

冬小麦新品种陇鉴 9828 苗期 抗条锈性遗传分析

虎梦霞¹, 王万军², 曹世勤^{3,4,5}, 贾秋珍^{3,4,5}, 张勃^{3,4,5},
黄瑾^{3,4,5}, 孙振宇^{3,4,5}, 李玲⁶

- (1. 甘肃省农业科学院小麦研究所, 甘肃 兰州 730070; 2. 天水市农业科学研究所绿色农业研究中心,
甘肃 甘谷 741200; 3. 甘肃省农业科学院植物保护研究所, 甘肃 兰州 730070;
4. 农业农村部天水作物有害生物野外科学观测实验站, 甘肃 甘谷 741200;
5. 农业农村部国家植物保护甘谷观测实验站, 甘肃 甘谷 741200;
6. 兰州市农业科技研究推广中心, 甘肃 兰州 730030)

摘要: 为明确冬小麦新品种陇鉴 9828 苗期抗条锈性基因类型及其数量, 为该品种抗病基因的合理应用提供支撑。2022 年对小麦遗传群体 (铭贤 169/陇鉴 9828) 的 F₁、F₂ 单株及其双亲材料的幼苗分别接种 CYR34、CYR32 及新菌系 ZS 的单孢菌系, 进行抗条锈性遗传分析。结果表明, 陇鉴 9828 苗期对条锈菌 CYR34、CYR32 表现中抗, 对条锈菌新菌系 ZS 表现高抗, 铭贤 169 表现高度感病。分别接种条锈菌 CYR34、CYR32 后, F₁ 代表表现感病, F₂ 代单株抗感表现分离, 符合 1R: 3S 的分离比值; 接种条锈菌新菌系 ZS 后, F₁ 代表表现抗病, F₂ 代植株抗感表现分离, 符合 3R: 1S 的分离比值。说明陇鉴 9828 对条锈菌 CYR34、CYR32 的苗期抗条锈性均由 1 对隐性抗性基因控制, 对条锈菌新菌系 ZS 的苗期抗病性由 1 对显性抗性基因控制, 该研究结果可对冬小麦新品种陇鉴 9828 在生产和育种中应用提供参考。

关键词: 冬小麦; 新品种; 陇鉴 9828; 条锈病; 遗传分析; 苗期

中图分类号: S435.121.42 **文献标志码:** A **文章编号:** 2097-2172(2024)06-0580-05

[doi:10.3969/j.issn.2097-2172.2024.06.018](https://doi.org/10.3969/j.issn.2097-2172.2024.06.018)

Genetic Analysis of Stripe Rust Resistance at the Seedling Stage of New Winter Wheat Variety Longjian 9828

HU Mengxia¹, WANG Wanjun², CAO Shiqin^{3,4,5}, JIA Qiuzhen^{3,4,5}, ZHANG Bo^{3,4,5}, HUANG Jin^{3,4,5},
SUN ZhenYu^{3,4,5}, LI Ling⁶

- (1. Wheat Research Institute, Gansu Academy of Agricultural Sciences, Lanzhou Gansu 730070, China; 2. Green Agronomic Centre,
Tianshui Institute of Agricultural Sciences, Gangu Gansu 741200, China; 3. Institute of Plant Protection, Gansu Academy of
Agricultural Sciences, Lanzhou Gansu 730070, China; 4. Scientific Observing and Experimental Station of Crop Pests in
Tianshui, the Ministry of Agriculture and Rural Affairs, P. R. China, Gangu Gansu 741200, China; 5. National
Agricultural Experimental Station for Plant Protection at Gangu, the Ministry of Agriculture and Rural Affairs,
P. R. China, Gangu Gansu 741200, China; 6. Lanzhou Agricultural Research & Technology
Promotion Centre, Lanzhou Gansu 730030, China)

Abstract: To determine the type and quantity of stripe rust resistance genes at the seedling stage of the new winter wheat variety Longjian 9828, and to provide support for the rational application of its disease resistance genes. In 2022, genetic analysis of stripe rust resistance was performed by inoculating seedlings of the wheat genetic population (Mingxian 169/Longjian 9828) F₁, F₂ single plants, and their parent materials with single spore isolates of CYR34, CYR32, and the new strain ZS of *Pst*. The results showed that Longjian 9828 exhibited moderate resistance to CYR34 and CYR32 of *Pst*, and high resistance to the new strain ZS,

收稿日期: 2024-04-23

基金项目: 国家重点研发计划(2021YFD1401004-02、2021YFD1401001-08); 甘肃省农业科学院生物育种专项(2022GAAS006); 金城科普专家。

