

云南小麦条锈菌群体对18个抗条锈近等基因系的毒性分析

李明菊^{1*} 陈贤明^{2,3} 万安民² 丁明亮⁴ 程加省⁴

(1. 云南省农业科学院农业环境资源研究所, 昆明 650205; 2. 华盛顿州立大学, 普尔曼 99164-6430;
3. USDA-ARS 小麦遗传、品质、生理及病害研究单元, 华盛顿 普尔曼 99164-6430;
4. 云南省农业科学院粮食作物研究所, 昆明 650205)

摘要: 为监测云南省小麦条锈菌群体毒性及小麦抗条锈基因的有效性动态, 2016年采用18个抗条锈近等基因系鉴别寄主对云南省9个州市的136个小麦条锈菌株进行毒性分析, 并按八进制法对小种进行命名。结果表明, 云南省小麦条锈菌群体毒性丰富, 共鉴定出64个小种类型, 其中居于前2位的小种是550273和550073, 出现频率分别为28.68%和11.76%, 是本年度优势小种; 其它小种出现频率均在4.41%以下, 为次要小种。条锈菌群体对Yr5、Yr10、Yr15、Yr32四个抗条锈基因的毒力频率均为0, 对Yr24、YrTr1、Yr8、Yr17四个抗条锈基因的毒力频率在0.74%~11.76%之间, 表明这8个基因是云南省当前有效的抗条锈基因; 对Yr27的毒力频率为52.94%, 对Yr1、Yr6、Yr7、Yr9、Yr43、Yr44、YrSP、YrExp2、YrTye九个抗条锈基因的毒力频率为77.94%~91.91%, 表明这10个抗条锈基因的抗性已减缓或丧失, 说明这些基因在云南省已失效。

关键词: 小麦; 条锈菌; 生理小种; 毒性; 抗条锈基因

Virulence characterization of stripe rust pathogen *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* population to 18 near-isogenic lines resistant to wheat yellow rust in Yunnan Province

Li Mingju^{1*} Chen Xianming^{2,3} Wan Anmin² Ding Mingliang⁴ Cheng Jiasheng⁴

(1. Institute of Agricultural Environment and Resources, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming 650205, Yunnan Province, China; 2. Washington State University, Pullman 99164-6430, Washington State, USA;
3. USDA-ARS Wheat Genetics, Quality, Physiology and Disease Research Unit, Pullman 99164-6430, Washington State, USA; 4. Institute of Food Crop, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming 650205, Yunnan Province, China)

Abstract: To characterize the virulence and race frequencies of the stripe rust pathogen, *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (*Pst*) population and effectiveness of resistance genes to wheat stripe rust in Yunnan Province, a total of 136 isolates were collected from nine regions, and the virulence of all strains was identified using a set of 18 *Yr* near-isogenic lines, and races were named by octal code. The results showed that the *Pst* population in Yunnan was highly variable in races and virulence. Totally, 64 races were characterized and the top two most frequent races were 550273 (28.68%) and 550073 (11.76%), and the remaining races had frequencies less than 4.41%. No virulences was found for *Yr5*, *Yr10*, *Yr15*, and *Yr32*. The virulence frequencies to *Yr24*, *YrTr1*, *Yr8*, and *Yr17* ranged from 0.74% to 11.76%. The eight genes are thought as effective genes in Yunnan at present. The virulence frequency to *Yr27* was 52.94%; and those to *Yr1*, *Yr6*, *Yr7*, *Yr9*, *Yr43*, *Yr44*, *YrSP*, *YrExp2*, and *YrTye* ranged from 77.94% to 91.91%, indicating

基金项目: 国家自然科学基金(31560490, 31260417), 云南省科技厅科技惠民专项(2014RA056)

* 通信作者 (Author for correspondence), E-mail: limingju1996@hotmail.com

收稿日期: 2017-02-08

that the resistance of these ten genes to wheat yellow rust was declining and disappearing, and these genes were non-effective currently in Yunnan Province.

Key words: wheat; *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*; physiological race; virulence; resistance gene to yellow rust

由条形柄锈菌小麦专化型 *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* (*Pst*) 引起的条锈病是全球性严重威胁小麦安全生产的重大流行性病害(李振岐和曾士迈, 2002; Chen, 2005)。中国是世界上小麦条锈病发生面积最大、危害损失最严重的国家, 20世纪50年代以来, 条锈病年均发生面积约400万 hm^2 , 小麦减产10亿 kg 以上(Chen et al., 2009; 陈万权等, 2013)。选育和种植抗病品种是有效控治该病最为经济环保的措施。然而, 中国小麦品种多数大面积推广应用3~5年后其抗病性会减弱甚至消失, 从而造成新一轮的病害大流行。研究表明, 高致病性病菌新小种的产生和发展是导致小麦品种抗锈性丧失, 引发条锈病流行的主要原因(李振岐和曾士迈, 2002; 陈万权等, 2013)。对病菌小种发生动态进行监测, 可预测条锈病的流行, 并为抗病育种及抗病基因利用提供信息。

