

黄淮海夏玉米区试品种对南方锈病的抗性分析及抗病基因检测

王新涛¹, 谢淑娜¹, 杜亚亭¹, 任玲玲¹, 张香粉², 陈威³,
高宏伟⁴, 段灿星⁵, 郝俊杰¹

(1. 河南省农业科学院植物保护研究所, 郑州 450002; 2. 河南省种业发展中心, 郑州 450046; 3. 开封市农林科学研究院, 河南 开封 475004; 4. 河南宝景农业科技有限公司, 郑州 453500; 5. 中国农业科学院作物科学研究所, 北京 100081)

摘要: 利用自然诱发结合人工接种的鉴定方法, 对 2020、2021 和 2023 年 2 468 份玉米品种进行南方锈病田间抗性鉴定, 对 2023 年表现中抗以上的 439 个参试品种进行 *RppC* 和 *RppK* 抗性基因检测。结果表明, 高抗和抗病品种的比例从 0.59%、6.46%(2020 年)提高至 2.99%、7.2%(2021 年)和 3.33%、13.13%(2023 年); 感病品种占比较高, 3 年占比分别为 53.74%、38.99%和 29.5%。439 个参试品种中的 221 份携带 *RppC* 抗性基因, 占 50.34%; 209 份携带 *RppK* 抗性基因, 占 47.61%; 有 75 份同时携带 *RppC* 和 *RppK* 基因, 占 17.08%; 有 84 份未检测到 *RppC* 和 *RppK* 抗性基因, 推测可能携带其他抗性基因。综上, 黄淮海夏玉米区新选育的玉米品种对南方锈病的抗性水平在逐步提高, 抗性品种中以携带 *RppC* 抗性基因为主, 育种上应加强 *RppK* 抗性基因的转移利用。

关键词: 玉米; 南方锈病; 抗性; 抗性基因

中图分类号: S435.131

文献标识码: A

Resistance Analysis and Resistance Gene Detection of Regional Trial Varieties to Southern Rust in Summer Maize Area of Huang-Huai-Hai

WANG Xin-tao¹, XIE Shu-na¹, DU Ya-ting¹, REN Ling-ling¹, ZHANG Xiang-fen², CHEN Wei³,
GAO Hong-wei⁴, DUAN Can-xing⁵, HAO Jun-jie¹

(1. Plant Protection Institute, Henan Academy of Agricultural Sciences, Zhengzhou 450002; 2. Henan Province Seed Industry Development Center, Zhengzhou 450046; 3. Kaifeng Academy of Agricultural and Forestry, Kaifeng 475004; 4. Henan Bio-King Agricultural Technology Co., Ltd., Zhengzhou 453500; 5. Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China)

Abstract: Two thousand four hundred six-eight maize varieties in 2020, 2021 and 2023 were identified for field resistance to southern rust by natural induction and artificial inoculation. Additionally, resistance genes *RppC* and *RppK* were tested on 439 varieties (above moderately resistance) in 2023. The results showed that the proportion of highly resistant(HR) and resistant(R) varieties increased from 0.59% and 6.46%(2020) to 2.99%, 7.2%(2021), and 3.33%, 13.13% (2023). The proportion of susceptible(S) varieties is relatively high, accounting for 53.74%, 38.99%, and 29.5% in three years, respectively. 221 out of 439 varieties carried *RppC* resistance genes, accounting for 50.34%; 209 varieties carried *RppK* resistance genes, accounting for 47.61%. Among them, 75 varieties carried both *RppC* and *RppK* genes, accounting for 17.08%; 84 varieties did not detect *RppC* and *RppK* genes, suggesting that they may carry other resistance genes. In summary, the resistance level of newly bred maize varieties to southern rust in the summer maize area of Huang-Huai-Hai is gradually improving. The primary resistance gene in these varieties is *RppC* and the utilization of *RppK* resistance genes should be strengthened in breeding.

