

水稻对稻瘟病菌群体的抗病性鉴定与评价

潘汝谦, 康必鉴

(华南农业大学 资源环境学院, 广东 广州 510462)

摘要: 用生物间遗传学关于毒力频率和联合致病性分析的方法, 结合传统的鉴别寄主方法对广东省部分参加区试杂交稻组合的抗瘟性进行鉴定和评价。用于抗性鉴定的稻瘟病菌群体是 1998 年采集于广东省各地稻瘟病区的田间菌株, 共 100 株。根据菌株在全国统一的鉴别寄主上的反应, 探明该群体的致病性结构包括 4 群 10 个中国生理小种, 其中 ZG1 是最优势小种, 频率为 31%, ZC13 和 ZC15 次之, 频率分别为 28% 和 21%。将这一群体的菌株分别接种到参加区试的 14 个杂交稻组合上, 毒力频率较低的有优优 8821、培杂桂 99、今优 71、优优 122、粤优 8 号、青优 303、湛 8S * 303、培杂 67、优优 303 和优澄 2 号共 10 个, 是高抗的杂交稻组合。对这些高抗组合的联合致病性分析表明, 只有 34 对搭配的联合抗病性系数大于 0.80, 联合毒性系数等于 0, 被评价为高抗稻瘟病的搭配, 可以在生产推广中搭配使用。依据湛 8S * 303 和优澄 2 号等同时具有较高的联合抗病性系数和联合毒性系数, 可推测它们具有较为相似的抗感病性遗传背景。

关键词: 水稻; 稻瘟病; 抗病性; 毒力频率; 联合致病性分析

中图分类号: S432.21

文献标识码: A

文章编号: 1001-411X(2003)02-0030-04

水稻稻瘟病是一个非常重要的世界性病害。推广抗病品种是防治水稻稻瘟病的最有效、经济的措施。但是, 抗病品种往往在田间推广 3~5 年内或者更短时间内就“丧失”抗性, 使人们认为稻瘟病的抗性是不可信赖的。抗性的“丧失”常常是由于稻瘟病菌致病性的改变、抗瘟性筛选和评价方法的不充分和水稻抗性基因(品种)使用的不适当所造成^[1]。在我国, 长期以来, 品种抗瘟性的鉴定主要是用稻瘟病菌生理小种不同致病类型的“代表性菌株”来进行接种鉴定, 生理小种的鉴定则用一套全国统一的鉴别寄主品种来进行^[2]。由于同一小种不同菌株仍然存在很多不同的致病类型, “代表性菌株”的代表性是有局限的^[3]。所以, 许多工作者倾向于采用生物间遗传学的方法, 直接用“大量的田间菌株”来进行品种抗瘟性鉴定^[4,5]。然而, 田间流行的稻瘟病菌的毒性结构是不断变化的^[6]。显然, 只有明确“田间菌株”的致病类型, 才能更好的了解水稻品种的抗病性。传统的鉴别寄主方法的优点正好是能鉴别病菌群体的毒性类型。为此, 我们把生物间遗传学的方法与传统的鉴别寄主方法有机的结合起来, 鉴定和评价水稻品种的抗瘟性。

1 材料与方法

1.1 水稻品种和杂交稻组合

全国统一的 7 个稻瘟病菌鉴别寄主水稻品种:

特特勃(Tetep)、珍龙 13、四丰 43、东农 363、关东 51、合江 18 和丽江新团黑谷, 均为华南农业大学资源环境学院植物病理系繁殖并保存。供试杂交稻组合是参加广东省区试的部分杂交稻组合: 优优 8821、培杂桂 99、培杂 67、优优 122、今优 71、粤优 8 号、青优 303、湛 8S * 303、优优 303、优澄 2 号、杂粳籼、竹优 490、粤杂 315 和今优野清, 共 14 个, 均由广东省杂优站提供。

1.2 稻瘟病菌的准备

1998 年从广东省各地广泛采集田间稻瘟病标样。单孢系的获得和接种体的准备方法均同潘汝谦等^[3]的方法。共获得有效单孢菌株 100 个。

1.3 秧苗的栽培管理和接种

将 7 个我国稻瘟病菌鉴别寄主品种和待测的杂交稻组合分别播种在同一个塑料盆中。秧苗的栽培管理方法同潘汝谦等^[3]。在秧苗的四叶期, 将各单孢菌株全部分别一一接种到鉴别寄主品种和待测杂交稻组合上。接种方法和品种抗性反应的区分和评定均按全国稻瘟病菌生理小种鉴定的方法进行^[4]。

1.4 结果记录和数据分析

根据菌株在我国鉴别寄主品种上的反应来鉴定其所属的致病类型^[4]。根据菌株在杂交稻组合上的反应, 计算各组合的毒力频率值, 并进一步进行联合致病性分析^[5], 计算这些组合两两相互搭配的联合抗病性系数(RAC)和联合毒性系数(IAC)。

2 结果与分析

2.1 稻瘟病菌群体的结构

用中国稻瘟病菌鉴别寄主体系进行鉴别, 用于本次杂交稻抗瘟性鉴定的田间稻瘟病菌群体的致病类型的组成及频率见表 1. 该群体包括 4 群 10 个生理小种, 其中 ZC 群是优势群, 频率为 50%; ZG1 小种是最优势小种, 频率为 31%, 其次是 ZC13 小种和 ZC15 小种, 频率分别是 28% 和 21%.

