关亚诗,赵雅琼,武英鹏,等.2018-2022年山西省小麦叶锈菌群体致病类型鉴定及毒性分析[J].山西农业大学学报(自然科学版),2024,44(5):20-28.
Guan Y S, Zhao Y Q, Wu Y P,et al.Pathotype identification and virulence analysis of wheat leaf rust pathogen *Puccinia triticina* in Shanxi Province between 2018 and 2022[J].Journal of Shanxi Agricultural University(Natural Science Edition), 2024,44(5):20-28.
doi: 10.13842/j.cnki.issn1671-8151.202404067

2018-2022年山西省小麦叶锈菌群体致病类型鉴定及毒性分析

关亚诗,赵雅琼,武英鹏,原宗英,刘敏捷*

(山西农业大学 植物保护学院,山西 太原 030031)

摘　要:[目的]小麦叶锈病由小麦叶锈菌(*Puccinia triticina*)引起,已成为制约山西省小麦生产最重要的病害之一。本研究旨在明确山西省小麦叶锈菌的毒性特点,为山西省小麦抗叶锈育种提供理论依据。[方法]对2018—2022年采自山西省运城市、晋中市、临汾市、长治市和晋城市田间自然发病的小麦叶锈病标样进行单孢子堆分离获得132个纯化菌株,利用42个已知抗叶锈病基因的近等基因系和材料对其进行生理小种鉴定和群体毒性分析。[结果]从132份小麦叶锈菌单孢子堆分离物中鉴定得到82个致病类型,其中优势致病类型为THT(4.55%)、PHT(4.55%)、PKJ(4.55%)、PHS(3.03%)、TKT(3.03%)、THS(3.03%)和THK(3.03%)。毒性基因*V25*、*V38*和*V13*+*3ka*这4年的毒性基因频率均小于30%,其对应的抗病基因为目前有效的抗病基因。毒性基因*V26*、*V10*、*V12*、*V20*和*V39*这4年中毒性基因频率均大于80%,表明其对应的抗病基因对小麦叶锈菌已经基本失去抗性。运城市和晋中市的小麦叶锈菌群体毒性多态性较高,其次为临汾市和晋城市,长治市最低。[结论]本研究明确了山西省小麦叶锈菌近几年的优势致病类型、毒性基因频率和毒性多态性,为进一步指导山西省小麦抗叶锈育种和病害治理提供了一定的科学依据。

关键词:小麦叶锈病; 毒性频率; 致病类型; 生理小种; 毒性多态性
中图分类号:S432.1　　**文献标识码**:A　　**文章编号**:1671-8151(2024)05-0020-09

小麦叶锈病是由叶锈菌(*Puccinia triticina*)引起的一种气传性真菌病害,主要危害小麦叶片,少数危害叶鞘和茎秆,又称褐锈病[1]。小麦叶锈病传播范围广、传染性强、危害大,其病原体具有较高的种群多样性,病原体可以很好地适应新的气候,因此叶锈病是最难控制的小麦病害之一[2]。

在1918-1976年病害流行年份中,小麦叶锈病和秆锈病曾造成美国部分地区产量损失50%以上[3]。小麦叶锈病也曾在我国大面积爆发,造成了极大的经济损失[4-5]。近年来山西省小麦叶锈病的发病面积和范围有不断扩大的趋势,极大影响了山西省小麦的产量与质量,已经成为威胁小麦安全生产的主要病害[6]。因此,研究小麦叶锈病的发生和流行规律对于科学防治小麦叶锈病、保证山西省粮食安全生产具有重大意义。

随着叶锈菌的毒性变异,一般单基因控制的抗病品种在生产上应用后短期内失去抗性,因此培育持久抗病的品种非常重要[7]。在品种选育过程中应关注抗锈基因多样化,避免单一品种大面积种植[8]。

1991年起,陈万权等[9]用已知抗叶锈病基因的小麦近等基因系作鉴别寄主,分析了我国小麦叶锈病的毒性动态。目前我国对于小麦叶锈菌的监测已有很多报道,Zhang等[10]对2001-2010年采自河北省的247个叶锈菌菌株进行毒性监测发现THTT、THST、PHRT、THTS和PHTT为优势致病类型,小麦叶锈菌种群遗传多样性差异显著。葛润静等[11]对2011-2012年间采自中国云南、四

收稿日期:2024-05-01　　**修回日期**:2024-06-07
基金项目:山西省基础研究计划项目(20210302124518);山西省高等学校科技创新项目(2021L091);山西省现代农业产业技术体系(2024CYJSTX02-19)
作者简介:关亚诗(ORCID:0009-0002-7101-9641),硕士研究生,研究方向:植物病理学
*通信作者:刘敏捷(ORCID:0009-0002-7633-5993),副研究员,硕士生导师,E-mail:liuminjie@sxau.edu.cn

川、青海、陕西、甘肃和河南6个省份小麦叶锈菌进行生理小种的划分,发现62个致病类型,其中优势致病类型主要有SHJ、THT、PHK和SHN等,毒性基因*V2a*、*V3*、*V3bg*、*V20*、*V30*和*V32*对应的抗性基因的毒性频率在不同地区的差异较大。李泓甫等[12]对2019-2020年江苏、浙江和安徽3个省份的小麦叶锈菌进行生理小种鉴定和群体毒性分析,共发现67个致病类型,其中优势致病类型为THS、SHJ、PHS和SHS,同时发现*Lr1*、*Lr2a*、*Lr3*、*Lr14b*、*Lr18*等的毒力在苏浙皖中存在显著分化。