Key words: Maize; Southern rust; Resistance; Resistance gene

录用日期: 2024-05-27

基金项目: 河南省科技攻关计划项目(222102110433)、河南省农业科学院自主创新项目(2024ZC063)

作者简介: 王新涛(1983-), 男, 副研究员, 博士, 主要从事玉米病害研究。E-mail: tao-450002@163.com

谢淑娜为本文共同第一作者。E-mail: xieshunayang@163.com

郝俊杰和段灿星为本文通信作者。

玉米(*Zea mays* L.)作为我国第一大作物,同时具有食品、饲料、工业原料、能源、油料等多重功能,对于保障国民经济发展和国家粮食安全具有重要的基础支撑作用^[1-2]。近年来,随着全球气候变化和国内耕作制度的变更,玉米病虫害的发生和危害呈持续加重趋势,特别是玉米南方锈病(Southern Rust)的发生频率和危害程度不断提高,对玉米生产造成严重威胁^[3]。

玉米南方锈病是由多堆柄锈菌(*Puccinia polysora* Underw.)侵染引起的气传真菌病害,在玉米不同生育期均可侵染发病,被侵染的叶片、叶鞘、茎秆和苞叶等地上部位产生铁锈状病斑,进而导致叶片提前干枯,植株活性衰退,造成严重减产^[4-5]。1972年,该病害在我国海南被首次发现后,逐渐向北扩展,20世纪90年代即上升为南方玉米种植地区的主要病害。2000年后,在黄淮海夏玉米区发生频率迅速增加,成为玉米生产上的重要病害^[6]。2015年,黄淮海夏玉米主产区南方锈病发病面积达525万hm²,占全国发生面积的87.8%^[7]。2021年,该病再次大爆发,发病面积占比50%以上,部分玉米田块发病率100%,对玉米生产造成了重大的产量和经济损失^[8]。2023年,受台风“杜苏芮”影响,其携带的锈病孢子在河南、河北、安徽等黄淮海夏玉米区迅速扩展,南方锈病再次爆发成灾。因此,选育和推广抗南方锈病的玉米新品种是实现高产稳产和农民丰产增收的迫切需求。

鉴于玉米南方锈病在生产上的危害性,国内外研究人员对其抗性遗传机制开展了相关研究,在玉米10条染色体上鉴定到多个抗病位点^[9]。尽管定位群体不同、鉴定环境各异,定位结果也有差别,位于第10染色体短臂上的QTL位点在多个材料群体中均被检测到,该区域可能存在抗性基因簇^[10-17]。通过图位克隆等技术手段在该区域分离到两个南方锈病抗病基因*RppC*和*RppK*,其中,DENG等从热带玉米种质CML496中分离到了1个NLR类的抗病基因*RppC*,并在多堆柄锈菌中鉴定到相应的效应蛋白AvrRppC^[18]。CHEN等从玉米南方锈病高抗自交系K22中克隆到1个广谱抗病基因*RppK*并鉴定到其效应因子AvrRppK^[19]。这两个抗病基因在生产上得到了不同程度的应用。近年来,由于玉米南方锈病生理小种变异较快,玉米种质抗源单一,导致玉米品种抗性较差,造成了玉米南方锈病多次大规模爆发流行^[20]。本研究对来自黄淮海夏玉米区的2468个玉米参试品种进行抗性鉴定,并对439个中抗以上品种的南方锈病抗性基因分析,明确品种的抗锈性和

抗性基因应用情况,为今后黄淮海夏玉米抗锈新品种的选育和合理布局提供依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试材料为2020–2023年(2022年南方锈病发病较轻,未采用当年参试材料数据)参加黄淮海和各个联合体玉米区域试验的2468个玉米品种(组合),其中,2020年681个,2021年736个,2023年1051个,鉴定品种由河南省种业发展中心和各个联合体提供。抗病对照为自交系齐319,感病对照为自交系掖478,均为河南省农业科学院植物保护研究所玉米病害研究室保存并提供。

将试验材料按编号顺序排列,分别于2020年6月10日、2021年6月9日和2023年6月15日在河南省原阳县河南现代农业研究开发基地(35°05' N, 113°96' E)播种,每份供试材料种植行长5 m,行距60 cm,株距25 cm,每穴2粒。每50行设置1行抗、感对照,正常田间管理。

1.2 接种鉴定

为了保证田间发病的严重度和一致性,采用自然诱发结合人工辅助接种的鉴定方法。在玉米大喇叭口期至抽雄前,收集带有多堆柄锈菌夏孢子堆的新鲜玉米病叶,清水淘洗后纱布过滤,制备成浓度为 1×10^5 个/mL的孢子悬浮液。选择晴天下午或阴天,将孢子悬浮液喷洒到玉米叶片,接种后前3 d,每天喷水加湿以促进其发病。