表 1 稻瘟病菌群体的致病类型及频率

Tab. 1 The pathotypes and frequency in rice blast population

致病类型	频率	致病类型	频率
pathotype	frequency / %	pathotype	frequency / %
ZB5	1	ZC9	1
ZB13	6	ZC13	28
ZB15	2	ZC15	21
ZB29	1	ZF1	8
ZB31	1	ZG1	31

2.2 杂交稻组合的毒力频率

上述稻瘟病菌群体分别接种到待测的杂交稻组合上, 各组合的毒力频率值如下. 以潘汝谦等^[5]报道的毒力频率值小于 20% 作为评定依据, 毒力频率较低的杂交稻组合有: 优优 8821 (1%)、培杂桂 99 (1%)、今优 71 (2%)、优优 122 (2%)、粤优 8 号 (3%)、青优 303 (3%)、湛 8S * 303 (4%)、培杂 67 (6%)、优优 303 (7%) 和优澄 2 号 (14%) 共 10 个, 它们都是对广东省当年流行的水稻稻瘟病菌群体具有高度抗病性的杂交稻组合. 毒力频率较高的组合有: 杂梗粳 (38%)、竹优 490 (41%)、粤杂 315 (44%) 和今优野清 (51%) 共 4 个.

2.3 杂交稻组合的联合致病性分析结果

联合抗病性系数大于 0.80 的杂交稻组合的两两搭配见表 2. 如优优 8821 与培杂桂 99 的搭配 (1+2) 等, 共有 42 对. 这些两两搭配的双方均对田间稻瘟病菌群体具有较高的抗病性. 再分析这 42 对不同搭配的联合毒性系数. 由表 2 可见, 共有 34 对搭配的联合毒性系数为 0, 意即: 田间稻瘟病菌群体对这些搭配中的双方都是同时无毒力的, 或者换一句话说就是, 稻瘟病菌不会同时对搭配的双方致病. 另有 8 对搭配, 它们的联合毒性系数大于 0.01, 尤其是湛 8S * 303 与优澄 2 号的搭配 (7+10), 其联合毒性系数高达 0.04, 说明田间稻瘟病菌的一些菌株能同时对这些组合致病.

表 2 杂交稻组合两两搭配的联合抗病性系数(RAC)和联合毒性系数(VAC)¹⁾

Tab. 2 The resistance association coefficient (RAC) and virulence association coefficient (VAC) of the different pairs between the highly resistant hybrid rice combinations

组合的搭配			组合的搭配		
pairs of rice	RAC	VAC	pairs of rice	RAC	VAC
combination			combination		
1+2	0.98	0.0	3+8	0.92	0.0
1+3	0.97	0.0	3+9	0.91	0.0
1+4	0.97	0.0	3+10	0.84	0.0
1+5	0.96	0.0	4+5	0.95	0.01
1+6	0.96	0.0	4+6	0.95	0.0
1+7	0.95	0.0	4+7	0.95	0.01
1+8	0.93	0.0	4+8	0.92	0.01
1+9	0.92	0.0	4+9	0.91	0.0
1+10	0.86	0.01	5+6	0.94	0.0
2+3	0.97	0.0	5+7	0.93	0.0
2+4	0.97	0.0	5+8	0.91	0.0
2+5	0.96	0.0	5+9	0.90	0.0
2+6	0.96	0.0	6+7	0.93	0.0
2+7	0.95	0.0	6+8	0.91	0.0
2+8	0.93	0.0	6+9	0.91	0.01
2+9	0.92	0.0	6+10	0.83	0.0
2+10	0.85	0.0	7+8	0.91	0.01
3+4	0.96	0.0	7+9	0.89	0.0
3+5	0.95	0.0	7+10	0.89	0.04
3+6	0.95	0.0	8+9	0.87	0.0
3+7	0.94	0.0	8+10	0.81	0.01

1) 1 为优优 8821, 2 为培杂桂 99, 3 为今优 71, 4 为优优 122, 5 为粤优 8 号, 6 为青优 303, 7 为湛 8S * 303, 8 为培杂 67, 9 为优优 303, 10 为优澄 2 号