本研究于2018-2022年从山西省5个市区搜集了小麦叶锈菌,利用42个已知抗叶锈基因的近等基因系和材料对其进行致病类型鉴定,以明确山西省小麦叶锈菌近几年的优势生理小种和主要抗病基因的毒性基因频率,为山西省小麦抗叶锈育种提供参考。

1　材料和方法

1.1　材料

1.1.1　小麦叶锈菌菌株

小麦叶锈菌供试标样于2018-2022年采自山西省小麦种植区叶锈菌盛发时期(4-5月),共132份小麦叶锈菌标样,其中运城市45个、晋中市36个、临汾市34个、长治市10个、晋城市7个。小麦叶锈菌单孢子堆的分离纯化均使用高感品种'铭贤169',由本课题组保存。

1.1.2　小麦叶锈菌鉴别寄主

毒性鉴定选用42种已知抗叶锈病基因的近等基因系和材料,分别为*Lr1*、*Lr2A*、*Lr2C*、*Lr3*、*Lr9*、*Lr16*、*Lr24*、*Lr26*、*Lr3kA*、*Lr11*、*Lr17*、*Lr30*、*Lr10*、*Lr14A*、*Lr18*、*Lr21*、*Lr28*、*Lr2B*、*Lr3BG*、*Lr12*、*Lr13*、*Lr14B*、*Lr15*、*Lr20*、*Lr22A*、*Lr23*、*Lr25*、*Lr27+31+10*、*Lr29*、*Lr32*、*Lr33*、*Lr34*、*Lr36*、*Lr37*、*Lr38*、*Lr39*、*Lr40*、*Lr41*、*Lr42*、*Lr43*、*Lr13+3ka*和*Lr22B*,均由中国农业科学院植物保护研究所提供,由山西农业大学植物保护学院小麦课题组繁殖保存。

1.2　方法

1.2.1　小麦叶锈病菌的分离纯化和扩繁

对2018-2022年田间采集的132份标样按照采集市县进行编号命名,然后进行单孢子堆的分离。将滤纸放在直径为9 cm的培养皿中用无菌水浸湿,选取含有较新鲜夏孢子堆的标样平铺在培养皿中,盖好盖子置于4 ℃冰箱中黑暗保湿12 h左右用于单孢子堆的分离。

将小麦品种'铭贤169'置于人工气候室生长(环境参数:光照时间16 h、光照强度10 000 lux、温度18～20℃、湿度60%～70%),待其长到一叶一心期用于单孢子堆的分离。将保湿小麦叶片上颜色鲜艳且新鲜的夏孢子堆用接种针或注射器针头挑接到健康的'铭贤169'植株上并编号,接种10 d后观察发病情况。

1.2.2　小麦叶锈菌毒性的测定

种植用于毒性鉴定的小麦近等基因品种,将每个品种点播在直径约7 cm的花盆中(每盆约15粒左右),待其长至"一叶一心"时期称取小麦叶锈病菌的夏孢子10 mg,将其和0.2%吐温80溶液配成浓度为0.5 mg·mL^{-1}的孢子悬浮液,接种到用于毒性鉴定的小麦近等基因品种上,同时种植健康的'铭贤169'为对照。待其充分发病后,根据DB11-T283-2005小麦叶锈病测报调查规范[13]进行调查分级确定其毒性,0(免疫)、0;(近免疫)、1(高抗)、2(中抗)为抗病,3(中感)、4(高感)为感病,试验进行3次重复。

根据供试菌株在鉴别寄主上的发病程度,侵染型(0-2,L)记为"0",为低毒性菌株,侵染型(3-4,H)记为"1",为高毒性菌株。进行记录并分析计算其毒性基因频率,毒性基因频率=(高毒力菌株数/菌株总数)×100%[14]。根据小麦叶锈菌在12个含*Lr1*,*Lr2A*,*Lr2C*,*Lr3*,*Lr9*,*Lr16*,*Lr24*,*Lr26*,*Lr3kA*,*Lr11*,*Lr17*和*Lr30*的鉴别寄主上的侵染型,结合小麦叶锈菌密码命名系统[15]进行叶锈菌致病类型(生理小种)的命名,并分析其致病类型的出现频率。

1.2.3　小麦叶锈菌毒性多样性分析

根据小麦叶锈菌发病程度构建0-1矩阵,并对小麦叶锈菌在山西省不同采集地的毒性遗产多态性进行分析。H:Nei's(1993)基因多样性指数(Gene diversity)[16],I:Shannon信息指数(Shannon's information index)[17],Np:多态性条带数(Number of polymorphic loci),*P*:多态带百分率(Proportion of polymorphic loci)。

1.3　统计分析

所有试验均进行3次生物学重复,遗传多态性

数据分析采用POPGENE. 1. 32软件[18]进行分析整理。试验所得数据使用Excel 2020软件进行整理和作图。

2 结果与分析

2.1 小麦叶锈菌的致病类型(生理小种)

根据小麦叶锈菌在12个鉴别寄主上的侵染型,采用三字母命名法,结合密码命名系统将2018-2022这4年采自山西省各地分离纯化得到的132份小麦叶锈菌标样划分为82个致病类型,如表1所示。

