

二十二个抗稻瘟病基因在云南的利用价值评价

李进斌¹ 李成云^{2*} 陈 艳² 雷财林³ 凌忠专³

(1. 云南省农业科学院植物保护研究所, 昆明 650205; 2. 云南农业大学植物保护学院, 昆明 650201; 3. 中国农业科学院作物育种栽培研究所, 北京 100081)

摘要: 为了明确22个抗稻瘟病菌基因在云南省的抗性水平及其利用价值, 将采集、分离自云南省3个稻区的282个稻瘟病菌单孢菌株, 接种于以丽江新团黑谷为轮回亲本培育而成的含有22个垂直抗性基因的水稻单基因系上。根据各稻区采集的菌株在水稻单基因系上的侵染率, 分析出各垂直抗性基因在云南省各稻区的利用价值。持有 $Pi9$ 、 Piz^5 、 Pil 、 $Pita^2$ 、 Piz 、 Pik^h 、 Piz' 7个垂直抗性基因的单基因系的侵染率分别为1.22%、2.40%、3.21%、4.82%、5.95%、7.23%、9.04%, 可在籼稻区种植或作抗源使用; 持有 $Pi9$ 、 Piz^5 、 Pil 、 $Pita^2$ 、 Piz 、 Pik^h 、 Piz' 、 $Pil2$ 、 $Pita$ 、 Pib 10个垂直抗性基因的单基因系的侵染率分别为0.93%、16.67%、10.19%、5.09%、15.74%、15.74%、12.04%、9.26%、19.29%、11.11%, 可在粳稻区种植或作抗源使用; 持有 $Pi9$ 、 Piz^5 、 Pil 、 $Pita^2$ 4个垂直抗性基因的单基因系的侵染率分别为8.60%、13.83%、10.93%、18.04%, 可在籼粳交错区种植或作抗源使用。同时用联合致病性系数和联合抗病性系数分析了病菌和单基因系的群体互作以及抗瘟组合的利用价值, 结果表明: 品种两两搭配后的RAC值大于0.80的组合有 $Pi9$ 与 $Pita^2$ 、 Piz' 、 Pil 、 Piz , 说明以上4种组合的抗病性最强, 应用价值最大。

关键词: 稻瘟病菌; 毒力频率; 联合致病性系数; 联合抗病性系数

Evaluation of twenty-two blast resistance genes in Yunnan using monogenetic rice lines

LI Jin-bin¹ LI Cheng-yun^{2*} CHEN Yan² LEI Cai-lin³ LING Zhong-zhuan³

(1. Plant Protection Research Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming 650205, China; 2. Plant Protection College, Yunnan Agricultural University, Kunming 650201, China; 3. Institute of Crop Breeding and Cultivation, China Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China)

Abstract: In order to evaluate performance of rice blast resistance genes in Yunnan Province, 282 mononidia strains were inoculated on 22 monogenic rice lines raise by IRRI. The value of resistance genes were analyzed by calculating virulence frequency in three rice-growing regions, the results showed that, the virulence frequency on rice monogenic lines with $Pi9$ 、 Piz^5 、 Pil 、 $Pita^2$ 、 Piz 、 Pik^h 、 Piz' were 1.22% , 2.40% , 3.21% , 4.82% , 5.95% , 7.23% , 9.04% in *indica*-grown region, respectively; The virulence frequency on rice monogenic line with $Pi9$ 、 Piz^5 、 Pil 、 $Pita^2$ 、 Piz 、 Pik^h 、 Piz' 、 $Pil2$ 、 $Pita$ 、 Pib was 0.93% , 16.67% , 10.19% , 5.09% , 15.74% , 15.74% , 12.04% , 9.26% , 19.29% , 11.11% in *japonica*-grown region, respectively; The virulence frequency on rice monogenic line with $Pi9$ 、 Piz^5 、 Pil 、 $Pita^2$ was 8.60% , 13.83% , 10.93% , 18.04% in *japonica-indica* interleaving rice, respectively. Based on the virulence frequency in three different regions, the rice cultivars containing corresponding resistance genes

基金项目: 云南省自然科学基金重点项目(1999c0008z), 国家自然科学基金项目(30360061)

作者简介: 李进斌, 男, 1972年生, 助理研究员, 主要从事稻瘟病菌致病性及其遗传研究(email: yaasley@public.km.yn.cn)

* 通讯作者 Author for correspondence (email: chengyun@public.km.yn.cn); 收稿日期: 2004-04-10

could be rationally deployed. At the same time, the interaction on rice monogenic lines and blast fungus and the value of combinations with multiple resistance genes could be analyzed through pathogenicity association coefficient (PAC) and resistance association coefficient (RAC), which demonstrated that the RAC of combinations of *Pi9* and *Pita*², *Pi9* and *Piz*¹, *Pi9* and *Pil*, *Pi9* and *Piz* was more than 0.80, and they behaved in higher resistance in Yunnan Province.

