

吴子帅, 李虎, 陈传华, 等. 常规籼稻品种的稻瘟病抗性基因及穗颈瘟抗性分析[J]. 华南农业大学学报, 2023, 44(5): 718-724.
WU Zishuai, LI Hu, CHEN Chuanhua, et al. Analysis of blast resistance genes and panicle neck blast resistances of conventional *indica* rice varieties[J]. Journal of South China Agricultural University, 2023, 44(5): 718-724.

常规籼稻品种的稻瘟病抗性基因及穗颈瘟抗性分析

吴子帅¹, 李 虎¹, 陈传华¹, 刘广林¹, 罗群昌¹, 覃孙骞², 朱其南¹

(1 广西农业科学院 水稻研究所/广西水稻遗传育种重点实验室, 广西南宁 530007; 2 来宾市农业科学院, 广西 来宾 546100)

摘要:【目的】明确常规籼稻品种资源所携带的稻瘟病抗性基因及抗性效应。【方法】利用 PARMS SNP 分型技术, 检测 14 个稻瘟病抗性基因在 121 份常规籼稻品种中的分布情况, 并进行田间穗颈瘟自然鉴定, 分析基因型和抗性的关系。【结果】大多数供试品种携带 2~6 个稻瘟病抗性基因, *Pi46* 和 *Pia* 的检出率较低, 分别为 3.3% 和 7.4%; *Pi54* 和 *Pi5* 检出率较高, 分别为 86.0% 和 67.8%; 所有供试品种均不携带 *Pi9*、*Pigm*、*Pik-m* 和 *Pik*。田间抗性鉴定结果表明, 供试品种的穗颈瘟抗性普遍较弱, 但广东品种的穗颈瘟抗性明显好于广西品种的; 携带的抗性基因数量与穗颈瘟抗性间相关性不显著; *Pi2* 和 *Pid3* 对穗颈瘟抗性贡献显著, 优势比值分别为 5.98 和 7.50; *Pi2*⁺*Pid3*⁺、*Pi2*⁺*Pi33*⁺ 和 *Pid3*⁺*Pi33*⁺ 组合的田间穗颈瘟抗性表现较好。【结论】本研究结果为两广籼稻区稻瘟病抗性基因聚合育种的亲本选择提供了理论支持, 为常规稻的合理布局提供了科学参考。

关键词: 籼稻; 稻瘟病抗性基因; 基因检测; 穗颈瘟

中图分类号: S511; S435.111.41

文献标志码: A

文章编号: 1001-411X(2023)05-0718-07

Analysis of blast resistance genes and panicle neck blast resistances of conventional *indica* rice varieties

WU Zishuai¹, LI Hu¹, CHEN Chuanhua¹, LIU Guanglin¹, LUO Qunchang¹, QIN Sunqian², ZHU Qi'nan¹

(1 Rice Research Institute, Guangxi Academy of Agricultural Sciences/Guangxi Key Laboratory of Rice Genetics and Breeding, Nanning 530007, China; 2 Laibin Academy of Agricultural Sciences, Laibin 546100, China)

Abstract: 【Objective】To indentify the blast resistance genes and resistance effects of conventional *indica* rice variety resources. 【Method】The distribution of 14 blast resistance genes in 121 conventional *indica* rice varieties were genotyped using PARMS SNP typing technology. Natural identification of panicle neck blast was conducted in the field, and the relationship between genotype and resistance was analyzed. 【Result】Most of the tested varieties carried 2–6 blast resistance genes. The detection rates of *Pi46* and *Pia* were 3.3% and 7.4%, respectively. The detection rates of *Pi54* and *Pi5* were 86.0% and 67.8%, respectively. None of the tested varieties carried *Pi9*, *Pigm*, *Pik-m*, or *Pik*. Field resistance identification showed the resistances to panicle neck blast of the tested varieties were generally weak, yet the resistances of Guangdong varieties were significantly higher than those of Guangxi varieties. There was no significant correlation between the number of resistance genes and the resistance to panicle neck blast. *Pi2* and *Pid3* had significant contributions on the resistance to