结果显示,2018年有33种致病类型,其中优势致病类型为PHS(5.56%)、THK(5.56%)和TRT(5.56%)。2020年共有36种致病类型,其中优势致病类型为PHT(8.70%)、THT(4.35%)、PKJ(4.35%)、MHT(4.35%)、SGS(4.35%)、PKS(4.35%)、SHJ(4.35%)和TTK(4.35%)。2021年有24种致病类型,优势致病类型为THT(11.11%)、THS(11.11%)、TKT(8.33%)和TTT(8.33%)。2022年共有13种致病类型,其中优势致病类型为RCK(14.29%)。整体来看,2018-2022这4年内的优势致病类型有THT(4.55%)、PHT(4.55%)、PKJ(4.55%)、PHS(3.03%)、TKT(3.03%)、THS(3.03%)和THK(3.03%)共7种。THS、TTT、MHT、SGS、PTT、PKS、SHJ、TTK、TRT、RCK等致病类型只在个别年份出现过,应结合小麦叶锈菌发病情况和外界环境因子变化对其进行年际变化综合评估。供试菌株20-K-祁-5在全套42个抗叶锈病近等基因系和材料上的反应型如下图1所示。

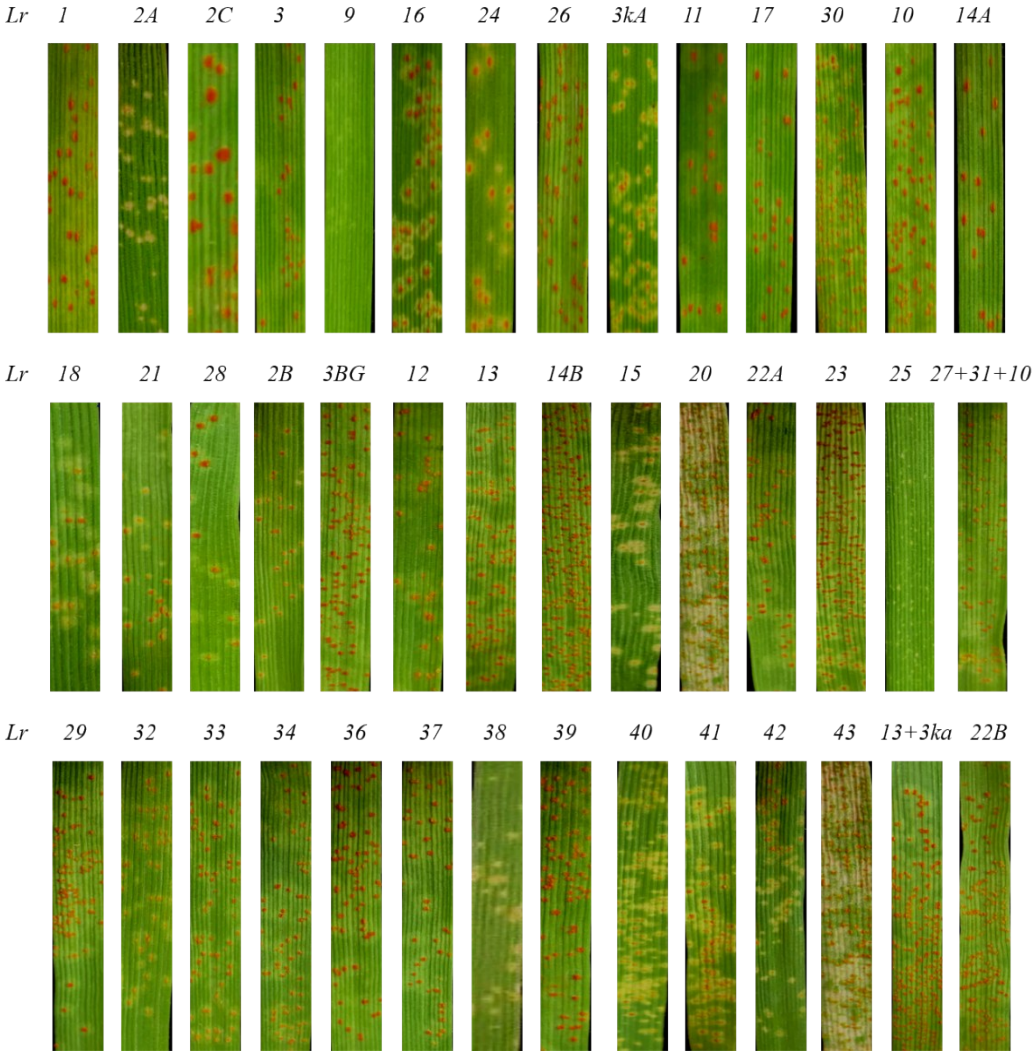


图1 菌株20-K-祁-5在抗叶锈病近等基因系上的反应型

Fig.1 Response of strain 20-K-Qi-5 on leaf rust resistance near-isogenic lines

表1　2018－2022年山西各地小麦叶锈菌主要致病类型及出现频率

Table 1　Main pathogenic types and occurrence frequency of wheat leaf rust in Shanxi between 2018 and 2022

