

中国植物病理学会第九届青年学术研讨会论文选编

植物病理学 研究进展

■ 王 琦 李洪连 主编

中国农业科学技术出版社

中国植物病理学会第九届青年学术研讨会论文选编

植物病理学 研究进展

■ 王 琦 李洪连 主编

中国农业科学技术出版社

图书在版编目 (CIP) 数据

植物病理学研究进展: 中国植物病理学会第九届青年学术研讨会论文选编/
王琦, 李洪连主编. —北京: 中国农业科学技术出版社, 2009. 10
ISBN 978 - 7 - 80233 - 839 - 5

I. 植… II. ①王…②李… III. 植物病理学 - 学术会议 - 文集
IV. S432.1 - 53

中国版本图书馆 CIP 数据核字 (2009) 第 184259 号

责任编辑 冯凌云
责任校对 贾晓红

出版者 中国农业科学技术出版社
北京市中关村南大街 12 号 邮编: 100081
电 话 (010) 82109704 (发行部) (010) 82106630 (编辑室)
(010) 82109703 (读者服务部)
传 真 (010) 82106636
网 址 <http://www.castp.cn>
经销者 新华书店北京发行所
印刷者 北京富泰印刷有限责任公司
开 本 787 mm × 1 092 mm 1/16
印 张 25.625
字 数 500 千字
版 次 2009 年 10 月第 1 版 2009 年 10 月第 1 次印刷
定 价 60.00 元

《植物病理学研究进展》编辑委员会

主 编：王 琦 李洪连

副主编：李金云 程相国 文才艺 赵文生 邹菊华

编 委：（按姓氏笔画为序）

马忠华	王凤涛	王文霞	王勇军	王海光
王宽仓	王 爽	朱晓峰	刘太国	刘西莉
刘 霆	齐放军	许景升	苏前富	李 永
李永刚	李金云	李春杰	李洪连	吴文婷
吴学宏	张力群	张德咏	陆悦建	陈立杰
苗洪芹	金 平	郑春生	赵文生	胡同乐
姜道宏	袁高庆	曹丽华	曹春梅	曹 挥
曾 娟	谢家建	蒙姣荣	薛春生	

中国植物病理学会第九届 青年学术研讨会组织委员会

主 任：李洪连 王 琦

副主任：文才艺 李金云 程相国 邹菊华 赵文生

委 员：（按姓氏笔画为序）

马忠华	王凤涛	王文霞	王海光	王宽仓
朱晓峰	任金平	刘太国	刘西莉	刘 霆
齐放军	许景升	苏前富	李 永	李永刚
李金云	李春杰	李洪连	吴学宏	张力群
张德咏	陆悦建	陈立杰	苗洪芹	赵文生
胡同乐	姜道宏	袁高庆	曹丽华	曹春梅
曹 挥	曾 娟	谢家建	蒙姣荣	薛春生

前 言

中国植物病理学会第九届青年学术研讨会论文选编《植物病理学研究进展》共收集了 130 余篇研究论文、简报、摘要和综述。内容涉及植物病原真菌及其病害、原核生物及其病害、病毒及其病毒病害、线虫等其他病原及其病害、抗病性及其抗病育种、病害流行及预测预报、植物检疫、生物防治、种子病理与杀菌剂、病害综合防治、分子生物学及其应用等方面，基本上反映了两年来我国青年植物病理工作者在植物病理学各分支学科基础理论、应用基础和病害防治实践等方面所取得的研究进展。

大会的召开和论文集的出版得到了中国科学技术协会和中国植物病理学会的资助。挂靠单位中国农业大学植物病理学系给予了关心和支持。我国植病界多位专家和教授给予了指导和帮助。大会承办单位河南农业大学植保学院和河南省植物病理学会付出了辛勤劳动。编委会的同志们给予了鼎力支持和帮助。在此，我们表示衷心的感谢！

由于大会征集论文数量较多，编辑工作量大，时间仓促；同时，本着尊重作者意愿和文责自负的原则，对论文的内容一般未作改动，仅在编辑体例上进行了处理。因此，错误和不足之处在所难免，诚请论文作者和读者批评指正！

