

简俊涛, 杨辉, 王清华, 等. 条锈菌冬繁区南阳盆地小麦品种(系)抗条锈病状况与抗病育种对策[J]. 江苏农业科学, 2023, 51(20): 115-121.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2023.20.016

条锈菌冬繁区南阳盆地小麦品种(系)抗条锈病状况与抗病育种对策

简俊涛¹, 杨辉¹, 王清华¹, 刘骏², 李玉鹏¹, 张闯闯³, 张彬¹, 贾毛毛¹, 韩德俊⁴, 谢彦周⁴

(1. 南阳市科学院, 河南南阳 473000; 2. 焦作市农林科学研究院, 河南焦作 454002; 3. 南阳农业职业学院, 河南南阳 473000;

4. 西北农林科技大学农学院/旱区作物逆境生物学国家重点实验室, 陕西杨凌 712100)

摘要:南阳盆地是我国小麦条锈菌冬繁基地和春季菌源输出地, 当前生产品种抗病性水平整体抗性低, 特别是无苗期抗病基因, 筛选具有全生育期抗病性高代系, 有目的创制全生育期抗病品种。使用该区 16 份主栽品种和 62 份近年参加审定的品种(系)为材料, 利用条中 32(CYR32)和条中 34(CYR34)在杨凌单小种苗期进行单小种抗病性鉴定, 2021 年成株期在杨凌条锈菌混合小种病圃鉴定, 南阳自然诱发病圃鉴定, 综合苗期与成株期鉴定的结果进行品种(系)条锈病抗病类型分类与材料抗性评价; 使用 Yr7、Yr9、Yr17、Yr18、Yr26、Yr29、Yr30、Yr78、Yr81 和 YrZH84 抗锈标记进行检测。16 份主栽品种有 1 份在苗期对 CYR32 与 CYR34 小种抗性接近免疫, 全生育期表现出抗性的仅有 1 份, 成株期抗病材料有 8 份, 表现慢锈性材料有 3 份, 感病材料有 5 份。62 份近年参加审定的品种(系)在苗期 14 份对 CYR32 与 CYR34 表现接近免疫或免疫, 全生育期表现出抗性的有 10 份, 成株期抗病材料 31 份, 表现慢锈性材料 18 份, 感病材料 13 份。78 份材料分子检测表明, 可能分别含有 Yr7、Yr9、Yr17、Yr18、Yr29、Yr30、Yr78、Yr81、YrZH84 的材料有 3、26、1、2、24、9、11、6、11 份, 未检测到含 Yr26 的材料。南阳盆地主栽品种全生育期抗性品种极少, 整体抗性水平低, Yr9 被广泛利用; 62 份近年参加审定的品种(系), 表现出全生育期抗性的品种(系)仍然较少, 对条锈菌流行小种整体抗性提高, 除 Yr9 外, Yr29、Yr78 及 YrZH84 也被广泛使用。利用多基因聚合育种提高南阳盆地小麦品种条锈抗性, 培育具有全生育期抗性小麦品种, 严控条锈病冬繁区菌源的输出, 进而为东部麦区搭建条锈病防控屏障, 并减轻本地病害。

关键词:南阳盆地; 小麦; 条锈抗性; 抗病基因; 分子检测

中图分类号: S435.121.4⁺2 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002-1302(2023)20-0115-07

小麦条锈病一般造成 10% ~ 30% 的产量损失, 这种大区易流行气传病害严重发生时可造成小麦严重减产甚至绝收^[1]。我国是世界上最大的小麦条锈病流行区, 常年发病面积达到 400.0 万 ~ 533.3 万 hm², 不同麦区在条锈病流行中扮演的角色和地位也不同。南阳盆地特殊的冬季气候, 即日均气温很少低于 0℃, 使冬季麦苗持续缓慢生长, 条锈菌籍此在南阳麦区进行越冬繁殖。因此南阳麦区是我国小麦条锈菌重要的冬繁区之一, 是黄淮麦区及长江中下游麦区条锈病春季流行重要的菌源

输出地。降低冬繁区的菌源量, 调控条锈毒性菌源结构, 对小麦锈病综合治理意义重大。南阳地区常年小麦种植面积为 66.7 万 hm² 左右, 小麦生产面积达到河南省小麦种植总面积的 13%, 其总产量达到河南省的 10%, 在保障河南省甚至我国的夏粮安全作用凸显。南阳麦区处于长江中下游麦区与黄淮麦区交接处^[2-3], 气候独特, 常年病害较重, 是陕西东部小麦条锈菌冬繁区与黄淮麦区交接处, 是鄂北条锈菌冬繁区与长江中下游麦区交接处, 是条锈菌重要的冬繁区和流行区。1990 年南阳麦区小麦锈病大暴发, 造成本地 19.7 万 hm² 小麦受灾严重, 波及豫中北乃至华北麦区, 给全国小麦生产造成重大损失^[4]。近年病虫害情报显示南阳麦区的浙川、西峡、唐河等地条锈病发生呈现越来越早的趋势, 该区小麦品种布局对菌源选择性大量繁殖及防扩散屏障的搭建具有重要作用。南阳麦区包含黄淮南片南部及以桐柏、唐河、邓州为主的南部组, 由于品种区划和区域性气候独特造成本地选育品种难度