1.3 品种抗性评价

待感病对照掖478充分发病后,对参试品种进行抗锈性评价,参考《NY/T 1248.14–2021》玉米抗病虫害性鉴定技术规范第14部分:南方锈病,按照1~9级标准(表1),每隔7 d调查1次,共调查两次,记载每份材料的病情级别,以最高等级鉴定结果为准^[21]。

1.4 抗南方锈病基因的分子检测

选取2023年玉米南方锈病表现中抗以上的品种(439个),采用CTAB法提取玉米叶片基因组DNA,纯化后将DNA浓度稀释至50 ng/μL备用。利用抗性基因*RppC*、*RppK*的两对功能分子标记,对供试品种的南方锈病抗性基因进行分子检测,其中,抗性基因*RppC*阳性对照植株为CML496,抗性基因*RppK*阳性对照植株为K22。采用引物RppC-F: GAG-GAAACTCTCCCTTTATT、RppC-R: TCCCAGATA-AGTATTACCTT和引物RppK-F: TCCATGTCATAC-GACAAGTCCCG、RppK-R: GGGTTCGGAGAAAT-GAATTATAGCG分别对*RppC*和*RppK*基因进行扩

增,引物由上海生工合成,扩增产物经 1.2%琼脂糖凝胶电泳检测。

1.5 数据处理与分析

采用 Excel 2007 和 SPSS 17.0 软件进行数据处理与统计分析。

表 1 玉米南方锈病病情级别标准
Table 1 Classification standard for southern rust in maize

病情级别 Disease grade	症状描述 Symptom description	抗性 Resistance
1	叶片上无病斑或仅有夏孢子堆的过敏反应	高抗(HR)
3	叶片上有少量夏孢子堆,夏孢子堆面积占整株叶面积不超过 25%	抗(R)
5	叶片上有中量夏孢子堆,夏孢子堆面积占整株叶面积 26% ~ 50%	中抗(MR)
7	叶片上有大量夏孢子堆,夏孢子堆面积占整株叶面积 51% ~ 75%	感(S)
9	叶片上有大量夏孢子堆,夏孢子堆面积占叶面积 76%以上	高感(HS)

2 结果与分析

2.1 参试玉米品种对南方锈病的抗性分析

抗病鉴定对照材料齐 319 和掖 478 的 3 年表现均为抗和高感,表明田间玉米南方锈病发病充分,适合对参试品种进行抗锈鉴定。

2020 年参试品种共计 681 份,其中,高抗品种 4 份,占比 0.59%;抗的品种有 44 份,占比 6.46%;中抗品种 150 份,占比 22.03%;感病品种 366 份,占比 53.74%;高感品种 117 份,占比 17.18%。结果表明,2020 年参试玉米品种对南方锈病的抗性较差,感病和高感品种占总鉴定品种的比例达 70.93%;中抗以上抗性品种仅占 29.07%(图 1)。

2021 年参试品种共计 736 份,其中,高抗品种

22 份,占比 2.99%;抗的品种有 53 份,占比 7.2%;中抗品种 287 份,占比 38.99%;感病品种 287 份,占比 38.99%;高病品种 87 份,占比 11.82%。结果表明,2021 年参试玉米品种中感病和高感品种占总鉴定品种的比例为 50.82%;中抗以上抗性品种占 49.18%。

2023 年参试品种共计 1 051 份,其中,高抗品种 35 份,占比 3.33%;抗的品种有 138 份,占比 13.13%;中抗品种 266 份,占比 25.31%;感病品种 310 份,占比 29.5%;高感品种 302 份,占比 28.73%。结果表明,2023 年参试玉米品种中感病和高感品种占总鉴定品种的比例达 58.23%;中抗以上抗性品种占 41.77%。