编 者

2009 年 10 月

目 录

真菌及真菌病害

TP-M13-SSR 技术分析小麦条锈菌群体遗传多样性	陆宁海	王建锋等 (3)
小叶女贞褐斑病菌的分离与鉴定初报	王坦	黄思良等 (9)
小麦条锈病菌的分子检测	代君丽	刘珂等 (10)
小麦条锈菌 MFLP 分子标记体系的建立	宗现昭	曹丽华等 (14)
山东省大蒜腐霉根腐病病原分离与鉴定	张博	郭庆元等 (15)
广东瓜类枯萎病菌 ITS 序列比较分析	余小漫	何自福等 (16)
内生真菌球毛壳 ND35 的生物安全性评价初探	高建锋	李雪等 (17)
月季变叶病研究进展	李菁博	许桂花 (23)
水稻纹枯病菌 PG 的分离纯化及其理化性质研究	陈夕军	王友德等 (26)
中国不同地区小麦四种镰刀菌毒素差异分析	封薇	刘太国等 (33)
甘蓝种传尖孢镰刀菌粗毒素的初步研究	刘梅	卢志军等 (34)
甘蓝种传真菌的初步研究	刘梅	卢志军等 (35)
玉米灰斑病的研究进展	任智慧	苏前富等 (36)
向日葵种传镰刀菌的初步研究	陈倩	吴学宏 (41)
西瓜砧木种传真菌的初步研究	韩鲁明	吴学宏等 (42)
西南地区小麦条锈菌群体毒性分析 (摘要)	郑大勇	刘太国等 (43)
苹果轮纹病菌和干腐病菌致病性的比较	冷伟锋	李保华 (44)
我国华北和东北部分地区甜菜褐斑病病菌的分离培养	刘梅	林杰等 (46)
核盘菌寄生真菌盾壳霉菌株 ZS-1 产抗真菌物质相关基因克隆和功能验证	吕杰珍	闫帅等 (47)
核盘菌重寄生真菌盾壳霉 T-DNA 插入突变体 ZS-1N23006 的初步研究	汪红武	姜道宏等 (48)
利用根癌农杆菌介导转化核盘菌原生质体的研究	肖雪琼	付艳苹等 (49)
盾壳霉产孢相关基因 <i>CMBck1-like</i> 的克隆及其功能验证	曾凡云	宫晓艳等 (50)
核盘菌弱毒菌株 SZ-150 初步研究	肖雪琼	谢甲涛等 李国庆 (51)
核盘菌形成类似分生孢子结构的初步研究	张重梅	付艳苹等 (52)
盾壳霉产孢相关基因磷酸核糖酰胺转移酶 <i>CMAMPRS1</i> 的克隆及其功能验证	覃黎	宫晓艳等 (53)
柑橘绿霉病菌 (<i>Penicillium digitatum</i>) 一个 MFS 基因功能分析	王继业	李红叶 (54)
核盘菌 (<i>Sclerotinia sclerotiorum</i>) 致病机理的研究进展	王玉杰	赵君等 (55)
烟草内生链格孢和赤星病菌的比较研究	张猛	裴洲洋等 (62)
甜菜根腐病病原的初步研究	王文君	林杰等 (63)

黄瓜种传镰刀菌的初步研究	蒋荷 吴学宏 (65)
湖北省棉花黄萎病菌遗传多样性研究	徐飞 李国庆 (66)
影响假隔链格孢 SF-193 产孢的关键因子研究	聂亚锋 陈志谊等 (67)
稻瘟病菌菌落颜色和产孢相关基因的筛选与鉴定	彭好文 朱晓辉等 (69)

