

中国西北地区禾谷类条锈菌群体的毒性结构分析

张 勃 黄 瑾 贾秋珍 曹世勤 孙振宇 金社林*

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

摘要: 为明确中国西北地区大麦条锈菌群体的毒性结构及其与小麦条锈菌的交流程度, 采用“Flor 基因对基因”假说, 对采自甘肃省的 398 份小麦条锈菌标样和采自甘肃、青海及四川省的 67 份大麦条锈菌标样进行毒性测定、致病类群及专化型分析, 同时对侵染大麦的小麦条锈菌标样进行致病范围测定。结果表明, 大麦条锈菌与小麦条锈菌对 17 个小麦条锈病近等基因系材料均致病, 其中, 小麦条锈菌对近等基因系的 13 个抗性基因的毒性频率在 56.82% 及以上, 而大麦条锈菌仅对 1 个抗性基因的毒性频率达到 56.82% 以上。通过对 2 个条锈菌专化型群体进行致病类群分析, 发现二者都含有贵农 22、水源 11、杂 46 及中四致病类群, 表明大麦条锈菌与小麦条锈菌的毒性结构有较大差异, 但 2 个专化型之间有毒性交流, 贵农 22 类群在小麦条锈菌和大麦条锈菌专化型群体中均占第一位。利用 100 份甘肃省小麦条锈菌对大麦进行致病性测定, 发现有 10.00% 的小麦条锈菌能够侵染西北地区的大麦主栽品种。

关键词: 条锈菌; 毒性结构; 专化型; 致病类群

Analysis of the virulence constitution of stripe rust pathogen *Puccinia striiformis* West in northwest China

Zhang Bo Huang Jin Jia Qiuzhen Cao Shiqin Sun Zhenyu Jin Shelin*

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

Abstract: In order to determine the virulence constitution of stripe rust pathogen *Puccinia striiformis* f. sp. *hordei* (PSD) and the communication between *Puccinia striiformis* West (PST) and PSD, the virulence constitution of PST and PSD from northwestern China was analyzed. A total of 398 isolates of PST were collected from Gansu Province, and 67 isolates of PSD were collected from Gansu, Qinghai and Sichuan provinces. These isolates were investigated with virulence tests, analysis of pathotype and forma specialis and determination of pathogenic range of PST infecting barley cultivars. The results showed that both PSD and PST could infect 17 near-isogenic lines (NIL) of wheat strip rust; the virulence frequency of PST was $\geq 56.82\%$ for 13 resistant genes, but the virulence frequency of PSD was above 56.82% for only one resistant gene. There were four pathogenic groups including SU11, G22, HY46 and Zhong 4 in both PSD and PST according to the analysis of pathogenic groups. The results indicated that the difference in the virulence constitutions between PSD and PST was significant, and there was communication between them. Group G22 was the biggest virulence group in PST and PSD. This study found that 10.00% of PST infected major barley cultivars according to the pathogenic testing with 100 isolates of PST from Gansu Province for major barley seeding varieties in northwestern China.

Key words: *Puccinia striiformis*; virulence constitution; forma specialis; pathotype

基金项目: 国家自然科学基金(31360420, 31460450), 甘肃省农业科学院农业科技创新专项计划(2015GAAS04)

* 通信作者 (Author for correspondence), E-mail: jinshelin@163.com

收稿日期: 2017-09-04

条锈病是由条形柄锈菌 *Puccinia striiformis* West引起的病害,对全世界的禾谷类作物生产造成重大损失。该菌共分为7个专化型,即小麦专化型 *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*、大麦专化型 *P. striiformis* f. sp. *hordei*、黑麦专化型 *P. striiformis* f. sp. *secalis*、冰草专化型 *P. striiformis* f. sp. *agropyron*、早熟禾专化型 *P. striiformis* f. sp. *poae*、赖草专化型 *P. striiformis* f. sp. *leymii* 和披碱草专化型 *P. striiformis* f. sp. *elymi* (牛永春等, 1991a)。青稞(即裸大麦)与小麦上发生的条锈病是由条形柄锈菌大麦专化型与小麦专化型引起的(牛永春等, 1991b; 1994)。西北地区是我国大麦种植的主产区,也是小麦的重要产地,该区域属于高原气候,阴湿冷凉,昼夜温差大,为条锈菌生长提供了有利的环境。近年来由于全球气候变暖,小麦种植区域持续北扩,很多原来种植大麦的区域已经逐步被小麦取代,形成大麦与小麦混种的局面。因此,中国西北地区大麦条锈菌与小麦条锈菌的发生、流行以及这2个专化型群体之间的交流情况可能受到一定程度的影响。