Key words: *Magnaporthe grisea*; virulence frequency; pathogenicity association coefficient (PAC); resistance association coefficient (RAC)

稻瘟病是水稻最为严重的病害之一,世界各水稻种植区均有发生,培育和利用抗稻瘟病品种是防治该病最为经济、有效、安全的措施。世界各地的水稻育种和植物病理工作者利用水稻遗传资源中的有效抗源,培育出了很多抗病、高产、优质的新品种。近年来,利用生物技术进行种质资源创新和利用水稻以外的抗病基因的工作有了新的进展^[1]。但由于稻瘟病菌的复杂性和易变性,新育成的水稻抗病新品种在大规模种植3~5年后就丧失抗瘟性^[2],所以需要定期对我们所用的品种或抗源的抗瘟性作出评价,才能合理布局和利用抗病品种^[3~10]。李成云等^[11]和罗朝喜等^[12]利用日本的鉴别体系对本省各地收集的稻瘟病菌的生理小种组成和分布进行了研究,对日本鉴别品种中的主效基因抗性进行了评价。由于日本鉴别品种中多数持有未知的抗性基因,所以鉴定结果还不仅是单个基因的效果。

单个抗病基因效果的准确评价,还有利于分析持有不同抗性基因两两(或多个)搭配使用效果的评价。通过联合抗病性系数,明确不同抗性基因(品种)组合在一起后的抗性强弱,在现有抗性基因的基础上把两个抗性基因通过杂交或其他途径聚合到一起,培育出适合各稻区种植的水稻品种,从而避免和减少育种的盲目性,同时可节省人力、物力,对提高育种的效率和品种合理布局具有重要的意义。据此,作者采用国际水稻所培育的水稻单基因系及中国农科院培育的近等基因系对分离自云南不同水稻种植区的282个稻瘟病菌单孢菌株进行致病性测定,同时用联合致病性系数和联合抗病性系数分析病菌和单基因系的群体互作以及抗瘟组合的利用价值,为持有不同抗性基因的水稻品种的布局与轮换提供理论依据。本研究与以前的同类研究相比,不但增加了可供选择的抗病基因的数量,而且遗传背景较为一致,持有单个抗性基因,能够更加准确地评价出各主效基因在云南的利用价值及两个主效基因两两搭配后的抗病性。

1 材料与方法

1.1 供试菌株

1993~2002年从云南省24个县(市)采集、分离到1000余个稻瘟病菌单孢菌株,从中选择出282个单孢菌株。

1.2 供试品种

国际水稻所(IRRI)以普感粳稻品种丽江新团黑谷为轮回亲本培育的稻瘟病抗性单基因系:IRBL1(*Pia*)、IRBL2(*Pia*)、IRBL3(*Pii*)、IRBL4(*Pik*^s)、IRBL5(*Pik*^s)、IRBL6(*Pik*)、IRBL7(*Pik*^p)、IRBL8(*Pik*^h)、IRBL9(*Piz*)、IRBL10(*Piz*⁵)、IRBL11(*Piz*¹)、IRBL12(*Pita*)、IRBL13(*Pita*)、IRBL14(*Pib*)、IRBL15(*Pit*)、IRBL16(*Pish*)、IRBL17(*Pish*)、IRBL18(*Pil*)、IRBL19(*Pi3*)、IRBL20(*Pi5*)、IRBL21(*Pi7*)、IRBL22(*Pi9*)、IRBL23(*Pi12*)、IRBL24(*Pi19*);中国农科院作物所培育的近等基因系F98-7(*Pik*^m)、F128-1(*Pita*²);感病对照品种为丽江新团黑谷。

1.3 试验方法

将水稻单基因系催芽后播于塑料育苗盒(15cm×5cm×10cm)内,每品种1行播5粒,温室育苗。每盒追施尿素0.2~0.3g,苗长至3.5~4.0叶期(3片完全展开的真叶和1片未完全展开的真叶)接种。用燕麦琼脂培养基培养稻瘟病菌,待菌丝长满培养基表面时,用自来水洗去气生菌丝,置于日光灯下约40h促其产孢。用蒸馏水洗下孢子,制成孢子悬浮液(约 $3 \times 10^4 \sim 5 \times 10^4$ 个孢子/mL),加入0.02% Tween-20后喷雾接种。接种后置24~26℃保湿箱(RH100%)内18~20h,再移回温室。7~10天后调查,参照李成云等^[13]方法。

1.4 统计方法

品种与病原菌互作的表现型,分为抗和感;品种的抗性用毒力频率(virulence frequency, VF)^[14]、联合致病性系数(pathogenicity association coefficient, PAC)、联合强致病性系数^[15](virulence associ-

ation coefficient, VAC)、联合抗病性系数^[15] (resistance association coefficient, RAC) 分析。毒力频率 (%) = (致病菌株数/总菌株数) × 100; 联合致病性系数 1: 2 = [(弱 1 菌株数: 弱 2 菌株数) + (强 1 菌株数: 强 2 菌株数)]/总菌株数(强弱指菌株的致病力, 1、2 指品种 1 和品种 2, 下同); 联合强致病性系数 1: 2 = (强 1 菌株数: 强 2 菌株数)/总菌株数; 联合抗病性系数 1: 2 = PAC 1: 2 - VAC 1: 2。

2 结果与分析

2.1 22 个抗稻瘟病基因在云南省各稻区的抗病性
采集、分离自云南省 3 个稻区 24 个县(市)的 282 个稻瘟病菌单孢菌株, 接种于持有 22 个抗稻瘟病基因的单基因系上, 282 个稻瘟病菌单孢菌株对各个抗性基因的毒力频率见表 1。

