k} P_{m3a} P_{m3b} P_{m3c} P_{m5} 等相应抗病基因重组在一起, 其抗性亦是有限的。 出现频率较低的毒性基因组合有 V_{2+6} V_{2+} V_{2+6} V_{4+} V_{4b} V_{4a+} V_{2+6} V_{2+} V_{4a} V_{2+} V_{4b} V_{4a+} V_{2+6} 等。 这表明含有相应抗性基因组合的品种是高度抗病的, 如含有 P_{m2} P_{m6} 的品种 C II 2633 TP 114 等, 在大田确实表现高抗白粉病。 育种时选用这几类抗病基因组合进行抗病品种选育, 如将 P_{m4a} 与 P_{m4b} P_{m2} 与 P_{m4} 等进行重组, 选育出含有这几类基因重组的品种, 其抗白粉性在河北省将会是较好的, 抗性持续期亦将会是较长的。

供试菌株的毒性基因多数在 9~ 11 个之间, 这三类菌株的出现频率合在一起达 92. 5%, 说明河北小麦白粉菌的大多数菌株毒性谱较广。 其中含有 11 个毒性基因的组合, 每个菌株都含有一个对相应抗性较好的已知抗性基因致病的毒性基因, 这类基因出现频率占 19. 3%。 含有 12~ 14 个毒性基因的毒性基因组合, 每个菌株含有 2~ 4 个对相应抗性较好的已知抗性基因的致病毒性基因, 其出现频率是 5%。 含有 12~ 14 个毒性基因的毒性组合的出现频率虽较

表 1 1993~ 1994 年河北省小麦白粉菌群的毒性基因频率

| 已知抗病 基因品种 | 已知抗 病基因 | 有毒菌 株数 (个) | 毒性 基因 | 毒性基因 频率 (%) |
|------------------------------|---------------------|---------------|--------------------|----------------|
| A x m i n s t e s / 118 | P _{m1} | 150 | V ₁ | 97. 4 |
| U k a / 118 | P _{m2} | 39 | V ₂ | 25. 3 |
| A s o s a n / 118 | P _{m3a} | 148 | V _{3a} | 96. 1 |
| Ch u l / 118 | P _{m3b} | 148 | V _{3b} | 96. 1 |
| S o n o r a / 118 | P _{m3c} | 150 | V _{3c} | 97. 4 |
| Ch a p l i / 118 | P _{m4a} | 32 | V _{4a} | 20. 8 |
| A m a d a | P _{m4b} | 6 | V _{4b} | 3. 9 |
| H o p e | P _{m5} | 152 | V ₅ | 98. 7 |
| J i n g l e n | P _{m6} | 151 | V ₆ | 98. 1 |
| J r a n s t e d | P _{m7} | 149 | V ₇ | 96. 8 |
| 高加索 | P _{m8} | 149 | V ₈ | 96. 8 |
| N o r m a n d i e | P _{m1+2+9} | 151 | V ₁₊₂₊₉ | 98. 1 |
| A m i g o | P _{m17} | 80 | V ₁₇ | 51. 9 |
| C i l 2633 | P _{m2+6} | 14 | V ₂₊₆ | 9. 1 |
| Ch a n c e l l e s (感病对照) | — | 154 | — | 100 |

注: 供试菌株共 154 个。

低,但其毒性较强,对相应抗源的利用构成潜在危险。鉴于这种情况,需及早着手进行毒性基因频率低的相应抗性基因的重组

表 2 河北省小麦白粉菌群毒性基因组合类型

| 编号 | 毒 性 基 因 组 合 | 菌株出 现次数 | 基因组合 频率(%) | 菌株含有毒性基因 | |
|----|--|------------|---------------|----------|-------|
| | | | | 数目 | 频率(%) |
| 1 | 2 17 | 1 | 0.6 | 2 | 0.6 |
| 2 | 1 3c 5 | 1 | 0.6 | 3 | 0.6 |
| 3 | 1 3c 5 6 7 8 1+ 2+ 9 | 1 | 0.6 | 7 | 1.2 |
| 4 | 3a 3c 5 6 7 8 1+ 2+ 9 | 1 | 0.6 | 7 | 1.2 |
| 5 | 1 3h 3c 5 6 7 8 1+ 2+ 9 | 1 | 0.6 | 8 | 0.6 |
| 6 | 1 3a 3h 4a 5 6 7 8 1+ 2+ 9 | 1 | 0.6 | 9 | 52.5 |
| 7 | 1 3a 3h 3c 5 6 7 8 1+ 2+ 9 | 80 | 51.9 | 9 | 52.5 |
| 8 | 1 2 3a 3h 3c 5 6 7 8 1+ 2+ 9 | 16 | 10.4 | 10 | 20.1 |
| 9 | 1 3a 3h 3c 4a 5 6 7 8 1+ 2+ 9 | 12 | 7.8 | 10 | 20.1 |
| 10 | 1 3a 3h 3c 5 6 7 8 1+ 2+ 9 2+ 6 | 3 | 1.9 | 10 | 20.1 |
| 11 | 1 2 3a 3h 3c 5 6 7 8 1+ 2+ 9 2+ 6 | 1 | 0.6 | 11 | 19.9 |
| 12 | 1 2 3a 3h 3c 5 6 7 8 1+ 2+ 9 17 | 13 | 8.4 | 11 | 19.9 |
| 13 | 1 2 3a 3h 3c 5 6 7 8 1+ 2+ 9 2+ 6 | 1 | 0.6 | 11 | 19.9 |
| 14 | 1 3a 3h 3c 4a 5 6 7 8 1+ 2+ 9 17 | 8 | 5.2 | 11 | 19.9 |
| 15 | 1 3a 3h 3c 4h 5 6 7 8 1+ 2+ 9 17 | 3 | 1.9 | 11 | 19.9 |
| 16 | 1 3a 3h 3c 5 6 7 8 1+ 2+ 9 17 2+ 6 | 4 | 2.6 | 11 | 19.9 |
| 17 | 1 2 3a 3h 3c 5 6 7 8 1+ 2+ 9 2+ 6 | 1 | 0.6 | 11 | 19.9 |
| 18 | 1 3a 3h 3c 4a 5 6 7 8 1+ 2+ 9 17 2+ 6 | 2 | 1.3 | 12 | 2.6 |
| 19 | 1 2 3a 3h 3c 5 6 7 8 1+ 2+ 9 17 2+ 6 | 2 | 1.3 | 12 | 2.6 |
| 20 | 1 2 3a 3h 3c 4a 5 6 7 8 1+ 2+ 9 17 2+ 6 | 1 | 0.6 | 13 | 1.8 |
| 21 | 1 2 3a 3h 3c 4a 4h 5 6 7 8 1+ 2+ 9 17 | 1 | 0.6 | 13 | 1.8 |
| 22 | 1 3a 3h 3c 4a 4h 5 6 7 8 1+ 2+ 9 17 2+ 6 | 1 | 0.6 | 13 | 1.8 |
| 23 | 1 2 3a 3h 3c 4a 4h 5 6 7 8 1+ 2+ 9 17 2+ 6 | 1 | 0.6 | 14 | 0.6 |

