

中国小麦条锈病研究与防控

Researches and control of wheat stripe rust in China

马占鸿*

(中国农业大学植物保护学院植物病理学系, 农业部作物有害生物监测与绿色防控重点实验室, 北京 100193)

Ma Zhanhong*

(Department of Plant Pathology, MOA Key Lab of Pest Monitoring and Green Management, College of Plant Protection, China Agricultural University, Beijing 100193, China)

小麦条锈病是影响我国小麦安全生产的重要生物灾害,对小麦生产具有毁灭性危害,号称“国病”,流行年份可导致小麦减产40%以上,甚至绝收。其病原菌条形柄锈菌专化型 *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* 孢子(尤其是其夏孢子和锈孢子)可随高空气流远距离传播,具有暴发性和大区流行的特点,其有效防控是长期的国际难题。该病在世界五大洲均有分布,我国是世界上小麦条锈病发生面积最大、危害损失最重的国家之一(李振岐和曾士迈,2002),病害发生流行规律比其它国家更加复杂多变,自成独立的流行体系,常年主要发生地有甘肃、宁夏、新疆、青海、陕西、湖北、河南、河北、山东、山西、四川、云南、贵州、重庆等省区。自建国以来,该病在我国年均发生400万 hm^2 左右,每年都因该病害造成大量的小麦产量损失,特别是1950、1964、1990、2002和2017年5次大流行,发生面积均超过550万 hm^2 ,损失小麦共计138亿kg。

1 小麦条锈病识别与流行规律

小麦生产中发病严重的条锈病与叶锈病、秆锈病在症状上容易混淆。一般小麦条锈病菌夏孢子堆成条状;叶锈病菌夏孢子堆近圆形,较大,不规则散生,主要发生在叶面,成熟时表皮开裂一圈;秆锈病则多发生于茎秆,病斑大而红,这些都有别于条锈病,基层工作者总结的一句“条锈成行、叶锈乱、秆锈是个大红斑”很好地概括了3种锈病的症状特征。实际工作中,若一时难以区分,有一个简单的办法可快速区分条锈和叶锈,即取少许夏孢子放在载玻片

上,往孢子上滴一滴浓盐酸后镜检,若观察到孢子内原生质收缩成数个小团即为条锈病菌,收缩成一个大团则是叶锈病菌(马占鸿,2010)。

小麦条锈病菌主要以夏孢子在小麦上完成周年的侵染循环,转主寄主为小檗(Jin et al., 2010; Zhao et al., 2016)。其侵染循环可分为越夏、侵染秋苗、越冬、传播导致春季流行4个环节。其中越夏多在自生麦苗上,期间有多次再侵染,越夏后传播侵染秋苗后有2~3次再侵染进入越冬,陕南、鄂西北、豫南及西南冬繁区冬季仍有2~3次再侵染,形成春季菌源,传播后导致河南大部、河北、山东、山西、安徽、湖北、江苏、四川、陕西等小麦主产区春季流行,春季流行期有3~4次再侵染。各期完成1次侵染的时间与当地品种和温度有关,少则7~9 d,多则可达20 d以上。小麦条锈病菌在我国陇南陇东、川西北、青东、宁南等地夏季最热月份旬均温在22℃以下的地区越夏(马占鸿等,2004;石守定等,2005),成为秋季菌源基地。秋季越夏的菌源随气流传播到冬麦区(川东南、陕南、鄂西北及豫南等)后,遇有适宜的温湿度条件即可侵染冬麦秋苗,秋苗的发病开始多在冬小麦播后1个月左右(沈丽等,2008;王海光等,2009),如2017年四川省梓潼县东石乡柴坝村冬小麦10月20日播种,11月20日就见病了。秋苗发病迟早及多少,与菌源距离和播期早晚有关,距越夏菌源近、播种早则发病重。当平均气温降至1~2℃时,小麦条锈病菌开始进入越冬阶段(Zeng & Luo, 2006; Wan et al., 2015; Liang et al., 2016)。

小麦条锈病在我国有秋季菌源基地和春季菌源

基金项目: 国家重点研发计划(2016YFD0300702, 2016YFD0201302), 宁夏重点研发计划(东西部科技合作项目)