表 1 供试菌株对各个垂直抗性基因的毒力频率
Table 1 Virulence frequencies of *Magnaporthe grisea* to 22 mono-gene lines of rice in Yunnan

单基因系 Mono-gene line	抗性基因 Resistance gene	籼稻区 <i>Indica</i> rice region			粳稻区 <i>Japonica</i> rice region			籼粳交错区 <i>Indica</i> and <i>japonica</i> interleaving region		
		R	S	VF	R	S	VF	R	S	VF
IRBL-22	<i>Pi9</i>	81	1	1.22	107	1	0.93	85	8	8.60
IRBL-10	<i>Piz</i> ⁵	82	2	2.40	90	18	16.67	81	13	13.83
IRBL-18	<i>Pil</i>	76	3	3.21	97	11	10.19	82	10	10.93
F128-1	<i>Pita</i> ²	79	4	4.82	103	6	5.09	80	18	18.04
IRBL-9	<i>Piz</i>	79	5	5.95	91	17	15.74	66	32	32.82
IRBL-8	<i>Pik</i> ^h	77	6	7.23	91	17	15.74	66	31	31.96
IRBL-11	<i>Piz</i> ^t	76	8	9.04	95	13	12.04	73	25	25.13
IRBL-23	<i>Pil2</i>	31	50	61.73	98	10	9.26	64	30	31.91
IRBL-13	<i>Pita</i>	65	17	20.92	87	21	19.29	62	33	34.39
IRBL-14	<i>Pib</i>	54	28	34.01	96	12	11.11	66	29	30.28
IRBL-20	<i>Pi5</i>	48	27	36.00	78	30	27.78	66	20	23.26
IRBL-19	<i>Pi3</i>	52	30	36.81	65	43	39.53	56	34	37.43
IRBL-6	<i>Pik</i>	45	38	45.92	72	37	33.80	55	41	42.76
IRBL-4	<i>Pik</i> ^s	46	38	45.45	49	59	54.32	29	67	70.03
F98-7	<i>Pik</i> ^m	45	38	45.45	59	49	45.37	45	52	53.37
IRBL-3	<i>Pii</i>	45	40	46.75	51	57	52.78	35	63	64.43
IRBL-7	<i>Pik</i> ^p	34	48	58.70	84	24	21.92	65	29	30.96
IRBL-2	<i>Pia</i>	32	51	61.69	38	70	65.12	28	66	69.86
IRBL-15	<i>Pit</i>	31	53	62.87	52	57	52.31	23	72	75.66
IRBL-17	<i>Pish</i>	28	54	65.45	31	77	71.30	18	78	81.19
IRBL-21	<i>Pi7</i>	20	55	73.33	71	31	30.39	58	30	34.09
IRBL-24	<i>Pi19</i>	19	63	76.83	33	75	69.44	17	75	81.52

注: R: 不致病菌株数; S: 致病菌株数; VF: 毒力频率。Note: R: No. of avirulence isolates; S: No. of virulence isolates; VF: Virulence frequency.

从表 1 中可知, 毒力频率在持有 22 个垂直抗性基因的 22 个水稻单基因系上的差异都很大, 各稻区毒力频率(VF) 低于 20% 的垂直抗性基因有籼稻区 *Pi9*、*Piz*⁵、*Pil*、*Pita*²、*Piz*、*Pik*^h、*Piz*^t 7 个垂直抗性基因, 毒力频率分别为 1.22%、2.40%、3.21%、4.82%、5.95%、7.23%、9.04%; 粳稻区 *Pi9*、*Piz*⁵、*Pil*、*Pita*²、*Piz*、*Pik*^h、*Piz*^t、*Pil2*、*Pita*、*Pib* 10 个垂直抗性基因, 毒力频率分别为 0.93%、16.67%、10.19%、5.09%、15.74%、15.74%、12.04%、9.26%、19.29%、11.11%; 籼粳交错区 *Pi9*、*Piz*⁵、*Pil*、*Pita*² 4 个垂直抗性基因, 毒力频率分别为 8.60%、13.83%、10.93%、18.04%。说明持有以上抗性基因的水稻品种可以在相应的稻区种植或作抗源使用。而其它含高 VF 抗性基因的水稻品种在推广种植时, 应特别谨慎, 一旦遇到有利条件, 这些品种就会表现高度感病, 造成病害大面积流行。

由表 1 还可知, 对于持有 *Pi9*、*Piz*⁵、*Pil*、*Pita*² 的水稻品种可以在 3 个稻区种植, 因为这 3 个稻区的稻瘟病菌株对持有这 4 个基因的单基因系的毒力频率都低于 20%, 表现出高抗。另外, 这 3 个稻区已形成一个稻瘟病菌传染中心, 因为 3 个稻区的稻瘟病菌株对持有 *Pi19* 基因的单基因系的毒力频率分

别为 76.83%、69.44%、81.52%，均为高 VF。对于持有 *Pi19* 的水稻品种在种植时应特别小心，不能再单一大面积种植，否则将会导致稻瘟病在全省大面积发生。