收稿日期: 2023-05-16 网络首发时间: 2023-09-11 15:49:18

首发网址: <https://link.cnki.net/urlid/44.1110.S.20230908.1619.006>

作者简介: 吴子帅, 助理研究员, 硕士, 主要从事水稻分子育种研究, E-mail: 631369545@qq.com; 通信作者: 陈传华, 研究员, 主要从事优质常规稻新品种选育研究, E-mail: 549292602@qq.com; 刘广林, 研究员, 主要从事优质常规稻新品种选育研究, E-mail: 350595613@qq.com

基金项目: 广西重点研发计划 (桂科 AB21238007); 广西创新驱动发展专项 (桂科 AA22068087-6); 广西农业科学院基本科研业务专项资助 (桂农科 2023YM61); 国家现代农业产业体系广西创新团队建设项目 (nycytxgxcxt-2021-01-03)

panicle neck blast, with the odds ratios of 5.98 and 7.50, respectively. The combinations of $Pi2^+Pid3^+$, $Pi2^+Pi33^+$ and $Pid3^+Pi33^+$ showed higher resistance to panicle neck blast. 【Conclusion】 The results of this study provides a theoretical support for the parent selection of pyramiding breeding using rice blast resistance genes in the *indica* rice regions of Guangdong and Guangxi, and provides scientific references for the rational layout of conventional rice.

Key words: *Indica* rice; Rice blast resistance gene; Gene detection; Panicle neck blast

由稻瘟病菌 *Magnaporthe oryzae* 引起的真菌病害稻瘟病是水稻重要病害之一, 一般情况下发病会造成 10%~20% 的减产, 流行年份可造成 50% 以上减产, 严重影响水稻产量和品质, 被称为“水稻癌症”^[1-2]。根据稻瘟病发生的时期和部位, 可分为苗瘟、叶瘟、节瘟和穗颈瘟等, 其中穗颈瘟对水稻生产的危害最大, 穗颈瘟一般发生在抽穗破口前, 病菌侵入穗颈部并逐渐蔓延, 阻断养分通道, 严重威胁产量甚至造成绝收^[3-4]。通过大量使用化学农药防治稻瘟病, 不仅成本高, 还易造成环境污染和农药残留超标, 不利于生态环境和食品安全^[5], 且应用较广的三环唑、春雷霉素等均为预防性药剂, 对防治窗口期短的穗颈瘟难以取得良好效果^[6], 聚合多个稻瘟病抗性基因、培育高抗品种是公认防控稻瘟病最经济、环保、有效的方式^[7]。挖掘抗性基因是开展多基因聚合育种的重要前提, 目前已鉴定的稻瘟病抗性基因超 100 个, 已克隆的有 39 个^[8], 这为抗性基因的检测和利用提供了重要保障。抗病品种的选育依赖于抗病资源的发掘与利用。李刚等^[9]鉴定了 544 份水稻种质资源的稻瘟病抗性水平及其携带的主效抗性基因, 指出品种的抗性与其抗性基因种类密切相关, $Pi5$ 、 $Pita$ 、 $Pi9$ 和 Pib 对其研究所用的 6 个强致病小种抗性表现较好; 朱业宝等^[10]对 156 份外引水稻种质资源进行田间自然诱发鉴定和稻瘟病抗性基因检测, 结果表明携带 $Pi9$ 和 $Pi2$ 的水稻资源的综合抗性较好, “ $Pi9+Pi5+Pik-m+Pia$ ”、“ $Pi5+Pib+Pita+Pik-m+Pia$ ”和“ $Pi2+Pi54+Pib+Pita+Pik-m+Pia$ ”组合的稻瘟病综合抗性较好; 王小秋等^[11]分析了稻瘟病抗性基因在 195 个粳稻新品种/系中的分布情况, 指出供试品种对穗颈瘟的抗性主要与 Pia 、 $Pi5$ 和 $Pita$ 显著相关, 抗性基因组合“ $Pia+Pita$ ”在江苏粳稻抗穗颈瘟育种中有重要应用价值; 此外, 周坤能等^[12]、陈晴晴等^[13]、王晓玲等^[14]、潘争艳等^[15]分别对 153 份安徽粳稻、252 份长江中下游区试品种、82 份江西粳籼骨干亲本、260 份辽宁粳稻进行稻瘟病抗性基因检测及抗性鉴定, 这些研究结果为各地抗性亲本的选择和品种的合