致病类型 Pathotypes	总次数 Total number	总频率 Total frequency	2018		2020		2021		2022	
			次数 Number	频率 Frequency	次数 Number	频率 Frequency	次数 Number	频率 Frequency	次数 Number	频率 Frequency
THT	6	4.55			2	4.35	4	11.11		
PHT	6	4.55	1	2.78	4	8.70	1	2.78		
PKJ	6	4.55	1	2.78	2	4.35	2	5.56	1	7.14
PHS	4	3.03	2	5.56	1	2.17			1	7.14
TKT	4	3.03	1	2.78			3	8.33		
THS	4	3.03					4	11.11		
THK	4	3.03	2	5.56	1	2.17	1	2.78		
PKT	3	2.27	1	2.78	1	2.17	1	2.78		
TTT	3	2.27					3	8.33		
FKT	3	2.27	1	2.78			1	2.78	1	7.14
MTS	2	1.52			1	2.17	1	2.78		
MKS	2	1.52			1	2.17	1	2.78		
PRT	2	1.52			1	2.17	1	2.78		
PRS	2	1.52			1	2.17	1	2.78		
RRK	2	1.52			1	2.17	1	2.78		
PRK	2	1.52	1	2.78	1	2.17				
MHT	2	1.52			2	4.35				
TKK	2	1.52	1	2.78	1	2.17				
NHD	2	1.52					1	2.78	1	7.14
SGS	2	1.52			2	4.35				
PTT	2	1.52					2	5.56		
TRT	2	1.52	1	2.78			1	2.78		
PKS	2	1.52			2	4.35				
SHJ	2	1.52			2	4.35				
TTK	2	1.52			2	4.35				
TRT	2	1.52	2	5.56						
RCK	2	1.52							2	14.29
其它	55	41.67	22	61.11	18	39.13	7	19.44	8	57.14
合计	132	100.00	36	100.00	46	100.00	36	100.00	14	100.00

注:其他为总体出现频率小于1.5%的致病类型,共55个

Note:Others represented 55 pathotypes with an overall frequency of less than 1.5%

2.2　小麦叶锈菌毒性基因频率分析

调查供试菌株在42个鉴别寄主上的发病程度,并将2018-2022年山西省各地的小麦叶锈病菌毒性基因频率汇总于下表2。结果显示,单基因系*Lr25*、*Lr38*和*Lr13*+*3ka*在2018-2022年的平均毒性基因频率及4年中每年的毒性频率均不到30%,其对应的抗病基因为目前有效的抗病基因。单基因系*Lr26*、*Lr10*、*Lr12*、*Lr20*和*Lr39*在4年的平均毒性频率及每年的毒性基因频率都较高,均在80%以上,表明其在山西这5个地区对小麦叶锈菌已经基本失去抗性。对于*Lr2A*、*Lr2C*、*Lr3*、*Lr16*、*Lr24*、*Lr3kA*、*Lr30*、*Lr14B*、*Lr15*、*Lr23*、*Lr32*、*Lr33*、*Lr37*、*Lr40*、*Lr41*、*Lr42*、*Lr43*和*Lr22B*这类在4年中的毒性基因频率差异比较大的单基因系,我们应持续对其进行监测,关注年际基因频率变化情况,如图2所示。

2.3　小麦叶锈菌毒性多态性分析

对132个供试菌株毒性基因多态性分析可得,山西省各市区小麦叶锈菌毒性的多态性较高,如下表3所示。在物种水平上,*H*为0.39,*I*为0.57,*Np*为42,*P*为100%。不同群体的基因多样性指数有所差异。整体来看,在群体水平上,*H*平均值

表2 2018—2022年山西各地小麦叶锈菌群体毒性基因频率

Table 2 Virulence gene frequency of wheat leaf rust in Shanxi between 2018 and 2022 单位:%

材料携带抗叶锈基因 Material carried *Lr* gene	毒性基因频率 Frequency of virulence genes				
	2018	2020	2021	2022	Average
Lr1	80.56	95.65	94.44	71.43	85.52
Lr2A	44.44	45.65	55.56	21.43	41.77
Lr2C	94.44	78.26	83.33	64.29	80.08
Lr3	91.67	76.09	91.67	57.14	79.14
Lr9	33.33	21.74	30.56	7.14	23.19
Lr16	88.89	97.83	94.44	64.29	86.36
Lr24	22.22	43.48	38.89	57.14	40.43
Lr26	86.11	93.48	97.22	85.71	90.63
Lr3kA	50.00	71.74	77.78	35.71	58.81
Lr11	91.67	97.83	97.22	78.57	91.32
Lr17	72.22	97.83	97.22	78.57	86.46
Lr30	63.89	52.17	69.44	35.71	55.31
Lr10	91.67	97.83	97.22	92.86	94.89
Lr14A	80.56	86.96	97.22	71.43	84.04
Lr18	61.11	86.96	69.44	64.29	70.45
Lr21	63.89	86.96	97.22	78.57	81.66
Lr28	41.67	39.13	61.11	35.71	44.41
Lr2B	63.89	76.09	83.33	71.43	73.68
Lr3BG	80.56	91.30	88.89	71.43	83.04
Lr12	97.22	97.83	100.00	100.00	98.76
Lr13	88.89	97.83	100.00	71.43	89.54
Lr14B	86.11	100.00	100.00	42.86	82.24
Lr15	61.11	86.96	97.22	50.00	73.82
Lr20	86.11	91.30	91.67	92.86	90.48
Lr22A	88.89	97.83	100.00	71.43	89.54
Lr23	83.33	91.30	69.44	28.57	68.16
Lr25	13.89	4.35	8.33	7.14	8.43
Lr27+31+10	97.22	97.83	100.00	71.43	91.62
Lr29	83.33	97.83	100.00	71.43	88.15
Lr32	55.56	52.17	69.44	7.14	46.08
Lr33	91.67	97.83	100.00	57.14	86.66
Lr34	83.33	97.83	97.22	78.57	89.24
Lr36	94.44	100.00	100.00	78.57	93.25
Lr37	33.33	86.96	13.89	28.57	40.69
Lr38	11.11	26.09	16.67	7.14	15.25
Lr39	94.44	100.00	97.22	85.71	94.35
Lr40	22.22	67.39	69.44	57.14	54.05
Lr41	41.67	91.30	75.00	50.00	64.49
Lr42	69.44	100.00	97.22	42.86	77.38
Lr43	72.22	82.61	52.78	42.86	62.62
Lr13+3ka	22.22	19.57	19.44	21.43	20.67
Lr22B	94.44	100.00	100.00	64.29	89.68