云南省地处我国西南边陲, 毗邻喜马拉雅山脉, 地形地貌复杂, 海拔相差悬殊, 气候类型多种多样。小麦条锈病在云南省易发常变, 条锈菌毒性复杂, 基因多样性水平高(万安民, 2003), 该病不仅引起当地的小麦产量损失, 而且为我国内地广大麦区提供春季流行的初侵染来源(周金玉等, 2006; 陈万权等, 2013), 对我国小麦条锈病的大区流行起着至关重要的作用。研究表明, 喜马拉雅及邻近地区, 如巴基斯坦、尼泊尔及中国, 是世界小麦条锈菌的起源中心(Ali et al., 2014)。因此, 云南省在世界小麦条锈菌的传播链中具有重要地位, 或本身就是条锈菌的起源地之一。研究云南省小麦条锈菌群体毒性及抗条锈基因的有效性, 不仅为抗病育种及抗病基因合理利用提供依据, 同时还能监测新小种的产生和发展, 为条锈菌的起源及传播提供有力证据。

生理小种是通过一套有选择的寄主基因型来确定的。由于地域、条锈菌群体结构、研究水平及历史等差异, 不同国家和地区采用不同鉴别寄主及相应的命名法进行小种或毒性研究。欧洲国家、澳大利亚、中东国家、南非国家及尼泊尔等国, 同时采用国际鉴别寄主和欧洲鉴别寄主作为一套鉴别寄主来使用, 采用国际命名法(即二进制法)进行小种命名; 印度采用A、B两套鉴别寄主; 美国和加拿大采用北美

鉴别寄主(万安民, 2003), 按时序编码法进行命名, 新的北美鉴别寄主含18个抗条锈近等基因系(Wan & Chen, 2014)。我国的鉴别寄主采取半开放式, 先后根据小种的变化作了几次调整, 现今采用的鉴别寄主包括19个品种材料, 按时序编码法进行命名(胡小平等, 2014), 目前命名到CYR34(刘博等, 2017)。至2014年, 全国小麦条锈生理小种监测结果显示共鉴定出303个小种或致病类型。

除北美鉴别寄主外, 国际上现今采用的其它鉴别寄主, 均不是一套近等基因系, 有的含单基因, 有的含多基因, 有的含未知基因(万安民, 2003)。所鉴定的结果虽对生产有一定的指导作用, 但鉴定的小种不能直接反映抗病基因的信息。并且, 在我国随着条锈菌群体毒性变异, 现有的鉴别寄主不再具有鉴别力, 很多小种难以按条中体系归类, 毒性越来越复杂, 尤其在云南省小麦条锈菌生理小种的研究上更是如此, 生产上迫切需要调整鉴别寄主。万安民(2003)曾建议, 采用近等基因系作鉴别寄主, 能直接监测抗条锈基因的有效性状况, 为生产提供最直接的信息; Wellings(2007)证明以Avocet S为背景的近等基因系鉴别寄主可有效区分条锈菌的小种毒性, 还可推导病原菌小种所携带的毒性基因。当前国际上多倾向于使用这套鉴别寄主来检测和鉴定条锈菌的毒性变异。北美鉴别寄主含18个以Avocet S为背景的抗条锈近等基因系, 涵盖了历史及现今世界和中国小麦生产上重要的抗条锈基因(Wan et al., 2016), 较中国鉴别寄主更能全面地反映抗条锈基因的变异情况, 具有更好的鉴别力(詹刚明等, 2012)。

基于此, 本研究引进北美鉴别寄主用于云南省小麦条锈菌群体毒性分析, 明确当前条锈菌群体毒性状况及抗条锈基因的有效性, 以期为我国小麦抗锈育种及抗病基因合理利用提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

供试小麦条锈病标样: 在2016年分别采自云南省昆明、玉溪、楚雄、大理、临沧、文山、红河、曲靖、昭通共9个州市(23°22'38"~27°19'30" N, 99°14'35"~104°30'59" E), 海拔范围1 450~2 140 m。标样采集

的小麦品种有国内品种靖麦11、靖麦17、靖麦19、靖2006-45、靖2006-46、靖2015-1、靖2015-3、云麦47、云麦52、云麦54、云麦106、云15D4-4、云15D4-6、云126-8、云杂12、临麦6号、凤麦33、凤17-7-2、宜麦001、宜2001-1、玉15-1、石麦001、楚14-31、楚16-5、J-91、J-235、J-370、3F6、F49-71、本地麦、川麦、川麦54、川麦107、洛夫林10、洛夫林13、早洋、兰天18、贵农22、豫麦49、烟农15号、晋麦47、晋麦54、玉皮、繁6、绵阳11、阿夫、阿勃、南大2419、京双16、川00062、川育55871、扬麦5号、扬麦158、水源11、高加索、铭贤169与云南一些育种高代材料及未知名的当地小麦;外引品种Avocet S*6/Yr1、Avocet S*6/Yr5、Avocet S*6/Yr6、Avocet S*6/Yr7、Avocet S*6/Yr9、Avocet S*6/Yr17、Avocet S*6/Yr18、Avocet S*6/Yr26、Avocet *6/YrSp、铭贤169*6/Yr10、Mega、Cappelle Desprez、Kalyansona、Reichersberg42、McNair 701、Strubes Dickkopf、Suwon 92/Omar、Alba、Suwon 85、F49-71、Moro、Heines Peko、Compare、Maris Huntsman、Triumph 64、Morrocco、Chancellor等。若标样采自变异观察圃,则采集不同小麦品种上自然侵染的叶片;若采自大田生产品种,则每个标样应相互距离1 000 m以上。标样尽量涵盖不同的生态区、不同海拔及不同的小麦品种,以使样本更具代表性。