* 通信作者 (Author for correspondence), E-mail: mazh@cau.edu.cn

收稿日期: 2017-12-15

基地2大菌源基地,其中陇南陇东、川西北、青东、宁南等地为秋季菌源基地,为条锈病菌冬繁区秋苗提供菌源。12—1月旬平均气温低于 $-6\sim-7^{\circ}\text{C}$ 的德州、石家庄、介休一线以北,病菌不能越冬,而这一线以南以东地区,即冬季最冷月旬均温不低于上述温度的四川盆地、陕西关中、汉中、安康及鄂西北、豫南、滇、黔等地,该病菌则可以夏孢子和菌丝状态在病叶上或病叶里越冬(马占鸿等,2004;石守定等,2005),成为当地及邻近麦区春季流行的重要菌源基地,这些地区也即春季菌源基地。翌年小麦返青后,春季菌源基地越冬病叶上的夏孢子开始传播扩散,或病叶中的菌丝体复苏扩展,当旬均温上升至 5°C 时显症产孢,如遇春雨或结露,病害扩展蔓延迅速,孢子借助高空气流远距离传播到小麦主产区引致春季流行危害,成为该病主要为害时期。在具有大面积感病品种前提下,2大菌源基地的越冬菌量和春季降雨成为病害流行的2大重要条件。如遇较长时间无雨、无露的干旱情况,病害扩展就减缓或中断。因此常年发生春旱的华北发病轻,华东春雨较多,但气温回升过快,温度过高则不利该病扩展,发病也轻。只有早春低温持续时间较长,又有春雨的条件下发病重。品种抗病性差异明显,但大面积种植具同一抗源的品种,由于病菌小种的改变,往往造成抗病性丧失,导致病害流行。

2 小麦条锈病防控

小麦条锈病是气传病害,必须采取以种植抗病品种为主,药剂防治和栽培管理措施为辅的分区综合防治策略,才能有效地控制其危害。每年年底全国农业技术推广服务中心都会根据越冬菌源量调查结果、气象部门的天气预报和品种布局等因素,组织专家会商综合分析,预测并发布来年全国条锈病发生危害程度和面积,以指导各级农业部门加强病害预防,确保小麦丰收。

我国小麦条锈病每年防治的重视程度依发生程度而定,其中,发生程度分级标准,根据姜玉英等(2011)研究:1级(轻发生): $\leq 67\text{万 hm}^2$;2级(中度偏轻发生): $67.1\text{万}\sim 134\text{万 hm}^2$;3级(中度发生): $134.1\text{万}\sim 268\text{万 hm}^2$;4级(中度偏重发生): $268.1\text{万}\sim 400\text{万 hm}^2$;5级(大发生): $>400\text{万 hm}^2$ 。2级以上就需要防治。达到4级时,各级政府就要高度重视,全力以赴开展防控工作。是否需要提前作好预防,也是建立在预测的基础之上。根据多年经验,每年甘肃省小麦条锈病秋苗发生情况直接影响到全国小麦条锈病的发

生危害。蒲崇建等(2012)建立了以甘肃省小麦条锈病秋苗发生面积为自变量 x ,翌年全国发生面积为因变量 y 的全国发生面积预测模型($y=16.169x-140.538\pm 84.31$),预测准确率在88%。

我国在小麦条锈病防治方面采取分区防治策略。其中,针对秋季菌源基地,即陇南陇东、川西北、宁南、青东等越夏易变区,也是核心菌源区,采取抗锈良种和药剂拌种,结合停麦改种压缩小麦种植面积和适期晚种等综合措施进行治理;针对春季菌源基地,重点是抓好川东、陕南、渝北、鄂西北、豫南及滇、黔(目前菌源对大区流行的作用不清)等冬季繁殖区的早期药剂防治,对重点发病田块采取“带药侦察,发现一点控制一片”,及时控制发病中心;针对春季流行区,包括河南大部、河北、山东、山西、安徽、湖北、江苏、四川、陕西等,提倡麦田“一喷三防”,统防统治,以控制病害的区域扩散蔓延。黄淮海等春季流行区,要加强病情监测,一旦病叶率达到5%,及时进行喷药防治。