注:供试菌株共 154个

3 讨论

本试验结果表明,在河北省小麦白粉菌群中,含有 9~ 14个毒性基因的毒性基因组合出现频率占总菌株的 97.5%,对抗性较好的基因致病的毒性基因均有不同程度出现,甚至出现对 P_{m3} P_{m4a} P_{m4b} P_{m2+} 联合致病的菌株,其毒性基因结构的复杂性不亚于四川^[2]、贵州^[3]。四川、贵州一带是小麦白粉病的多发区,可周年循环,有性与无性世代均对白粉菌的变异起作用^[4]。其白粉菌群的毒性基因构成复杂可以理解。河北省地处平原,气候干燥,越冬越夏困难,主要以无性世代起作用。毒性基因结构的复杂性究竟是由于大气传播外来菌源造成的,还是由本地区高山地带存在可以有性世代造成菌系变异所致,尚待研究。

鉴定结果表明,V₁的毒性频率是 51.9%。相对应的抗性基因 P_{m17}并未在河北省的生产上加以利用,而测试结果则有一半以上菌系对其致病,这表明自然界白粉菌群毒性基因结构极其复杂,同时提醒我们在利用新引入抗源之前,需进行毒性基因频率测定,以了解该抗病基因对所应用到的白粉菌群的反应,避免产生不必要的失误。

鉴定结果显示, V_2 V_{4a} V_4 的毒性基因频率较低, 应尽早加以利用。但若单独使用, 尤其是 Pm_2 , 由于其毒性基因 V_2 已达 25.3%, 一旦在生产推广含此类基因品种, 势必会使含有 V_3 V_{4a} V_{4b} 等毒性基因菌系大量增殖, 最终将很快丧失其抗性, 故应及早开展相应 V_3 V_{4a} V_{4b} 等毒性基因的抗性基因的重组利用, 以使育成品种保持较久的抗性。毒性基因组合 V_{4a+} V_{4b} V_2 + V_{4b} V_{2+} V_{4a} 等出现频率均较低, 都不超过 3.1%。现已存在能使这几类基因组合联合致病的毒性基因组合, 应及时运用其相应抗性基因组合进行抗性育种, 并及早引入新的抗病种质, 以做后备, 迅速开拓新的抗病种质。

参 考 文 献

- 1 李永顺, 等. 小麦白粉菌生理小种研究初报. 贵州农业科学, 1980(3): 49~ 51
- 2 李隆业, 等. 小麦白粉菌群体的毒性基因研究. 植物病理学报, 1992, 22(1): 55~ 58
- 3 王锡锋, 等. 河北省小麦白粉菌生理小种及其致病性测定. 植物保护学报, 1992, 19(4): 303~ 308

A Study on Virulence Genes of Wheat *Erysiphe graminis* f. sp. *Tritici* Population in Hebei Province

Gao Shengguo

(Institute of Plant Protection, Hebei Academy of Agricultural and Forestry Sciences, Baoding 071000)

Abstract In 1994 and 1995 154 strains of *Erysiphe graminis* f. sp. *tritici* collected from Hebei Province were inoculated on 15 wheat cultivars and isolines with known powdery mildew resistance monogenes. The virulence gene frequencies of V_1 , V_{3a} , V_{3b} , V_{3c} , V_5 , V_6 , V_7 and V_8 appeared very high (more than 96%), followed by V_{17} (51.9%), the virulence gene frequencies of V_2 and V_{4a} were 25.3% and 20.8%, respectively, and those of V_4 were low (less than 3.9%). Virulence gene combinations frequencies of V_{1+} V_{3a+} V_{3b+} V_{3c+} V_{5+} V_6 + V_{7+} V_8 and V_{1+} V_{2+} V_9 appeared very high (90% - 98%). The virulence gene combination frequencies of V_{2+} V_{4a} , V_{2+} V_{4b} , V_{2+} V_6 , V_{4a+} V_{17} , V_{4a+} V_{4b} , V_{2+} V_{4a+} V_6 , V_{2+} V_{4a+} V_6 were low (less than 2.6%), it showed that cultivars with corresponding resistance gene combinations would be highly resistant.

Key words Wheat *Erysiphe graminis*; Virulence genes