收稿日期: 2023-04-24

基金项目: 旱区作物逆境生物学国家重点实验室开放课题(编号: CSBAAKF2021003); 西北农林科技大学南阳小麦试验示范站建设项目。

作者简介: 简俊涛(1990—), 男, 河南信阳人, 硕士, 助理研究员, 从事小麦遗传育种研究。E-mail: jjt312024501@163.com。

通信作者: 杨辉, 副研究员, 从事小麦新品种选育与高产栽培研究。E-mail: 13721807607@163.com。

大、适应性受限,这也成就了外来品种展示的舞台。目前,南阳麦区主栽品种主要是来自陕西和河南省内其他育种单位(占 80% 以上),部分本地自育品种及少量农民自留种。了解南阳麦区主栽小麦品种及近年参加审定品种(系)条锈病抗性水平、抗条锈病基因的分布,对于南阳麦区、豫东(北)地区及长江中下游麦区小麦安全生产意义重大。2002 年、2007 年条锈病菌小种条中 32(CYR32)、条中 33(CYR33)分别成为我国条锈菌优势小种,2010 年以来条中 34(CYR34)逐渐成为流行高频率小种,其致病力在 CYR32 和 CYR33 的基础上增强^[5-6]。由于新的条锈生理小种不断产生并流行,合理布局利用抗病品种对预防小麦条锈病而言最经济也最直接。单一抗源难以抵抗条锈病害的发生,由于条锈菌种群在抗性寄主的压力下,进行与抗病性相反的生态竞争,最终抗病基因大规模使用也会加速抗病品种抗性的丧失,例如含 *IB/IR* 和携带 *Yr26* 的 92R 系抗性的丧失^[7-10]。*Ye* 等将 3 个微效的小麦成株期抗条锈基因聚合使小麦达到高抗甚至接近免疫的抗性水平,提高了条锈抗性^[11]。合理布局抗病品种能够影响病原菌的进化和小种的流行。准确评价品种的抗病情况和所含抗病基因能够为品种的推广、聚合多抗新品种的选育及病害防控提供依据。南阳盆地作为我国小麦条锈菌重要的冬繁区,在病害流行中起到关键作用,然而该区主栽小麦品种及近年参加审定品种(系)的条锈病抗性、抗性基因分布及抗性育种策略未见报道。对于抗病品种的合理布局和引导本区域抗性新品种选育是不利的。本研究以南阳麦区 16 份主栽小麦品种和 62 份近年参加审定品种(系)为材料,在南阳自然诱发鉴定、在杨凌利用主流混合菌种接种鉴定并在温室分小种苗期鉴定(CYR32、CYR34),结合相关抗病基因 *Yr7*^[12]、*Yr9*^[13]、*Yr17*^[14]、*Yr18*^[15-16]、*Yr26*^[17-18]、*Yr29*^[19]、*Yr30*^[20]、*Yr78*^[21]、*Yr81*^[22] 和 *YrZH84*^[23] 等标记进行分子检测,评价抗病结果、解析携带抗条锈病基因,最终为这些品种在南阳麦区的推广、多抗条锈病基因聚合选育全生育期抗条锈新品种、减少菌源地菌源输出及豫东(北)及华北地区条锈病害防控提供参考。

1 材料与方 法

1.1 试验材料

所用材料为南阳麦区主栽的 16 份小麦品种、

2018—2021 年国家小麦良种攻关及国家黄淮南片西北农林科技大学联合体参加审定的 62 份品种(系)。流行小种(条中 32、条中 34)是西北农林科技大学的王保通老师馈赠。

1.2 试验方法

1.2.1 小麦条锈病鉴定 苗期进行接种鉴定,在西北农林科技大学温室中进行,分别接种 CYR32、CYR34,感病对照选用铭贤 169,苗期接种鉴定参照文献^[24-25]。于 2020—2021 年在南阳自然诱发病圃鉴定,在杨凌田间人工接种鉴定。4 月 10 日至 5 月 10 日在南阳每隔 7 d 记载田间自然发病程度,在杨凌小麦进入拔节期喷雾接种混合菌种(CYR32、CYR34),诱发材料为铭贤 169,随后 4 月中下旬、5 月初及中下旬调查接种发病情况。参照文献^[26-28],记载反应型和严重度。

1.2.2 抗病基因的分子检测 小麦 DNA 提取参照李北等的方法^[25]。选用 *Yr7*、*Yr9*、*Yr17*、*Yr18*、*Yr26*、*Yr29*、*Yr30*、*Yr78*、*Yr81* 和 *YrZH84* 等相关抗锈标记基因进行检测。