理布局提供了良好的理论参考。但目前针对两广籼稻区优质常规稻育种骨干亲本的稻瘟病抗性基因及穗颈瘟抗性分析的研究鲜见报道。本研究以 121 份广西、广东历年审定的常规籼稻为材料, 进行田间穗颈瘟抗性鉴定及 $Pi2$ 、 $Pi5$ 、 $Pi9$ 、 $Pi33$ 、 $Pi46$ 、 $Pi54$ 、 Pib 、 $Pid3$ 、 $Pigm$ 、 Pit 、 $Pita$ 、 Pia 、 $Pik-m$ 和 Pik 等 14 个稻瘟病抗性基因的分子鉴定, 分析它们的基因型与抗性的关系, 旨在为抗性基因聚合育种的亲本选择提供支持, 为常规稻的合理布局提供理论参考。

1 材料与方法

1.1 试验材料

试验材料为 121 份广西农业科学院水稻研究所优质常规稻育种研究室收集保存的常规籼稻, 包括 75 份 2000—2021 年广西审定品种和 46 份 1999—2020 年广东审定品种。这些材料一方面曾作为华南稻区的主栽或主推品种, 另一方面也是目前广西优质稻育种的骨干亲本。‘桂育 6 号’为广西水稻品种区试稻瘟病抗性鉴定所用的诱发材料。

1.2 试验方法

1.2.1 稻瘟病抗性基因检测 采用五引物扩增受阻突变体系 (Penta-primer amplification refractory mutation system, PARMS) SNP 分型技术进行 $Pi2$ 、 $Pi5$ 、 $Pi9$ 、 $Pi33$ 、 $Pi46$ 、 $Pi54$ 、 Pib 、 $Pid3$ 、 $Pigm$ 、 Pit 、 $Pita$ 、 Pia 、 $Pik-m$ 和 Pik 等 14 个稻瘟病抗性基因的检测, DNA 提取采用常规的 CTAB 法, PCR 反应体系 10 μ L, 35 个循环, 分子特异性标记引物由武汉市景肽生物科技有限公司提供。PCR 完成后, 以 FAM 和 HEX 作为报告荧光, ROX 作为参比荧光, 用 TECAN infinite F200 酶标仪读取荧光信号, 解析转换荧光信号得到清晰直观的分型图, 并根据颜色不同, 输出基因型结果^[5, 16]。具体检测委托武汉市景肽生物科技有限公司进行。

1.2.2 稻瘟病田间抗性鉴定 自然诱发鉴定于 2022 年早稻在广西壮族自治区来宾市金秀瑶族自治县罗香乡琼伍村旱田屯 (110.09°E、24.39°N) 进行, 该试验地处山谷丘陵, 海拔 270 m, 雾大露重, 稻分蘖盛期日平均气温为 20~25 $^{\circ}$ C, 相对湿度为

90% 以上, 具有诱发稻瘟病的有利环境条件。每份材料种植 1 个小区, 每小区 10 行, 每行 4 株, 小区两边各插 1 列诱发材料, 株行距 20.0 cm×13.0 cm, 小区随机排列, 重复 3 次。除不进行稻瘟病防治外, 田间其他管理同一般水田。于黄熟初期按《水稻品种试验稻瘟病抗性鉴定与评价技术规程 (NY/T2646—2014)》^[17] 的方法调查穗颈瘟, 并按该标准中的“水稻穗颈瘟单穗损失率 0~9 级分级标准”和“水稻穗颈瘟发病率群体抗性分级标准”对材料进行穗颈瘟抗性分级, 以 3 次重复中感病最严重的程度作为鉴定结果。