供试小麦品种:包括Yr1、Yr5、Yr6、Yr7、Yr8、Yr9、Yr10、Yr15、Yr17、Yr24、Yr27、Yr32、Yr43、Yr44、YrSP、YrTr1、YrExp2、YrTye共18个以Avocet S为背景的近等基因系鉴别寄主与1个辅助鉴别寄主Hybrid 46,全感对照Avocet S及高感品种Nugaines,所有供试小麦品种由美国华盛顿州立大学陈贤明教授提供。

1.2 方法

1.2.1 小麦条锈菌的菌株繁殖

在接种前1周,将高感小麦品种Nugaines播于直径为10 cm的盆内,置于无菌培养室,待麦苗长至1叶1心时,将采集的小麦条锈病标样在培养皿中保湿6~12 h,1个标样置于1个培养皿内。待条锈菌夏孢子散粉后,每个标样挑取单个夏孢子堆,接种在1盆无菌麦苗叶片上。接种后用透明塑料罩隔离,避免菌株间交互侵染。然后在10℃的黑暗结露条件下保湿24 h,再移入温室培养。培养温室的温度从02:00时的4℃逐步上升到14:00时的20℃再逐步下降到第2天02:00时的4℃,光照16 h。待小麦叶片发病充分后,收集足量的新鲜夏孢子,进行毒性鉴定。

1.2.2 小麦条锈菌的毒性鉴定

参照Wan & Chen(2014)方法对小麦条锈菌菌株进行毒性鉴定。将鉴别寄主及全感对照(共20个

材料)播于盆中,每个品种播5~7粒,待长至1叶1心时接种。按夏孢子量与滑石粉1:20的比例混合均匀,用撒粉法接种在准备好的鉴别寄主上,接种、保湿及培养条件和菌株繁殖的条件一致。接种后18~20 d待鉴别寄主充分发病,按0~9级标准进行病情记载,其中0~6级为无毒性(A),7~9级为有毒性(V)。根据毒性及无毒性反应,明确条锈菌株对18个抗条锈基因的毒性公式,然后按照八进制法对小种进行数码命名(Wan et al., 2016)。同时,明确各菌株在辅助鉴别寄主Hybrid 46上的抗感反应。

2 结果与分析

2.1 小麦条锈菌毒性鉴定结果

本研究鉴定了2016年采自云南省9个州市的136个菌株,共鉴定出64个小种,各小种毒性谱十分丰富,如小种000001对1个抗条锈基因有毒力,而小种571277对13个抗条锈病基因有毒力。小种550273和小种550073的出现频率居前2位,分别为28.68%及11.76%,是本年度的优势生理小种,而其它小种出现频率均在4.41%以下,为本年度的次要小种。出现频率越高则分布越广泛,小种550273在所有9个采样地区、33个小麦品种上均有分布,小种550073分布于7个地区、14个品种上;次要小种仅分布在1~3个地区的1~5个品种,并不普遍。出现频率最高的小种550273对10个抗条锈基因有毒力,并不是毒性谱最宽的小种;毒性谱最宽的小种571277出现频率仅为0.74%(表1)。鉴定为优势小种550273的菌株在辅助鉴别寄主Hybrid 46上的反应不一,有毒力菌株与无毒力菌株的比例为35:4;另一个优势小种550073对Hybrid 46均有毒力。

2.2 小麦条锈菌群体对抗条锈基因的毒力频率

云南小麦条锈菌群体对各抗条锈基因的毒力频率结果表明,条锈菌群体对Yr5、Yr10、Yr15、Yr32四个抗条锈基因的毒力频率均为0,说明供试的云南省小麦条锈菌群体均不能侵染这些基因;对Yr24、YrTr1、Yr8、Yr17四个抗条锈基因的毒力频率为0.74%~11.76%;而对Yr27的毒力频率为52.94%,对Yr1、Yr6、Yr7、Yr9、Yr43、Yr44、YrSP、YrExp2、YrTye九个抗条锈基因的毒力频率为77.94%~91.91%。就分布而言,对Yr24有毒力的菌株仅有1个,分布在红河;对YrTr1有毒力的菌株分布在临沧、红河和楚雄;对Yr8和Yr17有毒力的菌株频率虽然仅11.76%,但地理分布较广,在6个地区均有分布;对Yr27、Yr1、Yr6、Yr7、Yr9、Yr43、Yr44、YrSP、YrExp2、

*YrTye*有毒力的菌株频率高且分布广,在本年度采样 的所有地区均有分布(表2)。

表1 2016年云南省小麦条锈菌小种的出现频率与分布

Table 1 Race frequency of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* and its distribution in Yunnan Province in 2016