在应用抗病品种方面,注意抗锈品种合理布局。利用抗病品种群体抗性多样化或异质性来控制条锈病菌群体组成的变化和优势小种的形成。避免品种单一化,但也不能过多,并注意定期轮换,防止抗性丧失。在2大菌源基地,大力提倡播前药剂拌种。药剂拌种用种子重量0.03%(有效成分)三唑酮,即用25%三唑酮可湿性粉剂15 g拌麦种150 kg或12.5%特谱唑可湿性粉剂60~80 g拌麦种50 kg。春季流行区大田喷药防治方面,一般采用三唑类、烯唑类为主的高效低毒内吸杀菌剂,每 667 m^2 用15%三唑酮粉剂80~100 g,或25%烯唑醇粉剂30~40 g,或12.5%悬浮剂40 mL喷雾防治,防效可达90%以上。

3 小麦条锈病主要研究成果

党和国家历来高度重视小麦条锈病的研究和防治工作,早在1964年周恩来总理就指示“要像对付人的癌症一样抓小麦锈病”,“今后继续实践,继续研究,继续观察,不断改进,求得扩大效益,减轻病害”。21世纪初,温家宝总理和回良玉副总理也先后多次对小麦条锈病的防控工作做出重要批示,强调要采取综合治理措施,要有治本之策。然而,小麦条锈病有长期性、流行性和变异性等特点,该病在我国频繁暴发成灾的根本原因是菌源基地缺乏有效治理。

为有效控制小麦条锈病,我国农业植保科技工

作者经过长期不懈的努力,对小麦条锈病发生流行规律开展了深入系统的研究。通过全国小麦锈病工作者50多年的长期大协作,对小麦条锈病的症状识别、发生危害特点、流行传播规律、病菌致病性变异、品种抗病性遗传与变异以及病害综合防治理论与技术等方面开展了广泛深入的系统调查和试验研究,完整地揭示了中国小麦条锈病的流行体系,查明了中国小麦条锈病菌的越夏、越冬地区、方式和条件,明确了病害大区流行规律、菌源传播规律以及病菌致病性变异与品种抗病性“丧失”的关系;建立了一整套切合中国实际的条锈病菌生理小种鉴别寄主和监测系统(Chen et al., 2009),对各时期流行小种组成、变化进行了系统监测,先后发现了34个生理小种(刘博等, 2017)及其致病基因和24个致病类型;发现中国小麦条锈病存在秋季菌源和春季菌源2大菌源基地,明确了病害源头与治理重点区域。研究发现陇南陇东、川西北、青东、宁南等地区是中国小麦条锈病的重要菌源基地、病菌新小种产生的策源地和品种抗病性变异的易变区。首次提出“重点治理越夏易变区、持续控制冬季繁殖区和全面预防春季流行区”的病害分区治理策略。即越夏易变区以推广“抗锈良种、药剂拌种、退麦改种和适期晚种的两种(zhǒng)两种(zhòng)防病技术体系”、冬季繁殖区以“种植抗锈良种、秋播药剂拌种、春夏季带药侦查、打点保面的两种一喷防病技术体系”和春季流行区以“种植慢锈或成株抗病品种、实时监测、达标(病叶率达到5%)统防统治”防病技术体系的分区综合治理技术体系,防病增产效果显著,在综合防控技术理论与实践方面做出了重大贡献。

我国小麦条锈病的研究有长期的工作积累和优良的协作研究传统,全国一盘棋,自20世纪70年代起,国内科研、教学、生产及管理、推广部门就形成了小麦条锈病研究协作组,该协作组一直延续至今,各单位分工协作、联合攻关,攻克了小麦条锈病一个个科学难题,涌现了以李振岐、曾士迈2位院士及陈善铭、汪可宁、刘汉文、谢水仙、王吉庆、吴立人、肖悦岩等为代表的老一辈条锈病专家和以康振生、陈万权、马占鸿等为代表的新一代条锈病专家。

20世纪80年代,陈善铭、汪可宁、李振岐、刘汉文、曾士迈、路端谊、谢水仙、王吉庆、阮寿康、黄光明、吴立人、宋位中、袁文焕、刘孝坤、洪锡午、杨世诚等完成并获国家自然科学奖二等奖的“中国小麦条锈病流行体系”(国家自然科学奖励委员会, 1987)研究成果,根据中国小麦条锈病的流行体系,制定出了