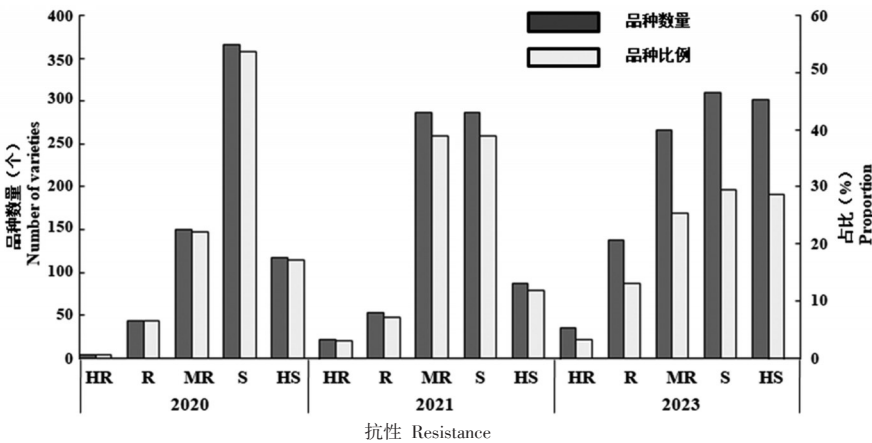


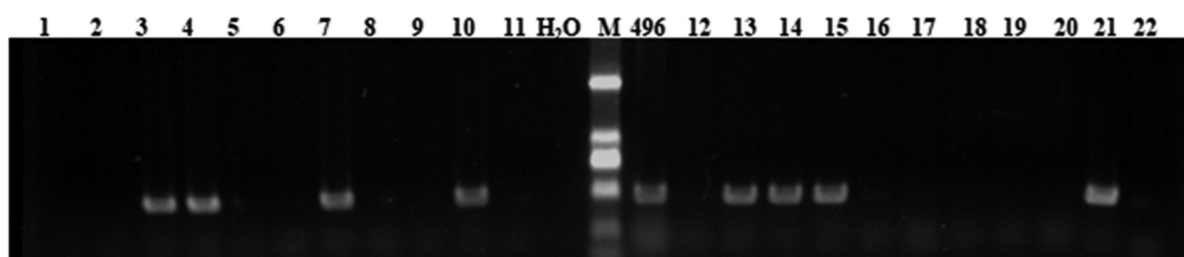
图 1 2020–2023 年参试玉米品种对南方锈病的抗性分析

Fig.1 Analysis of resistance of maize varieties to southern rust in 2020–2023

2.2 抗南方锈病基因 *RppC* 分子标记检测

2023 年参试品种中,对玉米南方锈病抗性表现中抗以上的品种共 439 份。利用抗性基因 *RppC* 的功能分子标记(图 2),对 439 份品种的 *RppC* 基因进行

分子检测,发现有 221 份品种携带 *RppC* 抗性基因,占比 50.34%,包括 19 份高抗品种、47 份抗性品种、155 份中抗品种。



注:M表示Marker(DL2000);H₂O表示阴性对照;496表示阳性对照;1表示皆丰1821;2表示皆丰8022;3表示中研188;4:富玉305;5表示YD2321;6表示富玉197;7表示富玉163;8表示豫单2237;9表示豫单2376;10表示冀农2201;11表示粒华6号;12表示琯玉111;13表示琯玉112;14表示蠡玉318;15表示玉迪358;16表示玉迪418;17表示征玉716;18表示YY2301;19表示耕玉287;20表示航研9377;21表示ND111;22表示尧元1126。下同。

Note: M, Marker(DL2000); H₂O, Negative control; 496, Positive control; 1, Jiefeng1821; 2, Jiefeng8022; 3, Zhongyan188; 4, Fuyu305; 5, YD2321; 6, Fuyu197; 7, Fuyu163; 8, Yudan2237; 9, Yudan2376; 10, Jinong2201; 11, Lihua 6; 12, Junyu111; 13, Junyu112; 14, Liyu318; 15, Yudi358; 16, Yudi418; 17, Zhengyu716; 18, YY2301; 19, Gengyu287; 20, Hangyan9377; 21, ND111; 22, Yaoyuan1126. The same below.