八进制 编码 Octal code	毒性公式 Virulence formula	出现频率 Frequency (%)	地理分布 Geographical distribution	小麦品种 Wheat cultivar
550273	1, 6, 7, 9, 27, 43, 44, SP, Exp2, Tye	28.68	KM, YX, CX, DL, LC, WS, HH, QJ, ZT	凤麦33、玉15-1、靖2006-45、靖2006-46、凤17-7-2、云麦54、云杂12、临麦6号、楚14-31、云15D4-4、宜麦001、绵阳11、川麦54、川麦107、早洋、南大2419、川00062、川育55871、扬麦158、洛夫林13、Avocet S*6/Yr1、Avocet S*6/Yr5、Avocet S*6/Yr9、Avocet S*6/Yr17、Avocet S*6/Yr18、Mingxian 169/Yr10、Avecet *6/YrSp、Compare、Cappelle Desprez、Strubes Dickkopf、Alba、Suwon 85、Reichersberg42 Fengmai 33, Yu 15-1, Jing 2006-45, Jing 2006-46, Feng 17-7-2, Yunmai 54, Yunza 12, Linmai 6, Chu 14-31, Yun 15D4-4, Yimai 001, Mianyang 11, Chuanmai 54, Chuanmai 107, Early premium, Mentana, Chuan 00062, Chuanyu 55871, Yangmai 158, Lovrin 13
550073	1, 6, 7, 9, 43, 44, SP, Exp2, Tye	11.76	KM, YX, CX, DL, LC, HH, QJ	宜2011-1、临麦6号、玉15-1、川麦107、3F6、云126-8、铭贤169、贵农22、高加索、Avocet S*6/Yr26、Heines Peko、Maris Huntsman、McNair 701、Suwon 92/Omar Yi 2011-1, Linmai 6, Yu 15-1, Chuanmai 107, Yun 126-8, Mingxian169, Guinong 22, Kavkaz
540273	1, 6, 7, 27, 43, 44, SP, Exp2, Tye	4.41	KM, YX, HH	晋麦54、云麦52、Kalgansona、Reichersberg42、Mega Jinmai 54, Yunmai 52
550272	1, 6, 7, 9, 27, 43, 44, SP, Exp2	3.68	KM, YX, WS	石麦001、阿夫、铭贤169、Avocet S*6/Yr6、Avocet S*6/Yr7 Shimai 001, Funo, Mingxian 169
550233	1, 6, 7, 9, 27, 44, SP, Exp2, Tye	2.21	CX, LC, ZT	云麦54、临麦6号 Yunmai 54, Linmai 6
570073	1, 6, 7, 8, 9, 43, 44, SP, Exp2, Tye	2.21	KM, LC, HH	川麦107、Suwon 92/Omar 7 Chuanmai 107
550271	1, 6, 7, 9, 43, 44, SP, Tye	1.47	WS, YX	石麦001、繁6 Shimai 001, Fan 6
550033	1, 6, 7, 9, 44, SP, Tye	1.47	KM, QJ	靖麦19、烟农15 Jingmai 19, Yannong 15
550072	1, 6, 7, 9, 43, 44, SP, Exp2	1.47	CX, YX	扬麦5号、Morrocco Yangmai 5
561262	1, 6, 7, 8, 17, 27, 43, 44, Exp2	1.47	CX	楚14-31 Chu 14-31
550003	1, 6, 7, 9, Exp2, Tye	1.47	KM, YX	Triumph 64, Avocet S*6/Yr17
550031	1, 6, 7, 9, 44, SP, Tye	1.47	KM, QJ	Cappelle Desprez
551273	1, 6, 7, 9, 17, 43, 44, SP, Exp2, Tye	0.74	KM	铭贤169 Mingxian 169
550263	1, 6, 7, 9, 27, 43, 44, Exp2, Tye	0.74	KM	铭贤169 Mingxian 169
561062	1, 6, 7, 8, 17, 43, 44, Exp2	0.74	CX	楚14-31 Chu 14-31
550277	1, 6, 7, 9, 27, 43, 44, SP, Tr1, Exp2, Tye	0.74	LC	云麦106 Yunmai 106
050233	7, 9, 27, 44, SP, Exp2, Tye	0.74	WS	川麦 Chuanmai
150223	6, 7, 9, 27, 44, Exp2, Tye	0.74	WS	川麦 Chuanmai
410220	1, 9, 27, 44	0.74	DL	云麦54 Yunmai 54
571277	1, 6, 7, 8, 9, 17, 27, 43, 44, SP, Tr1, Exp2, Tye	0.74	HH	川麦107 Chuanmai 107
530003	1, 6, 7, Exp2, Tye	0.74	YX	阿勃 Abbondanza