作者简介: 虎梦霞(1974—), 女, 甘肃渭源人, 高级农艺师, 主要从事农业科研管理工作。Email: 554969083@qq.com。

通信作者: 曹世勤(1970—), 男, 甘肃临洮人, 研究员, 主要从事小麦主要病虫害综合防控技术研究工作。Email: caoshiqin6702@163.com。

while Mingxian 169 was highly susceptible. After inoculating with CYR34 and CYR32, the F_1 generation showed susceptibility, and the F_2 generation showed a segregation ratio of 1R:3S. After inoculating with the new strain ZS, the F_1 generation showed resistance, and the F_2 generation showed a segregation ratio of 3R:1S. This indicates that the seedling stage stripe rust resistance of Longjian 9828 to CYR34 and CYR32 of *Pst* is controlled by one pair of recessive resistance genes, and the seedling stage disease resistance to the new strain ZS is controlled by one pair of dominant resistance genes. These results can provide a reference for the application of the new winter wheat variety Longjian 9828 in production and breeding.

Key words: Winter wheat; New variety; Longjian 9828, Stripe rust; Genetic analysis; Seedling stage

条锈病在世界范围内广泛发生,在我国主要麦区,特别是西南、西北地区均有发生,是以上地区小麦生产上的主要病害之一^[1-5],也是甘肃陇南小麦生产上最重要病害,对小麦种植区域的影响很大。药剂防治结合农业及其他防治措施可缓解病害的流行,而选育抗病品种则是条锈病防治最经济有效且环保的重要途径^[4-8]。小麦条锈菌由空气传播,加之条锈菌新小种变异快,导致流行小种类型多样,致病性强,使生产上应用品种的抗性频繁丧失,造成近年来条锈病流行较为严重^[9-11]。已有的研究发现,我国 80%以上的条锈菌新小种首先从陇南地区监测到,故该区域不仅是我国小麦条锈病的常发易变区,更是条锈菌新小种策源地^[1-2]。2010 年以来,随着以条锈菌 CYR34 为代表的贵农致病类群的出现和积累,使得含有南农 92R 及贵农血缘的品种抗病性丧失,再一次造成国内主要品种大规模的品种更替^[12]。与此同时,伴随着条锈菌新菌系 ZS 的出现及 CYR34、CYR32 等优势小种的流行,导致以天选 63、兰天 19 号等为代表的甘肃陇南生产品种的抗条锈性丧失^[13-15]。因此不断培育和应用新的抗病品种,特别是具有全生育期抗性品种,是甘肃从事小麦育种和植物病理学工作者孜孜以求的目标与任务,更是持续控制甘肃陇南地区这个条锈病源头的基础^[16]。

陇鉴 9828 是甘肃省农业科学院植物保护研究所高代材料 8654-1 为母本、兰天 15 号为父本通过常规有性杂交,经系统选育而成的冬小麦新品种^[7],2022 年通过甘肃省农作物品种审定委员会审定(审定编号:甘审麦 20220019)。该品种具有较好的条锈病苗期、成株期抗性特点。目前国内相关学者对诸多重要生产品种开展了苗期、成株期抗条锈性遗传研究^[17-19],但还未对陇鉴 9828 进行抗条锈性遗传分析,对其携带的抗条锈性基因类型和数量尚不清楚。基于此,我们以陇鉴

9828 为试材,针对 CYR34、CYR32 和新菌系 ZS 条锈病新小种进行苗期抗条锈性遗传分析,旨在明确陇鉴 9828 苗期抗条锈性基因类型及其数量,为该品种抗病基因的合理应用提供支持。

1 材料与方法

1.1 供试材料

陇鉴 9828 的遗传群体(铭贤 169/陇鉴 9828)的 F_1 代、 F_2 代、亲本材料及条锈菌 CYR34、CYR32 和 ZS 的单孢菌系均来自甘肃省农业科学院植物保护研究所小麦病害课题组^[4-5, 18-20]。

1.2 试验方法

2019 年 5 月 16 日以感病亲本铭贤 169 为母本、陇鉴 9828 为父本配制定位群体组合,6 月 20 日成熟后收获 F_0 代种子。2019 年 10 月 18 日,在甘肃省农业科学院甘谷试验站分别种植亲本及部分 F_0 单株种子;2020 年 5 月将 F_1 代材料套袋自交,2020 年 6 月 22 日收获全部 F_1 代植株;2021 年 7 月 10 日单株脱粒获得 F_2 代群体种子。