王宗华等(1989a, b)曾在20世纪90年代初对西藏大麦条锈菌进行过研究,初步明确了西藏大麦条锈病的流行规律和大麦条锈菌的毒性群体结构(王宗华, 1992a, b),但近20多年来,国内对西北地区大麦条锈菌的毒性结构以及大麦条锈菌和小麦条锈菌之间的交流研究尚未见报道。到2012年,黄瑾等(2012)对大麦条锈菌菌株Q1、Q2进行了致病性分析,发现菌株Q1和Q2既能感染大麦又能感染小麦;通过对甘肃省46个小麦主要生产品种及抗源进行毒性测定,发现菌株Q1和Q2分别对71.11%和64.44%的甘肃省小麦主栽品种具有致病性。本课题组对我国西北地区大麦条锈病进行了调查,发现该地区条锈菌群体毒性结构比较复杂,而且存在能够侵染大麦和小麦2种寄主的条锈菌。因此,本研究通过对我国西北地区禾谷类条锈菌群体的毒性结构、专化型及小麦条锈菌对大麦的致病范围进行测定分析,拟明确该地区大麦条锈菌和小麦条锈菌群体毒性结构与变异规律,特别是大麦条锈菌与小麦条锈菌之间的交流程度,以期为我国禾谷类条锈病的综合治理提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 材料

供试菌株:小麦条锈菌标样包括于2013年采自甘肃省天水市、陇南市、定西市、临夏市、兰州市、平

凉市、庆阳市、张掖市和甘南族自治州的298份标样和于2016年采自甘肃省天水市、陇南市及临夏市的100份标样。大麦条锈菌标样于2013年采自甘肃省的甘南藏族自治州与临夏市、青海省的门源县、祁连县和四川省的稻城县,共计67份。

供试小麦品种:共21个品种,其中包括19个全国通用的小麦条锈菌鉴别寄主 Trigo Eureka(Yr6)、Fulhard、保春128、南大2419、维尔(YrVir1、YrVir2)、阿勃、早洋、阿夫(YrA、+)、丹麦1号(Yr3)、尤皮II号(YrJul、YrJu2、YrJu3、YrJu4)、丰产3号(Yr1)、洛夫林13(Yr9、+)、抗引655(Yr1、YrKy1、YrKy2)、水源11(YrSu)、中四、洛夫林10(Yr9)、杂46(Yr3b、Yr4b)、*Triticum spelta album*(Yr5)和贵农22,以及感病对照品种铭贤169和对大麦条锈菌专化型的反应型为免疫或抗病的小麦品种辉县红(牛永春等, 1994),通过附加辉县红对大麦条锈菌的专化型进行区分。所有品种均由甘肃省农业科学院植物保护研究所麦类病害课题组提供。

小麦条锈病近等基因系材料:本试验共涉及17个近等基因系,包括 Avocet*6/Yr1、Avocet*6/Yr5、Avocet*6/Yr6、Avocet*6/Yr7、Avocet*6/Yr8、Avocet*6/Yr9、Avocet*6/Yr10、Avocet*6/Yr11、Avocet*6/Yr12、Avocet*6/Yr15、Avocet*6/Yr17、Avocet*6/Yr18、Avocet*6/Yr26、Avocet*6/Yr27、Avocet*6/Yr32、Avocet*6/Yrsp、Avocet*6/Yrsk,均由中国农业科学院植物保护研究所提供。

供试大麦(青稞)品种:共13个大麦品种,分别为北青6号、黄青2号、甘青3号、昆仑12、康青3号、昆仑1号、北青7号、肚里黄、甘青5号、北青8号、藏青25号、甘青4号及感病对照果洛,均由国家农作物种质资源保存中心提供。

1.2 方法

1.2.1 菌系的繁殖与毒性鉴定

将小麦感病品种铭贤169种植在直径为8 cm的白塑料盆中,待其生长至1叶期时对其进行接菌。在接菌前1 d,将采集的条锈菌标样置于铺有吸水纸的保湿盘中,在4℃下保湿15 h左右。接种前对小麦叶片进行脱蜡,然后挑取2013年收集的298份小麦条锈菌与67份大麦条锈菌标样的单孢子堆,分别轻轻涂抹到小麦叶片上,然后转置于9~13℃的暗室中保湿24 h,在适宜环境下待其发病。当叶片出现褪绿斑后,剪去其它未发病叶片及多余叶片,每盆只保留1株发病最好的植株,为避免交叉感染,用隔离罩将各发病株进行隔离。

依据“Flor 基因对基因”假说,使用当前国际上已知的小麦条锈病近等基因系材料对采集的大麦条锈菌与小麦条锈菌进行毒性鉴定。统计大麦条锈菌与小麦条锈菌对近等基因系材料不同抗性基因的毒性反应型。按照公式计算毒性频率:毒性频率=有毒性菌株/菌株总数 $\times 100\%$ 。参照 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》标准对条锈菌进行毒性鉴定。反应型共分6级,分别为0、0 $_{+}$ 、1、2、3、4,其中0~2级为无毒性,3~4级为有毒性(Mcintosh et al., 1995)。反应型依据小麦过敏性坏死及孢子堆产生情况进行划分,共6级,分别为免疫(0)、近免疫(0 $_{+}$)、高抗(1)、中抗(2)、中感(3)、高感(4);严重度依据发病面积占叶片总面积的百分率划分,共10级,分别为0、 t (0 $< t < 1\%$)、1%、5%、10%、20%、40%、60%、80%及100%;普遍率依据发病叶片数占调查叶片总数的百分率计算。

