

小麦条锈病影响种子生活力的研究

赵勤, 罗培高

(四川农业大学农学院, 成都 611130)

摘要:小麦条锈病(*Puccinia striiformis* f.sp.*tritici*)是中国乃至世界范围小麦上的最重要病害之一。随着施肥水平的提高及农业耕作制度的变化,小麦条锈病的危害日趋严重,已成为中国小麦生产中重要的灾害性病害。小麦条锈病不仅对小麦的产量有严重影响而且会导致种子生活力指标的下降。以感病品种‘绵阳11’与抗病品系R212以及‘绵阳11’与抗病品系582-584杂交组合的F_{2.3}家系的种子的生活力进行比较分析。结果发现:在‘绵阳11’与R212杂交子代中小麦条锈病对种子生活力的影响极为显著;而在‘绵阳11’与582-584的杂交组合中不显著。研究表明小麦条锈病会降低种子的生活力,同时它的影响程度可能与遗传背景以及小麦生长发育的阶段有关。由此为小麦条锈病抗病品种的衰退趋势及抗病育种提供相关的参考。

关键词:小麦条锈病;生理性状;抗性;衰退

中图分类号:S-3

文献标志码:A

论文编号:2011-0201

Study of Wheat Strip Rust Affects on the Seed Physiological Character

Zhao Qin, Luo Peigao

(College of Agricultural, Sichuan Agricultural University, Chengdu 611130)

Abstract: Wheat strip rust, caused by *Puccinia striiformis* f.sp.*tritici*, is one of the most important diseases in China as well as in the world. It is becoming more and more severe, due to the overuse of water and fertilization as well as the change of agriculture cultivation system. Strip rust not only had the serious influence on wheat yield, but also seed biological character such as viability. In this study, susceptible cultivar ‘MY11’ was crossed with resistant wheat line ‘R212’ and ‘582-584’, respectively. Two F_{2.3} family lines, produced from above two cross combinations, which were used to investigate the biological character such as viability. The results indicated that the viability of seeds of susceptible plant was significant lower than that of resistant plants in the cross combination ‘MY11’/‘R212’ while the difference was not obvious in ‘MY11’/‘582-584’. Comparing analysis suggested that wheat stripe rust would reduce the seed ability to grow and the degree of reduction would depend on the background of various genetic. This article affords primary evidences to further study of the degeneration of wheat resistance to stripe rust and wheat resistance breeding.

Key words: wheat strip rust; physical character; resistance; degeneration

0 引言

小麦条锈病是威胁小麦生产的世界性重要病害。条锈病通过空气传播,它危害面积广,流行成灾率高,是中国监测和防治的重点^[1]。据报道,1950年、1964

年、1990年和2002年由于条锈病大流行分别导致小麦产量损失达60亿、30亿、26.5亿、10亿kg^[2]。实践证明,对于小麦病害,培育、推广抗病品种是最为经济、有效和安全的防治手段。但因长期使用单一的洛类抗源

基金项目:国家自然科学基金(30971787);四川省杰出青年科技基金(2010JQ0042)。

第一作者简介:赵勤,女,1958年出生,山东矩野人,实验师,主要从事植物遗传学的教学研究工作。通信地址:611130 四川省成都市温江区东北路555号 四川农业大学农学院生物技术系, Tel: 028-65368945, E-mail: z654321q@163.com。

通讯作者:罗培高,男,1977年出生,重庆黔江人,教授,主要从事小麦抗病遗传学研究。通信地址:611130 四川省成都市温江区东北路555号 四川农业大学农学院生物技术系, Tel: 028-65368945, E-mail: lpg052000@yahoo.com.cn。

收稿日期:2011-01-20, **修回日期:**2011-03-15。

(1BL/1RS 易位及其衍生系)而导致‘条中28号’大流行,造成陕、豫、冀、甘等省共减产26.5亿kg的巨大损失^[3]。特别是近年来,随着CYR31和CYR32等强毒力小种的先后出现并成为优势小种开始流行,致使中国小麦生产中所应用的大多数抗源及品种相继丧失抗性,进而造成1996年、1999年、2001年和2002年条锈病在主要麦区大流行^[4-5]。据统计,2002年中国小麦条锈病发病面积超过650万hm²,其灾变态势之严峻^[6]。