2 结果与分析

2.1 小麦抗条锈病鉴定结果

2.1.1 苗期品种(系)鉴定结果与分析 采用 CYR32、CYR34 小种对 16 份南阳主栽品种和 62 份近年参加审定的品种(系)进行条锈病抗病性鉴定。由表 1 可知,16 份南阳主栽品种(编号 1~16)苗期对 CYR32 和 CYR34 小种表现抗条锈病[反应型(IT)≤6]的分别有 5 份(31.25%)、1 份(6.25%),仅有 1 份(6.25%)对 CYR32 小种和 CYR34 小种都有抗性。62 份近年参加审定的品种(系)(编号 17~68)苗期对 CYR32 和 CYR34 小种表现抗条锈病(IT≤6)的分别有 14 份(22.58%)、14 份(22.58%),有 10 份(16.13%)对 CYR32 小种和 CYR34 小种都有抗性。针对条锈菌流行小种而言,在苗期南阳盆地当前主栽小麦品种抗性水平低,近年参加审定的品种(系)抗性水平有所提高。

2.1.2 成株期品种(系)鉴定结果与分析 人工诱发小麦条锈菌病圃在杨凌,自然诱发病圃在南阳,鉴定各材料成株期的抗性水平。杨凌使用 CYR32 和 CYR34 小种鉴定,在杨凌 16 份当地主栽品种中抗病的有 8(50.00%)份,感病的有 8(50.00%)份;62 份近年参加审定的品种(系)中抗病的有 31(50.00%)份,感病的有 31(50.00%)份。南阳自然

诱发病圃中,16 份当地主栽品种中抗病的有 8 (50.00%) 份,感病的有 8 (50.00%) 份;62 份近年参加审定的品种(系)中抗病 43 (69.35%) 份,感病 19 (30.64%) 份。说明南阳盆地主栽品种在成株期对于当前流行小种抗性水平较好,近年参加审定的品种(系)抗性水平有所提高。

2.1.3 品种(系)条锈病抗病评价 结合品种(系)在苗期、成株期条锈病抗性结果,16 份当地主栽品种中仅有 1 (6.25%) 份材料矮抗 58 具有全生育期抗性(ASR);中麦 895、郑麦 7698 等 7 (43.75%) 份材料具有成株期抗性(APR);百农 207 等 5

(31.25%) 份材料完全感病;西农 979 等 3 (18.75%) 份材料表现出慢锈性。62 份近年参加审定的品种(系)中西农 301 等 10 (16.13%) 份材料具有全生育期抗性(ASR);西农 99 等 21 (33.87%) 份材料具有成株期抗性(APR);皖宿 0891 等 13 (20.97%) 份材料完全感病;WK1602 等 18 (29.03%) 份表现慢锈性。主栽品种中仅有 1 份材料具有全生育期抗性,这对于南阳盆地作为条锈冬繁区条锈菌的哺育和传播极为有利,为春季流行区输出充足的菌源。

表 1 部分南阳盆地小麦条锈抗性及其所含抗病基因

编号	品种(系)	苗期鉴定的 IT		成株期鉴定的严重度		抗病性评价	可能含有的抗病基因
		CYR32	CYR34	Y(2021 年)	N(2021 年)		
1	西农 979	9	9	MS(80)	MS(70)	SR	Yr29
2	矮抗 58	0	2	R(10)	MR(20)	ASR	Yr9 + Yr29 + YrZH84
3	中麦 895	2	9	MR(20)	MR(30)	APR	Yr9 + Yr29 + Yr30
4	西农 511	4	9	R(10)	MR(20)	APR	Yr9
5	百农 207	8	9	S(90)	S(90)	S	Yr7
6	西农 529	8	8	MS(60)	MS(50)	SR	Yr9
7	周麦 27	2	9	S(80)	S(70)	S	Yr9 + Yr29
8	周麦 18	0	9	MR(30)	MR(40)	APR	Yr9 + Yr30
9	郑麦 7698	7	8	MR(20)	R(10)	APR	Yr?
10	衡观 35	9	8	S(90)	S(90)	S	Yr9
11	偃展 4110	8	8	S(80)	S(90)	S	Yr9 + Yr18
12	泛麦 8 号	7	8	MR(40)	MR(30)	APR	Yr?
13	豫麦 70	8	9	MS(80)	MS(70)	SR	Yr9
14	西农 223	7	8	R(10)	R(20)	APR	Yr18
15	平安 8 号	8	8	MR(30)	MR(40)	APR	Yr9
16	WK1602	7	9	MS(40)	MS(60)	SR	Yr81
17	安科 1705	9	8	MS(30)	MS(40)	SR	Yr?
18	安科 1803	7	8	MS(60)	MS(50)	SR	Yr?
19	安麦 21	8	9	MR(30)	MR(60)	APR	Yr78 + YrZH84
20	泛麦 65	6	9	R(20)	MR(40)	APR	Yr9 + YrZH84
21	华成 6068	9	9	MS(70)	MR(40)	SR	Yr81
22	华麦 2801	9	8	MS(80)	MS(90)	SR	Yr?
23	华皖麦 10 号	7	9	MS(70)	MR(60)	SR	Yr29 + Yr78
24	淮麦 510	9	8	MS(40)	MS(60)	SR	Yr29
25	漯麦 39	9	8	MR(40)	MR(30)	APR	Yr7 + Yr81
26	漯麦 40	9	8	MR(40)	MR(30)	APR	Yr9 + YrZH84
27	漯麦 47	9	9	MS(30)	MS(40)	SR	Yr78
28	濮麦 087	9	9	MR(30)	MR(20)	APR	Yr29
29	濮麦 115	7	9	MR(20)	MR(60)	APR	Yr9 + YrZH84
30	濮麦 8062	8	9	MR(20)	MR(30)	APR	Yr78 + Yr81 + YrZH84
31	尚农 5 号	8	9	R(10)	R(10)	APR	Yr9 + YrZH84
32	天麦 189	9	8	MS(50)	MR(30)	SR	Yr78