为0.35,*I*平均值为0.51,*Np*平均值为36,*P*平均值为85.72%。其中晋中市和运城市的多样性指数最高,均为0.40,相应的其信息指数也最高,均为0.58。其次为临汾市、晋城市,长治市的基因多

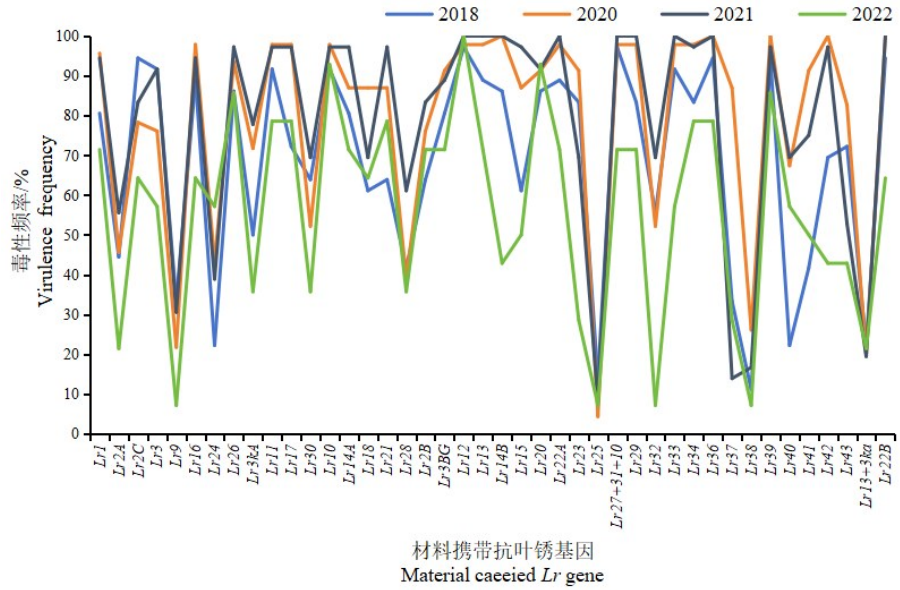


图2　2018—2022年山西各地小麦叶锈菌群体毒性基因频率

Fig.2　Virulence gene frequency of wheat leaf rust in Shanxi between 2018 and 2022

态性最低,多样性指数仅为0.28,信息指数为0.40,多态性百分比为66.67%。综上可知,晋中市和运城市小麦叶锈菌毒性多态性比较高,毒性种类较为丰富。

表3　2018—2022年山西小麦叶锈菌种群毒力基因多态性分析

Table 3　Analysis of virulence gene polymorphism of *P. triticina* population in Shanxi between 2018 and 2022

地区 Region	多态性样本数 *N*	Nei's多样性指数 *H*	Shannon信息指数 *I*	多态性位点数 *Np*	多态性百分率/% *P*
临汾	34	0.35	0.51	38	90.48
晋中	36	0.40	0.58	41	97.62
运城	45	0.40	0.58	42	100.00
长治	10	0.28	0.40	28	66.67
晋城	7	0.32	0.46	31	73.81
物种水平	132	0.39	0.57	42	100.00
群体水平	26.40	0.35	0.51	36	85.72

3　讨论

为避免传统方法区分不准确的局限性,我们通常采用毒性组合和毒力频率分析法鉴定小麦锈菌生理小种[19]。通过不同地区小麦叶锈菌群体的毒性频率和进化规律进行分析,进一步预测其菌源来源,以更好的指导小麦抗病育种和病害治理[20]。

本试验将2018-2022年采自山西省各地的132个小麦叶锈菌标样划分为82个致病类型。小麦叶锈菌的短世代特征赋予其对环境的适应能力强,病原菌反复突变与环境的相互适应产生了新的致病类型,因此山西省小麦叶锈菌群体比较复杂,其中THT、PHT、PKJ、PHS、TKT、THS和THK为山西省小麦叶锈病菌的优势致病类型,这与万菁婧等[21]的研究结果有一定的相似之处,但因小麦叶锈菌菌种和采集地不同而有所区别,在日后应对其着重关注,并结合年度出现频率和各个地区的生态条件差异对其进行进一步的综合评价。赵盼盼等[22]2009-2011年对河南省小麦叶锈菌的毒性结构分析得到THTS、THTT等为优势致病类型,使叶锈菌病害治理更加有针对性,与本试验结果有一定的相似之处,河南省与山西省相邻且叶锈菌为气传性病害,所以两地叶锈菌采集标样可能来自于同一菌源中心,故优势致病类型有相似之处。另外,TTT、MHT、SGS、PTT、PKS、SHJ、TTK、TRT等只在个别年份为优势致病类型的情况,可能是由于不同年份小麦叶锈菌标样采集地

有所不同。虽地处同一个省份,不同麦区可能来自于同一个或者相邻的菌源中心和越夏区,但也会因各地气候条件、距离限制而有所差异。在日后试验中应增加样本量,对其继续监测以提高试验的可靠性,并结合其生长环境和麦区生态条件进行评估,确定其是否正在逐步变为优势致病类型。本试验研究结果与黄瑾等[23]、武延超等[24]对甘肃和四川小麦叶锈菌生理小种研究均有一定的相似之处。本试验中仅出现1次的致病类型有55种,可能是由于小麦叶锈菌的短世代特征赋予其对环境的适应能力强,在病原菌反复突变与环境的相互适应下产生了新的致病类型。