2.2 水稻单基因系对云南省稻瘟病菌株的抗病性

采集、分离自云南省 3 个稻区 24 个县(市)的 282 个稻瘟病菌单孢菌株对各个垂直抗性基因的侵

染率见表 2。由表 2 可知，各个水稻单基因系对 282 个分生孢子菌株的抗病性差异很大，抗病性最强的是持有 *Pi9*、*Pi1*、*Pita*²、*Piz*⁵、*Piz*¹、*Piz*、*Pik*^h 的水稻单基因系，抗性分别为 96.42%、91.89%、90.68%、89.04%、84.60%、81.83%。抗病性最弱的是持有 *Pi19*、*Pish*、*Pia*、*Pit* 的水稻单基因系，抗性分别为 24.07%、27.36%、34.44%、36.38%。

表 2 22 个垂直抗性基因对云南省 282 个稻瘟病菌株的抗病性

Table 2 The resistant spectrum of twenty-two resistance genes to two hundred and eighty-two isolates of *Magnaporthe grisea* in Yunnan

抗性基因 Resistance gene	抗性 Resistance	抗性基因 Resistance gene	抗性 Resistance	抗性基因 Resistance gene	抗性 Resistance	抗性基因 Resistance gene	抗性 Resistance
<i>Pi9</i>	96.42	<i>Pik</i> ^h	81.69	<i>Pi3</i>	62.08	<i>Pit</i>	36.38
<i>Pi1</i>	91.89	<i>Pita</i>	75.13	<i>Pi7</i>	54.06	<i>Pia</i>	34.44
<i>Pita</i> ²	90.68	<i>Pib</i>	74.87	<i>Pik</i> ^m	51.94	<i>Pish</i>	27.36
<i>Piz</i> ⁵	89.04	<i>Pi5</i>	70.99	<i>Pii</i>	45.35	<i>Pi19</i>	24.07
<i>Piz</i> ¹	84.60	<i>Pi12</i>	65.70	<i>Pik</i> ^s	43.40		
<i>Piz</i>	81.83	<i>Pik</i> ^p	62.81	<i>Pik</i>	39.42		

2.3 联合致病性系数和联合抗病性系数

联合致病性系数(PAC)指品种两两搭配的抗病程度，表示品种两两搭配对稻瘟病菌的抵抗程度，以便使抗性较好的品种合理布局。PAC 越大，两品种抗感病性遗传背景相似的可能性越大。联合抗病性系数(RAC)越大，说明病原物对几个品种的综合致病力越弱，另一方面，说明这几个品种对病原物都具有高的抵抗力。反之，系数越小，则综合致病力越强，几个品种对病原物都不具有抵抗力。即 RAC 越大，表示两品种搭配种植的应用价值越大^[15]，反之亦然。

根据孙国昌等^[8]的研究认为，联合抗病性系数达到 0.80 以上的组合品种有很好的利用价值和应用前景，故作者也以此标准进行利用价值评价。由表 3 可知，供试菌株对品种两两搭配后的 RAC 值大于 0.80 的组合有 *Pi9* 与 *Pita*²、*Piz*¹、*Pi1*、*Piz*，说明以上 4 种组合的抗病性最强，应用价值最大。由表 1 可知，3 个稻区菌株对以上 5 个垂直抗性基因的侵染率也都很低。

由表 4 可知，持有各个垂直抗性基因的水稻单基因系两两搭配后的 PAC 和 RAC 值，在各个稻区各不相同，其中，在籼稻区 PAC 和 RAC 值大于 0.80 的组合有 *Pi9* * *Piz*⁵、*Pi1* * *Pik*^h、*Pi9* * *Pi1*、*Pi9* * *Pita*²、*Pi9* * *Piz*、*Pi9* * *Pik*^h、*Pita*² * *Pik*^h、*Piz*⁵ * *Pi1*、*Piz*⁵ * *Pita*²、*Piz* * *Pik*^h、*Piz*⁵ * *Piz*、*Piz*⁵ * *Pik*^h、*Pi9* * *Piz*¹、*Pi1*

* *Pita*²、*Piz* * *Piz*¹、*Pi1* * *Piz*、*Pita*² * *Piz*、*Piz*⁵ * *Piz*¹、*Pi1* * *Piz*¹、*Piz*⁵ * *Pita*、*Pita*² * *Piz*¹、*Pi9* * *Pita*、*Pik*^h * *Piz*，这 23 个组合可以在该稻区种植或作抗源使用。在粳稻区 PAC 和 RAC 值大于 0.80 的组合有 *Pi9* * *Pi1*、*Pi9* * *Pita*²、*Pi9* * *Piz*、*Pita*² * *Pik*^h、*Pi9* * *Pik*^h、*Pi9* * *Piz*¹、*Pi1* * *Pita*²、*Pita*² * *Piz*¹、*Pi12* * *Pib*，这 9 个组合可以在该稻区种植或作抗源使用。在籼粳交错区 PAC 和 RAC 值大于 0.80 的组合只有 *Pi9* * *Pita*²，说明只有这个组合可以在该稻区种植或作抗源使用。

由以上可知，在持有 22 个垂直抗性基因的水稻单基因系中，只有持有 *Pi9* 和 *Pita*² 的水稻单基因系能在籼粳交错区搭配种植或作抗源使用。因此，培育适合于该稻区种植的水稻品种已成为当务之急。