1.2.2 条锈菌的致病类群划分与生理小种鉴定

在我国小麦条锈菌生理小种的历史演化中,有5个鉴别寄主代表不同历史时期我国小麦育种的主要抗源材料,即洛夫林13、水源11、贵农22、杂46及中四,同时当前的生理小种群体主要由对这5个鉴别寄主感病的致病类群组成。因此,本研究采用这5个鉴别寄主对大麦条锈菌与小麦条锈菌进行致病类群划分;并利用供试的21个小麦条锈菌鉴别寄主对大麦条锈菌与小麦条锈菌进行生理小种鉴定,鉴定方法同1.2.1。

1.2.3 小麦条锈菌的大麦专化型鉴定

通常认为,侵染小麦的条锈菌为小麦专化型,侵染大麦的条锈菌为大麦专化型。由于本研究中涉及到能够同时侵染大麦和小麦的条锈菌,因此,本文将能够侵染大麦的小麦条锈菌称为“小麦条锈菌的大麦专化型”,能够侵染小麦的大麦条锈菌称为“大麦条锈菌的小麦专化型”。由于大麦条锈病的研究资料相对较少,目前未有明确的资料显示在大麦品种中有类似于研究小麦条锈病的感病品种铭贤169这样的材料。因此,本研究将大麦的感病品种果洛作为鉴定“小麦条锈菌的大麦专化型”的界定材料。将2016年采自天水市、陇南市及临夏市的100份小麦条锈菌采用1.2.1的方法抹接到大麦感病品种果洛上,通过果洛上的毒性反应型对小麦条锈菌的大麦专化型进行鉴定。反应型的划分标准及依据同1.2.1,反应型0为小麦专化型,反应型0 $_{+}$ ~4为大麦专化型(Mcintosh et al., 1995)。

1.2.4 小麦条锈菌的大麦专化型对大麦的致病性

将1.2.3中鉴定的能感染大麦的小麦条锈菌抹接到大麦感病品种果洛上,然后将在果洛上发病的条锈菌抹接到西北地区的12个大麦(青稞)主栽品种上,17 d后调查病情。参照(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》中描述的方法进行调查,统计并记录各大麦品种的反应型、严重度及普遍率,分级标准及依据同1.2.1。同时依据调查结果计算致病率:致病率=感病大麦品种/大麦品种总数 $\times 100\%$ 。

2 结果与分析

2.1 小麦条锈菌与大麦条锈菌群体毒性鉴定

利用国际上已知的小麦条锈病近等基因系材料分别对2013年采集的小麦条锈菌与大麦条锈菌进行毒性鉴定,结果显示2个专化型群体均对这些近等基因系致病,但毒性频率差异较大。298份小麦条锈菌对13个抗性基因的毒性频率在56.82%及以上,其中对 Avocet*6/Yr5 与 Avocet*6/Yr10 的毒性较低,毒性频率分别为2.38%和4.05%;但对其它已知的近等基因系毒性频率较高,对 Avocet*6/Yr11 的毒性频率最高为97.67%;其次是 Avocet*6/Yr12, 毒性频率为88.37%;其它从高到低依次为 Avocet*6/Yr7、Avocet*6/Yr18、Avocet*6/Yr6、Avocet*6/Yr32、Avocet*6/Yr18、Avocet*6/Yr1、Avocet*6/Yr9、Avocet*6/Yr27、Avocet*6/Yr17、Avocet*6/Yr8、Avocet*6/Yrsp、Avocet*6/Yrsk、Avocet*6/Yr26、Avocet*6/Yr15, 毒性频率在29.41%~86.89%之间(表1)。

对20份大麦条锈菌进行毒性测定,毒性频率为10.00%~95.00%,对 Avocet*6/Yr1 的毒性频率最高为95.00%;其次为 Avocet*6/Yr7、Avocet*6/Yr11、Avocet*6/Yr6 和 Avocet*6/Yrsk, 毒性频率分别为42.11%、40.00%、35.00%和35.00%;对 Avocet*6/Yr12、Avocet*6/Yr32 和 Avocet*6/Yrsp 的毒性频率相同,均为30.00%;对 Avocet*6/Yr17 和 Avocet*6/Yr27 的毒性频率相同,均为25.00%;对其余近等基因系的毒性频率均 $\leq 20.00\%$ (表1)。

2.2 小麦条锈菌与大麦条锈菌致病类群分析

分析结果显示,2013年采自甘肃省各地的298份小麦条锈菌标样中,贵农22类群有110份标样,占36.91%,居第一;水源11类群有97份标样,占32.55%,居第二;杂46类群有75份标样,占25.17%,居第三;中四类群有5份标样,占1.68%,居第四;洛夫林13类群有4份标样,占1.34%,居第五;还有7份

标样为未知类群,依据小麦条锈菌鉴别寄主无法归类,占2.35%(表2)。

2013年采自青海、甘肃和四川省的67份大麦条锈菌标样中,贵农22类群为第一类群,有17份标样,占25.37%;中四为第二类群,有5份标样,占7.46%;水源11和杂46类群为第三类群,各有4份标样,分别占5.97%;未发现有洛夫林13类群,但有37份标样为未知类群,依据小麦条锈菌鉴别寄主无法归类,