研究表明,尽管培育和应用抗病品种是防治小麦条锈病最经济、安全、有效的方法,但长期大面积推广种植抗病基因相对单一的品种,造成抗病品种对病菌毒性小种的定向选择,导致小麦条锈菌毒性更强的新小种出现和快速发展,是造成小麦品种抗病性丧失的主要原因^[7-11]。为了实现小麦条锈病抗源的多样化和栽培品种抗性的持久性,国内外育种家试图利用分子标记辅助选择方法将多个抗性基因聚合到一个品种,这使得每个抗性基因的抗性得以持久^[12-14]。此外,也有学者尝试利用数量抗性、成株抗性、高温抗性以及慢锈性来实现品种条锈病抗性的持久性^[15-17]。然而,目前就抗条锈病基因抗性丧失的生物学机制方面的研究还未见报道。因此,此研究拟利用随机分离的F₂群体,分析条锈病浸染对植株种子生活力的影响。旨在探明小麦条锈病抗性品种的抗性丧失机理对生产上如何合理布局小麦抗性品种,为实现持久抗性具有重要意义。

1 材料与方法

1.1 材料

试验选以来源于感病品种‘绵阳11’和抗性新品系R212杂交组合和‘绵阳11’和新品系582-584 F₂的单株收获的种子为研究材料,其种子的世代为F_{2,3}家系。来源于杂交组合(‘绵阳11×R212’)的材料为85份,其中抗性材料为57份;而来源于另一组合的材料为54份,其中对条锈病表现为抗性的32份。以上材料均由四川农业大学小麦抗病遗传育种课题组培育和筛选。

1.2 方法

利用种子发芽过程中的生长情况来推测条锈病对小麦种子生活力及相关特性的影响。从每一个单株收获的种子中随机选取15粒种子进行发芽,记录不同时段的出根与出芽数,7天后称量鲜重(地上部分)。室内发芽9天后,从15个单株中随机5个株测量其根长。数据归类整理,通过统计分析,从而评估条锈病对小麦种子的影响程度。感病材料和抗病材料之间利用DPSv3.01专业版软件进行t检验。结果均用 $\bar{x} \pm S$ 表示。

2 结果与分析

2.1 小麦条锈病对小麦种子生活生理性状的影响

抗性遗传研究表明,上述材料的抗病和感病特性是由一对等位基因控制。对来源于第一个F₂群体内进行抗病植株和感病植株之间进行发芽参数和生理参数的差异性显著检验。其结果如表1所示。

由表1中数据不难发现,在‘绵阳11’和R212的杂交F₂中,抗病植株的种子比感病植株的种子在出芽以及苗期生长和根的生长方面的差异达到极显著,抗病植株的种子具有较高的出芽率,其地上部分的鲜重明显较高,根长较长。此外,尽管在‘绵阳11’和582-584的杂交组合中差异不显著,但抗病植株的相关指标在一定程度上比感病植株好。

2.2 小麦条锈病抗性对植株种子出芽时间的影响

对不同植株种子的出芽时间进行调查,对不同时间出芽数分别进行差异显著性分析,结果如表2所示。

表2中数据表明,在‘绵阳11×R212’杂交组合F₂代中,植株感病导致其出芽时间推迟。而在‘绵阳11×582-584’杂交组合F₂代中,植株的抗性对种子的出芽时间影响不大。

3 结论与讨论

3.1 小麦条锈病对小麦种子生理性状的影响分析

通过对‘绵阳11×R212’杂交组合F₂代中抗病植株和感病植株种子的苗期生长指标的差异显著性分析,发现抗性株种子的所有生长指标显著优于非抗病病

表1 小麦条锈病抗病性与小麦发芽及相关生长指标之间的差异显著性分析

组合	出芽和相关生长指标	抗性植株(57)	感病植株(28)	显著性
绵阳11 × R212 杂交组合 F ₂ 代	出芽数/个	13.14±2.61	11.29±3.53	**
	鲜重/g	1.0705±0.3111	0.4971±0.3153	**
	根长/cm	15.31±1.72	10.86±4.18	**
绵阳11 × 582-584 杂交组合 F ₂ 代	出芽数/个	12.19±2.67	11.30±1.63	
	鲜重/g	1.0756±0.2943	0.9482±0.2290	
	根长/cm	16.37±2.26	16.23±2.54	

注:*表示在P=0.05水平上显著;**表示在P=0.01水平上显著。

表2 小麦条锈病抗病性与小麦发芽及相关生长指标之间的差异显著性分析

出芽时间	绵阳11×R212杂交组合F ₂ 代			绵阳11×582-584杂交组合F ₂ 代		
	抗病植株(57株)	感病植株(28株)	显著性	抗性材料(32株)	感病材料(22株)	显著性
36 h	2.67±3.18	1.61±2.91		0.16±1.93	1.18±1.87	
48 h	7.40±3.99	4.57±3.28	**	9.72±3.57	9.27±2.99	
60 h	1.67±1.37	1.93±1.39		1.06±1.05	2.14±2.42	*
72 h	0.81±0.97	0.64±0.78		0.34±0.65	0.27±0.46	
84 h	0.39±0.28	0.96±0.88	**	0.19±0.45	0.14±0.35	
96 h	0.05±0.23	0.96±0.88	**	0.03±0.18	0.05±0.21	