1.3 统计分析

采用办公软件 WPS 对研究中获得的各类数据进行整理和作图。以 DPS v9.01 进行统计分析, 采用 LSD 法检测差异显著性。

采用 SPSS statistics 26 进行逻辑回归分析^[11], 将供试材料田间穗颈瘟抗级≤3 的定义为 1, > 3 的定义为 0, 携带某抗性基因定义为 1, 不携带该抗性基因定义为 0, 得到数据表后对单个基因进行逻辑回归分析及卡方检测, 获得各基因与抗性间的回归系数 (B)、显著性检验的 P 值、优势比 (Odds ratio,

OR) 和 95% 置信区间 (Confidence interval, CI)。

2 结果与分析

2.1 稻瘟病抗性基因检测

利用 PARMS SNP 分型技术对稻瘟病抗性基因 *Pi2*、*Pi5*、*Pi9*、*Pi33*、*Pi46*、*Pi54*、*Pib*、*Pid3*、*Pigm*、*Pit*、*Pita*、*Pia*、*Pik-m* 和 *Pik* 的检测结果 (图 1) 表明, 所有供试品种均不携带 *Pi9*、*Pigm*、*Pik-m* 和 *Pik*, 其余 10 个抗性基因则有不同程度的分布; 供试品种中, *Pi46* 和 *Pia* 的检出率较低, 分别为 3.3% 和 7.4%, *Pi54* 检出率高达 86.0%, *Pi5* 检出率为 67.8%, 其他基因检出率在 18%~46% 之间; 就品种而言 (图 2), 携带了 2~5 个基因的品种占总数的 86.0%, 携带 1 个基因的品种有 7 份, 均为广西品种, 携带 7 个基因的品种有 2 份, 均为广东品种。以上结果表明, 供试品种在携带已知稻瘟病抗性基因上存在明显差异, *Pi54* 和 *Pi5* 的应用较广, *Pi9*、*Pigm*、*Pik-m* 和 *Pik* 在供试品种中尚没有被利用。