3 讨论

利用水稻品种的抗性及稻瘟病菌的致病性变异的相关信息，更好地为农业生产服务，是一项长期而又紧迫的任务。要培育抗病品种，首先必须找到可以利用的抗源。云南省拥有丰富的水稻资源，对其抗性也做过一些研究。但是对于其中所持的抗病基因是否属于未知基因？是否具有广谱或持久抗性？在育种中如何有效利用？还需要作大量的鉴定和分析工作。同时，开展对已知抗病基因利用价值的评价，也是一项不可忽视的工作，因为这些抗病基因的遗传背景较为清晰，能够更加准确地评价出各主效

表 3 22 个垂直抗性基因的 PAC 和 RAC 值
Table 3 Pathogenicity association coefficient (PAC) and resistance association coefficient (RAC) data of twenty-two resistant genes combination

RAC	联合致病系数 (PAC)																					
	Pathogenicity association coefficient																					
	<i>Pi9</i>	<i>Pita</i> ²	<i>Piz</i> ²	<i>Pil</i>	<i>Piz</i>	<i>Pik</i> ^h	<i>Piz</i> ⁵	<i>Pi5</i>	<i>Pi12</i>	<i>Pib</i>	<i>Pik</i>	<i>Pita</i>	<i>Pi7</i>	<i>Pik</i> ^p	<i>Pii</i>	<i>Pik</i> ^s	<i>Pia</i>	<i>Pi3</i>	<i>Pi19</i>	<i>Pii</i>	<i>Pish</i>	<i>Pik</i> ^m
<i>Pi9</i>		0.88	0.85	0.83	0.82	0.80	0.78	0.70	0.66	0.61	0.56	0.58	0.55	0.51	0.44	0.37	0.34	0.36	0.27	0.25	0.23	0.24
<i>Pita</i> ²	0.87		0.78	0.82	0.76	0.78	0.77	0.67	0.63	0.56	0.57	0.60	0.55	0.52	0.42	0.44	0.41	0.38	0.30	0.31	0.29	0.29
<i>Piz</i> ²	0.84	0.77		0.73	0.78	0.70	0.69	0.63	0.65	0.62	0.48	0.57	0.47	0.43	0.46	0.47	0.44	0.38	0.34	0.32	0.33	0.31
<i>Pil</i>	0.83	0.78	0.72		0.74	0.90	0.77	0.66	0.61	0.54	0.67	0.59	0.62	0.58	0.43	0.41	0.38	0.39	0.31	0.32	0.32	0.32
<i>Piz</i>	0.80	0.74	0.73	0.70		0.71	0.74	0.71	0.63	0.57	0.55	0.64	0.51	0.52	0.50	0.48	0.44	0.42	0.41	0.38	0.33	0.35
<i>Pik</i> ^h	0.79	0.75	0.69	0.79	0.67		0.71	0.61	0.60	0.54	0.68	0.60	0.58	0.59	0.43	0.41	0.36	0.36	0.32	0.35	0.29	0.28
<i>Piz</i> ⁵	0.77	0.73	0.67	0.71	0.67	0.66		0.65	0.53	0.48	0.62	0.61	0.59	0.52	0.44	0.45	0.41	0.44	0.32	0.36	0.36	0.32
<i>Pi5</i>	0.69	0.64	0.60	0.61	0.62	0.58	0.58		0.61	0.55	0.58	0.57	0.57	0.57	0.58	0.50	0.48	0.57	0.43	0.45	0.40	0.44
<i>Pi12</i>	0.65	0.61	0.59	0.57	0.56	0.55	0.50	0.51		0.81	0.56	0.45	0.60	0.62	0.52	0.40	0.53	0.50	0.45	0.48	0.39	0.44
<i>Pib</i>	0.59	0.54	0.54	0.50	0.50	0.49	0.44	0.44	0.55		0.52	0.43	0.57	0.59	0.56	0.49	0.53	0.47	0.51	0.52	0.44	0.47
<i>Pik</i>	0.55	0.52	0.46	0.55	0.47	0.54	0.49	0.43	0.41	0.35		0.49	0.72	0.76	0.50	0.50	0.52	0.48	0.43	0.52	0.50	0.46
<i>Pia</i>	0.56	0.53	0.49	0.51	0.51	0.49	0.49	0.42	0.35	0.30	0.32		0.47	0.44	0.55	0.56	0.48	0.49	0.55	0.55	0.52	0.50
<i>Pi7</i>	0.54	0.51	0.44	0.52	0.45	0.49	0.47	0.44	0.43	0.37	0.43	0.30		0.82	0.50	0.46	0.55	0.57	0.45	0.50	0.49	0.54
<i>Pik</i> ^p	0.50	0.47	0.40	0.48	0.43	0.46	0.42	0.40	0.41	0.36	0.43	0.27	0.46		0.50	0.47	0.58	0.58	0.49	0.54	0.49	0.57
<i>Pii</i>	0.41	0.37	0.37	0.36	0.37	0.33	0.33	0.36	0.30	0.30	0.25	0.27	0.25	0.22		0.65	0.56	0.70	0.59	0.59	0.57	0.57
<i>Pik</i> ^s	0.35	0.36	0.34	0.32	0.33	0.30	0.31	0.29	0.22	0.23	0.22	0.25	0.19	0.18	0.22		0.61	0.55	0.61	0.61	0.63	0.64
<i>Pia</i>	0.33	0.33	0.32	0.30	0.30	0.27	0.28	0.27	0.28	0.25	0.23	0.20	0.24	0.23	0.16	0.16		0.64	0.64	0.63	0.63	0.72
<i>Pi3</i>	0.33	0.30	0.29	0.29	0.29	0.26	0.29	0.31	0.26	0.20	0.19	0.20	0.24	0.21	0.22	0.12	0.15		0.63	0.62	0.64	0.70
<i>Pi19</i>	0.24	0.22	0.23	0.20	0.24	0.20	0.18	0.19	0.19	0.18	0.12	0.18	0.13	0.13	0.13	0.11	0.12	0.11		0.72	0.71	0.75
<i>Pii</i>	0.23	0.22	0.20	0.20	0.21	0.20	0.19	0.19	0.19	0.17	0.16	0.17	0.15	0.15	0.12	0.11	0.10	0.09	0.09		0.72	0.74
<i>Pish</i>	0.21	0.21	0.20	0.20	0.18	0.17	0.18	0.16	0.14	0.14	0.15	0.16	0.14	0.12	0.11	0.11	0.10	0.10	0.09	0.08		0.72
<i>Pik</i> ^m	0.21	0.20	0.19	0.19	0.18	0.16	0.16	0.18	0.17	0.15	0.13	0.14	0.16	0.15	0.10	0.11	0.14	0.12	0.10	0.09	0.08	