图2 部分玉米品种中 *RppC* 抗病基因的分子检测

Fig.2 Molecular detection of *RppC* resistance gene in some maize varieties

2.3 抗南方锈病基因 *RppK* 分子标记检测

利用抗性基因 *RppK* 的功能分子标记对 439 份品种进行分子检测(图 3),发现有 209 份品种中携带 *RppK* 抗性基因,占比 47.61%,包括 30 份高抗品种、97 份抗性品种、82 份中抗品种。

2.4 玉米品种中南方锈病抗性基因的组类型

分子标记检测结果显示(图 4),439 份检测品种中有 146 份(2 份高抗品种、14 份抗性品种、130 份中抗品种)单独携带 *RppC* 单个抗性基因,占比 33.25%; 134 份(13 份高抗品种、64 份抗性品种、57 份中抗品种)

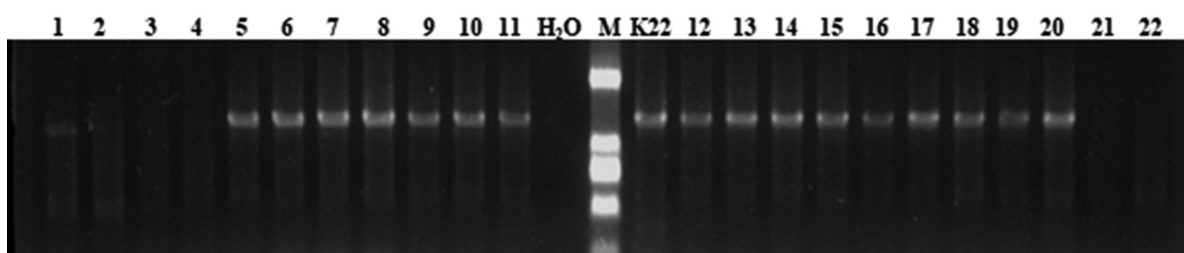


图3 部分玉米品种中 *RppK* 抗病基因的分子检测

Fig.3 Molecular detection of *RppK* resistance gene in some maize varieties

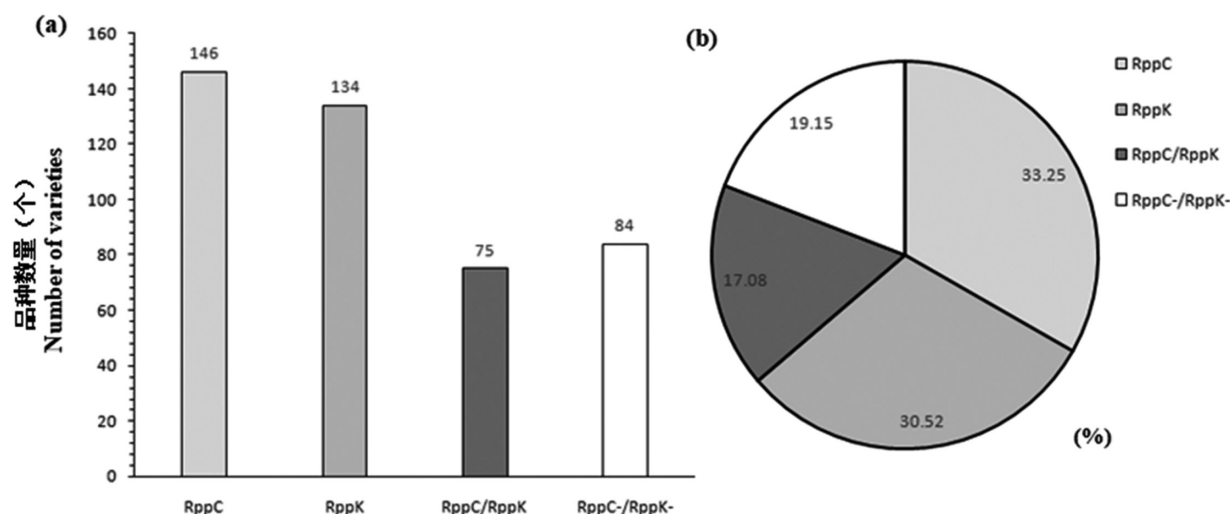


图4 *RppC*和 *RppK*基因在 439 份玉米品种中的分布数量(a)及所占比例(b)