综合联合抗病性系数和联合毒性系数只有联合抗病性系数较高而同时联合毒性系数较低的两两搭配, 搭配的双方才能既同时高抗稻瘟病菌也不会同时被稻瘟病菌群体致病, 从遗传的角度来看, 表明搭配的双方的抗病性和感病性均不同, 因而这些搭配在田间才具有高度的防病作用, 可搭配推广使用. 对于联合抗病性系数较高而联合毒性系数也较高的搭配, 如湛 8S * 303 和优澄 2 号的搭配 (7+10) 等, 一方面这些搭配的双方是同时高抗的, 但是另一方面这些搭配的双方同时感病的可能性又较高, 如果这些搭配在生产上推广则可能会出现同时罹病的风险. 因而不宜同时搭配推广. 亦即这些搭配的两个品种的抗病性和感病性是部分相似的, 它们可能具有较为相似的抗性遗传背景.

上述结果表明, 仅用毒力频率 (也有人采用抗感比) 的高低来表示品种的抗感性是有局限性的, 同是

抗病或高抗的品种,并不一定适宜同时搭配使用,如上述湛 8S *303 和优澄 2 号. 通过联合致病性的分析才能了解这一具体的情况.

3 讨论

本研究的创新之处是把生物间遗传学的方法与传统的鉴别寄主方法结合起来进行稻瘟病抗病性的鉴定与评价. 生物间遗传学关于毒力频率和联合致病性分析的方法是基于采用大量的田间菌株来进行抗病性的评价的. 该方法由于能较好地克服“代表性菌株”鉴定方法的局限性^[4,5], 在小麦锈病和水稻稻瘟病等寄主-病原物相互关系中都取得了较好的研究结果^[7]. 然而, 这种方法的缺点是, 用于评价抗病性的田间菌株的毒性结构不明确, 导致鉴定与评价的结果无法比较. 所以, 结合鉴别寄主的鉴别方法, 就可以很好的弥补生物间遗传学方法的不足. 如本研究表明用于本次鉴定的稻瘟病菌群体没有 ZA 群的小种. 可见, 明确的群体致病性结构对鉴定结果的比较和研究信息的交流是非常有意义的.

植物病理学家和育种学家都认识到要把抗性品种置于病原菌群体的选择压力下, 才能考验抗性的持久性. 稻瘟病菌群体是一个复杂的群体, 存在很多不同的致病类型, 而且这些致病类型在田间是多变的. 以前, 只有一种方法用来描述稻瘟病菌群体, 就是采集样本, 然后用鉴别寄主鉴定其致病型. 其目的是为了便于选用不同致病性的代表性菌株来进行品种的抗性鉴定^[1]. 为了提高鉴别寄主的鉴别能力, 已经建立了多套单基因的鉴别寄主体系^[8,9]. 日本的单基因鉴别寄主体系主要由粳稻品种组成. 显然, 其对籼稻种植区稻瘟病菌的鉴别能力是很有限的. 反之, 国际水稻所的以籼稻 CO 39 为轮回亲本育成的近等基因系对粳稻区稻瘟病菌的鉴别能力也是有限的^[9]. 目前, 我国也育成了由籼稻基因和粳稻基因组成的单基因鉴别体系, 但是其粳稻基因, 笔者推测, 很可能象日本的粳稻基因一样, 对籼稻区的意义不大, 我们^[6]多年的研究证明, 粳型小种在我省(籼稻区)出现的频率和对籼稻的致病力均较低.

随着分子生物学技术的发展, DNA 指纹印析和系统发育分析等方法也被广泛的应用于稻瘟病菌群体的分析^[10-12]. 由于该方法是在基于基因的水平上的, 毫无疑问, 较之用鉴别寄主方法更能区分稻瘟病菌, 所以也有利用稻瘟病菌遗传宗亲群的代表菌株来代替鉴别寄主鉴定出的生理小种的代表菌株进行品种的抗瘟性鉴定的报道^[12]. 但是, 由于同一宗谱内存在着大量的不同的致病型, Xia 等^[10]证明遗

传宗谱的信息对抗病育种是无用的或不适宜的.

总之, 利用“代表性”菌株来进行品种抗瘟性的鉴定, 不管“代表性”菌株是来源于鉴别寄主品种或者单基因鉴别体系, 又或者来源于 DNA 遗传宗谱, 这种抗性鉴定的方法都无法突破用“个体”菌株来代表“群体”的思维框框, 都是偏重于对病原菌进行分类, 而忽视了病原菌群体与品种的相互关系. 正是基于这一点, 本研究把稻瘟病菌作为一个群体来进行抗病性的鉴定与评价. 而在本研究中有机结合鉴别寄主的方法, 目的并不是要区分群体的致病性, 而是为了了解群体的致病性或毒性结构. 所用的病原菌群体也不是人工挑选的结果, 而是直接采自田间流行的菌株. 由于群体的不同菌株是直接采集于田间的, 如果连年鉴定的话, 还可以根据稻瘟病菌群体毒性结构的变化预测田间稻瘟病菌群体的致病性的改变. 这样, 对解决水稻品种在田间推广后短时间就“丧失”对稻瘟病的抗病性的问题是很有帮助的.