Note: RAC = Resistance association coefficient, RAC = PAC - VAC; PAC = [(No. of isolates A1 : A2) + (No. of isolates V1 : V2)] / Total No. of isolates in sample; VAC = No. of isolates V1 : V2 / Total No. of isolates in sample.

表 4 云南省各稻区垂直抗性基因两两搭配后的 PAC 和 RAC 值

Table 4 Pathogenicity association coefficient (PAC) and resistance association coefficient (RAC) data of two resistance genes pair up in different rice-grown regions of Yunnan

抗性基因 Resistant gene	籼稻区		粳稻区		籼粳交错稻区	
	<i>Indica</i> rice-grown region		<i>Japonica</i> rice-grown region		<i>Indica</i> and <i>japonica</i> interleaving region	
	PAC	RAC	PAC	RAC	PAC	RAC
<i>Pi9</i> * <i>Piz</i> ⁵	0.94	0.94	0.73	0.72	0.76	0.75
<i>Pi1</i> * <i>Pik</i> ^h	0.93	0.90	0.90	0.79	0.87	0.70
<i>Pi9</i> * <i>Pi1</i>	0.93	0.93	0.84	0.83	0.76	0.75
<i>Pi9</i> * <i>Pita</i> ²	0.93	0.93	0.94	0.93	0.84	0.81
<i>Pi9</i> * <i>Piz</i>	0.91	0.91	0.82	0.81	0.71	0.68
<i>Pi9</i> * <i>Pik</i> ^h	0.91	0.91	0.83	0.83	0.67	0.64
<i>Pita</i> ² * <i>Pik</i> ^h	0.91	0.89	0.82	0.80	0.63	0.61
<i>Piz</i> ⁵ * <i>Pi1</i>	0.90	0.90	0.69	0.62	0.77	0.71
<i>Piz</i> ⁵ * <i>Pita</i> ²	0.90	0.90	0.76	0.70	0.71	0.70
<i>Piz</i> * <i>Pik</i> ^h	0.88	0.86	0.71	0.69	0.57	0.49
<i>Piz</i> ⁵ * <i>Piz</i>	0.88	0.88	0.69	0.61	0.74	0.63
<i>Piz</i> ⁵ * <i>Pik</i> ^h	0.88	0.88	0.64	0.60	0.68	0.60
<i>Pi9</i> * <i>Piz</i> ^t	0.88	0.88	0.91	0.91	0.72	0.69
<i>Pi1</i> * <i>Pita</i> ²	0.88	0.88	0.85	0.81	0.74	0.73
<i>Piz</i> * <i>Piz</i> ^t	0.87	0.84	0.79	0.76	0.70	0.59
<i>Pi1</i> * <i>Piz</i>	0.86	0.86	0.74	0.69	0.62	0.59
<i>Pita</i> ² * <i>Piz</i>	0.86	0.86	0.81	0.78	0.64	0.62
<i>Piz</i> ⁵ * <i>Piz</i> ^t	0.84	0.84	0.69	0.67	0.61	0.59
<i>Pi1</i> * <i>Piz</i> ^t	0.84	0.84	0.77	0.76	0.60	0.57
<i>Piz</i> ⁵ * <i>Pita</i>	0.83	0.80	0.56	0.43	0.44	0.31
<i>Pita</i> ² * <i>Piz</i> ^t	0.82	0.82	0.86	0.85	0.69	0.66
<i>Pik</i> ^h * <i>Pita</i>	0.82	0.78	0.54	0.47	0.49	0.28
<i>Pi9</i> * <i>Pita</i>	0.81	0.81	0.57	0.56	0.40	0.34
<i>Pita</i> ² * <i>Pita</i>	0.81	0.78	0.58	0.54	0.43	0.35
<i>Pik</i> ^h * <i>Piz</i> ^t	0.80	0.80	0.78	0.77	0.51	0.48
<i>Pik</i> ^p * <i>Pi7</i>	0.79	0.12	0.85	0.62	0.80	0.59
<i>Piz</i> * <i>Pita</i>	0.78	0.76	0.64	0.51	0.52	0.29