“综合治理越夏易变区,保护广大冬麦区”的防锈策略,提出了可行的病害预测预报方法,准确率达78%,研发出包括粉锈宁药剂拌种、适期晚播、深翻灭苗、停麦改种以及作物多样性和品种抗病基因多样性利用在内的一系列病害关键防治技术,并在菌源基地进行较大规模的试验示范和推广应用,控害保产效果显著。分别以Taichung 29(春性)和铭贤169(冬性)为轮回亲本,成功选育出分别携带13个和7个不同抗条锈病基因的2套小麦单基因近等基因系;建立了一套切合中国实际的鉴别寄主和监测系统,对各时期流行小种组成、变化做了系统检测,发现了28个小种,为抗锈育种和品种合理布局提供必要依据;阐明了建国后品种抗性6次大变化主要是由小种、品种互作所致。上述研究成果有重要的理论和实际意义,对1965年以来未发生全国大流行起了重大作用,对我国植病学科发展有明显影响,在国际上对小麦条锈病研究也有重要参考价值。

2013年,由中国农业科学院植物保护研究所、西北农林科技大学、中国农业大学、全国农业技术推广服务中心、甘肃省农业科学院植物保护研究所等23家单位及陈万权、康振生、马占鸿、徐世昌、金社林、姜玉英、蒲崇建、沈丽、宋建荣、王保通、张忠军、赵中华、彭云良、张跃进、刘太国等50多位(实际参与人员超过200位)条锈病研究者协作完成并获得国家科技进步一等奖的“中国小麦条锈病菌源基地综合治理技术体系的构建与应用”研究成果,从1991年起开展全国大协作,对中国小麦条锈病菌源基地综合治理技术体系进行了连续18年的科技攻关,取得了重大创新与突破,是我国小麦条锈病研究领域继老一辈条锈病工作者之后的又一重大成果。该成果主要表现在:

(1)发现了中国小麦条锈病存在秋季菌源和春季菌源2大菌源基地,查清了菌源基地的精确范围与关键作用,明确了病害源头与治理重点区域,研发出病害早期定量分子诊断和以菌源基地秋季菌源数量为基础的病害大区流行异地测报技术,预测预报准确率达100%。

(2)系统揭示了基因突变、异核作用和遗传重组是条锈病菌毒性变异的主要途径,病菌毒性小种的产生和发展是导致品种抗锈性“丧失”的关键,寄主抗病基因筛选是前提,生态环境胁迫是诱因。建立了品种抗锈性鉴定评价与病菌毒性变异监测的技术平台。

(3)首次提出了“重点治理越夏易变区、持续控

制冬季繁殖区和全面预防春季流行区”的病害分区治理策略,创建了以生物多样性利用为核心,以生态抗灾、生物控害、化学减灾为目标的小麦条锈病菌源基地综合治理技术体系。组织育种家,针对小麦条锈病的特点,培育成功30多个抗病品种,并进行合理布局,构筑了多道防线,有效阻止了小麦条锈病的猖狂进攻。

成果共出版著作8部,发表研究论文328篇,其中SCI/EI源期刊论文66篇、核心期刊论文222篇;制定国家、行业和地方标准3项,获得国家专利5项和其它知识产权6项;培养研究生151名,其中博士研究生30名。全国百篇优秀博士论文1篇。

该成果在生产上大规模推广应用,防病保产效果极其显著。2009—2011年在全国8省(市、区)累计推广应用1 537.8万 hm^2 ,有效控制了条锈病的暴发流行,增收节支93.32亿元,为国家粮食生产9连增做出了重大贡献。同时,丰富和发展了植物病害分子流行病学和植物生态病理学的理论、技术和方法,为国家小麦条锈病的防控决策提供了重要科学依据和技术支撑,作为“公共植保、绿色植保、科学植保”的典型范例,为研究其它气传病害提供了重要借鉴和参考。使我国条锈病研究水平总体处于国际领先地位,经济、社会和生态效益巨大。

4 小麦条锈病研究队伍

参与小麦条锈病研究的人员较多,全国大约在2万名以上,在长期的全国小麦条锈病研究协作大团队中,按照“分工协作、联合攻关”的总原则,逐步形成了多个各具特色的研究小分队,其中:

中国农业科学院陈万权团队:重点利用现代分子生物学技术和方法,研究病原菌种或生理小种的遗传多态性和同源性,发掘识别基因序列和特异性分子标记,监测病原菌新小种的产生。目前利用真菌 β -微管蛋白基因的保守序列、AFLP、ISSR等技术,成功建立了小麦条锈病及其部分生理小种的分子诊断、检测技术体系。此外,该团队也深入开展病害发生流行规律、菌源传播规律以及病菌致病性和品种抗病性变异规律的调查和试验研究,勘查病菌越冬、越夏的精确区域及其生态病理学特点,为病害异地测报和分区治理提供科学依据。近年来,研究取得的重要进展有:(1)组织全国小麦锈病研究协作组开展条锈病菌致病性变异监测,发现和命名了条锈病菌高致病性生理小种条中34号,明确了该小种的出现频率、分布区域及其致病性特点;(2)与法国

科学家合作,首次发现我国陇南小麦条锈病菌存在遗传重组的分子证据,这种重组可能是中国小麦条锈病菌群体遗传多样性明显高于欧洲和澳洲群体的重要原因;(3)查明了小麦条锈病菌在云南省、甘肃省陇南等越夏区的越夏海拔下限均有所下降(50~300 m),这可能与条锈病菌耐高温型菌株的产生有关;(4)与条锈病常发地的科研教学单位和技术推广部门协作,在甘肃省陇南、天水等小麦条锈病菌源基地实施抗病良种、药剂拌种以及停麦改种、适期晚种的“两种(zhǒng)两种(zhòng)”综合措施,取得了良好的菌源控制效果及显著的经济、生态和社会效益(陈万权等,2013)。

西北农林科技大学康振生团队:重点从组织病理学、细胞学、细胞化学和分子细胞学、分子生物学等方面,对小麦条锈病菌致病机理、致病性变异机制和小麦的抗病机制等进行了系统深入研究,取得了一系列在国际上有重大影响的成果。特别是关于小麦条锈病转主寄主—小檗的研究,在国际上首次发现自然条件下小麦条锈病菌在小麦和野生灌木小檗上转主寄生完成生活史和病害循环,更新了真菌基础生物学知识体系和小麦条锈病病害循环理论体系;揭示了小檗在条锈病菌毒性变异中的重要作用及其变异规律,破解了我国西北“越夏易变区”成为条锈病菌新小种策源地的谜团,改写了小麦条锈病病害循环长期不清的历史,明确了新小种毒性变异的原因。康振生本人也于2017年当选为中国工程院院士,成为研究小麦条锈病的第3位院士。

中国农业大学马占鸿团队:侧重小麦条锈病流行与测报研究,首次对我国小麦条锈病越冬、越夏和流行危害区进行了科学区划,为小麦条锈病的分区治理、有效管控提供了重要科学依据;率先提出了植物病害分子流行学的概念,出版了英文教材,丰富了植物病害流行学的理论,创新了实践,其中分子病情指数、分子寄生适合度等概念及其操作定义已被国际同行所采用;建立的小麦条锈病早期分子检测体系已于2013年获得国家发明专利(专利号:ZL201110043132.9),在条锈病菌侵染24 h即可检测到病菌危害,为生产中提早预防提供了技术支撑;该团队也是第一个使用遥感技术成功实现小麦条锈病的遥感监测,并利用互联网技术率先在国内实现植物病害的远程诊断和监控。近年在田间病菌孢子捕捉与病情预测、品种混种控制小麦条锈病研究方面也取得了重要进展,研发的简易孢子捕捉器获得了国家发明专利(专利号:ZL201410009269.6),提出的

“优势小种抑制”学说,即品种混种控制小麦条锈病学说,也在试验中得以验证(Huang et al., 2011)。

全国农业技术推广服务中心病虫害测报处、病虫害防治处团队:主要负责小麦条锈病监测、预报和防控指导,及时组织全国小麦条锈病监测防治体系,开展病情调查、发生趋势会商、预报发布,建立了行之有效的小麦条锈病监测预报技术模式和信息报送制度,监测预报的时效性和准确率明显提高。不断总结发生规律、制定防控方案,开展技术指导和人员培训,并将各教学、科研单位研究成果及时在生产中推广应用。该团队组织全国小麦条锈病发生区800多个监测站点的技术人员,多年收集整理积累了大量的小麦条锈病病情等数据资料,更是开展病害预测预报等相关研究不可或缺的珍贵历史资料,为其它病虫害测报工作开展提供了典范。