占55.23%(表2)。

通过对致病类群进行归类发现,大麦条锈菌与小麦条锈菌致病类群主要由水源11、贵农22、杂46及中四类群构成,其中贵农22致病类群在2个条锈菌专化型群体中均位于第一位,且2个专化型群体内均含有水源11、贵农22、杂46及中四致病类群,表明这2个条锈菌专化型群体间存在一定的毒性交流。

表1 2013年小麦条锈菌与大麦条锈菌对小麦已知基因系的苗期毒性

Table 1 Determination of the pathogenicity of wheat and barley stripe rust to wheat seedling varieties in 2013

序号 No.	标准品系 Standard line	抗性基因 Resistance gene	小麦条锈菌 Wheat strip rust			大麦条锈菌 Barely strip rust		
			总数 Total	感病株 Susceptible	毒性频率 Ratio (%)	总数 Total	感病株 Susceptible	毒性频率 Ratio (%)
1	Avocet*6/Yr1	Yr1	219	172	78.54	20	19	95.00
2	Avocet*6/Yr5	Yr5	210	5	2.38	20	2	10.00
3	Avocet*6/Yr6	Yr6	168	138	82.14	20	7	35.00
4	Avocet*8/Yr7	Yr7	61	53	86.89	19	8	42.11
5	Avocet*6/Yr8	Yr8	206	154	74.76	16	1	6.25
6	Avocet*6/Yr9	Yr9	158	122	77.22	20	3	15.00
7	Avocet*6/Yr10	Yr10	173	7	4.05	20	2	10.00
8	Avocet*6/Yr11	Yr11	43	42	97.67	20	8	40.00
9	Avocet*3/Yr12	Yr12	43	38	88.37	20	6	30.00
10	Avocet*6/Yr15	Yr15	170	50	29.41	20	2	10.00
11	Avocet*6/Yr17	Yr17	210	159	75.71	20	5	25.00
12	Avocet*3/Yr18	Yr18	220	189	85.91	20	4	20.00
13	Avocet*3/Yr26	Yr26	210	79	37.62	20	3	15.00
14	Avocet*6/Yr27	Yr27	219	169	77.17	20	5	25.00
15	Avocet*3/Yr32	Yr32	211	166	78.67	20	6	30.00
16	Avocet*6/Yrsp	Yrsp	220	135	61.36	20	6	30.00
17	Avocet*6/Yrsk	Yrsk	44	25	56.82	20	7	35.00

表2 2013年采集的大麦条锈菌与小麦条锈菌的致病类群分析

Table 2 Analysis of the pathogenic groups of *Puccinia striiformis* f. sp. *hordei* and *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in 2013

致病类群 Pathogenic group	大麦 Barley		小麦 Wheat	
	标样数 No.	比率 Ratio (%)	标样数 No.	比率 Ratio (%)
洛夫林13 Lovrin 13	0	0.00	4	1.34
水源11 SU11	4	5.97	97	32.55
贵农22 G22	17	25.37	110	36.91
杂46 HY46	4	5.97	75	25.17
中四 Zhong 4	5	7.46	5	1.68
未归 Unknown	37	55.23	7	2.35
总数 Total	67	100.00	298	100.00

2.3 小麦条锈菌的大麦专化型分析

2016年采自甘肃天水市、陇南市及临夏市的100株小麦条锈菌中有10株(编号为PST-1~PST-10)

对大麦品种果洛致病,即小麦条锈菌的大麦专化型占小麦条锈菌的10.00%。小麦条锈菌的大麦专化型对果洛的平均严重度在5%~10%之间,普遍率在

10%~20%之间,其中PST-3的反应型为0;,其余反应型均为3;PST-1、PST-2、PST-4、PST-6及PST-7的严重度为5%,PST-5、PST-8、PST-9及PST-10的严重度为10%;PST-4、PST-5、PST-6、PST-7及PST-10的普遍率为10%,PST-1、PST-2、PST-8及PST-9的普遍率为20%(表3)。经生理小种鉴定,PST-1、PST-3、PST-7、PST-9和PST-10为G22-9,PST-2和PST-8为CYR32,PST-4为CYR33,PST-5为SU11-3,PST-6为SU11-7(表3)。表明侵染果洛的小麦条锈菌为当前的主流生理小种,其中,第一位是G22-9,占感染果洛的小麦条锈菌的50.00%;第二位是CYR32,占20.00%;

CYR33、SU11-3及SU11-7均占10.00%(图1)。
通过17个已知的抗条锈病近等基因系材料对鉴定出的生理小种进行毒性鉴定,发现只有少数生理小种G22-9对抗性基因*Yr10*无毒性,但对其它16个抗性基因均有毒性;CYR32对抗性基因*Yr10*与*Yr26*无毒性,对其它抗性基因均有毒性;CYR33对抗性基因*Yr10*与*Yr26*无毒性,对其它抗性基因均有毒性;SU11-3对抗性基因*YrA*、*Yr9*、*Yr10*、*Yr26*及*Yrsp*无毒性,对其它抗性基因均有毒性;SU11-7对抗性基因*YrA*、*Yr6*、*Yr7*、*Yr9*、*Yr10*、*Yr12*、*Yr26*及*Yrsp*无毒性,对其它抗性基因均有毒性(表4)。