原核生物及其病害

广东黄秋葵黄脉曲叶病原的检测与鉴定	董迪 朱艳华等 (73)
内蒙古地区厚皮甜瓜采后病害病原菌的分离鉴定	宋娟 郑芳园等 (74)
地衣芽孢杆菌 W10 β -甘露聚糖酶基因的克隆、表达	张清霞 黄姗姗等 (75)
芒果畸形病病原菌的鉴定及其生物学基础研究概述	詹儒林 杨顺锦等 (81)
脂肽类化合物 bacillorin 的遗传、结构及功能研究	罗楚平 陈志谊等 (87)
甜瓜细菌性果斑病菌致病相关基因的筛选	任争光 侯磊等 (88)
植物材料中丁香假单胞菌的初筛	刘鹏 魏亚东等 (89)
蒜薹炭疽病病原鉴定及其生物学特性研究	杨蕊 石明旺等 (93)
嗜热碱性木聚糖降解菌的筛选及其酶学性质	张宁宁 刘斌等 (97)
Cloning of the <i>aiiA</i> Gene from Endophytic Bacteria of Poplar	YIN Xiang-tian, FAN Su-su, et al. (104)
<i>Pseudomonas syringae</i> 致病变种的分子鉴定技术	文艺 刘欢欢等 (111)

病毒及病毒病害

HC-Pro 的三个氨基酸参与其抑制 RNA 沉默功能	刘金亮 张成玲等 (115)
云南德宏紫茉莉上粉虱传双生病毒的分子鉴定	熊艳 李凡等 (121)
水稻瘤矮病毒 P3、P7、P8、Pn9、Pn10、Pn11、Pn12 的酵母双杂交载体的 构建及自激活效应检测	吴建国 蔡丽君等 (122)
西瓜谷氨酰胺合成酶基因的克隆与序列分析	陈小慧 向海英等 (129)
利用 RNA 干扰技术培育抗水稻条纹病毒转基因水稻	马进 宋云枝等 (130)
应用 BMPs real-time RT-PCR 技术检测南瓜花叶病毒	孙宁 邓丛良等 (131)
应用 MNP Real-time RT-PCR 方法检测黄瓜绿斑驳花叶病毒	邓丛良 郭育林等 (136)
花生斑驳病毒青岛分离物 <i>cp</i> 基因序列克隆与分析	侯珊珊 刘媛媛等 (143)
苹果茎沟病毒北京分离物外壳蛋白基因的克隆和原核表达	怀晓 周颖等 (147)
侵染辣椒的烟草曲茎病毒的分子鉴定	青玲 熊艳等 (148)
烟草曲茎病毒 (TbCSV) 外壳蛋白的原核表达	杨帅 孙现超等 (149)
烟煤病研究进展	郎剑锋 赵荣艳等 (150)
核盘菌弱毒相关单链 DNA 病毒的初步研究	于晓 李博等 (155)
植物小 RNA 多样性及其介导的基因沉默途径	彭军 周涛等 (156)
氰基丙烯酸酯化合物 GU188 对烟草花叶病毒活性及作用机制的初步 研究	范会涛 陈卓等 (163)
葡萄 MYC 转录因子、多磷酸肌醇-5-磷酸酶 I 和乌头酸酶基因的克隆和 序列分析	费菲 刘命华等 (172)
樱桃病毒 A 外壳蛋白的原核表达及抗血清的制备	郭颂 怀晓等 (174)

First Report of Southern Rice Black-streaked Dwarf Virus from Maize in Northern China	Q. Q. Zhu, X. Yin, et al. (175)
Complete Nucleotide Sequences of a Chinese Isolate of <i>Squash mosaic virus</i> Reveal a Novel 5' Conserved Ends of Two Viral RNAs	HU Jing-ang, ZHOU Tao, et al. (176)
Studies on Contents of Endogenous Hormones in Different Tissues of Maize Infected by Rice black-streaked dwarf <i>fijivirus</i>	REN Ping, MIAO Hong-qin, et al. (177)