<i>Pi12</i> * <i>Pia</i>	0.78	0.21	0.45	0.39	0.44	0.22
<i>Pik</i> ^m * <i>Pik</i> ^p	0.78	0.05	0.50	0.23	0.43	0.14
<i>Pi1</i> * <i>Pita</i>	0.78	0.78	0.56	0.48	0.46	0.34
<i>Pik</i> ^m * <i>Pit</i>	0.77	0.06	0.70	0.16	0.76	0.04
<i>Pia</i> * <i>Pit</i>	0.77	0.13	0.55	0.15	0.57	0.03
<i>Pik</i> ^m * <i>Pi7</i>	0.77	0.08	0.48	0.24	0.37	0.15
<i>Pit</i> * <i>Pi19</i>	0.77	0.10	0.64	0.14	0.79	0.01
<i>Pik</i> ^p * <i>Pit</i>	0.76	0.09	0.50	0.26	0.34	0.05
<i>Pi3</i> * <i>Pik</i> ^m	0.75	0.07	0.70	0.19	0.63	0.08
<i>Pi12</i> * <i>Pib</i>	0.75	0.25	0.89	0.80	0.75	0.46
<i>Pik</i> ^m * <i>Pia</i>	0.74	0.08	0.71	0.20	0.66	0.13
<i>Pia</i> * <i>Pi19</i>	0.74	0.12	0.63	0.18	0.58	0.05
<i>Pik</i> ^m * <i>Pi19</i>	0.73	0.05	0.81	0.19	0.72	0.04
<i>Piz</i> ^t * <i>Pita</i>	0.73	0.72	0.52	0.50	0.51	0.30
<i>Pib</i> * <i>Pia</i>	0.72	0.18	0.45	0.33	0.52	0.22
<i>Pik</i> ^p * <i>Pia</i>	0.72	0.08	0.55	0.32	0.46	0.26
<i>Pi3</i> * <i>Pik</i> ^p	0.71	0.08	0.57	0.32	0.43	0.20
<i>Pia</i> * <i>Pish</i>	0.71	0.16	0.60	0.11	0.55	0.04
<i>Pi3</i> * <i>Pi7</i>	0.70	0.12	0.59	0.34	0.40	0.24
<i>Pit</i> * <i>Pi7</i>	0.70	0.09	0.51	0.26	0.28	0.06
<i>Pib</i> * <i>Pik</i> ^p	0.70	0.14	0.69	0.58	0.39	0.29
<i>Pish</i> * <i>Pi19</i>	0.70	0.13	0.69	0.10	0.76	0.02
<i>Pi3</i> * <i>Pia</i>	0.68	0.11	0.69	0.25	0.49	0.09
<i>Pi3</i> * <i>Pit</i>	0.68	0.09	0.52	0.12	0.68	0.05
<i>Pik</i> ^p * <i>Pi19</i>	0.68	0.05	0.49	0.24	0.29	0.04

基因在云南的利用价值及两个主效基因两两搭配后的抗病性。不少基因的染色体定位、分子标记工作

近年来也迅速发展。特别是水稻基因组研究草图的公布^[16,17]，两个抗稻瘟病基因*Pib* 和*Pi-ta*已经克

隆^[18,19],还有一些基因被精细定位^[20],越来越多的抗病基因被人们所认识。

本研究结果表明:*Pi9*、*Piz*⁵、*Pil*、*Pita*²、*Piz*、*Pik*^h、*Piz*¹ 7 个垂直抗性基因可在云南的籼稻区种植;*Pi9*、*Piz*⁵、*Pil*、*Pita*²、*Piz*、*Pik*^h、*Piz*¹、*Pil2*、*Pita*、*Pib* 10 个垂直抗性基因可在粳稻区种植;*Pi9*、*Piz*⁵、*Pil*、*Pita*² 4 个垂直抗性基因可在籼粳交错区种植,有着广泛的利用价值。然而,使用单一抗病基因很容易带来抗病性的散失,所以在育种过程中,如果能够将这些基因组合起来,或是将这些基因与田间抗性、部分抗性组合起来,无疑会更为有效。

联合致病性系数主要用于小麦锈病的抗性分析,但它对水稻稻瘟病的抗性分析也具有重要的意义。联合致病性分析表明,病原菌对两个品种都有强致病力或都有弱致病力,或只对其中一个有强致病力或弱致病力,尤其是将成对的相同的品种根据它们在不同地区表现的 PAC 值进行比较,对研究病原菌的致病性和品种的抗病性及其变异、抗稻瘟病性遗传、生物间相互作用、选择杂交亲本、计划品种合理布局等,都有参考价值。根据本试验的结果,如将 *Pi9* 与 *Pita*²、*Piz*¹、*Pil*、*Piz*、*Pik*^h, *Pita* 与 *Pil*, *Pil* 与 *Pik*^h 进行组合利用,都具有很好的抗病性。