2022 年 3—5 月在甘肃省农业科学院植物保护研究所兰州温室对亲本、 F_1 、 F_2 群体进行苗期抗条锈性鉴定。将亲本及 F_1 代种子各播种 1 盆,每盆播种 10 粒种子,即亲本及 F_1 群体各为 10 个单株。 F_2 代播种 10 盆,每盆播种 30 粒种子,即 F_2 群体为 300 个单株。小麦 1 叶 1 心期喷孢子悬浮液法接种生理小种 CYR34、CYR32 和新菌系 ZS 的单孢菌系。接种后将幼苗置于黑暗处保湿 24 h (温度 9~10 °C,湿度 80%以上),于 15~20 °C、光照时间 8~10 h/d 下生长 18 d,大多数盆中感病品种铭贤 169 严重度达到 80%以上时逐株调查记载供试材料的反应型^[4]。反应型记载采用全国行业标准规定的 6 级记载法进行^[13]。为保证调查数据的准确性,调查中增加了 1⁺、2⁻、2⁺ 三个类型,同时规定 0~2⁺ 型为抗病(R)、3~4 型为感病(S)。用实测值与期望值比率进行卡方适合性检验^[4-7, 11, 18-20]。

2 结果与分析

2.1 对条锈菌 CYR34 抗条锈性遗传分析

陇鉴 9828 对 CYR34 的抗条锈性反应型为 2⁻~2⁺, 总体表现中抗(MR); 对铭贤 169 的反应型为 4 型, 表现高度感病 (HS); F₁ 代植株反应型为 2~2⁺, 抗条锈性表现为中抗(MR); F₂ 代群体的反应型为 1⁺~4, 抗条锈性表现抗感分离^[5,7]。其中在 168 株 F₂ 代群体中, 反应型为 0~2⁺ 的抗病(R) 类型单株有 45 株, 反应型为 3~4 型的感病(S) 类型单株有 123 株, 抗感分离比为 1:2.73 (表1)。经卡方适合性检验, 符合 1R:3S 的 1 对隐性基因控制的分离比例 [$\chi^2(1:3)=0.0972 < \chi^2_{0.05,1}=3.84, P=0.05 \sim 0.10$], 表明陇鉴 9828 对条锈菌 CYR34 的抗条锈性由 1 对隐性基因控制。

2.2 对条锈菌 CYR32 抗条锈性遗传分析

生理小种 CYR32 对陇鉴 9828 反应型为 2~2⁺, 抗条锈性表现为中抗(MR); 对铭贤 169 的反应型为 4, 抗条锈性表现为高感(HS); 对 6 株 F₁ 代植株的接种反应型为 3~4 型, 即为感病(S) 类型; 138 株 F₂ 代群体接种 CYR32 后反应型为 2~4 型, 即不同单株抗感不同, 表现出抗感分离的现象。其中有 31 株的反应型为 2~2⁺ 型, 为抗病(R) 类型; 107 株反应型为 3~4 型, 即感病(S) 类型, 抗感分离比为 1:3.45(表 1)。卡方适合性检

验表明, 陇鉴 9828 对 CYR32 的抗性符合 1R:3S 的理论比例 [$\chi^2(1:3)=0.1183 < \chi^2_{0.05,1}=3.84, P=0.10 \sim 0.25$], 说明陇鉴 9828 对条锈菌 CYR32 的抗病性由 1 对隐性基因控制。

2.3 对条锈菌 ZS 抗条锈性遗传分析

陇鉴 9828 在苗期对条锈菌新菌系 ZS 的反应型为 1, 抗条锈性表现高抗(HR); 对铭贤 169 的反应型为 4, 抗条锈性表现为高感(HS); 7 株 F₁ 代植株反应型为 1~2 型, 表现抗病(R); F₂ 群体中 156 个单株反应型为 2~4 型, 即不同单株抗感出现分离。其中 111 株反应型为 1~2 型, 属抗病(R) 类型; 45 个单株反应型为 3~4 型, 属感病(S) 类型, 抗感分离比为 2.47:1(表1)。经卡方适合性检验表明, 接近 3R:1S 的分离比例 [$\chi^2(3:1)=0.1047 < \chi^2_{0.05,1}=3.84, P=0.10 \sim 0.25$], 表明冬小麦品种陇鉴 9828 对新菌系 ZS 的抗病性由 1 对显性基因控制。

3 小结与讨论

诸多研究表明, 甘肃陇南地区种植抗病品种特别是具有苗期抗性特点的品种, 具有“功在当地利在全国”的功效^[13-16]。冬小麦品种陇鉴 9828 是由甘肃省农业科学院植物保护研究所通过常规杂交、系统培育而成的冬小麦新品种, 具有较好的苗期抗性特点, 特别是对条锈菌主要流行小种