根据小麦叶锈病菌毒性基因频率的高低可以推断对应的抗性基因是否为有效抗病基因,这样可进一步指导小麦抗病育种和小麦品种的合理种植[25]。单基因系*Lr26*、*Lr10*、*Lr12*、*Lr20*和*Lr39*在4年中毒性基因频率均较高,表明其对应的抗病基因在山西省该5个地区已被广泛使用,对小麦表现较强的亲和作用,致使其失去抗性,基本属于无效基因,在日后利用价值不高,此结果与原宗英等[26]研究结果基本一致。单基因系*Lr25*、*Lr38*和*Lr13+3ka*在四年中的毒性基因频率均较低,表明其对应的抗病基因仍有很强的抗性,或者这些抗叶锈菌基因在山西省还没有被广泛使用,目前为有效的抗叶锈病基因,此结果与前人原宗英等[26]的研究结果基本吻合,但与之相比范围有所缩小,说明近年来有部分抗病基因正在逐步失去抗性,在今后的生产生活中应对其进行持续监测和关注。郝晓宇[27]在2020年对河北省小麦叶锈菌毒性频率调查结果显示,单基因系*Lr9*、*Lr19*、*Lr24*、*Lr25*、*Lr28*等有效性为100%,*Lr16*、*Lr26*、*Lr3ka*等抗病性已基本丧失,与本试验结果有一定的相似之处,但采集地不同,今后应结合地理位置和生存环境对其进行综合评估。对于4年内在山西各地毒性频率均处于30%~80%间的毒性基因,说明其对应的抗性基因仍有一定的使用价值,但单独使用价值不高。可以考虑在日后品种选育和实际生产中将其对应的不同抗性基因进行组合,来提高品种抗病的持久性,同时持续观测其毒性基因频率变化情况,以期更好的通过毒性频率监测品种的抗性变化,指导小麦抗叶锈病育种。

采用毒力基因多态性指数*I*、*H*、*Np*和*P*对山西省5个地区的小麦叶锈菌毒性多样性进行分析,可进一步了解山西省不同地区的小麦叶锈菌毒性类型,对于指导小麦的育种和叶锈病害防治工作更有针对性。在2018-2022这4年中,山西省晋中市和运城市的小麦叶锈菌毒性多态性比较高,毒性种类较为丰富。山西省运城市处于山西省最南部,与河南省、陕西省部分地区紧邻。河南省为我国小麦产量第一大省[28],陕西省也为我国小麦重要产区,都曾爆发叶锈菌病害[29]。山西省晋中市处于山西省中部,为山西省小麦重要种植地,东部紧邻河北省,河北省为我国北方小麦重要产区,2016年因小麦叶锈病害曾造成过较为严重的损失[30]。受小麦叶锈菌气传的影响,我省运城市和晋中市小麦叶锈菌菌源种类比较多,毒性多态性也相对较为丰富,可能为山西省小麦叶锈菌的发病中心。长治市位于山西省东南部,东部紧邻太行山山脉,西部被太岳山所环绕,在一定程度上阻隔了叶锈菌的气传,所以毒性种类相对较少。此外,我们还应结合气候条件对其进行综合评估。因此,在今后我们应加强对晋中市和运城市的小麦叶锈菌监测。

研究表明成株抗性是由多个微效基因控制,聚合多个微效基因可以增强品种抗病性。因此,在叶锈病抗病育种中,可以聚合多个抗性基因,增强抗性基因使用的持久性。本论文使用的*Lr34*为成株抗叶锈基因,其真实的田间毒性基因频率可能与本研究有差异。可通过田间成株期的抗性鉴定结果重点分析山西省小麦品种和育种材料所携带的抗叶锈基因和致病类型,以更好的指导抗病基因的合理种植和山西省小麦抗叶锈育种工作。在此基础上,还应该更多的关注小麦叶锈病害发病的流行规律,为今后山西省小麦叶锈病的发生流行、预报预测以及有效防控提供科学依据。

4 结论

本研究选用42种已知抗叶锈病基因的近等基因系和材料对2018-2022年采自山西省5个市区的132份标样进行群体毒性鉴定。研究可知山西省小麦叶锈病菌群体比较复杂,其中优势致病类型为THT、PHT、PKJ、PHS、TKT、THS和THK,单基因系*Lr25*、*Lr38*和*Lr13+3ka*为山西省目前有效的抗叶锈基因,运城市和晋中市的毒性多样

性较为丰富,为更好的指导山西省小麦的抗叶锈菌育种提供了一定的依据。

参 考 文 献

[1]郑继超. 小麦锈病的发生及其防治方法[J]. 河南农业,2009(9):20.
Zheng J C. Occurrence and control methods of wheat rust[J]. Agriculture of Henan, 2009(9):20.

[2]Huerta-Espino J, Singh P R, Germán S, et al. Global status of wheat leaf rust caused by *Puccinia triticina* [J]. Euphytica, 2011, 179(1):143-160.

[3]Li G Q, Xu X Y, Bai G H, et al. Novel sources of leaf rust resistance in winter wheat [J]. Crop Science, 2017, 57(2): 865-876.

[4]Zhang L, Xiao Y, Gao Y, et al. Race and virulence analysis of *Puccinia triticina* in China during 2011 to 2013 [J]. Plant Disease,2020,104(8):2095-2101.