Fig.4 The number(a) and proportion(b) of *RppC/RppK* gene in 439 maize varieties

种)携带 *RppK* 单个抗性基因,占比 30.52%;75 份(17 份高抗品种、33 份抗性品种、25 份中抗品种)同时携带 *RppC* 和 *RppK* 抗性基因,占比 17.08%;另外有 84 份品种(3 份高抗品种、27 份抗性品种、54 份中抗品种)未检测到 *RppC* 或 *RppK* 抗性基因。

3 结论与讨论

近年来,随着全球气候变化,特别是台风等热带气旋强度和频率的增加,其携带的多堆柄锈菌夏孢子可随气流进行远距离传播,进而逐步向我国北方高纬度玉米种植区扩展。目前,玉米南方锈病已成为黄淮海夏玉米区突发性、暴发性、生产危害性极大的病害,在病害流行年份可造成玉米减产 40% 以上^[22]。因此,明确新选育玉米品种对南方锈病的抗性及其抗性基因的应用情况,对于开展玉米品种推广应用和抗性育种具有重要意义。

本研究通过自然诱发结合人工辅助接种鉴定,3 年间均表现较好的严重度和一致性,明确了黄淮海部分参试品种对南方锈病的抗性反应,为优良抗病品种的审定和合理推广工作提供了重要依据。2020 年,681 份参试品种中,南方锈病的抗性以感病和高感为主,占 70.93%,高抗和抗性品种为 4 份和 44 份,仅占 0.59% 和 6.46%;2021 年和 2023 年参试玉米品种中感病至高感的品种占比为 50.82% 和 58.23%,较 2020 年下降 20.11% 和 12.7%。2021 年高抗和抗性品种占比为 2.99% 和 7.2%,2023 年高抗和抗性品种占比升至 3.33% 和 13.13%;与黄淮海夏玉米区 2018–2020 年审定品种及 2020 年部分主栽品种对玉米南方锈病的抗性鉴定结果趋势基本一致^[23]。本研究表明,育种工作者对抗病资源的发掘与创制日益重视,新选育玉米品种对南方锈病的抗性水平在逐步提高,这些抗性品种审定后可有效降低市场和生产风险。

RppC 基因编码 1 个 NLR 类蛋白受体,通过识别多堆柄锈菌中相应的效应蛋白 AvrRppC 触发其抗病性,多堆柄锈菌新小种可通过 AvrRppC 突变的方式来逃避 *RppC* 的识别而致病,在推广面积前 30 位的玉米抗南方锈病杂交种中,53.3% 含有 *RppC* 抗病基因;*RppK* 对应的效应蛋白 AvrRppK 在所有检测的多堆柄锈菌分离株中都没有序列变异,*RppK* 作为广谱抗性基因,在 500 份自交系中仅有不到 3% 的材料含有该基因。本研究分子检测表明,*RppC* 抗性基因在 439 份抗性品种的携带率为 50.34%,*RppK* 抗性基因的携带率为 47.61%,说明育种应用 *RppK* 抗性基因的比率正在迅速提升。携带 *RppC* 单个抗性基因的

146 份品种中包含 2 份高抗品种、14 份抗性品种和 130 份中抗品种;携带 *RppK* 单个抗性基因的 134 份品种中包含 13 份高抗品种、64 份抗性品种和 57 份中抗品种,从抗性提升方面也证明 *RppK* 基因对南方锈病具有优良的广谱抗性。这些携带有单个抗性基因的品种表现出的抗性差异,一方面可能是品种本身还携带其他抗性基因,另一方面品种遗传背景的差异程度不同,互作的上下游基因可能会抑制、互补或完全掩盖抗性基因的抗病性。因此,在转育抗病基因时应充分考虑转育材料的遗传背景,尽量选择与抗性供体材料遗传背景相似的材料进行转育,以提高其抗性转育效率和利用率。

培育持久抗病性状是育种家的重要选育目标,利用有限的抗源提高品种持久抗病能力是当前抗病育种的重点和难点^[24]。抗病基因聚合可有效改善单一抗性基因抗性易丧失的问题,提高品种对病害的持久抗性^[25]。本研究鉴定品种中有 75 份同时携带 *RppC* 和 *RppK* 抗性基因,包括 17 份高抗品种、33 份抗性品种和 25 份中抗品种;携带 2 个抗性基因的高抗品种占总高抗品种(35 份)数量近一半,进一步说明了抗病基因聚合可有效提高玉米对南方锈病的抗性。目前,抗锈基因克隆的数量较少,可用于抗锈基因鉴定的分子标记有限,本研究鉴定发现 84 份抗性品种未检测到 *RppC/RppK* 抗性基因,这些抗性材料为今后挖掘新的抗锈基因提供了基础,应积极创新应用。