甘肃省农业科学院植物保护研究所金社林团队和天水市农业科学研究所宋建荣团队:重点在条锈病综合治理方面取得了突出成效,尤其在甘肃省陇南、天水等小麦条锈病菌源基地利用田间观察圃持续开展病原菌小种致病性和生产用小麦品种抗病性监测,长期开展抗病良种选育、药剂拌种以及停麦改种、适期晚种的“两种(zhǒng)两种(zhòng)”综合措施试验,取得了显著成效。

此外,四川省农业厅植保站、四川省农业科学院植物保护研究所、甘肃省农业厅植保植检站、湖北省农业科学院植物保护研究所、河南省农业科学院植物保护研究所、青海省农业科学院植物保护研究所、宁夏回族自治区农业技术推广总站等单位和个人也都从各地实际出发,对小麦条锈病开展了长期有效的观测和防治研究。

上述中国农业大学、西北农林科技大学和中国农业科学院植物保护研究所团队除了专注小麦条锈病研究之外,也是我国小麦条锈病研究专业人才培养的摇篮,每年都有若干名硕士、博士研究生毕业加入到条锈病研究的队伍中来。

5 结语

尽管我国在小麦条锈病长期的协作研究中取得了重大进展,小麦条锈病频繁大流行的态势也得到了有效遏制,但由于全球气候变化、品种更替和病原菌新小种的不断出现以及栽培管理措施变迁,该病害的持续监控和研究仍须加强,有些科学问题仍需深入研究,如病原菌新小种的产生机制和品种抗病性的丧失和持久化等问题。可以这样说,只要有人

类,只要人类还以小麦为主粮,那么,小麦条锈病的研究与防控也将永远在路上。

纵观我国小麦条锈病的发生流行与防治历史,表明我国小麦生产时常处于条锈病危害的威胁之中。因此,加强小麦条锈病监测、预警、发生流行规律和综合治理理论与技术研究,实施以“源头治理”为重点的分区治理战略,建立持久控制机制,对于保障国家小麦生产安全和粮食安全至关重要。让我们不断深入研究,力争把我国小麦条锈病长期、持续、有效地控制下去,为国家粮食安全保驾护航。

本期专刊的研究论文在国家有关项目如国家自然科学基金(31371881)以及国家重点研发计划(2016YFD0300700、2016YFD0201300、2017YFD02-00400、2017YFD0201700)等的资助下,充分展示了国内从事小麦条锈病研究领域的专家学者近几年的最新研究成果,尤其是在条锈病菌致病性变异、早期侵染的分子检测和遥感监测、预测研究上取得的重要进展。本期专刊共收录24篇文章,其中多篇涉研究论文。作为本期的组稿人和编者,我非常感谢各位作者的密切配合和及时修改提交文稿,我也感谢我的多位研究生的协助,是他们逐字逐句把关了每篇论文的文字,更要感谢骆勇等多位审稿专家在百忙中帮助审稿,正是他们一丝不苟并提出尖锐而公正的批评和修改意见,才确保了所选论文的质量,我也特别感谢《植物保护学报》编辑部的大力支持和信任,非常希望这些文章会对我国植物保护,特别是小麦条锈病研究的工作者有所裨益。由于时间紧迫,所选文章中难免有不妥之处,敬请读者批评指正。

参 考 文 献 (References)

- Chen WQ, Wu LR, Liu TG, Xu SC, Jin SL, Peng YL, Wang BT. 2009. Race dynamics, diversity, and virulence evolution in *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*, the causal agent of wheat stripe rust in China from 2003 to 2007. *Plant Disease*, 93(11): 1093-1101
- Chen WQ, Kang ZS, Ma ZH, Xu SC, Jin SL, Jiang YY. 2013. Integrated management of wheat stripe rust caused by *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in China. *Scientia Agricultura Sinica*, 46(20): 4254-4262 (in Chinese) [陈万权, 康振生, 马占鸿, 徐世昌, 金社林, 姜玉英. 2013. 中国小麦条锈病综合治理理论与实践. *中国农业科学*, 46(20): 4254-4262]
- Huang C, Sun ZY, Wang HG, Luo Y, Ma ZH. 2011. Spatiotemporal effects of cultivar mixtures on wheat stripe rust epidemics. *European Journal of Plant Pathology*, 131(3): 483-496
- Jiang YY, Zeng J, Zhang L. 2011. Discussion on predictive questions of wheat stripe rust in China. *China Plant Protection*, 31(6): 32-35 (in Chinese) [姜玉英, 曾娟, 张丽. 2011. 全国小麦条锈病测报