表 1 冬小麦品种陇鉴 9828 与铭贤 169 组合各世代对供试条锈菌的苗期抗条锈性表现

条锈菌	亲本及组合	世代	各反应型数目/株								理论比 R:S	卡方值	P 值	
			0	0;	1	1 ⁺	2 ⁻	2	2 ⁺	3				4
CYR34	铭贤 169	P ₁										24		
	陇鉴 9828	P ₂					10	8	8					
	铭贤 169/陇鉴 9828	F ₁						4	2					
		F ₂				1	12	14	18	68	55	1:3	0.097 2	0.05 ~ 0.10
CYR32	铭贤 169	P ₁										25		
	陇鉴 9828	P ₂						10	12					
	铭贤 169/陇鉴 9828	F ₁						3	3					
		F ₂							20	11	30	77	1:3	0.118 3
ZS	铭贤 169	P ₁										18		
	陇鉴 9828	P ₂			19									
	铭贤 169/陇鉴 9828	F ₁			2	4	1							
		F ₂							60	36	15	10	35	3:1

CYR34 和 CYR32 均表现中抗, 对新菌系 ZS 表现高抗, 值得在甘肃陇南越夏区推广, 并对补充抗病品种类型和数量、持续控制该区域条锈病的发生流行均具有极好的促进作用^[21-23]。

陇鉴 9828 的亲本为兰天 15 号和高代材料 8654-1。兰天 15 号是 20 世纪 80 至 90 年代在甘肃陇南生产上广泛种植的小麦品种, 因 CYR29 和 CYR30、CYR31 的先后出现和逐步积累, 成为生产上的优势小种, 导致小麦条锈病中强度流行, 使兰天 15 号抗条锈性丧失。抗病基因小种鉴定推导及分子检测表明, 亲本兰天 15 号仅携带抗病基因 *Yr9*^[24]。经对携带 *Yr9* 的兰天 15 号等冬小麦品种进行多年条锈病苗期、成株期鉴定的结果表明, 该基因在全生育期对条锈菌 CYR29、CYR30、CYR31、CYR32、CYR34 均表现感病^[25], 初步推测陇鉴 9828 的苗期抗条锈基因来自亲本之一的高代材料 8654-1。从本试验结果看, 陇鉴 9828 苗期对条锈菌 CYR34、CYR32 和新菌系 ZS 均表现抗病, 且对不同生理小种的抗病基因类型存在差异。依据鉴 9828 苗期抗条锈基因的类型也说明其抗性基因来源于亲本 8654-1。

本试验选用致病性较强且当前为甘肃省及中国主要流行小种的 CYR34 和 CYR32 及新菌系 ZS 有针对性地进行了陇鉴 9828 苗期抗条锈基因遗传分析, 明确了该品种的抗性基因类型和数量。但值得注意的是, 陇鉴 9828 对 CYR34、CYR32 在苗期仅表现为中抗, 对新菌系 ZS 苗期表现高抗, 铭贤 169 表现高度感病。接种条锈菌 CYR34 和 CYR32 后, F_1 代表表现感病, F_2 代单株抗感表现分离, 符合 1R : 3S 的分离比值; 接种条锈菌新菌系 ZS 后, F_1 代表表现抗病, F_2 代植株抗感表现分离, 符合 3R : 1S 的分离比值。说明陇鉴 9828 对条锈菌 CYR34、CYR32 的苗期抗条锈性均由 1 对隐性抗性基因控制, 对条锈菌新菌系 ZS 的苗期抗病性由 1 对显性抗性基因控制。虽在甘肃陇南地区生产应用具有一定的价值, 但也表明该品种在生产大面积应用可能存在潜在风险, 一旦出现毒性更强小种类型, 失去抗性的可能性很大, 因此要不同抗源品种搭配应用。另外, 作为抗病亲本使用时, 建议与其他不同抗源结合, 有利于培育持久抗病新品种。

参考文献:

- [1] 李振岐, 曾士迈. 中国小麦锈病[M]. 北京: 中国农业出版社, 2002.
- [2] WAN ANMIN, ZHAO ZHONGHUA, CHEN XIANMING, et al. Wheat stripe rust epidemic and virulence of *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici* in China in 2002[J]. *Plant Disease*, 2003, 88(8): 896-904.
- [3] MCINTOSH R A, BARINAN H S, PARK R F, et al. Aspects of wheat rust research in Australia[J]. *Euphytica*, 2001, 119(1-2): 117-122.
- [4] 曹世勤, 骆惠生, 黄瑾, 等. 冬小麦品种陇鉴 9821 抗条锈遗传分析[J]. *植物病理学报*, 2012, 42(3): 274-280.
- [5] 张静, 贾秋珍, 曹世勤, 等. 农家品种‘白大头’及其衍生系‘天 00127’苗期抗条锈性遗传分析[J]. *植物保护*, 2022, 48(2): 101-105.
- [6] CHEN XIANMING, MARY M, EUQENE A M, et al. Wheat stripe rust epidemics and races of *Puccinia striiformis* f.sp. *tritici* in the United states in 2000[J]. *Plant Disease*, 2002, 86(1): 39-46.
- [7] 黄苗苗, 李亚凯, 黄瑾, 等. 冬小麦品种‘兰天 23 号’苗期抗条锈性遗传分析[J]. *植物保护*, 2015, 41(5): 188-191.
- [8] 赵美娟, 魏国荣. 小麦品种“西农 628”和“西抗 A11”抗条锈病鉴定[J]. *陕西农业科学*, 2017, 63(12): 23-24; 69.
- [9] 韩德俊, 康振生. 中国小麦品种抗条锈病现状及存在问题与对策[J]. *植物保护*, 2018, 44(5): 1-12.
- [10] 贾秋珍, 曹世勤, 王晓明, 等. 2017 年—2018 年甘肃省小麦条锈菌生理小种变异监测[J]. *植物保护*, 2021, 47(2): 214-218.
- [11] 贾秋珍, 黄瑾, 曹世勤, 等. 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[J]. *甘肃农业科技*, 2012(1): 3-5.
- [12] 曹世勤, 贾秋珍, 宋建荣, 等. 甘肃省冬小麦抗条锈菌 CYR34 育种策略[J]. *植物遗传资源学报*, 2019, 20(5): 1129-1133.
- [13] 曹世勤, 贾秋珍, 鲁清林, 等. 甘肃陇南越夏区小麦抗条锈病育种研究进展[J]. *寒旱农业科学*, 2022, 1(2): 104-110.
- [14] 贾秋珍, 曹世勤, 张勃, 等. 小麦条锈菌 ZS 有性与无性菌系毒性差异初步分析[J]. *寒旱农业科学*, 2023, 2(1): 74-77.
- [15] 王万军, 贾秋珍, 曹世勤, 等. 国家区试冬小麦品种在甘肃陇南的田间抗条锈病性评价[J]. *寒旱农业*

- 科学, 2023, 2(4): 344-349.
- [16] 冯 晶, 王凤涛, 蔺瑞明, 等. 小麦条锈病抗病遗传及菌源基地基因布局研究进展[J]. 植物保护学报, 2022, 49(1): 263-275.
- [17] 姚占军, 徐世昌, 万安民, 等. 3 个小麦条锈菌鉴别寄主的抗性遗传分析[J]. 植物遗传资源学报, 2006, 7(1): 39-43.
- [18] 刘鸿燕, 周喜旺, 王 娜, 等. 小麦种质资源 BJ399 苗期抗条锈性遗传分析[J]. 甘肃农业科技, 2019 (11): 17-20.
- [19] 侯 璐. 青海春小麦品种高原 363 成株期抗条锈病基因遗传模型分析[J]. 华北农业学报 2019, 34(2): 117-123.
- [20] 李永平, 曹世勤, 金社林, 等. 临麦系列春小麦品种抗条锈性分析[J]. 植物保护, 2016, 42(2): 209-213.
- [21] 骆惠生, 曹世勤, 黄 瑾, 等. 美国小麦种质资源 IR35 抗条锈性评价及遗传分析[J]. 植物保护, 2013, 39(1): 100-103.
- [22] 王建超, 冯 晶, 王凤涛, 等. 我国小麦农家品种‘小红芒’成株抗条锈性遗传分析[J]. 植物保护, 2015, 41(1): 154-157.
- [23] 方世玉, 李秋荣, 侯 璐, 等. 春小麦品系 MY002894 和 YJ006793 成株期抗条锈病基因遗传分析[J]. 植物保护, 2021, 47(4): 228-233.
- [24] 曹世勤, 张 勃, 李明菊, 等. 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[J]. 作物学报, 2011, 37(8): 1360-1371.
- [25] 贾秋珍, 曹世勤, 王晓明, 等. 2019 年—2020 年甘肃省小麦条锈菌生理小种变异监测[J]. 植物保护, 2022, 48(5): 327-332.