



东北春麦区小麦白粉菌 种群动态分析

毛国杰 李占辉 杨家书 田成文 洪卫卫
(沈阳农业大学植物免疫室 110161) (抚顺市植保站) (大连甘井子区农技推广中心)

Population dynamics analysis of *Blumeria graminis* DC on spring wheat in Northeastern China. Mao Guojie Li Zhanhui Yang Jiashu (Plant Immunology Laboratory of Shenyang Agricultural University 110161) Tian Chengwen (Plant Protection Station of Fushun City) Hong Weiwei (Agricultural Technology Extension Center of Ganjingzi District in Dalian).

Abstract The populations of *Blumeria graminis* DC. on spring wheat in Northeastern China were clarified based on the composition of *B. graminis* and the deducing resistant gene of wheat cultivars. Among the physiological races, No. 11 and No. 15 were the prevalent races with the ratio of 29.21% and 32.69%, respectively. The virulent frequency of V1, V3a, V3b, V3c, V5, V7 and V8 were high (more than 50%), but that of V2, V4a, V4b, V2+6 and V21 were low (less than 5%). Then the variable range of virulent frequency of V3f, V5+M1i, V6 and V17 fluctuated between 4.4% and 74.4%. The resistant genes of applied wheat cultivars in Liaoning Province were deduced.

Key words *Blumeria graminis*, virulent frequency, gene deducing,

摘要 通过对东北地区小麦白粉菌群体结构分析和小麦生产品种抗病基因推导,明确了东北春麦区小麦白粉病菌群体种群构成。其中11号和15号小种为优势小种,其频率分析达到29.21%和32.69%。小麦白粉菌毒性基因V1、V3a、V3b、V3c、V5、V7和V8毒力频率较高(>50%),V2、V4a、V4b、V2+6和V21毒力频率较低(5%),V3f、V5+M1i、V6和V17毒力频率变化幅度较大(4.4%~74.4%)。推导出辽宁省主栽品种含有的抗病基因。

关键词 小麦白粉菌 毒力频率 基因推导

中图分类号 S 435.121.46

小麦白粉病 *Blumeria graminis* DC 属于“基因对基因”病害范畴。防治小麦白粉病最为经济有效的方法是应用抗病基因,而对小麦白粉病菌种群结构的认识和对不同病菌毒性基因毒性大小的了解,则是成功应用抗病基因的基础。东北春麦区作为小麦生产上一个独特的生态区和小麦白粉病发生流行并危害日趋严重的区域,其小麦白粉菌的群体结构方面的研究较少^[1]。因此很有必要对东北春麦区小麦白粉菌毒性基因及其种群结构消长趋势进行研究。

1 材料与方法

1.1 小麦品种和抗白粉病单基因系

供试小麦品种有小密穗、沈免85、沈免91、铁春1号、辽春10、贵农21由沈农免疫室提供。小麦抗白粉病单基因系(表1)由中国农业大学植物科技学院和中国农科院植保所提供。

1.2 菌种采集及单孢分离

小麦白粉病盛发期(6月上旬至下旬)在辽宁省沈阳市、昌图县、瓦房店市、凌海市和吉林省长春市小麦生产田,采集新鲜白粉病病

表 1 小麦抗白粉病基因单基因系品种(系)

品种名称	抗病基因	位点
Chancellor	—	—
Axminster/8cc	Pm1	7AL
Ulka/8cc	Pm2	5DS
Asosan/8cc	Pm3a	1AS
Chul/8cc	Pm3b	1AS
Sonora	Pm3c	1AS
Michigan Amber/8cc	Pm3f	1AS
Khapli/8cc	Pm4a	2AL
Armada	Pm4b	2AL
Hope.8cc	Pm5	7BL
Aquila	Pm5 + Mli	7B
Tinggalen	Pm6	2B
Coker 747	Pm2 + 6	
CI 14189	Pm7	4BS
Kavkaz	Pm8	1BL/1RS
Amigo	Pm17	1AL/1RS
扬 5 × Sub. 6v	Pm21	6AL/6VS

叶。在隔离条件下,分别用抖落法接种到活体的试管麦苗(小穗)上备用。每点采标样 30

~50 份。用单孢子堆法进行单孢分离,编号,并活体保存。

1.3 小麦白粉菌小种变异分析

采用 1984 年全国白粉病协作组提出的全国统一“阿夫”等 9 个鉴别寄主,用离体叶段培养法对各单孢子堆分离物进行接种鉴定,记载各鉴别寄主叶段上的反应型,并按八进制进行编码,重复 3 次。