参考文献:

[1] ZEIGLER R S, TOHME J, NELSON R, et al. Lineage exclusion: a proposal for linking blast population analysis to resistance breeding[A]. ZEIGLER R S, LEONG S A, TENG P S. Rice blast disease[C]. Wallingford: CAB International. 1994. 267—292.

[2] 全国稻瘟病菌生理小种联合试验组. 我国稻瘟病菌生理小种研究[J]. 植物病理学报, 1980, 10(2): 71—82.

[3] 潘汝谦, 康必鉴, 黄建民, 等. 水稻稻瘟病菌致病性分化研究[J]. 华南农业大学学报, 1999, 20(3): 15—18.

[4] 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[J]. 中国水稻科学, 1997, 11(4): 222—226.

[5] 潘汝谦, 康必鉴, 黄建民, 等. 毒力频率和联合致病性在水稻抗瘟性鉴定中的应用[J], 华南农业大学学报, 1999, (20): 10—14.

[6] 潘汝谦, 康必鉴, 黄建民, 等. 广东省稻瘟病菌生理小种的消长动态[J]. 植物保护, 1999, (3): 5—7.

[7] 王焕如, 朱之育. 选育和利用抗病品种策略问题的讨论[J]. 植物保护, 1992, 18(2): 28—30.

[8] YAMADA M, KIYOSAMA S, YAMAGUCHI T. Proposal of a new method for differentiating races of *Pyricularia oryzae* Cavara in Japan[J]. Annuals of the Phytopathology Society of Japan, 1976, 42: 216—219.

[9] MACKILL D J, BONMAN J M. Inheritance of blast resistance in near-isogenic lines of rice[J]. Phytopathology, 1992, 82: 746—749.

[10] XIA J Q, CORRELL J C, LEE F N, et al. DNA fingerprinting to examine microgeographic variation in the *Magnaporthe grisea* (*Pyricularia grisea*) population in two rice fields in

Arkansas[J] . Phytopathology, 1993, 83: 1029— 1035.

[11] ZEIGLER R S, CUOC L X, SCOTT R P, et al. The relationship between lineage and virulence in *Pyricularia grisea* in the Philippines[J] . Phytopathology, 1995, 85: 443— 451.

[12] 范静华, 周惠萍, 陈建斌, 等. 稻瘟病菌遗传宗群致病性鉴定研究 A[J] . 喻盛甫, 朱有勇, 王家和, 等. 云南农业大学云南省植物病理重点实验室论文集(第三卷)[C] . 昆明: 云南科技出版社, 1999. 49— 56.

Identification and Evaluation of the Rice Resistance
to *Magnaporthe grisea* Populations

PAN Ru-qian, KANG Bi-jian

(College of Resources and Environment, South China Agric Univ., Guangzhou 510642, China)

Abstract:The resistance of hybrid rice combination to rice blast (*Magnaporthe grisea*) were identified and evaluated by combining the inter-organismal genetics method about the virulence frequency (VF), and the analysis of the pathogenicity association (PA) such as resistance association coefficient (RAC) and virulence association coefficient (VAC) with the traditional method of differential cultivars. The pathogen populations, which total number is 100 isolates, used for the identification and evaluation of the resistance were collected from the field in Guangdong province in 1998. The pathotype structures of this pathogen populations identified by the Chinese Differential Cultivars, consisted of four groups which can be subdivided into ten Chinese races. Among them, the race ZG1 was the most dominant race with the frequency of 31%, followed by ZC13 and ZC15 with the frequency of 28% and 21%, respectively. Fourteen hybrid rice combinations which will be extensively cultured in Guangdong province were inoculated respectively with all isolates of this population to identify their resistance. The results showed that ten combinations, such as Youyou 8821, Peizagui 99, Jinyou71, Youyou122, Yueyou8, Qingyou303, Zhan8S *303, Peiza 67, Youyou303 and Youchen2, were highly resistant to the blast population with respect to their low VF ((20%). The analysis of PA of these 10 highly resistant hybrid rice combinations revealed that only 34 pairs of them exhibited high resistance in terms of their higher RAC (≥ 0.80) and lower VAC (=0). These pairs could be extensively cultivated in Guangdong province. It was deduced that hybrid rice combinations Zhan8S *303 and Youchen2 probably have similar genetic background due to both of its high RAC and VAC value. The methods that could be used to identify and evaluate the rice resistance against rice blast were also discussed.

Key words: rice; rice blast disease; resistance; virulence frequency; analysis of pathogenicity association

【责任编辑 周志红】