续表1 Continued

八进制 编码 Octal code	毒性公式 Virulence formula	出现频率 Frequency (%)	地理分布 Geographical distribution		小麦品种 Wheat cultivar
040040	7,43	0.74	KM		Moro
556272	1,6,7,9,17,27,43,44,SP,Exp2	0.74	YX		京双16 Jingshuang 16
470270	1,7,8,9,27,43,44,SP	0.74	DL		云15D4-6 Yun 15D4-6
561766	1,6,7,8,17,43,44,Tr1,Exp2	0.74	CX		未知 unknown
561066	1,6,7,8,17,43,44,Tr1,Exp2	0.74	CX		楚14-31 Chu 14-31
110071	6,9,43,44,SP,Tye	0.74	KM		未知 unknown
001051	17,43,SP,Tye	0.74	HH		川麦107 Chuanmai 107
050040	7,9,43	0.74	KM		蓝天18 Lantian 18
566262	1,6,7,8,17,27,43,44,Exp2	0.74	CX		楚16-5 Chu 16-5
000230	27,44,SP	0.74	HH		云麦54 Yunmai 54
010060	9,43,44	0.74	KM		Morocco
510011	1,6,9,SP,Tye	0.74	KM		水源11 Suwon 11
540043	1,6,7,43,Exp2,Tye	0.74	KM		Chancellor
541273	1,6,7,17,27,43,44,SP,Exp2,Tye	0.74	KM		豫麦49 Yumai 49
100025	6,44,Tr1,Tye	0.74	LC		J-370
050070	7,9,43,44,SP	0.74	KM		晋麦47 Jinmai 47
150051	6,7,9,43,Tye	0.74	LC		临麦6号 Linmai 6
000001	Tye	0.74	QJ		靖2015-3 Jing 2015-3
170072	6,7,8,9,43,44,SP,Exp2	0.74	DL		Avocet S*6/Yr1
150071	6,7,9,27,43,44,SP,Tye	0.74	QJ		靖麦17 Jingmai 17
150061	6,7,9,43,44,Tye	0.74	LC		临麦6号 Linmai 6
450021	1,7,9,44,Tye	0.74	HH		云麦47 Yunmai 47
400040	1,43	0.74	HH		云麦47 Yunmai 47
450231	1,7,9,27,44,SP,Tye	0.74	HH		川麦107 Chuanmai 107
450033	1,7,9,44,SP,Exp2,Tye	0.74	QJ		靖2015-1 Jing 2015-1
540073	1,6,7,17,43,44,SP,Exp2,Tye	0.74	QJ		靖麦11 Jingmai 11
550035	1,6,7,9,44,SP,Tr1,Tye	0.74	LC		J-235
551001	1,6,7,9,17,Tye	0.74	LC		J-91
550021	1,6,7,9,44,Exp2,Tye	0.74	KM		贵农22 Guinong 22
550053	1,6,7,9,44,SP,Exp2,Tye	0.74	KM		洛夫林10 Lovrin 10
550023	1,6,7,9,44,Exp2,Tye	0.74	HH		未知 unknown
550071	1,6,7,9,43,44,SP,Tye	0.74	LC		临麦6号 Linmai 6
550075	1,6,7,9,43,44,SP,Tr1,Tye	0.74	HH		云麦47 Yunmai 47
551233	1,6,7,9,17,27,44,SP,Tye	0.74	LC		临麦6号 Linmai 6
570471	1,6,7,8,9,24,43,44,SP,Tye	0.74	HH		川麦107 Chuanmai 107
571273	1,6,7,8,9,17,27,43,44,SP,Exp2,Tye	0.74	HH		豫麦49 Yumai 49
570273	1,6,7,8,9,27,43,44,SP,Exp2,Tye	0.74	ZT		本地麦 Local wheat
551073	1,6,7,9,17,43,44,SP,Exp2,Tye	0.74	KM		F49-71
040003	7,Exp2,Tye	0.74	KM		玉皮 Yupi
150073	6,7,9,43,44,SP,Exp2,Tye	0.74	KM		Avocet S*6/Yr5
510033	1,6,9,44,SP,Exp2,Tye	0.74	KM		铭贤169*6/Yr10 Mingxian 169*6/Yr10
100072	6,43,44,SP,Exp2	0.74	KM		Suwon 92/Omar
170262	6,7,8,9,27,43,44,Exp2	0.74	KM		Strubes Dickkopf
总计 Total		100.00			

KM、YX、CX、DL、LC、WS、HH、QJ、ZT分别代表昆明、玉溪、楚雄、大理、临沧、文山、红河、曲靖和昭通。KM, YX, CX, DL, LC, WS, HH, QJ and ZT stand for Kunming, Yuxi, Chuxiong, Dali, Lincang, Wenshan, Honghe, Qujing and Zhaotong, respectively.

表2 2016年云南省小麦条锈菌群体对 *Yr* 基因的毒力频率Table 2 Virulence frequencies of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* to *Yr* genes in Yunnan Province in 2016

抗条锈基因	菌株数	毒力频率 (%)	地理分布
<i>Yr</i> gene	No. of isolates	Virulence frequency	Geographical distribution
<i>Yr5</i>	0	0.00	None
<i>Yr10</i>	0	0.00	None
<i>Yr15</i>	0	0.00	None
<i>Yr32</i>	0	0.00	None
<i>Yr24</i>	1	0.74	HH
<i>YrTr1</i>	7	5.12	LC, HH, CX
<i>Yr8</i>	16	11.76	KM, CX, HH, LC, DL, ZT
<i>Yr17</i>	16	11.76	KM, CX, HH, LC, YX, QJ
<i>Yr27</i>	72	52.94	KM, LC, WS, ZT, DL, CX, YX, HH, QJ
<i>Yr1</i>	117	86.03	KM, CX, DL, YX, HH, LC, QJ, WS, ZT
<i>Yr6</i>	121	88.97	KM, CX, DL, YX, HH, LC, QJ, WS, ZT
<i>Yr7</i>	125	91.91	KM, CX, DL, YX, HH, LC, QJ, WS, ZT
<i>Yr9</i>	112	82.35	KM, DL, CX, YX, HH, LC, QJ, WS, ZT
<i>Yr43</i>	108	79.41	KM, CX, DL, YX, HH, LC, QJ, WS, ZT
<i>Yr44</i>	123	90.44	KM, DL, CX, YX, HH, LC, QJ, WS, ZT
<i>YrSP</i>	109	80.15	KM, CX, DL, YX, HH, LC, QJ, WS, ZT
<i>YrExp2</i>	106	77.94	KM, CX, DL, YX, HH, LC, QJ, WS, ZT
<i>YrTye</i>	111	81.62	KM, DL, CX, YX, HH, LC, QJ, WS, ZT

KM, YX, CX, DL, LC, WS, HH, QJ, ZT 分别代表昆明、玉溪、楚雄、大理、临沧、文山、红河、曲靖和昭通。KM, YX, CX, DL, LC, WS, HH, QJ and ZT indicate Kunming, Yuxi, Chuxiong, Dali, Lincang, Wenshan, Honghe, Qujing, and Zhaotong, respectively.