参考文献:

- [1] 孙琦,张世煌,李新海,等. 中国不同年代主推玉米品种品质性状的变化趋势[J]. 中国农业科学,2014,47(14):2723–2730.
SUN Q, ZHANG S H, LI X H, et al. The trend of quality traits of maize varieties released extensively indifferent eras in China[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2014, 47(14): 2723–2730. (in Chinese)
- [2] 王新涛,李保叶,杨青,等. 玉米籽粒相关性状的 QTL 定位[J]. 河南农业科学,2021,50(9):9–15.
WANG X T, LI B Y, YANG Q, et al. QTLs mapping for traits related with kernel in maize[J]. Journal of Henan Agricultural Sciences, 2021, 50(9): 9–15. (in Chinese)
- [3] 杨美丽,王帮太,鹿红卫,等. 玉米南方锈病研究进展及抗病育种策略[J]. 玉米科学,2022,30(5):177–184.
YANG M L, WANG B T, LU H W, et al. Research progress and breeding strategy of southern corn rust[J]. Journal of Maize Sciences, 2022, 30(5): 177–184. (in Chinese)
- [4] 陈文娟,李万昌,杨知还,等. 玉米抗南方锈病种质资源初步鉴定及遗传多样性分析[J]. 植物遗传资源学报,2018,19(2):225–231,242.
CHEN W J, LI W C, YANG Z H, et al. Preliminary identification and genetic diversity analysis of maize germplasm resources for resistance to southern corn rust[J]. Journal of Plant Genetic Resources,