[5]Zhang L, Shi C C, Li L R, et al. Race and virulence analysis of *Puccinia triticina* in China in 2014 and 2015[J]. Plant Disease, 2020,104(2):455-464.

[6]郭美芳,温辉芹,裴自友,等. 山西省近年小麦病虫害发生特点及综合防控对策[J]. 农业网络信息,2017(2):107-111.
Guo M F, Wen H Q, Pei Z Y, et al. Occurrence characteristics and integrated control measures of wheat diseases and insect pests in Shanxi Province in recent years [J]. Agriculture Network Information, 2017(2):107-111.

[7]Ordoñez M E, Germán S E, Kolmer J A. Genetic differentiation within the *Puccinia triticina* population in South America and comparison with the North American population suggests common ancestry and intercontinental migration [J]. Phytopathology, 2010, 100(4): 376-383.

[8]夏得壮. 中国部分省区小麦叶锈菌群体遗传结构研究[D]. 北京:中国农业科学院,2015.
Xia D Z. Population genetic structure of *Puccinia triticina* in several provinces of China [D]. Beijing: Chinese academy of agricultural sciences, 2015.

[9]Chen W Q, Qin Q M, Chen Y L, et al. Virulence dynamic of wheat leaf rust in China in 1992-1996 (in Chinese) [J]. Acta Phytopathologica Sinica (植物病理学报), 1998, 28(2): 101-106.

[10]Zhang L, Zhang L Y, Meng Q F, et al. Virulence and molecular genetic diversity, variation, and evolution of the *Puccinia triticina* population in Hebei Province of China from 2001 to 2010 [J]. Frontiers in Plant Science, 2023, 14: 1095677.

[11]葛润静,刘太国,高利,等. 2011-2012年度中国六省小麦叶锈菌群体毒性分析[J]. 植物病理学报,2015,45(2):175-180.
Ge R J, Liu T G, Gao L, et al. Virulence of *Puccinia triticina* from 6 provinces in China in 2011 to 2012 [J]. Acta Phytopathologica Sinica, 2015,45(2):175-180.

[12]李泓甫,华为,朱靖环,等. 2019—2020年苏浙皖三省小麦叶锈菌群体的致病类型鉴定及毒性结构分析[J]. 植物保护学报,2023,50(03):705-715.
Li H F, Hua W, Zhu J H., et al. Pathotype identification and virulence structure analysis of wheat leaf rust pathogen *Puccinia triticina* from Jiangsu, Zhejiang and Anhui Provinces during 2019 to 2020 cropping season [J]. Journal of Plant Protection, 2023, 50(3):705-715.

[13]赵佳佳,刘鑫,王超,等. 小麦抗叶锈病新种质的创制与鉴定[J]. 山西农业科学,2022,50(9):1221-1228.
Zhao J J, Liu X, Wang C, et al. Creation and identification of leaf rust resistant new germplasm of wheat [J]. Journal of Shanxi Agricultural Sciences, 2022, 50(9): 1221-1228.

[14]袁景顺,朱之堉. 1993-1995年小麦叶锈菌生理小钟消长动态研究[J]. 河北农业大学学报,1995,18(4):134.
Yuan J S, Zhu Z Y. The Study on growth and decline of physiological race of *Puccinia triticina* from 1993 to 1995[J]. Journal of Hebei Agricultural University, 1995, 18(4):134.

[15]万菁婧. 冀、豫、鲁三省小麦叶锈菌致病类型鉴定及毒性分析[D]. 保定:河北农业大学,2010.
Wan J J. Pathogenic types and virulence frequency of *Puccinia triticina* in Hebei, Henan and Shandong Provinces [D]. Baoding: Hebei Agricultural University,2010.

[16]Nei M. Analysis of gene diversity in subdivided populations[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America,1973,70(12):3321-3323.

[17]Wachira F N, Waugh R, Hackett C A, et al. Detection of genetic diversity in tea (*Camellia sinensis*) using RAPD markers[J]. Genome,1995,38(2):201-210.

[18]Yeh F, Yang R, POPGENEBoyle T., Version1.32. Microsoft Window-based freeware for populations genetic analysis [C]. Edmonton: Centre for International Forestry Research, University of Alberta, 1999.

[19]Manisterski J, Eyal Z, Ben-Yehuda P, et al. Comparative analysis of indices in the study of virulence diversity between and within populations of *Puccinia recondita* f. sp. *tritici* in Israel [J]. Phytopathology, 2000, 90(6): 601-607.

[20]杨亨. 中国8省小麦条锈菌群体分子遗传结构研究[D]. 绵阳:西南科技大学,2019.
Yang H. Molecular genetic structure of wheat stripe rust population in 8 provinces of China [D]. Mianyang: Southwest University of Science and Technology, 2019.

[21]万菁婧,孟庆芳,杨文香,等. 山东省小麦叶锈菌群体毒性研究[J]. 安徽农业科学,2010,38(30):16929-16930.
Wan J J, Meng Q F, Yang W X, et al. Study on virulence of *Puccinia triticina* population on wheat in Shandong Province [J]. Journal of Anhui Agricultural Sciences, 2010, 38(30): 16929-16930.

[22]赵盼盼,孟庆芳,郭楠,等. 2009-2011年河南省小麦叶锈菌毒性结构分析[J]. 河南农业科学,2013,42(4):91-94.
Zhao P P, Meng Q F, Guo N, et al. Analysis of virulence patterns of *Puccinia triticina* in Henan Province in 2009-2011 [J]. Journal of Henan Agricultural Sciences, 2013, 42(4): 91-94.