植物抗病性

RNA 干扰及其在植物抗病性方面的应用	付月灵 刘峙等 (181)
小麦品种 (系) 对小麦禾谷胞囊线虫抗性评价方法的研究	侯兴松 年高磊等 (189)
水稻纹枯病菌毒素对寄主防御酶活性的诱导	陈夕军 徐艳等 (193)
中国小麦生产品种成株抗秆锈性鉴定与分析	王帅 刘太国等 (199)
玉米丝黑穗病抗性的分子研究进展	王燕 王建军等 (200)
华北麦区不同小麦品种对小麦纹枯病的抗性鉴定	陈德良 汪敏等 (205)
ClpXP regulates the Type III Secretion System via the Degradation of RpoS in <i>Dickeya dadantii</i> 3937	Yan Li, Akihiro Yamazaki, et al. (206)
Position Effect in hpRNA-mediated Virus Resistance Against the PVY CP Gene in Plants	WU Bin, JIANG Fang, et al. (208)
Resistance Comparative Studies of hpRNAs Derived from the Viral Different Functional Genes	SUN Zhao-nan, YIN Guo-hua, et al. (209)
The Preliminary Studies on Action Mechanism of Anti-Plant Viral Agent-Dufulin	CHEN Zhuo, SONG Bao-an, et al. (210)

线虫及线虫病害

河南许昌地区小麦禾谷胞囊线虫致病型初步鉴定	年高磊 孙君伟等 (227)
小麦禾谷胞囊线虫 ISSR 分子标记方法研究及遗传多样性初步分析	付博 张煜等 (231)

预测预报与综合防治

小麦全蚀病发生为害与综合治理措施	朱素梅 (237)
南阳市 2009 年小麦条锈病发生特点及防控措施	李金锁 (240)
开封市近年来水稻生长后期出现急性枯死的原因及应对措施	郭慧卿 赵文新 (244)
引起作物再植病害的生物因素	梁魁景 王树桐等 (247)
古树名木健康安全分析及复壮养护技术初探	刘静鹤 王曼丽等 (253)
玉米青枯病流行原因及防治对策	高素贞 吕岩 (257)
用植物保健理念指导园林植物病害防治工作	王爽 刘慧兰等 (260)
东北地区玉米栽培品种对弯孢菌叶斑病的抗性评价	张欣芳 苏前富等 (263)
甘谷县小麦条锈菌越冬规律的初步研究	潘广 刘太国等 (267)
西瓜蔓枯病症状、发病规律及防治方法	胡锐 邢彩云等 (268)
许昌市 2009 年小麦白粉病大流行原因及防治对策	吕岩 曹永周等 (272)

伴随中国番茄黄化曲叶病毒的卫星 DNA 的种群结构及变异分析	任芳 熊艳等 (274)
我区玉米青枯病流行原因分析及防治对策	高素贞 吕岩 (275)
我国甜菜产业面临的主要植保问题和解决的途径	韩成贵 吴学宏等 (277)
沁阳市小麦秆黑粉病发生原因浅析及防治对策	徐小娃 (278)
国内外有害生物入侵现状及对策	宋培玲 云晓鹏等 (280)
浅谈植保工作中蔬菜病害的分类症状及诊断	李元杰 樊会丽 (285)
浅谈休闲观光农业的病虫防治	尚德勇 (288)
苹果不同生育期有害生物无害化防治	张冠霞 闫克峰等 (290)
郁金香促成栽培中病虫害的综合防控技术	刘静鹤 高素贞等 (295)
郑州东部沙区花生白绢病的发生与综合防治	樊会丽 胡锐等 (299)
郑州市白菜霜霉病发生与防治技术	樊会丽 李元杰等 (301)
郑州市花生青枯病发生特点及防治对策	邢彩云 胡锐等 (303)
南阳市玉米主要病害种类调查初报	卢维宏 陶爱丽等 (306)
套袋苹果花后病虫安全用药原则	张冠霞 闫克峰等 (308)
植物中 PAMPs/MAMPs 诱导的先天免疫反应	陈华民 (311)
番茄黄化曲叶病毒病的发生原因与防控技术	刘清瑞 朱素梅等 (316)
嫁接西瓜蔓枯病发病较重的原因及控制措施	郭慧卿 (319)
豫西地区苹果树褐斑病重发生原因与防治对策	张冠霞 贾新文等 (321)
豫西地区苹果落花后至套袋前主要病害发生特点及农药使用 技术	张冠霞 贾新文等 (323)
豫西地区苹果趋重发生病害综合防治	张冠霞 闫克峰等 (327)