联合致病性系数和强联合致病性系数是表示两个品种搭配后的抗病情况,一般认为 PAC 和 RAC 值在 0.80 以上表示抗病性好,故作者也以 0.80 作为抗病性临界值,但能在生长上造成减产的 PAC 和 RAC 阈值的界定及两个以上的品种搭配种植后抗性水平的计算等问题有待于进一步的研究。以前人们研究的都是两个持有多个抗性基因的品种两两种植后的联合抗病情况,它反应的主要是两个品种搭配后对病原菌的抗性,而我们是单基因系两两搭配后的抗病性,它反映的是两个抗性基因两两搭配后的联合抗病性,更能反应两个基因之间的互作。

目前,粳亚种“日本晴”和籼亚种“93-11”的基因组测序均已完成。基因组分析的结果表明,其中仅 NBS-LRR 类的基因数目就在 600 个以上,但这些基因中哪些是与抗稻瘟病相关的基因,哪些是有小种专化性的抗病基因,当有病原菌入侵时,哪些基因会启动或上调、哪些基因会关闭或下调尚不清楚。换言之,需要诱导表达哪些基因,才能有效地抵抗稻瘟病菌的侵染?目前还所知甚少。对于水稻-稻瘟病菌这样的系统,还需要分子水平对小种专化型互作进行大量分析,才有可能更好地了解病原-寄主

互作机制,制定新的防治策略。

参考文献(References)

- 1 扈光辉. 玉米种质资源创新的途径. 黑龙江农业科学, 2004, (2): 35-38
- 2 Leung H, Bernardo E S, Notteghem, J L. Genetic analysis of virulence in the rice blast fungus *Magnaporthe grisea*. Phytopathology, 1988, 78 (9): 1227-1233
- 3 杜新法, 孙漱沅, 陶荣祥, 等. 稻区杂草上的梨孢菌与稻瘟病发生的关系. 植物病理学报, 1997, 27(4): 327-332
- 4 何月秋, 黄瑞荣, 彭志平, 等. 生物间遗传学在水稻品种与稻瘟病菌相互作用研究中的应用. 植物病理学报, 1988, 18(1): 51-55
- 5 李进斌, 罗朝喜, 李成云, 等. 部分水稻栽培品种对稻瘟病的抗性分析及利用评价. 植物保护, 2000, 26(3): 1-4
- 6 李新海, 邹德堂. 水稻东农 415 的抗瘟性基因分析. 中国水稻科学, 1996, 10(2): 85-90
- 7 鲁国东, 张学博. 离体接种鉴定水稻品种的抗瘟性. 福建农业大学学报, 1994, 23(2): 160-164
- 8 孙国昌, 孙漱沅. 我国稻瘟病菌对水稻新品种(系)、新组合的致病性评价. 中国水稻科学, 1997, 11(4): 222-226
- 9 徐建龙, 申宗坦, 林贻滋. 3 个粳稻品种的稻瘟和白叶枯病抗性遗传分析. 中国水稻科学, 1990, 4(4): 150-156
- 10 朱小源, 杨祁云, 霍超斌, 等. 水稻品种对稻瘟病的质量抗性和数量抗性的初步研究. 中国水稻科学, 1996, 10(3): 181-184
- 11 李成云, 李家瑞, 岩野正敬, 等. 云南省稻瘟病菌生理小种的组成和分布. 西南农业学报, 1990, 3(2): 57-62
- 12 罗朝喜, 李进斌, 李成云, 等. 云南省稻瘟病菌生理小种演变及稻种资源垂直抗性基因的利用. 西南农业学报, 2000, 13(4): 57-61
- 13 李成云, 罗朝喜, 林长生, 等. 稻瘟病菌 3 个杂交组合后代菌株的致病性分离. 植物保护学报, 1997, 24(4): 293-296
- 14 王焕如. 从生物间关系研究锈菌的致病性. 河北农业大学学报, 1983, 6(3): 1-8
- 15 Browder L E, Eversmeyer M G. Pathogenicity association in *Puccinia recondita tritici*. Phytopathology, 1977, 67(6): 766-771
- 16 Goff S A, Ricke D, Lan T H, et al. A draft sequence of the rice genome (*Oryza sativa* ssp. *japonica*). Science, 2002, 296: 92-100
- 17 Yu J, Hu S, Wang J, et al. A draft sequence of the rice genome (*Oryza sativa* ssp. *indica*). Science, 2002, 296: 79-92
- 18 Bryan G T, Wu K S, Farrall L. A single amino acid difference distinguishes resistant and susceptible alleles of the rice blast resistance gene *Pi-ta*. The Plant Cell, 2000, 12, 2033-2045
- 19 Wang Z X, Yano M, Yamanouchi U, et al. The *Pib* gene for rice blast resistance belongs to the nucleotide binding and leucinerich repeat class of plant disease resistance genes. Plant, 1999, 19: 55-64
- 20 Jiang J, Wang S. Identification of a 118-kb DNA fragment containing the locus of blast resistance gene *Pi-2* (t) in rice. Molecular Genetics and Genomics, 2002, 268: 249-252