[23]黄瑾,张勃,孙振宇,等. 2016-2019年甘肃省小麦叶锈菌群体结构及多样性分析[J]. 麦类作物学报,2022,42(6):764-772.
Huang J, Zhang B, Sun Z Y, et al. Population structure and diversity analysis of *Puccinia triticina* in Gansu Province from 2016 to 2019 [J]. Journal of Triticeae Crops, 2022, 42(6):

764-772.

[24]武延超,孟庆芳,杨文香,等. 2007年陕西、湖北和四川三省小麦叶锈菌苗期毒性分析[J]. 中国农学通报,2009,25(17):195-198.
Wu Y C, Meng Q F, Yang W X, et al. Virulence of *Puccinia triticina* on wheat at seedling stage in Shaanxi, Hubei and Sichuan Provinces of China in 2007[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 2009, 25(17): 195-198.

[25]王振花,刘伟,高海峰,等. 新疆小麦白粉病菌群体的毒性监测和分析[J]. 新疆农业科学,2017,54(10):1903-1910.
Wang Z H, Liu W, Gao H F, et al. Monitoring and analysis of virulence of *Blumeria graminis* f. sp. *tritici* in Xinjiang[J]. Xinjiang Agricultural Sciences, 2017, 54(10): 1903-1910.

[26]原宗英,武英鹏,刘敏捷. 山西省小麦叶锈菌致病类型及毒性监测[J]. 山西农业科学,2017,45(3):448-450.
Yuan Z Y, Wu Y P, Liu M J. Pathogenic types and virulence of wheat leaf rust(*Puccinia triticina*) in Shanxi Province [J]. Journal of Shanxi Agricultural Sciences, 2017, 45(3): 448-450.

[27]郝晓宇. 2020年小麦叶锈菌生理小种鉴定与河北省小麦品种(系)抗叶锈性分析[D]. 保定:河北农业大学,2023.
Hao X Y. Identification of physiological race of *Puccinia triticina* in 2020 and analysis of leaf rust resistance of wheat cultivars (lines) in Hebei Province [D]. Baoding: Hebei Agricultural University, 2023.

[28]王炜星,张梦宇,董瑞,等. 河南71个重要小麦生产品种的抗叶锈性鉴定[J]. 麦类作物学报,2022,42(3):279-288.
Wang W X, Zhang M Y, Dong R, et al. Identification of leaf rust resistance of 71 wheat cultivars from Henan Province[J]. Journal of Triticeae Crops, 2022, 42(3):279-288.

[29]王晓娥,王国军,孟庆芳,等. 汉中麦区叶锈病生理小种及抗锈品种监测[J]. 陕西农业科学,2017,63(12):30-32.
Wang X E, Wang G J, Meng Q F, et al. Monitoring of physiological races and rust-resistant varieties of leaf rust in Hanzhong wheat area [J]. Shaanxi Journal of Agricultural Sciences, 2017, 63(12): 30-32.

[30]孟麟硕,彭彬彬,孙新康,等. 冀南地区小麦叶锈病发生现状与主要致病因素分析[J]. 河北农业大学学报,2022,45(6):10-15.
Meng L S, Peng B B, Sun X K, et al. Occurrence situation of wheat leaf rust disease and analysis of pathogenic factors in the south of Hebei Province [J]. Journal of Hebei Agricultural University, 2022, 45(6): 10-15.

Pathotype identification and virulence analysis of wheat leaf rust pathogen *Puccinia triticina* in Shanxi Province between 2018 and 2022

Guan Yashi, Zhao Yaqiong, Wu Yingpeng, Yuan Zongying, Liu Minjie*

(*College of Plant Protection, Shanxi Agricultural University, Taiyuan 030031, China*)

Abstract: [Objective] Wheat leaf rust, caused by *Puccinia triticina*, has become one of the most important diseases limiting wheat production in Shanxi Province. The purpose of this study aimed to clarify the virulence characteristics of the wheat leaf rust population in Shanxi Province, providing a theoretical basis for breeding wheat resistant to leaf rust in the region. [Methods] Between 2018 and 2022, 132 purified isolates were obtained by single-spore isolation from wheat leaf rust samples collected from naturally infected fields in Yuncheng, Jinzhong, Linfen, Changzhi, and Jincheng cities in Shanxi Province. These isolates were subjected to physiological race identification and population virulence analysis using 42 near-isogenic lines and materials with known leaf rust resistance genes. [Results] A total of 82 pathotypes were identified among the 132 isolates of *P. triticina*. The dominant pathotypes were THT(4.55%), PHT(4.55%), PKJ(4.55%), PHS(3.03%), TKT(3.03%), THS(3.03%), and THK(3.03%). The frequency of virulence genes of V25, V38, and V13+3ka was less than 30% over four years, indicating that their corresponding resistance genes were currently effective. In contrast, the virulence gene frequency of V26, V10, V12, V20, and V39 exceeded 80% over the four years, indicating that the corresponding resistance genes had largely lost their effectiveness against wheat leaf rust. The wheat leaf rust population in Yuncheng and Jinzhong cities showed higher virulence polymorphism, followed by Linfen and Jincheng, with the lowest in Changzhi City. [Conclusion] This study identified the dominant pathotypes, virulence gene frequencies, and virulence polymorphism of the wheat leaf rust population in Shanxi Province in recent years, providing a scientific basis for further guidance on breeding wheat resistant to leaf rust and managing the disease in Shanxi Province.

Keywords: Wheat leaf rust, Virulence frequency, Pathogenic types, Physiological races, Virulence polymorphism

(编辑:吕俊俐)