生物防治

一株拮抗柑橘炭疽病菌的细菌的鉴定及其抑菌活性	汪茜 胡春锦等 (335)
小麦禾谷胞囊线虫胞囊生防真菌的筛选	陈莉 张飞跃等 (336)
大豆菌核病拮抗菌株的筛选与初步鉴定	张伟 宋淑云等 (341)
内生细菌 EBS05 对小麦纹枯病防治效果的初步研究	王凯旋 郑东光等 (342)
生防链霉菌 SCY305 的筛选与鉴定	陈建光 郑东光等 (343)
生防菌盾壳霉的分子检测	杨龙 李国庆 姜道宏 (348)
沙雷氏菌 XY21 防治番茄青枯病功能初探	陈 云 薛庆云等 (349)
芦笋茎枯病生物防治菌株 <i>Bacillus pumilus</i> BC-3 鉴定和生物学特性初探	王远宏 张裕君等 (351)
拮抗细菌 AR156 诱导番茄对灰霉病的抗病性研究	牛冬冬 周洋等 (352)
烟草黑胫病生防细菌的初步筛选	王晶晶 常淑娴等 (353)
黄瓜枯萎病生防菌的筛选	秦晓婧 王琦 (354)
链霉菌 A01 活性产物对甘蓝枯萎病菌的作用机制	卢彩鸽 刘伟成等 (355)
蜡样芽孢杆菌 M22 超氧化物歧化酶 (SOD) 在毕赤酵母中的优化 表达	李潇楠 王琦 (356)

种子病理与杀菌剂

3 种药用植物的抑菌活性及毒力测定	何翎 王忠文 (359)
66.8% 霉多克 WP 防治黄瓜霜霉病药效试验	夏明聪 李丽霞等 (363)
丁吡吗啉对辣椒疫霉病原菌的生物活性及作用方式的初步研究	秦维彩 袁会珠 (366)
几种种子包衣对小麦种传和土传病害的试验	张浩 陈书焕 (372)
不同药剂不同时期防治小麦吸浆虫试验研究	曹永周 吕岩 (376)
不同药剂处理对小麦胞囊线虫病的防治效果	高素贞 孙君伟等 (382)
立克秀、锐劲特与高巧混合防治小麦地下害虫、后期蚜虫、根部病害试验 研究	李延伦 杨爱华等 (386)
好立克和拿敌稳对小麦白粉病防治效果试验初报	杨爱华 李延伦等 (390)
适乐时对豫西烟草几种病害防治效果研究	上官建宗 (393)
除草剂精禾草克和乙草胺对油菜菌核病生防菌盾壳霉生长和寄生的 影响	游景茂 付艳苹等 (396)
漆树提取物对茄科青枯雷尔氏菌抑制作用的初步研究	袁高庆 黎起秦等 (397)



真菌及真菌病害

TP-M13-SSR 技术分析小麦条锈菌群体遗传多样性*

陆宁海^{1,2**} 王建锋¹ 詹刚明¹ 黄丽丽¹ 康振生^{1***}

(1. 西北农林科技大学植物保护学院, 杨凌 712100;

2. 河南科技学院植保系, 新乡 453003)

摘要: 采用 TP-M13-SSR 荧光标记技术, 对甘肃省陇南地区 8 个种群 202 个小麦条锈菌分离株基因组 DNA 进行 SSR 标记分析。结果表明陇南地区小麦条锈菌群体遗传多样性比较丰富, 在物种水平上, 观察等位基因数 (N_a) 为 1.88, 有效等位基因数目 (N_e) 为 1.50, Nei's (1973) 基因多样性指数 (H) 为 0.30, Shannon 信息指数 (I) 为 0.46, 多态位点百分率 (P) 为 87.5%。在种群之间, 遗传多样性有显著的差异, 中梁种群、秦安种群的遗传多样性相对较高, 武都种群、文县种群、齐寿种群和平南种群次之, 礼县种群、西和种群遗传多样性相对较低。AMOVA 分析结果表明, 小麦条锈菌群体间和群体内都存在着一定的遗传分化, 群体间的遗传变异占总变异的 4.05%, 群体内遗传变异占 95.05%。