表1(续)

编号	品种(系)	苗期鉴定的IT		成株期鉴定的严重度		抗病性评价	可能含有的抗病基因
		CYR32	CYR34	Y(2021年)	N(2021年)		
33	天麦196	9	9	MR(40)	MR(40)	APR	Yr9 + Yr29 + Yr78
34	宛1204	8	8	MS(30)	MR(30)	SR	Yr29
35	皖垦麦1720	7	8	MS(40)	MR(20)	SR	Yr?
36	皖宿0891	7	2	S(100)	MS(80)	S	Yr29
37	皖宿1232	7	9	S(80)	MS(70)	S	Yr29 + Yr78
38	涡麦1216	7	9	MS(40)	MR(60)	SR	Yr?
39	涡麦303	7	9	MR(40)	MR(20)	APR	Yr?
40	涡麦606	7	9	S(90)	MR(60)	S	Yr29
41	涡麦707	9	9	MR(30)	R(20)	APR	Yr?
42	西农158	7	9	MS(50)	MR(60)	SR	Yr?
43	咸麦073	9	9	MS(40)	MS(50)	SR	Yr?
44	新麦9369	7	9	MR(20)	R(20)	APR	Yr29 + Yr81 + YrZH84
45	徐麦15158	9	9	MS(40)	MR(40)	SR	Yr9
46	徐麦17252	8	8	MR(20)	R(30)	APR	Yr?
47	徐麦DH9	7	1	MS(40)	MR(60)	SR	Yr7 + Yr29 + YrZH84
48	兆丰16	7	7	MR(20)	R(30)	APR	Yr9 + YrZH84
49	兆丰36	7	9	R(20)	R(10)	APR	Yr17 + Yr29 + Yr78 + YrZH84
50	郑麦6694	9	9	MR(40)	MR(60)	APR	Yr29 + Yr78
51	郑麦9699	8	9	MR(40)	MR(50)	APR	Yr9 + Yr29
52	中麦6052	9	9	S(90)	MR(60)	S	Yr78 + Yr81
53	中麦7058	9	9	MS(80)	MR(30)	SR	Yr?
54	中麦7152	7	9	MS(30)	MS(40)	SR	Yr29 + Yr78
55	西农99	2	9	R(5)	MR(10)	APR	Yr9 + Yr29 + Yr30
56	西农289	3	4	R(5)	MR(10)	ASR	Yr9
57	西农877	3	8	R(5)	R(20)	APR	Yr29
58	西农658	3	2	R(5)	R(10)	ASR	Yr9 + Yr30
59	西农870	0	2	R(5)	R(10)	ASR	Yr30
60	百农307	2	7	R(10)	R(20)	APR	Yr30
61	百农607	0	2	R(5)	R(10)	ASR	Yr9 + Yr30
62	怀川365	2	3	R(5)	R(10)	ASR	Yr29
63	西农857	3	6	R(10)	R(20)	ASR	Yr9
64	西农303	0	2	R(5)	MR(10)	ASR	Yr9 + Yr30
65	西农301	2	2	R(5)	MR(10)	ASR	Yr29
66	西农863	3	6	R(10)	R(20)	ASR	Yr9 + Yr29
67	西农865	9	4	R(5)	MR(20)	APR	Yr30
68	西农256	2	0	R(0)	R(10)	ASR	Yr9 + Yr29

注:表中编号1~15为南阳主栽品种,编号16~68为近年参审品种(系),抗病性评价既无抗性又未检测出抗性基因的品种(系)未在表中列出。Y:杨凌,N:南阳,括号中数值表示严重度;R:抗病,MR:中抗,MS:中感,S:感病。ASR:全生育期抗性;APR:成株期抗性;SR:慢锈性。