3 讨论

本研究明确了云南省2016年小麦条锈菌的优势小种是550273及550073,出现频率分别为28.68%和11.76%,是当前云南省小麦抗条锈育种主要针对的目标。但居于首位的小种550273并不是毒性谱最宽的小种,而毒性谱最宽的小种551277仅有零星的出现频率,其可能是新出现并有潜力的小种,应在今后研究中密切关注。因此在抗病育种及品种抗病性评价时,需兼顾优势小种及毒性谱最宽的小种,这样选育出的抗性品种才具有持久性和缓冲性。

本研究采用北美鉴别寄主鉴定出的中国小麦条锈菌的优势小种是550273及550073,而采用中国鉴别寄主近年来鉴定出的优势小种为CYR32及CYR33(Chen et al., 2009; 刘太国等, 2012), CYR32能侵染Hybrid 46, 而CYR33则对Hybrid 46具有抗性,而在其它中国鉴别寄主上的抗感反应一致(李明菊等, 2009)。本研究同步测试了供试菌株在Hybrid 46上的反应,结果发现,采用北美鉴别寄主鉴定出的优势小种550273群体,有的菌株对Hybrid 46有毒力,有的对Hybrid 46无毒力,前后两者比例为

35:4, 推测550273小种群体可能含有CYR32和CYR33小种,而CYR32的比例大于CYR33,与Chen et al. (2009)和李明菊等(2009)研究结论相似,而另一个优势小种550073对Hybrid 46有毒力,推测属于Hybrid 46致病类群。

本研究采用的北美鉴别寄主涵盖18个抗条锈近等基因系,而中国鉴别寄主只含有*Yr1*、*Yr3*、*Yr5*、*Yr6*、*Yr9*、*YrA*、*YrSu*、*Yr(3b+4b)*等及一些未知基因,前者较后者更能较全面地反映抗条锈基因的情况,具有更好的区分力,詹刚明等(2012)采自陇南越夏区的39个条锈菌系分别被北美和中国鉴别寄主鉴定为24个和9个毒性类型。中国小麦条锈菌的毒性多样性相当丰富(Duan et al., 2010)。因此,引进北美近等基因系鉴别寄主,更能满足中国小麦条锈菌群体毒性研究的需要,而为了与历史资料对比以及新旧体系的切换,建议在未来几年的研究中,采用北美鉴别寄主与中国鉴别寄主同步使用,以完成新旧体系的过渡。

本研究表明,小麦条锈菌群体对*Yr5*、*Yr10*、*Yr15*、*Yr32*四个抗条锈基因的毒力频率均为0,对*Yr24*、*YrTr1*、*Yr8*、*Yr17*四个抗条锈基因的毒力频率

为0.74%~11.76%,表明这8个基因是当前云南省有效的抗条锈基因,可进一步加以利用,但需密切监测其变异动态,尤其是 $Yr8$ 和 $Yr17$,毒力频率虽然仅11.76%,但地理分布较广,在6个地区均有分布,其抗性短期内失效的可能性很大。小麦条锈菌群体对 $Yr27$ 的毒力频率为52.94%,对 $Yr1$ 、 $Yr6$ 、 $Yr7$ 、 $Yr9$ 、 $Yr43$ 、 $Yr44$ 、 $YrSP$ 、 $YrExp2$ 、 $YrTye$ 等9个抗条锈基因的毒力频率为77.94%~91.91%,可认为这些基因在云南省的抗性已经失效,生产上应尽量降低含有这些基因的小麦播种面积。这些失效的抗病基因,除 $Yr43$ 、 $Yr44$ 、 $YrExp2$ 、 $YrTye$ 等尚不明确在中国小麦品种上的分布外,其余在我国现今的大多数小麦品种中均有分布,尤其是 $Yr1$ 、 $Yr9$ 广泛分布在陕甘川(王凤乐等,1994;曹世勤等,2011)、豫鲁皖(牛永春等,2000)及滇(Li et al., 2011)等生产品种及现今国审小麦品种中(张玉薇等,2014a),其对小麦条锈菌造成强大的定向选择压力,是导致抗性失效的主要原因。今后有必要开发 $Yr43$ 和 $Yr44$ 的相关分子标记,以及利用已开发的 $YrExp2$ (Lin & Chen, 2008)及 $YrTye$ (Xiang et al., 2016)分子标记进行检测,明确这些基因在中国小麦生产品种上的分布状况。

本研究认为 $Yr5$ 、 $Yr10$ 、 $Yr15$ 、 $Yr32$ 及 $Yr24$ (= $Yr26$)、 $YrTr1$ 、 $Yr8$ 、 $Yr17$ 是有效的抗条锈基因,其中, $Yr10$ 及 $Yr26$ 等已逐步应用于小麦生产(刘丽娟等,2008;王欣等,2011;张玉薇等,2014b),并且在云南省2012—2013年的田间监测发现 $Yr10$ 在临沧、德宏、玉溪及昭通等地已开始感病; $Yr26$ 在临沧和德宏开始感病(李明菊等,2016); $Yr10$ 、 $Yr17$ 、 $Yr26$ 、 $YrTr1$ 分布于我国小麦条锈菌越夏变异区甘肃省天水市,感病程度也呈逐年加重趋势(袁凤平等,2014)。说明云南省乃至我国小麦条锈菌正处于急剧的变异之中,在加强监测的同时,合理利用这些基因,是延缓其抗性消失的前提。

致谢:云南省玉溪市红塔区植保植检站杨莲研究员、玉溪市易门县农技推广中心陈向东高级农艺师、弥勒县农技推广中心任孝忠高级农艺师、曲靖市农业科学院唐永生研究员、楚雄州农业科学院杨茂昌研究员、楚雄州植保植检站张轴农艺师、临沧市植保植检站韦丽莉高级农艺师、大理州农业科学院李国强研究员、弥渡县植保植检站宋文宏高级农艺师、文山州农业科学院何金宝研究员、文山州植保植检站范俊珺高级农艺师、镇雄县植保站张翼亮高级农艺师等在采样中给予协助,特此致谢!