- 上几个问题的探讨. 中国植保导刊, 31(6): 32-35]
- Jin Y, Szabo LJ, Carson M. 2010. Century-old mystery of *Puccinia striiformis* life history solved with the identification of *Berberis* as an alternate host. *Phytopathology*, 100(5): 432-435
- Li ZQ, Zeng SM. 2002. Wheat rusts in China. Beijing: China Agriculture Press (in Chinese) [李振岐, 曾士迈. 2002. 中国小麦锈病. 北京: 中国农业出版社]
- Liang J, Liu X, Li Y, Wan Q, Ma Z, Luo Y. 2016. Population genetic structure and the migration of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* between the Gansu and Sichuan Basin populations of China. *Phytopathology*, 106: 192-201
- Liu B, Liu TG, Zhang ZY, Jia QZ, Wang BT, Gao L, Peng YL, Jin SL, Chen WQ. 2017. Discovery and pathogenicity of CYR34, a new race of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in China. *Acta Phytopathologica Sinica*, 47(5): 681-687 (in Chinese) [刘博, 刘太国, 章振羽, 贾秋珍, 王保通, 高利, 彭云良, 金社林, 陈万权. 2017. 中国小麦条锈菌条中34号的发现及其致病特性. 植物病理学报, 47(5): 681-687]
- Ma ZH. 2010. Plant disease epidemiology. Beijing: Science Press (in Chinese) [马占鸿. 2010. 植病流行病学. 北京: 科学出版社]
- Ma ZH, Shi SD, Jiang YY, Zhao ZH. 2004. Climate-based regional classification for overwintering of *Puccinia striiformis* in China with GIS. *Acta Phytopathologica Sinica*, 34(5): 455-462 (in Chinese) [马占鸿, 石守定, 姜玉英, 赵中华. 2004. 基于GIS的中国小麦条锈病菌越冬气候区划. 植物病理学报, 34(5): 455-462]
- Pu CJ, Liu WH, Chen Z. 2012. Discussion on the forecasting method of mid-long term epidemic trend of wheat stripe rust. *Acta Phytopathologica Sinica*, 42(5): 556-560 (in Chinese) [蒲崇建, 刘卫红, 陈臻. 2012. 小麦条锈病中长期流行趋势预测方法探讨. 植物病理学报, 42(5): 556-560]
- Shen L, Luo LM, Chen WQ, Zhao ZM, Wang JJ. 2008. Epidemic zones and dispersal routes of wheat stripe rust caused by *Puccinia striiformis* West in Sichuan. *Journal of Plant Protection*, 35(3): 220-226 (in Chinese) [沈丽, 罗林明, 陈万权, 赵志模, 王进军. 2008. 四川省小麦条锈病流行区划及菌源传播路径分析. 植物保护学报, 35(3): 220-226]
- Shi SD, Ma ZH, Wang HG, Zhao ZH, Jiang YY. 2005. Climate-based regional classification for overwintering of *Puccinia striiformis* in China with GIS and geostatistics. *Journal of Plant Protection*, 32(1): 29-32 (in Chinese) [石守定, 马占鸿, 王海光, 赵中华, 姜玉英. 2005. 应用GIS和地统计学研究小麦条锈病菌越冬范围. 植物保护学报, 32(1): 29-32]
- Wan Q, Liang JM, Luo Y, Ma ZH. 2015. Population genetic structure of *Puccinia striiformis* in northwestern China. *Plant Disease*, 99(12): 1764-1774
- Wang HG, Yang XB, Ma ZH. 2009. Case analysis of long-distance transports of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in China using HYSPLIT-4 model. *Acta Phytopathologica Sinica*, 39(2): 183-193 (in Chinese) [王海光, 杨小冰, 马占鸿. 2009. 应用HYSPLIT-4模式分析小麦条锈病菌远程传播实例. 植物病理学报, 39(2): 183-193]
- Zeng S, Luo Y. 2006. Long-distance spread and interregional epidemics of wheat stripe rust in China. *Plant Disease*, 90(8): 980-988
- Zhao J, Wang M, Chen X, Kang Z. 2016. Role of alternate hosts in epidemiology and pathogen variation of cereal rusts. *Annual Review of Phytopathology*, 54: 207-228

(责任编辑: 高峰)