2.2 小麦抗条锈病基因检测结果

利用 *Yr7*、*Yr9*、*Yr17*、*Yr18*、*Yr26*、*Yr29*、*Yr30*、*Yr78*、*Yr81* 和 *YrZH84* 等 10 个已知小麦抗条锈病相关基因标记对参加鉴定的小麦品种(系)进行分子

检测,结合抗病表现和检测结果进行综合分析。由表1可知,鉴定的78份材料中,3份检测到 *Yr7* 标记;26份检测到 *Yr9* 标记;1份检测到 *Yr17* 标记;2份检测到 *Yr18* 标记;24份检测到 *Yr29* 标记;9份检

测到 *Yr30* 标记;11 份检测到 *Yr78* 标记;6 份检测到 *Yr81* 标记;11 份检测到 *YrZH84* 标记。未检测到 *Yr26* 的标记。同时检测到 2 个标记的, *Yr7 + Yr81*、*Yr9 + Yr18*、*Yr9 + Yr29*、*Yr9 + Yr30*、*Yr9 + YrZH84*、*Yr29 + Yr78*、*Yr78 + Yr81*、*Yr78 + YrZH84* 分别有 1、1、4、4、5、4、1、1 份;同时检测到 3 个标记的, *Yr7 + Yr29 + YrZH84*、*Yr9 + Yr29 + Yr30*、*Yr9 + Yr29 + YrZH84*、*Yr9 + Yr29 + Yr78*、*Yr29 + Yr81 + YrZH84*、*Yr78 + Yr81 + YrZH84* 分别有 1、2、1、1、1、1 份;同时检测到 4 个标记的 *Yr17 + Yr29 + Yr78 + YrZH84* 仅有 1 份。图 1 为 *Yr* 基因分布情况。

在 16 份主栽品种中,仅百农 207 检测到 *Yr7* 标记,约占 6.25%;矮抗 58、中麦 895、西农 511、西农 529、周麦 27、周麦 18、衡观 35、偃展 4110、豫麦 70 和平安 8 号检测到 *Yr9* 标记,约占 62.50%;西农 223 和偃展 4110 检测到 *Yr18* 标记,约占 12.50%;西农 979、矮抗 58、中麦 895 和周麦 27 检测到 *Yr29* 标记,约占 25.00%;中麦 895 和周麦 18 检测到 *Yr30* 标记,约占 12.50%;矮抗 58 检测到 *YrZH84* 标记,占 6.25%。同时检测到 2 个标记的有偃展 4110 检测出 *Yr9 + Yr18*;周麦 27 检测到 *Yr9 + Yr29*;周麦 18 检测出 *Yr9 + Yr30*。同时检测到 3 个标记的,矮

抗 58 检测出 *Yr9 + Yr29 + YrZH84*;中麦 895 检测出 *Yr9 + Yr29 + Yr30*。

在 62 份近年参加审定的品种(系)中,漯麦 39 和徐麦 DH9 检测到 *Yr7* 标记,约占 3.23%。西农 99 等 16 份材料检测到 *Yr9* 标记,约占 25.81%。兆丰 36 检测到 *Yr17*,约占 1.61%。宛 1204 等 20 份材料检测到 *Yr29* 标记;百农 307 等 7 份材料检测到 *Yr30* 标记;安麦 21 等 11 份检测到 *Yr78* 标记;漯麦 39 等 6 份检测到 *Yr81* 标记;濮麦 115 等 10 份检测到 *YrZH84* 标记。未检测到 *Yr18* 和 *Yr26* 的标记。同时检测到 2 个标记的有漯麦 39 检测出 *Yr7 + Yr81*, 郑麦 9699、西农 863 和西农 256 检测出 *Yr9 + Yr29*, 百农 607 等 3 份检测出 *Yr9 + Yr30*, 濮麦 115 等 5 份检测出 *Yr9 + YrZH84*, 郑麦 6694 等 4 份检测出 *Yr29 + Yr78*, 中麦 6052 检测出 *Yr78 + Yr81*, 安麦 21 检测出 *Yr78 + YrZH84*。同时检测到 3 个标记的有徐麦 DH9 检测出 *Yr7 + Yr29 + YrZH84*, 西农 99 检测出 *Yr9 + Yr29 + Yr30*, 天麦 196 检测出 *Yr9 + Yr29 + Yr78*, 新麦 9369 检测出 *Yr29 + Yr81 + YrZH84*, 濮麦 8062 检测出 *Yr78 + Yr81 + YrZH84*。兆丰 36 同时检测出 4 个标记 *Yr17 + Yr29 + Yr78 + YrZH84*。