参 考 文 献 (References)

Ali S, Gladieux P, Leconte M, Gautier A, Justesen AF, Hovmøller MS,

Enjabert J, Vallavieille-Pope C. 2014. Origin, migration routes and worldwide population genetic structure of the wheat yellow rust pathogen *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*. *PLoS Pathogens*, 10(1): e1003903

Cao SQ, Zhang B, Li MJ, Xu SC, Luo HS, Jin SL, Jia QZ, Huang J, Jin MA, Shang XW. 2011. Postulation of stripe rust resistance genes and analysis of adult resistance in 50 wheat varieties (lines) in Gansu Province. *Acta Agronomica Sinica*, 37(8): 1360–1371 (in Chinese) [曹世勤, 张勃, 李明菊, 徐世昌, 骆惠生, 金社林, 贾秋珍, 黄瑾, 金明安, 尚勋武. 2011. 甘肃省50个主要小麦品种(系)苗期抗条锈基因推导及成株期抗病性分析. *作物学报*, 37(8): 1360–1371]

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]

Chen WQ, Wu LR, Liu TG, Xu SC. 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 XM. 2005. Epidemiology and control of stripe rust [*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*] on wheat. *Canadian Journal Plant Pathology*, 27: 314–337

Duan X, Tellier A, Wan A, Leconte M, de Vallavieille-Pope C, Enjabert J. 2010. *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* presents high diversity and recombination in the overwintering zone of Gansu, China. *Mycologia*, 102: 44–53

Hu XP, Wang BT, Kang ZS. 2014. Research progress on virulence variation of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in China. *Journal of Triticeae Crop*, 34(5): 709–716 (in Chinese) [胡小平, 王保通, 康振生. 2014. 中国小麦条锈菌毒性变异研究进展. *麦类作物学报*, 34(5): 709–716]

Li MJ, Feng J, Cao SQ, Lin RM, Cheng G, Yu YX, Chen WQ, Xu SC. 2011. Postulation of seedlings resistance genes to stripe rust in commercial wheat cultivars from Yunnan Province in China. *Agricultural Sciences in China*, 10(11): 1723–1731

Li MJ, Gu ZL, Guo F, Xiao WX, Zhang YP, Li YQ, Ji Y. 2009. Monitoring of physiological races of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in Yunnan in 2008. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 22(1): 81–86 (in Chinese) [李明菊, 顾中量, 郭方, 肖文祥, 张玉萍, 李月秋, 吉勇. 2009. 2008年云南省小麦条锈菌生理小种变异监测. *西南农业学报*, 22(1): 81–86]

Li MJ, Yang ZL, Yang L, Gu ZL, Ji Y, Wei LL, Zhang YL, Zhang PH, Song WH, Zhang Q, et al. 2016. Resistance of *Yr* genes and commercial wheat cultivars to yellow rust in Yunnan Province. *Plant Protection*, 42(4): 161–168 (in Chinese) [李明菊, 杨子林, 杨莲, 顾中量, 吉勇, 韦丽莉, 张翼亮, 张培花, 宋文宏, 张庆, 等. 2016. 部分小麦抗条锈基因及生产品种在云南的抗性表现. *植物保护*, 42(4): 161–168]