表3 小麦条锈菌在大麦品种果洛上的发病状况
Table 3 Disease status of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* on barely cultivar Guoluo

指标 Index	PST-1	PST-2	PST-3	PST-4	PST-5	PST-6	PST-7	PST-8	PST-9	PST-10
生理小种 Race	G22-9	CYR32	G22-9	CYR33	SU11-3	SU11-7	G22-9	CYR32	G22-9	G22-9
反应型 Infection type	3	3	0;	3	3	3	3	3	3	3
严重度 Severity (%)	5	5	5	5	10	5	5	10	10	10
普遍率 Incidence (%)	20	20	10	10	10	10	10	20	20	10

表4 10个侵染大麦的小麦条锈菌菌株毒性鉴定
Table 4 Reaction of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* to different known genes

生理小种 Race	不同基因型 Differential genotype													
	<i>YrA</i>	<i>Yr1</i>	<i>Yr5</i>	<i>Yr6</i>	<i>Yr7</i>	<i>Yr8</i>	<i>Yr9</i>	<i>Yr10</i>	<i>Yr11</i>	<i>Yr12</i>	<i>Yr15</i>	<i>Yr17</i>	<i>Yr26</i>	<i>YrSP</i>
G22-9	V	V	V	V	V	V	V	VA	V	V	V	V	V	V
CYR32	V	V	V	V	V	V	V	A	V	V	V	V	A	V
CYR33	V	V	V	V	V	V	V	A	V	V	V	V	A	V
SU11-3	A	V	V	V	V	V	A	A	V	V	V	V	A	A
SU11-7	A	V	V	A	A	V	A	A	V	A	V	V	A	A

V: 有毒性(反应型3~4); A: 无毒性(反应型0~2); VA/AV: 混合反应,VA型指毒性多于无毒性,AV型指无毒性多于毒性。V: Virulence (infection type 3~4); A: avirulence (infection type 0~2); VA/AV indicate mixed reactions but more virulent in VA pattern and more avirulent in AV pattern, respectively.

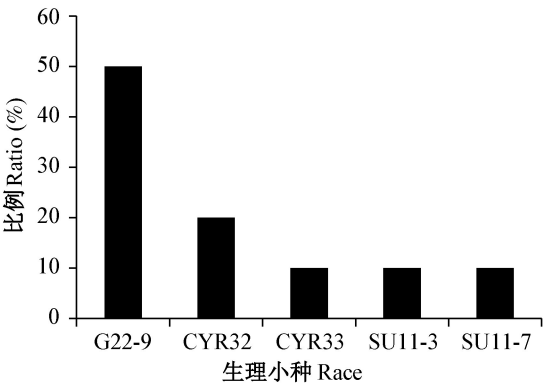


图1 甘肃省侵染大麦的小麦条锈菌生理小种比例
Fig. 1 Ratios of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* races infecting barley from Gansu Province

2.4 小麦条锈菌的大麦专化型对大麦品种的致病性
10株小麦条锈菌的大麦专化型对12个大麦主栽品种均有不同程度的侵染,其中,PST-7与PST-10为生理小种G22-9,对大麦主栽品种的致病率最高为91.67%,其次是PST-4、PST-6和PST-5,分别为生理小种CYR33、SU11-7和SU11-3,致病率分别为83.33%、75.00%和66.67%,其它菌株的致病率≤50%(表5)。这10株菌对12份大麦主栽品种的严重度在0~40%之间,普遍率在0~100%之间。

3 讨论
我国西北地区的条锈菌群体比较复杂,该地区

种植有大量的大麦(青稞),同时又是我国小麦条锈菌主要的越夏基地,明确这2种条锈菌群体间的亲缘关系,可进一步了解大麦条锈菌对小麦条锈菌主要越夏区的影响。本研究用2016年采自甘肃省的100个小麦条锈菌菌株对青稞(即裸大麦)进行毒性测定,发现有10.00%的菌株可以侵染大麦,并对西北地区主要的大麦主栽品种均有不同程度的侵染,且这些菌株都为当前主要流行生理小种。李亚凯等

(2016)对来自甘肃省和青海省的16份大麦条锈菌进行专化型研究,发现16份大麦条锈菌均可侵染小麦,并且发现部分大麦主栽品种能同时被大麦条锈菌和小麦条锈菌侵染,这进一步印证了条锈菌大麦专化型与小麦专化型存在寄主重叠现象(林晓民等,1988;牛永春等,1994;李振岐和曾士迈,2002)。但是关于二者之间的毒性交流与毒性结构仍有待进一步深入研究。

表 5 10 株小麦条锈菌在大麦主栽品种上的发病状况
Table 5 Disease status of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* on main barely cultivar