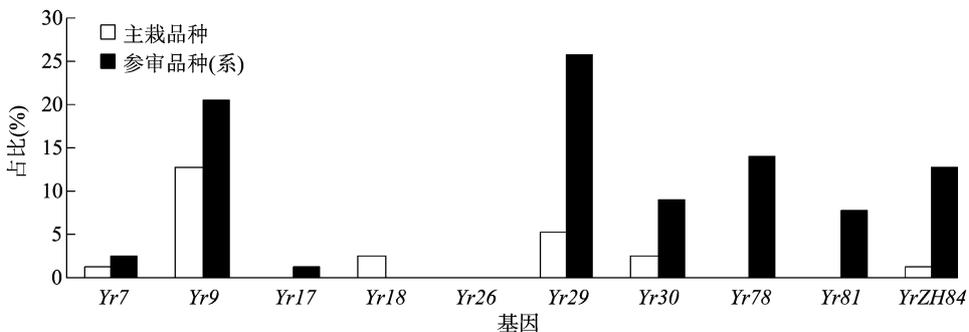


图1 *Yr*基因分布情况

3 讨论

3.1 独特的气候使南阳盆地麦区在全国小麦条锈病大区流行中扮演重要角色

南阳麦区占据南阳盆地大部,南阳盆地是我国小麦条锈菌重要的冬繁与流行区。南阳属典型的季风大陆湿润与半湿润气候,常年冬季平均气温为 3.2℃,10 月、11 月平均气温分别为 16.2、9.3℃,常年 10 月中旬左右开始播种,小麦条锈菌侵染适宜温度为 9~13℃,播种后小麦生长发育快,为条锈菌大量繁殖创造条件。冬繁区条锈菌从 11 月到翌年

3 月,可以在同一品种发生多次侵染,不断增强了病原菌毒性。携带不同抗条锈病的小麦品种选择匹配毒性小种大量繁殖。南阳麦区是条锈病从长江流域向黄淮海扩散的关口,邻近的鄂西北十堰、襄阳等地冬季菌源充足,也是重要的菌源输出地。2017 年南阳麦区条锈病大流行,49.7 万 hm^2 麦田发病,表现为冬前发病早,后期发病重,推测在 11 月上旬或更早发病,当年河南省小麦条锈病大发生,然而当年西北条锈菌越夏区菌源为历年最少的年份且发病晚,推测条锈病菌源可能在河南省当地进行越夏,而南阳地区的山区、鄂西北的神农架可能也

是越夏区^[29-30]。足见,南阳麦区近年推广的主栽小麦品种应该起到降低条锈病菌源量,对豫中、豫北乃至华北等地区的小麦生产形成保护屏障,南阳麦区栽培选用条锈病多抗聚合基因的小麦品种是最有效、持久调控越冬菌源量的一种途径。

3.2 当前小麦生产品种抗病性难以阻挡条锈病菌源传播

南阳位于河南省西南部,鄂、陕、豫三省交界,是小麦重要的产区,小麦条锈病春季非常流行,经常呈现出发病早、发病重的特点。河南作为中原粮仓,大部分属于黄淮麦区,有研究表明近年来黄淮麦区小麦品种条锈病抗性整体提高^[29-31]。然而对于过渡带的南阳麦区小麦品种抗性如何未见报道,南阳麦区主栽品种是否具有较高水平的条锈病抗性,紧密关联主产区夏粮安全。准确评价当前南阳麦区主栽小麦品种及近年参加审定品种(系)条锈病抗性水平能够为精准防控、抗病基因品种布局及聚合多抗基因新品种选育提供参考。南阳麦区16份主栽品种只有1份矮抗58具有苗期条锈抗性,这意味着93.75%的小麦品种能够成为条锈菌各小种的哺育品种,加剧越冬期菌源繁殖,最终在春季为东部麦区输出大量菌源。尽管南阳麦区16份主栽品种中50.00%的品种在杨凌流行小种混合菌接种鉴定和南阳自然诱发鉴定成株期表现出条锈病中等抗病或抗病,然而主栽品种中种植面积较大的西农979、郑麦9023、百农207等对条锈病抗性丧失,这加剧了本地春季条锈病暴发的可能,春季防控压力增大。

3.3 加强全生育期抗条锈病品种选育是当地小麦育种的重要目标

南阳盆地小麦抗条锈病基因的利用,应该优先考虑东部麦区乃至全国条锈病流行的大局并兼顾当地小麦安全生产。持有抗病基因是应对病害发生并减轻病害的最直接有效途径,国内外已发现并命名80多个抗条锈病基因^[32]。在过渡生态区南阳麦区用到了哪些抗条锈基因?在南阳麦区主栽品种及近年参加审定的新品种(系)含有哪些抗条锈病基因?查明以上问题,将有助于南阳麦区新品种的布局及示范推广、病害防控,助力南阳减药绿色粮食生产,此外为聚合多抗新品种选育提供分子筛选的方向。本研究利用部分已知抗病基因对应的分子标记对南阳麦区主栽品种及近年参加审定的新品种(系)进行分子检测,结合自然诱发发病及主