注:*表示在P=0.05水平上显著;**表示在P=0.01水平上显著。

株。由此表明,条锈病抗性水平对小麦种子的苗期生长具有显著影响。而‘绵阳11×582-584’杂交组合F₂代抗病植株和感病植株的种子的苗期生长指标进行分析比较,结果发现:尽管各项生理指标的差异均不显著,但抗病植株种子的相关生长指标仍明显优于感病植株。上述结果表明:条锈病对小麦种子生活力有一定影响,即条锈病感染后,其小麦植株种子的生活力将下降,其影响程度很可能与不同的遗传背景和抗性强弱有关。

3.2 小麦条锈病对小麦种子出芽时间的影响分析

此实验对两个不同杂交组合的抗病植株和感病植株的种子出芽进行显著分析,其结果表明:在‘绵阳11×R212’杂交组合中条锈病明显推迟了植株种子的出芽。其可能原因是由于抗性植株未受小麦条锈病感染,所以较感病植株种子颗粒饱满,营养比较丰富,足够发芽期生长所需。此外,条锈病对感病植株种子发芽及苗期生长的各项生理活动有抑制作用,可能是条锈病菌或小麦条锈菌残留物对小麦种子生活力的抑制效应,而且这种效应应该存在一定程度的遗传性,进而加速小麦品种抗病性的衰退。就推断而言,还有待进一步研究。

参考文献

- [1] 李振岐.我国小麦抗条锈性丧失原因及其控制策略[J].大自然探索,1998,17:21-25.
- [2] 万安民,赵中华.2002年我国小麦条锈病发生回顾[J].植物保护,2003,29:5-8.
- [3] 王乐凤,吴立人,万安民.中国小麦条锈菌群体毒性变异研究[J].中国农业科学,1995,28:8-14.
- [4] 杨作民,解超杰,孙其信.后条中32时期我国小麦条锈抗源之现状[J].作物学报,2003,29:161-168.
- [5] 牛永春,吴立人.繁6-绵阳系小麦抗条锈性变异及对策[J].植物病理学报,1997,27:5-8.
- [6] 李振岐,康振生.我国小麦抗条锈病育种研究进展[A].21世纪小麦遗传育种展望[C].北京:中国农业科技出版社,2001.
- [7] Luo P G, Hu X Y, Chang Z J, et al. A new stripe rust resistance gene transferred from *Thinopyrum intermedium* to hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.)[J]. Phytoprotection,2010,90:51-56.
- [8] Luo P G, Hu X Y, Zhang H Y, et al. Genes for resistance to stripe rust on chromosome 2B and their application in wheat breeding[J]. Progress in Natural Science,2009,19:9-15.
- [9] Luo P G, Zhang H Y, Shu K, et al. Stripe rust (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) resistance in wheat with the wheat-rye 1BL/1RS chromosomal translocation[J]. Canadian Journal of Plant Pathology, 2008,30:254-259.
- [10] Luo P G, Hu X Y, Ren Z L, et al. Allelic analysis of stripe rust resistance genes on wheat chromosome 2BS[J]. Genome,2008,51: 922-927.
- [11] Kuraparthi V, Chhuneja P, Dhaliwal H S, et al. Characterization and mapping of cryptic alien introgression from *Aegilops geniculata* with new leaf rust and stripe rust resistance genes *Lr57* and *Yr40* in wheat[J]. Theoretical and Applied Genetics,2007,114: 1379-1389.
- [12] Chen X M, Soria M A, Yan G, et al. Development of user friendly PCR markers for wheat stripe rust resistance gene *Yr5*[J]. Crop Science,2003,43:2058-2064.
- [13] 岳艳丽,姚占军,孙祥瑞.小麦抗条锈病基因的研究进展[J].种子, 2009,10:58-63.
- [14] Smith P H, Koebner R M D, Boyd L A. The development of a STS marker linked to a yellow rust resistance derived from the wheat cultivar Moro[J]. Theoretical and Applied Genetics,2002,104: 1278-1282.
- [15] Lin F, Chen X M. Quantitative trait loci for non-race-specific, high-temperature adult-plant resistance to stripe rust in wheat cultivar express[J]. Theoretical and Applied Genetics,2009,118: 631-642.
- [16] Guo Q, Zhang Z J, Xu Y B, et al. Quantitative trait loci for high-temperature adult-plant and slow-rusting resistance to *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* in wheat cultivars[J]. Phytopathology,2008,98:803-809.
- [17] Jiang X L, Kang Z S. Ultrastructural changes in the interaction between *Puccinia striiformis* and wheat cultivar with slow-rusting resistance[J]. Agricultural Science in China,2010,9:64-70.