品种 Cultivar	PST-1 G22-9	PST-2 CYR32	PST-3 G22-9	PST-4 CYR33	PST-5 SU11-3	PST-6 SU11-7	PST-7 G22-9	PST-8 CYR32	PST-9 G22-9	PST-10 G22-9
北青 6 号 Beiqing 6	0/0/0	0/0/0	0/0/0	0/0/0	0/0/0	0/0/0	3/10/10	0/0/0	0/0/0	3/5/20
黄青 2 号 Huangqing 2	0/0/0	0/0/0	0/0/0	0/0/0	3/10/10	3/10/10	3/10/20	0/0/0	3/5/10	3/5/10
甘青 3 号 Ganqing 3	0/0/0	3/20/20	0/0/0	3/20/100	3/10/20	3/10/20	3/20/60	0;10/30	0/0/0	3/10/30
昆仑 12 号 Kunlun 12	0/0/0	3/10/10	3/10/10	3/20/80	0/0/0	0/0/0	3/20/50	3/10/20	3/10/20	3/10/10
康青 3 号 Kangqing 3	0/0/0	0/0/0	0/0/0	3/20/20	3/10/20	0/0/0	3/10/40	0/0/0	0/0/0	3/10/30
昆仑 1 号 Kunlun 1	3/10/50	3/5/10	0;10/30	3/20/50	3/10/40	3/20/100	3/10/60	3/5/20	3/10/10	3/10/40
北青 7 号 Beiqing 7	0/0/0	0/0/0	0/0/0	3/20/60	3/10/10	3/10/60	3/10/40	0/0/0	3/10/20	3/10/20
肚里黄 Dulihunag	0/0/0	0/0/0	0/0/0	3/10/70	3/10/30	3/5/10	0;10/20	0/0/0	0/0/0	0/0/0
甘青 5 号 Ganqing 5	3/20/40	0/0/0	0/0/0	3/20/90	0/0/0	3/10/10	3/10/70	0;10/20	0/0/0	3/20/50
北青 8 号 Beiqing 8	0/0/0	3/10/10	0/0/0	3/20/90	3/20/30	3/10/40	3/10/10	3/10/20	3/10/10	3/10/40
藏青 25 号 Zangqing 25	3/10/50	3/10/20	3/20/90	3/40/30	0/0/0	3/20/60	3/20/50	3/10/40	0/0/0	3/10/20
甘青 4 号 Ganqing 4	0;10/10	0/0/0	0/0/0	3/20/20	3/10/40	3/10/40	3/5/60	3/10/90	3/10/40	3/20/40
致病率 (%) Frequency	25.00	41.67	16.67	83.33	66.67	75.00	91.67	41.67	50.00	91.67

表中数据形式为反应型/严重度(%) / 普遍率(%)。Data in the table are presented as infection type/severity (%) / incidence (%).

本研究通过国际上已知的17个具有Avocet统一背景的小麦条锈病近等基因系材料对青藏高原的大麦条锈菌与甘肃省的小麦条锈菌进行了毒性分析,结果表明,2个专化型群体均对小麦已知抗性基因材料致病,但毒性频率差异较大。通过小麦条锈菌的鉴别寄主对大麦条锈菌中能够侵染小麦的条锈菌菌株与小麦条锈菌进行致病类群比较,结果表明,

G22类群在2个不同的专化型群体中均为第一致病类群;中四致病类群也占有一定的比例;SU11类群与HY46类群在2大专化型类群中所占比例相差较大;67份大麦条锈菌中有37份无法用小麦条锈菌鉴别寄主归类,占55.23%。由此可知,大麦条锈菌与小麦条锈菌虽有一定程度的基因交流,但是二者间的毒性结构差异较大。

通过专化型测定,发现有 10.00% 的小麦条锈菌菌株能够侵染大麦,进而对其进行毒性鉴定与致病范围测定,结果表明,小麦条锈菌中能够侵染大麦的菌株对西部地区的大麦主栽品种均具有不同程度的致病性。G22 致病类群于 2010 年首次在甘肃省被发现(贾秋珍等,2012),2013 年上升为该地区第一大致病类群(张勃等,2015)。本试验结果表明,当前小麦条锈菌中的流行生理小种 G22-9(CYR34)对大麦的致病力占第一位,其它依次为 CYR32、CYR33、SU11-3 及 SU11-7,且这些生理小种均为当前小麦条锈菌中主要的生理小种。G22-9 是当前甘肃省条锈菌的第一大生理小种,可侵染当前主要的小麦抗原贵农系、92R 系及其衍生品种,且对当前西部地区大麦的主栽品种也有致病性,毒性谱最宽;其它生理小种也都是当前中国小麦条锈菌的主要流行小种。以上结果表明,当前小麦条锈菌的主要生理小种对大麦有着较强的致病力,且在大麦中的致病范围较宽,即当前小麦条锈菌专化型群体与大麦条锈菌专化型群体之间有基因交流,表明我国种植青稞区域的大麦条锈菌群体与邻近区域小麦条锈菌主要越夏区菌源有一定的交流。由此可以判定,我国西部越夏区的小麦条锈菌可以在邻近种植青稞的区域越夏,结合越夏区自生麦苗上的条锈菌,进而又传播到秋季麦苗上,形成循环侵染。由于近些年全球气温升高,小麦种植范围北扩,造成原来种植青稞的地区开始种植小麦,增大了大麦条锈菌与小麦条锈菌的交流频率,拓宽了条锈菌的致病范围,促进了条锈菌的生长变异,进一步扩大了条锈菌的越夏范围。