关键词: 小麦条锈菌; 群体遗传多样性; SSR 标记

Analysis of Population Genetic Diversity of *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici* with TP-M13-SSR Technique

LU Ning-hai^{1,2}, WANG Jian-feng¹, ZHAN Gang-ming¹, HUANG Li-li¹,
KANG Zhen-sheng²

(1. College of Plant Protection, Northwest A&F University, Yangling 712100, China;

2. Department of Plant Protection, Henan Institute of Sciences and Technology,
Xinxiang 453003, China)

Abstract: Population genetic diversity was investigated for the *P. striiformis* f. sp. *tritici* population containing 202 isolates of collected from 8 different areas in Longnan, Gansu province with TP-M13-SSR technique. For the Longnan population, the average number of alleles (N_a) per locus was 1.88, and the effective number of alleles (N_e) was 1.50. The Nei's gene diversity (H) and Shannon's information index (I) were 0.30 and 0.46, respectively. The genetic diversity of Zhongliang and Qing'an populations was much higher than that of Wudou, Wenxian, Qishou and Pingnan populations. The genetic diversity of Lixian and Xihe populations was less. Analysis of AMOVA, about 4.05% of the total variation account for among collections, 95.95% of the total variation presented within populations. The main genetic variation presented within populations. There was extensive gene flow and migration of pathogen among regions in Longnan of Gansu.

Key words: *Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*; population genetic diversity; SSR marker

* 基金项目: 国家“973”项目 (2006CB100203); 高等学校创新引智计划项目 (B07049); 现代农业产业技术创新体系建设专项资金资助; 国家支撑计划 (2006BAD08A05)

** 第一作者: 陆宁海 (1976 ~), 男, 甘肃宁县人, 博士, 主要研究植物病原菌分子流行病学和群体遗传学; E-mail: gsninhai@163.com

*** 通讯作者: 康振生, 主要从事病原物与寄主植物互作关系的细胞学和分子生物学研究; E-mail: kangzs@nwsuaf.edu.cn

小麦条锈病是由小麦条锈菌 (*Puccinia striiformis* f. sp. *tritici*) 引起的气流传播性病害, 遍及世界各主要麦区, 也是我国小麦上最重要的病害和主要监控研究对象。甘肃陇南是中国小麦条锈菌最重要的越冬区之一, 也是我国小麦条锈菌新小种的策源地。该区秋季的菌源可向东部广大冬麦区传播, 越冬后春季菌源可向北部和西部麦区蔓延, 对周边地区有重要影响^[1]。Chen^[2]等研究了北美不同地域 115 个小麦条锈菌菌株, 发现小种间及小种内单孢菌系间均存在 DNA 多态性。Hovmøller & Justesen^[3]等对采自丹麦、英国、德国和法国西北部的小麦条锈菌进行了 AFLP 分析, 结果显示西北欧地区的小麦条锈菌是同一个有效群体。单卫星等^[4]利用小麦条锈菌基因组特异重复序列 (*Puccinia striiformis* repeat, PSR), 为探针对 160 个采自全国六省的小麦条锈菌标样进行了遗传多样性分析, 表明条锈菌群体存在很高的遗传多样性, 不同地区之间存在差异。本研究对甘肃陇南地区的小麦条锈菌群体结构进行分析, 以期获得对这些地区条锈菌自然群体遗传多样性和遗传分化的更深入了解, 对于制定更为有效的条锈病控制方法具有重要的意义。

1 材料和方法

1.1 小麦条锈菌群体标样的采集

本研究于 2006 ~ 2008 年在甘肃省陇南地区进行了小麦条锈菌标样的采集, 共获得 202 个标样。选取发病较轻, 严重度较低, 条锈菌夏孢子较为新鲜饱满, 叶片较为整洁, 病斑布局较为清晰的标样进行采集, 用吸水纸将标样分离包装, 在采样过程中标样在合适温度下短期干燥保存, 回到实验室如不能立即接种, 在干燥器中 4℃ 保存。