1.4 小麦白粉病菌毒性基因毒力频率分析

具体参见朱建祥离体活动苗圃法进行^[2]。用高感品种小密穗和 Chancellor 作为对照。

1.5 辽宁省主栽小麦品种抗白粉病基因推导

具体方法参见郭爱国介绍的方法^[3]。

2 结果与分析

2.1 东北春麦区小麦白粉菌种群动态分析

1995~1996 年分析了辽宁省小麦白粉菌生理小种变异情况,共分析小麦白粉菌单孢子堆分离物标样 104 份,结果见表 2。

表 2 辽宁省小麦白粉菌种群生理小种及其频率

小种	鉴别寄主								小种 频度	小种频 率(%)	毒性级 别	毒性级 别频率 (%)
	小白 冬麦	白免 3号	肯贵阿	Maris Huntsman	Cl 12632	高加索	Era	Ulka Cc8				
0									2	1.92	0	1.92
1								S	9	8.65	I	8.65
3								S	1	0.96	II	0.96
5								S	2	1.92	III	1.92
11						S		S	27	25.96		
13						S	S	S	3	2.88	IV	61.58
15						S	S	S	34	32.69		
51			S			S		S	3	2.88		
53			S			S		S	1	0.96	VI	5.76
55			S			S	S	S	2	1.92		
111		S				S		S	3	2.88		
113		S				S		S	2	1.92	VII	9.61
115		S				S	S	S	4	3.85		
121		S		S				S	1	0.96		
211	S					S		S	2	1.92		
217	S					S	S	S	1	0.96	VII	6.72
311	S	S				S		S	2	1.92		
315	S	S				S	S	S	2	1.92		
515	S	S				S	S	S	1	0.96		
663	S	S	S	S	S			S	1	0.96	IX	2.88
763	S	S	S	S	S			S	1	0.96		
合 计									104	100.00		100.00

从表中可知:小麦白粉菌种群构成比较复杂,从104份单孢子堆分离物中共分析出21个不同小种,其中15号和11号小种为优势小种,其小种频率分别为25.96%和32.69%。1号小种为8.65%,其余小种出现频率均低于5%。可见白粉菌种群小种多对鉴别寄主“高加索”(含Pm8)

表现为致病,如出现15、115、315、515号小种。另外,出现了高毒力菌株如663号和763号小种。

2.2 东北春麦区小麦白粉菌毒性基因毒力频率分析

不同地区小麦白粉病菌毒性基因毒力频率测定,结果见表3。

表3 不同地区小麦白粉菌毒性基因毒力频率分析

抗病基因 (Pm)	沈阳		昌图		瓦房店		凌海市		长春	
	病斑 (个)	频率 (%)								
—	77	100.0	72	100.0	85	100.0	36	100.0	68	100.0
1	75	97.4	64	88.9	70	82.4	20	55.6	13	19.1
2	36	46.8	0	0	0	0	2	5.6	4	5.9
3a	61	79.2	62	86.1	80	94.1	9	25.0	61	89.7
3b	56	72.7	66	90.7	74	87.1	13	36.1	50	73.5
3c	58	75.3	60	83.3	0	0	16	44.4	38	55.9
3f	59	76.6	32	44.4	63	74.1	33	91.7	62	91.2
4a	5	6.4	0	0	0	0	3	8.3	2	2.9
4b	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1.5
5	40	52.0	46	63.9	52	61.2	34	94.4	37	54.4
5+M1i	57	74.1	50	69.4	74	87.1	13	36.1	3	4.4
6	72	93.5	26	36.1	64	75.3	16	44.4	45	66.2
2+6	11	14.2	0	0	1	1.2	10	27.8	1	1.5
7	45	59.7	23	32.0	62	72.9	6	16.7	30	44.1
8	68	88.3	69	95.8	76	89.4	24	66.7	69	98.5
17	44	57.1	5	6.9	52	61.2	0	0	5	7.4
21	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

从分析结果可知,东北春麦区小麦白粉菌毒性基因毒力频率低的有V2、V4a、V4b、V2+6和V21等;毒力频率高的有V3a、V3b、V3c、V5和V8等。但地区间也存在差异,如V1在长春地区频率则较低(19.1%),在其他地区则高(>50%);V17在长春、昌图和凌海市地区毒力频率低(<10%),而在其他地区则高。Pm2在沈阳地区的表现波动较大,其检测到的毒力频率最高可达46.8%。

因此,根据各小麦白粉菌系毒力基因的频率分析可知,与低毒力频率的毒力基因对应的小麦抗白粉病基因Pm2、Pm4a、Pm4b、Pm2+6和Pm21可以作为较好的小麦白粉病抗源。应用上述抗病基因可进行多基因组合品种的选育,在抗小麦白粉病育种工作中加以利用。另外,Pm21可作为最佳抗源,重点优先考虑。

2.3 辽宁省主栽品种抗小麦白粉病基因的推导

将15个单孢子堆分离物接种于小麦单基因系上和辽宁省小麦主栽品种上。将未知基因的辽宁省小麦主栽品种与15个已知基因的单基因品种(系)对15个小麦白粉菌单孢子堆分离物的反应进行对比。根据所属类型来推导小麦品种可能含的抗性基因(表4)。

根据反应型推导植物抗病基因,将各未知基因的主栽品种对各单孢子系的反应型相比后,进一步分析沈免85可能含有Pm1、Pm5和Pm8;沈免91可能含有Pm1、Pm3a和Pm8;铁春1号可能含有Pm1、Pm5和Pm8;辽春10可能含有Pm3a和Pm8。系谱分析亦表明,沈免85是以铁春1号为母本,以[(IRN68-181×洛夫林13)F₁×(加瑞尔×辽春6号)F₁]F₇选系进行有性杂交,经过7个世代系统育出的春小