大麦条锈菌与小麦条锈菌分属于不同的条锈菌专化型,二者都是专性寄生真菌,理论上杂交发生在同一个专化型群体内(Little & Manners, 1969; Newton et al., 1986),但是 2 种专化型间产生的基因漂移也有可能改变病菌进化。Holtz et al. (2014)通过对小麦条锈菌与大麦条锈菌进行 SSR 分析,发现加拿大主要大麦条锈菌的基因型与北美小麦条锈菌的相似度高于与其它地区的大麦条锈菌之间的相似度,推测不同专化型的大麦条锈菌与小麦条锈菌之间可能发生了杂交。2011 年国际上首次发现了小麦条锈菌的转主寄主小檗(Jin, 2011),此后康振生院士的团队研究发现,我国西藏、甘肃、青海省(区)存在着大量的小麦条锈菌转主寄主小檗,即这些地区的小麦条锈菌具有完整的有性生长循环(康振生等, 2015),并明确揭示了小麦条锈菌的有性生殖阶段(Zhao et al., 2016; 赵杰等, 2016)。本研究结果表

明,不同专化型条锈菌群体之间有着密切的基因交流,由此可以推测,不同的 2 个专化型条锈菌群体中的部分菌株可能在有性阶段发生了杂交,导致不同专化型的条锈菌能够侵染相同寄主,即出现了能够同时侵染大麦与小麦的条锈菌。这些研究结果均表明,中国西部地区不同专化型的条锈菌群体之间有可能发生了基因漂移,从而导致出现大量能够同时侵染大麦与小麦的条锈菌群体。

关于大麦条锈菌与小麦条锈菌之间的寄生专化性研究相对较少,目前还不清楚条锈菌的不同专化型之间相关性的密切程度。大多数研究还局限在表型研究上,尚未深入到分子层面对寄生专化性的机理进行研究。本研究也仅在表型反应的层面对条锈菌的专化型进行了探讨,因此,今后应进一步从分子机理层面对条锈菌的寄生专化性进行研究,并将寄生专化性与条锈菌的有性变异相结合,以期进一步揭示条锈菌的进化机制,为禾谷类条锈病的持续防控提供理论依据。

参 考 文 献 (References)

- Holtz MD, Kumar K, Zantinge JL, Xi K. 2014. Genetic diversity of *Puccinia striiformis* from cereals in Alberta, Canada. *Plant Pathology*, 63(2): 415–424
- Huang J, Cao SQ, Jia QZ, Zhang B, Luo HS, Jin SL. 2012. A preliminary analysis of pathogenicity of barley stripe rust strains Q1 and Q2. *Gansu Agricultural Science and Technology*, (6): 3–5 (in Chinese) [黄瑾, 曹世勤, 贾秋珍, 张勃, 骆惠生, 金社林. 2012. 大麦条锈菌菌株 Q1、Q2 致病性初步分析. *甘肃农业科技*, 6: 3–5]
- Jia QZ, Huang J, Cao SQ, Zhang B, Wang XM, Jin SL. 2012. Discovery of new stripe rust strain infected to China's major wheat resistant material Guinong 22 and its preliminary pathogenicity analysis. *Gansu Agricultural Science and Technology*, (1): 3–5 (in Chinese) [贾秋珍, 黄瑾, 曹世勤, 张勃, 王小明, 金社林. 2012. 感染我国重要小麦抗源材料贵农 22 的条锈菌新菌系的发现及致病性初步分析. *甘肃农业科技*, (1): 3–5]
- Jin Y. 2011. Role of *Berberis* spp. as alternate hosts in generating new races of *Puccinia graminis* and *P. striiformis*. *Euphytica*, 179: 105–108
- Kang ZS, Zhao J, Wang ZY, Huang LL. 2015. The study progress of sexual reproduction and virulence variation of *Puccinia striiformis* West. f. sp. *tritici*. // The 6th Meeting of Genomics and Molecular Breeding of Wheat. Beijing: The Crop Science Society of China (in Chinese) [康振生, 赵杰, 王志艳, 黄丽丽. 2015. 小麦条锈菌有性生殖与毒性变异的研究进展. // 第六届全国小麦基因组学及分子育种大会论文集. 北京: 中国作物学会]
- Li YK, Huang MM, Jia QZ, Huang J, Cao SQ, Zhang B, Sun ZY, Wang XM, Jin SL. 2016. Identification of forma specialis of barley stripe rust and pathogenicity analysis. *Journal of Gansu Agriculture*