1.2 小麦条锈菌的繁殖与保存

方法、程序参考陆宁海等^[5]。

1.3 基因组 DNA 提取方法

方法、程序参考陆宁海等^[5]。

1.4 TP-M13-SSR 体系的 SSR 引物和 M13 荧光引物的合成

本研究采用了 11 对 SSR 引物, 每对引物的正链进行了荧光标记。其中, RJ18、RJ20、RJ21、RJ24 和 RJ27 参考 J. Enjalbert^[6]; CPS15、CPS34、CPS36、CPS08、CPS09 和 CPS10 是本课题组设计开发的。TP-M13-SSR (Tailed Primer-M13-SSR) 引物的合成, 在 TP-M13-SSR 检测系统中, 用 3 条引物来进行 PCR 扩增。第 1 条引物是把供试的 SSR 引物对中的正向引物和 M13 的正向引物相连接成带有 M13 尾巴的引物, 称之为 TP-M13; 第二条引物是正常的 SSR 反向引物; 第三条引物是带有 IRDye800 荧光标记的 M13f-29 正向引物 (IR-labeled M13 primer)。IR-labeled M13 primer 荧光引物 (IRD800) 由美国 LICOR 公司合成, 其他非荧光普通引物由上海生工生物工程技术有限公司合成。引物的序列等信息见参考文献^[5]。

1.5 TP-M13-SSR PCR 扩增条件

方法、程序参考陆宁海等^[5]。

1.6 PCR 扩增产物的电泳检测

荧光标记引物扩增的产物经 6.5% 变性聚丙烯酰胺凝胶电泳分离, 分子量标准选用荧光标记 DNA Marker 50-700 Sizing Standard。电泳过程在 LICOR-4300 DNA 自动分析仪 (LICOR Biotechnology Division, Lincoln, NE) 上进行。

1.7 统计分析方法、程序

参考陆宁海等^[5]。

2 结果与分析

2.1 小麦条锈菌群体遗传多样性水平

Table1 Population genetic diversity of *P. striiformis* f. sp. *tritici* from Longnan in Gansu

Population	Genetic diversity parameters *					
	<i>N</i>	<i>Na</i>	<i>Ne</i>	<i>H</i>	<i>I</i>	<i>P</i> (%)
Pingliang	30	1.81	1.44	0.27b	0.41b	81.3a
Zhongliang	28	1.81	1.53	0.30a	0.45a	81.3a
Qingshou	29	1.88	1.38	0.25b	0.39b	87.5a
Wudou	22	1.75	1.40	0.24b	0.36b	75.0b
Wenxian	23	1.81	1.41	0.26b	0.39b	81.3a
Qing'an	28	1.88	1.55	0.31a	0.46a	87.5a
Lixian	19	1.56	1.33	0.19c	0.28c	56.3c
Xihe	23	1.69	1.37	0.20c	0.30c	68.8b
Average level of population	25.3	1.77	1.43	0.25	0.39	77.3
Species level	202	1.88	1.50	0.30	0.46	87.5

Note: * *N*: Number of isolates, *Na*: Observed number of alleles, *Ne*: Effective number of alleles, *H*: Nei's gene diversity, *I*: Shannon's Information index, *P* (%): Proportion of polymorphic loci, letter a, b, c denote Levels of significance $P < 0.05$.