2.2 稻瘟病抗性基因在不同类型供试品种中的应用情况

为分析不同地域环境、审定年份的品种间携带

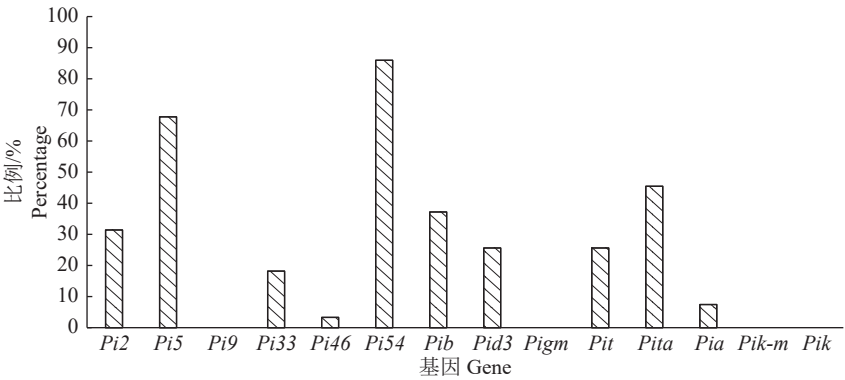


图 1 抗性基因在供试品种中的分布频率

Fig. 1 Distribution frequency of resistance genes in tested varieties

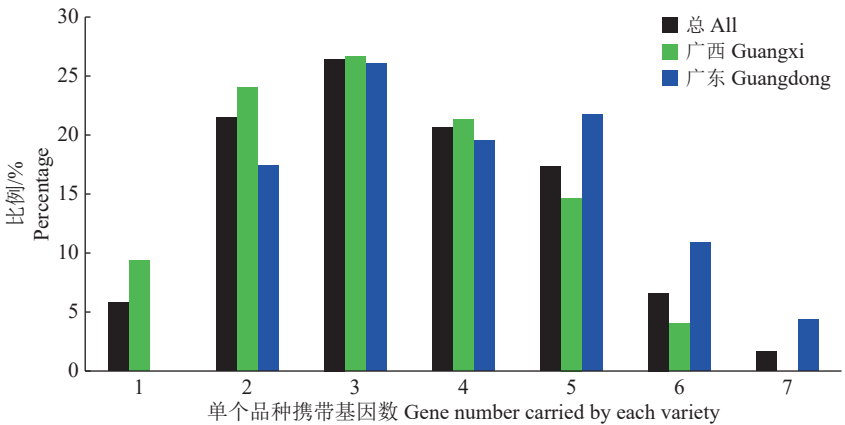


图 2 供试品种携带不同抗性基因数分布

Fig. 2 Distribution of resistance gene number carried by tested varieties

的抗性基因是否存在差异, 比较除供试品种都不携带的 *Pi9*、*Pigm*、*Pik-m* 和 *Pik* 外其他抗性基因在不同类型供试品种中的分布, 结果 (表 1) 显示, 2011 年后的广西品种较 2011 年前相比, *Pi2*、*Pi5*、*Pid3* 和 *Pit* 出现频率分别提高 22.7、22.8、18.2 和 20.3 个百分点, 特别是 *Pi5* 在 2011 年后出现频率达 84.1%, 而 *Pi46* 和 *Pita* 出现频率分别降低 12.9 和 15.2 个百分点; 2011 年后的广东品种较 2011 年前相比, *Pi2*、*Pi33*、*Pib* 和 *Pid3* 出现频率分别提高 42.7、16.2、20.4 和 35.4 个百分点, 特别是 *Pi2* 在 2011 年后出现频率达 85.0%, 而 *Pi5* 和 *Pita* 出现频率分别降低 29.2 和 22.7 个百分点; 综合比较广西和广东品种间抗性基因分布频率, *Pi2* 和 *Pid3* 在广西品种中出现频率比广东品种分别低 47.6 和 39.3 个百分点, 而 *Pi5* 在广西品种中出现频率高出广东品种 18.2 个百分点。以上结果表明, 多数抗性基因在不同类型品种中应用基本相近, 广东常规稻选育中主要是对抗性基因 *Pi2*、*Pi5*、*Pi54*、*Pid3* 和 *Pita* 的利用, 广西常规稻选育中主要是对抗性基因 *Pi5*、*Pi54* 和 *Pita* 的利用, 而 2011 年后广西的常规稻选育中对 *Pi2* 和 *Pid3* 的利用也明显提升。

2.3 供试品种穗颈瘟抗性分析

穗颈瘟田间抗性调查结果 (表 2) 显示, 供试品种中没有高抗穗颈瘟的品种, 中抗+抗的品种有 25 份, 占比 20.6%, 感+高感的比例高达 51.3%; 广西的供试品种没有达高抗或抗水平的, 中抗品种也仅占比 10.7%, 感+高感的比例高达 64.0%; 广东的供试品种中抗+抗的品种有 17 份, 占比 37.0%, 感+高感的品种有 14 份, 占比 30.4%。以上结果表明, 供试品种的穗颈瘟抗性普遍较弱, 相比之下, 广东供试品种的穗颈瘟抗性总体明显好于广西供试品种。

2.4 携带的抗性基因数量与穗颈瘟抗性相关分析

供试品种携带的抗性基因数量与抗级间的相关分析显示 (图 3a), 二者间的决定系数 $R^2=0.4393$, 未达统计显著水平 ($P=0.105$), 表明抗性基因数量与穗颈瘟抗性间的相关性不显著。进一步比较抗的 (抗级 ≤ 3) 和感的 (抗级 ≥ 5) 供试品种间携带的抗性基因数差异 (图 3b), 发现 2 类品种携带的平均抗性基因数分别为 3.92 和 3.38, 差异不显著 ($P=0.085$)。同时在供试品种中也发现携带的抗性基因数量少却能达到中抗及以上水平的品种, 及携带抗性基因数量多却表现中感以下的品种。因此对品种的穗颈