麦品种;沈免 91 是以铁春 2 号为母本,以沈免 85-9 为父本选育而成的,含有 1B/1R 易位系。从田间抗性来看,沈免 91 比沈免 85 的抗性要好,表现在发病比较晚而且较慢,病斑相对较少,这可能是因为沈免 91 的母本含有二粒小麦的抗源;铁春 1 号系谱为科春 14×他诺瑞;辽

春 10 号的系谱为克 71F4370/墨巴 66/UP321/3/辽春 6 号/京红 1 号。从分析结果看,这些品种所含的抗性基因基本相似,抗源比较单一,而且均不含目前抗性较好的 Pm2、Pm4a、Pm4b、Pm6、Pm2+6 和 Pm21 等抗病基因。因此,对于小麦白粉病的防治极为不利。

表 4 小麦单基因系和供试小麦品种对各单孢菌系表现的类型

品种名称	抗病基因															
	Pm1	Pm2	Pm3a	Pm3b	Pm3c	Pm3f	Pm4a	Pm4b	Pm5	Pm5+M1i	Pm6	Pm2+6	Pm7	Pm8	Pm17	Pm21
沈免 85	0	-	+	+	+	-	-	-	0	+	-	-	-	0	-	-
沈免 91	0	-	0	+	+	+	+	-	-	+	+	+	-	0	-	-
铁春 1 号	0	-	-	+	+	+	+	-	0	-	+	+	-	0	-	-
辽春 10	0	-	0	-	-	+	+	-	-	+	+	+	-	0	-	-

3 讨论

小麦白粉病是危害小麦生产的主要病害之一。东北春麦区小麦白粉病发生具有其本身特点,初侵染源主要来自胶东半岛冬麦区^[4];小麦生产季节白粉病发生流行较快;小种变异频度大,病菌生理分化特别严重。因此,监测小麦白粉菌的生理分化,明确群体结构成为防治该病的一项重要工作。

段霞瑜等(1998)鉴定了采自全国的 418 个白粉菌标样^[5],在鉴定出的 22 个生理小种中,优势小种 11 号和 15 号出现的频率分别是 32.39% 和 28.17%。从目前东北春麦区白粉菌小种变异监测情况来看,其种群构成基本稳定。其中优势小种仍为 15 号小种,出现频率为 36%。这与东北春麦区多年来一直推广应用感病品种有关,其抗源多来自小黑麦(含 Pm8),遗传背景比较简单,对白粉菌群体没有选择压力,因而其种群结构能够保持稳定。另外,11 号小种频度也逐渐上升,与 15 号小种并为优势小种。

小麦白粉菌毒力基因频率,直接反映相应的小麦抗病基因在生产上有效性。研究结果显示,抗病基因 Pm1、Pm3a、Pm3b、Pm5、Pm7 和 Pm8 已基本丧失抗性,不宜单独使用。Pm3c、Pm3f、Pm5+M1i、Pm6、Pm17 在各地反应不同,个别地区已丧失应用价值,建议在育种中应慎重使用。Pm2、Pm4a、Pm2+6 抗性较好,其毒力频率较低(一般小于 10%),这些抗病基因

可作为较好的抗源在育种中利用,与其他抗病基因联合使用,可延长品种抗病有效寿命。Pm4b 和 Pm21 在辽宁省未发现对其有毒力的菌系,多次测试中均表现为免疫,是优良的抗白粉病的抗源材料,可以优先使用。

培育抗性较强,多抗源累加,抗谱较广的小麦新品种,成为小麦抗白粉病育种工作中需解决的首要问题。针对辽宁省小麦白粉病发生流行特点以及小麦白粉病菌极易发生生理分化的特点,小麦白粉病抗病育种工作要注意抗源材料的应用,如通过微效基因的累加,主效基因的累加以及引进抗性背景完全不同的新抗源等。另外还要注意慢病、耐病抗源的应用和抗病基因的合理布局以及应用混合肥品种,建立二线抗源,充分发挥现有抗白粉病基因的有效性。

主要参考文献

- 1 杨家书,曹远银,王志民,等.中国东北小麦白粉菌毒力频率分析.沈阳农业大学学报,1994,25(3):245-249.
- 2 朱建祥.用离体活动圃定量估计田间小麦白粉病和叶锈菌群体变异.安徽农业科学,1986,(1):56-58.
- 3 郭爱国,赤国彤,霍云萍,等.17 个小麦品种抗白粉性基因的推导.河北农业大学学报,1993,16(2):18-22.
- 4 杨家书,葛泉卿,吴畏,等.东北春麦区小麦白粉菌的侵染循环.植物病理学报,1992,22(1):35-40.
- 5 段霞瑜,盛宝钦,周益林,等.小麦白粉病生理小种鉴定与病菌毒性的监测.植物保护学报,1998,25(1):31-35.