陇南地区小麦条锈菌群体遗传多样性比较丰富,在物种水平上,观察等位基因数 (*Na*) 为 1.88,有效等位基因数目 (*Ne*) 为 1.50,Nei's (1973) 基因多样性指数 (*H*) 为 0.30,Shannon 信息指数 (*I*) 为 0.46,多态位点百分率 (*P*) 为 87.5%。在群体平均水平上,观察等位基因数 (*Na*) 平均为 1.77,有效等位基因数目 (*Ne*) 平均为 1.43,Nei's (1973) 基因多样性指数 (*H*) 平均为 0.25,Shannon 信息指数 (*I*) 平均为 0.39,多态位点百分率 (*P*) 平均为 77.3%。在种群之间,遗传多样性有显著的差异,中梁种群 ($H = 0.30$, $I = 0.45$) 和秦安种群 ($H = 0.31$, $I = 0.46$) 的遗传多样性相对较高,武都种群 ($H = 0.24$, $I = 0.36$)、文县种群 ($H = 0.26$, $I = 0.39$)、齐寿种群 ($H = 0.25$, $I = 0.39$) 和平南种群 ($H = 0.27$, $I = 0.41$) 次之,礼县种群 ($H = 0.19$, $I = 0.28$) 和西和种群 ($H = 0.20$, $I = 0.30$) 遗传多样性相对较低。

2.2 小麦条锈菌群体遗传分化水平

Table 2 Analysis of molecular variance (AMOVA) of *P. striiformis* f. sp. *tritici* populations from Longnan in Gansu

Source of variance	Degree of freedom	Sum of squares	Percentage of variation (%)	F-statistics	P value
Among populations	6	3.4	4.05	FST;	<0.001
Within populations	195	111.5	95.95	0.00112	<0.001
Total	201	114.9			—

AMOVA 方法分析结果表明, 小麦条锈菌群体间和群体内存在着一定的遗传分化, 群体间的遗传变异占总变异的 4.05% ($P < 0.001$), 群体内遗传变异占 95.95%, 遗传变异主要存在于群体内部。因此, 陇南地区小麦条锈菌群体没有遗传上的分化。

2.3 小麦条锈菌群体聚类分析

聚类结果表明, 陇南地区小麦条锈菌群体聚为 3 个大的类群, 武都种群单独为一类, 相当于无根树的主干, 礼县种群和中梁种群聚为一类, 相当于无根树的一个分支, 秦安种群、文县种群、齐寿种群、西和种群和平南种群聚为一类, 相当于无根树的另一个分支, 这表明不同群体之间遗传距离较小, 遗传相似性较高, 群体之间有广泛的基因流存在。

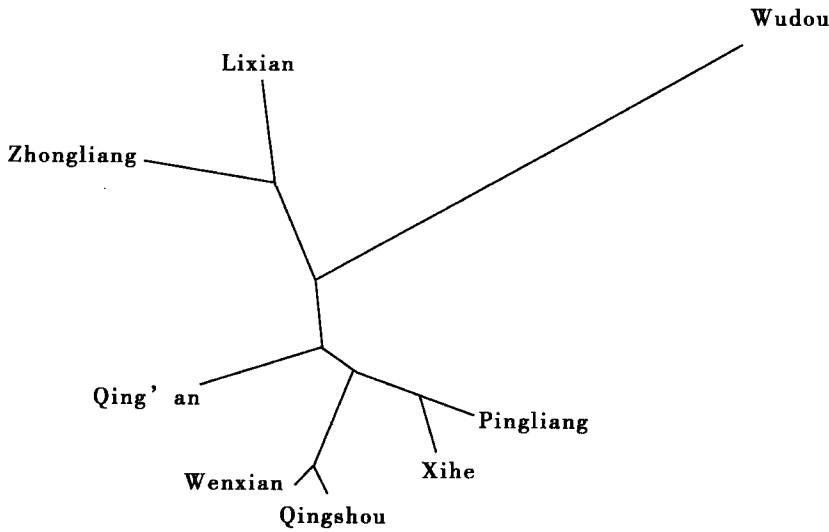


Fig. 1 UPGMA dendrogram based on SSR data of *P. striiformis* populations from Longnan in Gansu

3 讨论

随着分子生物学的发展, 尤其是分子标记技术的出现为条锈菌的研究提供了有效工具, 在国际上广泛开展小麦条锈菌群体遗传研究^[7-10], 但在中国主要研究集中在流行生理小种的分子多态性分析方面^[11,12], 关于小麦条锈菌的群体遗传研究较少, 对特定地区的小麦条锈菌的群体遗传研究就更少了, 本研究首次应用 SSR 分子标记技术对陇南地区小麦条锈菌