Li ZQ, Zeng SM. 2002. *Wheat rusts in China*. Beijing: China Agricul-

- ture 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]
- Lin F, Chen XM. 2008. Molecular mapping of genes for race-specific overall resistance to stripe rust in wheat cultivar express. *Theoretical and Applied Genetics*, 116: 797–806
- 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]
- Liu LJ, Wang ZL, Xi YJ, Liu SD. 2008. Detection of stripe rust resistant gene *Yr26* with SSR markers in wheat cultivars of Huanghuai region. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 28(7): 1308–1312 (in Chinese) [刘丽娟, 王竹林, 奚亚军, 刘曙东. 2008. 黄淮麦区小麦品种(系)中 *Yr26* 基因的 SSR 检测. *西北植物学报*, 28(7): 1308–1312]
- Liu TG, Wang BT, Jia QZ, Zhang ZY, Li Q, Cao SQ, Peng YL, Jin SL, Li MJ, Liu B, et al. 2012. Physiologica specialization of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in China during 2010–2011. *Journal of Triticeae Crop*, 32(3): 574–578 (in Chinese) [刘太国, 王保通, 贾秋珍, 章振羽, 李强, 曹世勤, 彭云良, 金社林, 李明菊, 刘博, 等. 2012. 2010—2011 年度我国小麦条锈菌生理专化研究. *麦类作物学报*, 32(3): 574–578]
- Niu YC, Qiao Q, Wu LR. 2000. Postulation of resistance genes to stripe rust in commercial wheat cultivars from Henan, Shandong and Anhui provinces. *Acta Phytopathologica Sinica*, 30(2): 122–128 (in Chinese) [牛永春, 乔奇, 吴立人. 2000. 豫鲁皖三省重要小麦抗条锈基因推导. *植物病理学报*, 30(2): 122–128]
- Wan AM. 2003. Differentials and nomenclature of races of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* Eriksson. *Acta Phytopathologica Sinica*, 33(6): 481–486 (in Chinese) [万安民. 2003. 小麦条锈病鉴别寄主及小种命名现状. *植物病理学报*, 33(6): 481–486]
- Wan AM, Chen XM. 2014. Virulence characterization of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* using a new set of *Yr* single-gene line differentials in the United States in 2010. *Plant Disease*, 98: 1534–1542
- Wan AM, Chen XM, Yuen J. 2016. Races of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in the United States in 2011 and 2012 and comparison with races in 2010. *Plant Disease*, 100: 966–975
- Wan AM, Wu LR, Jia QZ, Jin SL, Li GB, Wang BT, Yao G, Yang JX, Yuan ZY, Bi YQ. 2003. Pathogenic changes of stripe rust fungus of wheat in China during 1997–2001. *Acta Phytopathologica Sinica*, 33(3): 261–266 (in Chinese) [万安民, 吴立人, 贾秋珍, 金社林, 李高宝, 王保通, 姚革, 杨家秀, 原宗英, 毕云青. 2003. 1997—2001 年我国小麦条锈菌生理小种变化动态. *植物病理学报*, 33(3): 261–266]
- Wang FL, Wu LR, Wan AM, Song WZ, Yuan WH, Yang JX. 1994. Postulated genes for resistance to stripe rust in seedlings of wheat cultivars from Shaanxi, Gansu and Sichuan provinces. *Acta Agromonomica Sinica*, 20(5): 589–594 (in Chinese) [王凤乐, 吴立人, 万安民, 宋位中, 袁文焕, 杨家秀. 1994. 陕、甘、川重要小麦品种抗条锈基因分析. *作物学报*, 20(5): 589–594]
- Wang X, Zhang HG, Liu BL, Zhang B, Liu J. 2011. Molecular detection of *Yr10* and *Yr15* genes and 1BL/1RS translocation in wheat cultivars in Qinghai Province. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 31(1): 57–63 (in Chinese) [王欣, 张怀刚, 刘宝龙, 张波, 柳颀. 2011. 青海省小麦品种中 *Yr10* 和 *Yr15* 基因及其 1BL/1RS 易位的分子检测. *西北植物学报*, 31(1): 57–63]
- Wellings CR. 2007. *Puccinia striiformis* in Australia: a review of the incursion, evolution, and adaptation of stripe rust in the period 1979–2006. *Australian Journal of Agricultural Research*, 58: 567–575
- Xiang C, Feng JY, Wang MN, Chen XM, See DR, Wan AM, Wang T. 2016. Molecular mapping of stripe rust resistance gene *Yr76* in winter club wheat cultivar Tyee. *Phytopathology*, 106(10): 1186–1193
- Yuan FP, Wei GR, Zhan GM, Yao S, Chen W, Zeng QD, Huang LL, Kang ZS, Han DJ. 2014. Characterization on virulence of main prevalent pathotypes of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in China. *Journal of Triticeae Crop*, 34(11): 1577–1582 (in Chinese) [袁凤平, 魏国荣, 詹刚明, 姚石, 陈伟, 曾庆东, 黄丽丽, 康振生, 韩德俊. 2014. 中国小麦条锈菌当前主要流行小种毒性分析. *麦类作物学报*, 34(11): 1577–1582]
- Zhan GM, Wang FP, Wang JF, Huang LL, Kang ZS. 2012. The virulence phenotype and molecular genotype analysis of stripe rust on volunteer wheat seedlings in South Gansu. *Mycosystema*, 31(4): 608–622 (in Chinese) [詹刚明, 王付平, 王建锋, 黄丽丽, 康振生. 2012. 陇南越夏区自生麦苗条形柄锈菌毒性表型及分子基因型分析. *菌物学报*, 31(4): 608–622]
- Zhang YW, Liu Bo, Liu TG, Gao L, Chen WQ. 2014b. Molecular detection of *Yr10* and *Yr18* genes and 1BL/1RS translocation in wheat cultivars. *Plant Protection*, 40(1): 54–59 (in Chinese) [张玉薇, 刘博, 刘太国, 高利, 陈万权. 2014b. 小麦品种抗条锈病基因 *Yr10*、*Yr18* 及 1BL/1RS 易位的分子检测. *植物保护*, 40(1): 54–59]
- Zhang YW, Liu TG, Liu B, Gao L, Chen WQ. 2014a. Gene postulation of stripe rust resistance genes of 75 Chinese commercial wheat cultivars. *Journal of Plant Protection*, 41(1): 45–53 (in Chinese) [张玉薇, 刘太国, 刘博, 高利, 陈万权. 2014a. 中国 75 个国审小麦品种抗条锈基因推导. *植物保护学报*, 41(1): 45–53]
- Zhou JY, Li MJ, Lü JP. 2006. Deduction of preliminary base of pathogen of wheat stripe rust in China. // *Science and Technology Innovation and Green Plant Protection: Proceeding of Annual Meeting Society of Chinese Plant Protection in 2006*. Beijing: Agricultural Science Press of China, pp.141–146 (in Chinese) [周金玉, 李明菊, 吕建平. 2006. 中国小麦条锈病初菌源基地的推论. // *科技创新与绿色植保——中国植物保护学会 2006 学术年会论文集*. 北京: 中国农业科技出版社, pp. 141–146]

(责任编辑:王璇)