- 2018, 19(2): 225–231, 242. (in Chinese)
- [5] 王晓鸣, 刘 骏, 郭云燕, 等. 中国玉米南方锈病初侵染源的多源性[J]. 玉米科学, 2020, 28(3): 1–14, 30.
- WANG X M, LIU J, GUO Y Y, et al. Multi origins of initial infection sources of *Puccinia polysora* causing southern rust of maize in China [J]. Journal of Maize Sciences, 2020, 28(3): 1–14, 30. (in Chinese)
- [6] 郭云燕, 陈茂功, 孙素丽, 等. 中国玉米南方锈病病原菌遗传多样性[J]. 中国农业科学, 2013, 46(21): 4523–4533.
- GUO YY, CHEN M G, SUN S L, et al. Genetic diversity of *Puccinia polysora* Underw. in China[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2013, 46(21): 4523–4533. (in Chinese)
- [7] 冒宇翔, 薛 林, 王莉萍, 等. 玉米抗锈病自交系种质的发掘与评价[J]. 玉米科学, 2017, 25(4): 55–61.
- MAO Y X, XUE L, WANG L P, et al. Exploitation and evaluation of rust-resistant maize germplasms[J]. Journal of Maize Sciences, 2017, 25(4): 55–61. (in Chinese)
- [8] 张瑞平, 周联东, 马朝阳, 等. 我国玉米南方锈病研究进展[J]. 中国植保导刊, 2024, 44(1): 28–36.
- ZHANG R P, ZHOU L D, MA C Y, et al. Research progresses of southern corn rust in China[J]. China Plant Protection, 2024, 44(1): 28–36. (in Chinese)
- [9] WANG S, WANG X, ZHANG R, et al. RppM, encoding a typical CC–NBS–LRR protein, confers resistance to southern corn rust in maize[J]. Front. Plant Sci., 2022, 13: 951318.
- [10] JINES M P, BALINT P, ROBERTSON L A, et al. Mapping resistance to southern rust in a tropical by temperate maize recombination inbred top cross population[J]. Theor. Appl. Genet, 2007, 114: 659–667.
- [11] ZHANG Y, XU L, ZHANG D, et al. Mapping of southern corn rust-resistant genes in the W2D inbred line of maize (*Zea mays* L.)[J]. Mol. Breed, 2010, 25: 433–439.
- [12] ZHAO P, ZHANG G B, WU X J, et al. Fine mapping of RppP25, a southern rust resistance gene in maize[J]. Journal of Integrative Plant Biology, 2013, 55(5): 462–472.
- [13] WU X, LI N, ZHAO P, et al. Geographic and genetic identification of RppS, a novel locus conferring broad resistance to southern corn rust disease in China[J]. Euphytica, 2015, 205: 17–23.
- [14] 王兵伟, 覃嘉明, 时成俏, 等. 一个高抗玉米南方锈病基因的 QTL 定位及遗传分析[J]. 中国农业科学, 2019, 52(12): 2033–2041.
- WANG BW, QIN JM, SHI CQ, et al. QTL mapping and genetic analysis of a gene with high resistance to southern corn rust[J]. Scientia Agricultura Sinica, 2019, 52(12): 2033–2041. (in Chinese)
- [15] DENG C, LV M, LI X Y, et al. Identification and fine mapping of qSCR4.01, a novel major QTL for resistance to *Puccinia polysora* in maize[J]. Plant Disease, 2020, 104(7): 1944–1948.
- [16] WANG S, ZHANG R, SHI Z, et al. Identification and fine mapping of RppM, a southern corn rust resistance gene in maize[J]. Front. Plant. Sci., 2020, 11: 1057.
- [17] LÜ M, DENG C, LI X, et al. Identification and fine-mapping of RppCML496, a major QTL for resistance to *Puccinia polysora* in maize [J]. Plant Genome, 2021, 14: e20062.
- [18] DENG C, LEONARD A, CAHILL J, et al. The RppC–AvrRppC NLR–effector interaction mediates the resistance to southern corn rust in maize[J]. Molecular Plant, 2022, 15(5): 904–912.
- [19] CHEN G, ZHANG B, DING J, et al. Cloning southern corn rust resistant gene RppK and its cognate gene AvrRppK from *Puccinia polysora*[J]. Nature Communications, 2022, 13(1): 4392.
- [20] 黄莉群, 马 玥, 戚新蕾, 等. 玉米品种对不同地区玉米南方锈病的抗性评价[J]. 作物杂志, 2021(6): 205–210.
- HUANG L Q, MA Y, QI X L, et al. Evaluation of resistance of corn varieties to southern corn rust from different regions[J]. Crops, 2021(6): 205–210. (in Chinese)
- [21] NY/T 1248.14–2021, 玉米抗病虫害性鉴定技术规范[S]. 北京: 中国农业出版社, 2021.
- [22] 马占鸿, 孙秋玉, 李磊福, 等. 我国玉米南方锈病研究进展[J]. 植物保护学报, 2022, 49(1): 276–282.
- MA Z H, SUN Q Y, LI L F, et al. Research progresses of southern corn rust in China: a review[J]. Journal of Plant Protection, 2022, 49(1): 276–282. (in Chinese)
- [23] 郭 宁, 刘树森, 石 洁, 等. 黄淮海夏玉米近年国审品种及主栽品种对南方锈病的抗性分析[J]. 玉米科学, 2023, 31(3): 160–167.
- GUO N, LIU S S, SHI J, et al. Resistance analysis of approved maize cultivars and main maize cultivars to southern rust in summer maize area of Huang–Huai–Hai[J]. Journal of Maize Sciences, 2023, 31(3): 160–167. (in Chinese)
- [24] 张海鹏, 叶雪玲, 管方念, 等. 220 份四川小麦条锈病抗性鉴定与评价[J]. 四川农业大学学报, 2023, 41(6): 1020–1031.
- ZHANG H P, YE X L, GUAN F N, et al. Identification and evaluation of stripe rust resistance in 220 Sichuan wheat germplasms[J]. Journal of Sichuan Agricultural University, 2023, 41(6): 1020–1031. (in Chinese)
- [25] 桑世飞, 王亚男, 王君怡, 等. 9 个抗稻瘟病基因在 291 份水稻种质资源中的分布及组合特征[J]. 河南农业科学, 2022, 51(12): 19–27.
- SANG S F, WANG Y N, WANG J Y, et al. Distribution and combination features of nine blast resistant genes in 291 rice germplasm resources[J]. Journal of Henan Agricultural Sciences, 2022, 51(12): 19–27. (in Chinese)

(责任编辑:姜媛媛)