流小种接种鉴定抗病性,进行抗病基因分析。78份南阳麦区小麦品种(系)中,3份携带Yr7、26份携带Yr9、1份材料携带Yr17、2份材料携带Yr18、24份材料携带Yr29、9份材料携带Yr30、11份材料携带Yr78、6份材料携带Yr81、11份材料携带YrZH84,未检测到Yr26。Yr9和Yr29在鉴定品种(系)中约占33.33%和30.77%,单独使用Yr9、Yr29对条锈不具抗性。发现部分基因聚合在品种(系)中利用增强了成株期抗性,但苗期仍无抗性,聚合Yr9+Yr30具有一定的全生育期抗性。具有单个抗性基因的品种(系)不具备全生育期抗性,然而西农301、怀川365、西农289、西农870、西农857等分别检测出单个抗性基因但抗病性评价为全生育期具有抗病性,推测其可能含有未知的全生育期抗性基因或者其含有未检出抗性基因与已检出抗性基因聚合能够具备全生育期抗性,这对于南阳盆地小麦抗锈育种具有较大的利用价值。

南阳麦区主栽品种中苗期抗条锈病品种极少,一半具有成株期抗性,该区近年参加审定品种(系)中相比成株期抗性品种(系)而言,全生育期抗性品种(系)仍然缺乏,小麦条锈菌冬季依然能够大量繁殖,作为条锈菌源地为春季流行区域输出充足的菌源。加强全生育期抗性品种的选育,品种布局多样化进而实现抗病基因多样化,降低冬季菌源量并减缓小种变异频率。聚合多抗基因,尤其加强具有一定全生育期抗性如Yr9+Yr30等一些抗性基因的利用,减少严重感病的小麦品种如百农207、西农979、郑麦9023、衡观35等的使用,进一步选育出具有全生育期抗条锈病的小麦品种来提高当地小麦品种的抗性水平。

4 结论

南阳麦区小麦品种(系)条锈病抗性总体不高,全生育期抗性品种(系)较少,加强全生育期抗性品种利用及全生育期抗性新抗源的发掘,对于菌源地,播种时应加强药物拌种,加强条锈病害预测和药物防治,控制春季流行区菌源量,避免锈病大流行。Yr9和Yr29利用率较高,其他抗性基因均有分布,然而单一抗性基因不足以抵挡锈病发生。聚合Yr9+Yr30具有一定的全生育期抗性,在此基础上聚合其他抗性基因,最终选育抗性更优、更持久的全生育期抗性新品种。

参考文献:

- [1] 李振岐, 商鸿生. 小麦锈病及其防治 [M]. 上海: 上海科学技术出版社, 1989.
- [2] 赵广才. 中国小麦种植区划研究(一) [J]. 麦类作物学报, 2010, 30(5): 886 - 895.
- [3] 赵广才. 中国小麦种植区划研究(二) [J]. 麦类作物学报, 2010, 30(6): 1140 - 1147.
- [4] 李金锁, 邓玉傲, 李海燕, 等. 南阳小麦条锈病监测预警及菌源基地综合治理技术研究与应用 [J]. 中国植保导刊, 2016, 36(2): 46 - 49.
- [5] Chen W Q, Wu L R, Liu T G, et al. 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 [J]. *Plant Disease*, 2009, 93(11): 1093 - 1101.
- [6] 刘 博, 刘太国, 章振羽, 等. 中国小麦条锈菌条中 34 号的发现及其致病特性 [J]. 植物病理学报, 2017, 47(5): 681 - 687.
- [7] Han D J, Wang Q L, Chen X M, et al. Emerging *Yr26* - virulent races of *Puccinia striiformis* f. *tritici* are threatening wheat production in the Sichuan Basin, China [J]. *Plant Disease*, 2015, 99(6): 754 - 760.
- [8] Kang Z S, Zhao J, Han D J, et al. Status of wheat rust research and control in China [C] // Bgri Technical Workshop. St Petersburg, Russia, 2010: 50 - 69.
- [9] Liu T G, Peng Y L, Chen W Q, et al. First detection of virulence in *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in China to resistance genes *Yr24* (= *Yr26*) present in wheat cultivar Chuanmai 42 [J]. *Plant Disease*, 2010, 94(9): 1163.
- [10] 刘太国, 章振羽, 刘 博, 等. 小麦抗条锈病基因 *Yr26* 毒性小种的发现及其对我国小麦主栽品种苗期致病性分析 [J]. 植物病理学报, 2015, 45(1): 41 - 47.
- [11] Ye B W, Singh R P, Yuan C, et al. Three co - located resistance genes confer resistance to leaf rust and stripe rust in wheat variety Borlaug 100 [J]. *The Crop Journal*, 2022, 10(2): 490 - 497.
- [12] Marchal C, Zhang J P, Zhang P, et al. BED - domain - containing immune receptors confer diverse resistance spectra to yellow rust [J]. *Nature Plants*, 2018, 4(9): 662 - 668.
- [13] Mago R, Miah H, Lawrence G J, et al. High - resolution mapping and mutation analysis separate the rust resistance genes *Sr31*, *Lr26* and *Yr9* on the short arm of rye chromosome 1 [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2005, 112(1): 41 - 50.
- [14] Helguera M, Khan I A, Kolmer J, et al. PCR assays for the *Lr37* - *Yr17* - *Sr38* cluster of rust resistance genes and their use to develop isogenic hard red spring wheat lines [J]. *Crop Science*, 2003, 43(5): 1839 - 1847.
- [15] Lagudah E S, McFadden H, Singh R P, et al. Molecular genetic characterization of the *Lr34/Yr18* slow rusting resistance gene region in wheat [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2006, 114(1): 21 - 30.
- [16] Lagudah E S, Krattinger S G, Herrera - Foessel S, et al. Gene - specific markers for the wheat gene *Lr34/Yr18/Pm38* which confers resistance to multiple fungal pathogens [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2009, 119(5): 889 - 898.
- [17] Zhang X J, Han D J, Zeng Q, et al. Fine mapping of wheat stripe rust resistance gene *Yr26* based on collinearity of wheat with *Brachypodium distachyon* and rice [J]. *PLoS One*, 2013, 8(3): 8.
- [18] Wu J H, Zeng Q D, Wang Q L, et al. SNP - based pool genotyping and haplotype analysis accelerate fine - mapping of the wheat genomic region containing stripe rust resistance gene *Yr26* [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2018, 131(7): 1481 - 1496.
- [19] Lillemo M, Asalf B, Singh R P, et al. The adult plant rust resistance loci *Lr34/Yr18* and *Lr46/Yr29* are important determinants of partial resistance to powdery mildew in bread wheat line Saar [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2008, 116(8): 1155 - 1166.
- [20] 阳 霞, 刘路平, 孙道杰, 等. 小麦抗病基因 *Lr46/Yr29/Pm39*、*Sr2/Yr30* 和 *Lr68* 的遗传特性及其与主要农艺性状的关联分析 [J]. 西北植物学报, 2014, 34(3): 454 - 462.
- [21] Dong Z Z, Hegarty J M, Zhang J L, et al. Validation and characterization of a QTL for adult plant resistance to stripe rust on wheat chromosome arm 6BS (*Yr78*) [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2017, 130(10): 2127 - 2137.
- [22] Gessese M, Bariana H, Wong D, et al. Molecular mapping of stripe rust resistance gene *Yr81* in a common wheat Landrace Aus27430 [J]. *Plant Disease*, 2019, 103(6): 1166 - 1171.
- [23] Li Z F, Zheng T C, He Z H, et al. Molecular tagging of stripe rust resistance gene *YrZH84* in Chinese wheat line Zhou 8425B [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2006, 112(6): 1098 - 1103.
- [24] 韩德俊, 王琪琳, 张 立, 等. “西北—华北—长江中下游”条锈病流行区系当前小麦品种(系)抗条锈病性评价 [J]. 中国农业科学, 2010, 43(14): 2889 - 2896.
- [25] 李 北, 徐 琪, 杨宇衡, 等. 重庆麦区小麦品种(系)抗条锈性评价与基因分析 [J]. 中国农业科学, 2017, 50(3): 413 - 425.
- [26] Peterson R F, Campbell A B, Hannah A E. A diagrammatic scale for estimating rust intensity on leaves and stems of cereals [J]. *Canadian Journal of Research*, 1948, 26c(5): 496 - 500.
- [27] 戴妙飞, 穆京妹, 王晓婷, 等. ICARDA 小麦种质抗条锈资源筛选和抗病基因分析 [J]. 麦类作物学报, 2019, 39(8): 934 - 940.
- [28] 简俊涛, 王清华, 杨 辉, 等. 黄淮南部小麦新品种(系)在过渡生态区南阳盆地利用分析 [J]. 作物杂志, 2022(4): 46 - 53.
- [29] 李金锁. 2017 年度南阳市小麦条锈病流行特点及原因分析 [J]. 中国植保导刊, 2018, 38(2): 35 - 38.
- [30] 于思勤, 彭 红, 李金锁, 等. 2017 年河南省小麦条锈病流行的原因分析及应对措施 [J]. 中国植保导刊, 2017, 37(12): 34 - 39.
- [31] 李峰奇, 韩德俊, 魏国荣, 等. 黄淮麦区 126 个小麦品种(系)抗条锈病基因的分子检测 [J]. 中国农业科学, 2008, 41(10): 3060 - 3069.
- [32] 蔚 睿, 金彦刚, 吴舒舒, 等. 黄淮麦区小麦新品种(系)抗条锈水平与抗病基因分析 [J]. 麦类作物学报, 2020, 40(3): 278 - 284.