- cultural University, 51(3): 89–94 (in Chinese) [李亚凯, 黄苗苗, 贾秋珍, 黄瑾, 曹世勤, 张勃, 孙振宇, 王晓明, 金社林. 2016. 大麦条锈菌专化型鉴定及其致病性初步分析. 甘肃农业大学学报, 51(3): 89–94]
- Li ZQ, Zeng SM. 2002. Wheat rusts in China. Beijing: Chinese Agriculture Press, pp. 34–37 (in Chinese) [李振岐, 曾士迈. 2002. 中国小麦锈病. 北京: 中国农业出版社, pp. 34–37]
- Liu XM, Li ZQ, Shang HS, Kang ZS. 1988. A brief report on the strip rust of barley. Acta Universitatis Agriculturae Boreali-Occidentalis, 16(2): 91–92 (in Chinese) [林晓民, 李振岐, 商鸿生, 康振生. 1988. 大麦条锈病研究简报. 西北农业大学学报, 16(2): 91–92]
- Little R, Manners JG. 1969. Somatic recombination in yellow rust of wheat (*Puccinia striiformis*): I. The production and possible origin of two new physiologic races. Transactions of the British Mycological Society 53(2): 251–258
- Mcintosh RA, Wellings CR, Park RF. 1995. Wheat rusts: an atlas of resistance genes. Dordrecht, The Netherlands: Kluwer Academic Publishers
- Newton AC, Johnson R, Caten CE. 1986. Attempted somatic hybridization of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* and *P. striiformis* f. sp. *hordei*. Plant Pathology, 35(1): 108–113
- Niu YC, Li ZQ, Shang HS. 1991a. *Puccinia striiformis* West. f. sp. *elymi* and f. sp. *elymi*, two new formae speciales. Journal of Northwest A & F University, 19(S1): 58–62 (in Chinese) [牛永春, 李振岐, 商鸿生. 1991a. 条形柄锈菌赖草专化型和披碱草专化型. 西北农业大学学报, 19(S1): 58–62]
- Niu YC, Li ZQ, Shang HS. 1991b. The new discovery on geographic distribution of *Puccinia striiformis* West. f. sp. *hordei* in China. Acta Universitatis Agriculturae Boreali-Occidentalis, 19(S1): 63–65 (in Chinese) [牛永春, 李振岐, 商鸿生. 1991b. 条形柄锈菌大麦专化型分布区域的新发现. 西北农业大学学报, 19(S1): 63–65]
- Niu YC, Li ZQ, Shang HS. 1994. On the physiological specialization of barley strip rust in China. Acta Phytopathologica Sinica, 24(3): 95–98 (in Chinese) [牛永春, 李振岐, 商鸿生. 1994. 我国大麦条锈病菌的生理分化. 植物病理学报, 24(3): 95–98]
- Wang ZH. 1992a. On the evolution of the barley yellow rust pathosystem in Tibet. Acta Phytopathologica Sinica, 22(2): 151–155 (in Chinese) [王宗华. 1992a. 西藏青稞与条锈菌互作系统演化特点初探. 植物病理学报, 22(2): 151–155]
- Wang ZH. 1992b. Regional epidemics of strip rust on barley and wheat in Tibet. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 5(2): 79–85 (in Chinese) [王宗华. 1992b. 西藏大、小麦条锈病区域流行规律. 西南农业学报, 5(2): 79–85]
- Wang ZH, Peng YL, Yangjinlamu, Dazhen. 1989a. Difference of pathogenicity between isolates of barley-attacking and wheat-attacking forms of *Puccinia striiformis* with special reference to the deviation of disease development. Acta Phytopathologica Sinica, 19(3): 161–165 (in Chinese) [王宗华, 彭云良, 央金拉姆, 达珍. 1989a. 西藏地区大麦条锈病菌和小麦条锈病菌致病性差异及发病的差异. 植物病理学报, 19(3): 161–165]
- Wang ZH, Yangjinlamu, Dazhen, Peng YL. 1989b. A research on physiologic specialization of *Puccinia striiformis* f. sp. *hordei* in Tibet. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2(3): 57–60 (in Chinese) [王宗华, 央金拉姆, 达珍, 彭云良. 1989b. 西藏条锈菌大麦专化型生理专化研究. 西南农业学报, 2(3): 57–60]
- Zhang B, Jia QZ, Huang J, Cao SQ, Sun ZY, Luo HS, Wang XM, Jin SL. 2015. Trends and toxicity analysis of new strains G22-9 and G22-14 in *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*. Acta Agriculturae Boreali-Occidentalis Sinica, 24(7): 125–130 (in Chinese) [张勃, 贾秋珍, 黄瑾, 曹世勤, 孙振宇, 骆惠生, 王晓明, 金社林. 2015. 小麦条锈菌新菌系贵22-9和贵22-14发展趋势与毒性分析. 西北农业学报, 24(7): 125–130]
- Zhao J, Wang MN, Chen XM, Kang ZS. 2016. Role of alternate hosts in epidemiology and pathogen variation of cereal rusts. Annual Review of Phytopathology, 54: 207–228
- Zhao J, Zhao SL, Peng YL, Qin JF, Huang LL, Kang ZS. 2016. Investigation on geographic distribution and identification of six *Berberis* spp. serving as alternate host for *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in Linzhi, Tibet. Acta Phytopathologica Sinica, 46(1): 103–111 (in Chinese) [赵杰, 赵世垒, 彭岳林, 覃剑锋, 黄丽丽, 康振生. 2016. 林芝地区小麦条锈菌转主寄主小檗的鉴定与分布. 植物病理学报, 46(1): 103–111]

(责任编辑:李美娟)