表 1 不同类型供试品种间抗性基因分布频率

Table 1 Distribution frequency of resistance genes in different types of tested varieties										%
品种类型 Type of variety	<i>Pi2</i>	<i>Pi5</i>	<i>Pi33</i>	<i>Pi46</i>	<i>Pi54</i>	<i>Pib</i>	<i>Pid3</i>	<i>Pit</i>	<i>Pita</i>	<i>Pia</i>
广西品种 Guangxi varieties	13.3	74.7	22.7	5.3	81.3	33.3	10.7	28.0	44.0	5.3
广东品种 Guangdong varieties	60.9	56.5	10.9	0	84.3	43.5	50.0	21.7	47.8	10.9
2011年前广西品种 Guangxi varieties before 2011	0	61.3	25.8	12.9	80.6	32.3	0	16.1	51.6	6.5
2011年前广东品种 Guangdong varieties before 2011	42.3	69.2	3.8	0.0	92.3	34.6	34.6	23.1	57.7	7.7
2011年后广西品种 Guangxi varieties after 2011	22.7	84.1	20.5	0.0	81.8	34.1	18.2	36.4	36.4	4.5
2011年后广东品种 Guangdong varieties after 2011	85.0	40.0	20.0	0.0	95.0	55.0	70.0	20.0	35.0	15.0

表 2 供试品种穗颈瘟抗级分布频率

Table 2 Distribution frequency of resistance level to panicle neck blast in tested varieties							%
品种类型 Type of variety	0 (高抗 Highly resistant)	1 (抗 Resistant)	3 (中抗 Medium resistant)	5 (中感 Medium susceptible)	7 (感 Susceptible)	9 (高感 Highly susceptible)	
总供试品种 All tested varieties	0	4.9	15.7	28.1	18.2	33.1	
广西品种 Guangxi varieties	0	0	10.7	25.3	18.7	45.3	
广东品种 Guangdong varieties	0	13.1	23.9	32.6	17.4	13.0	

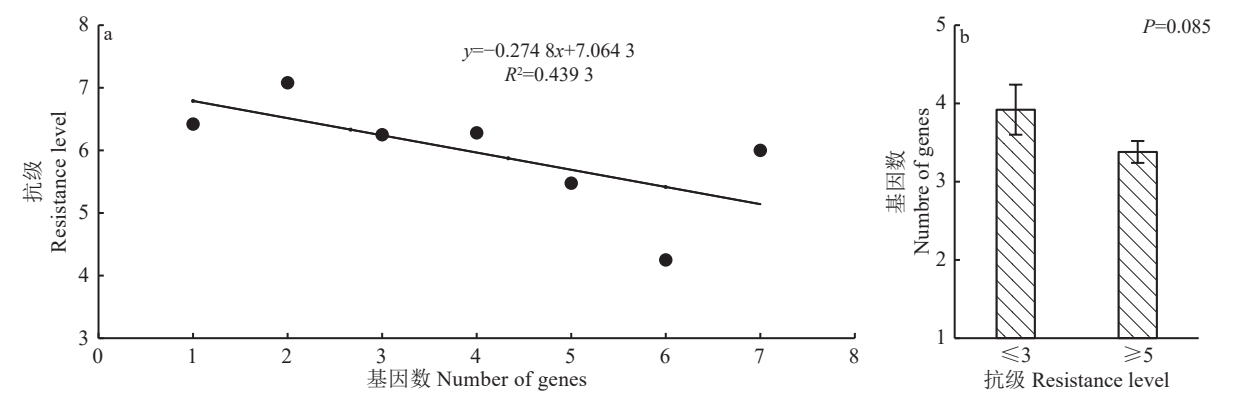


图 3 品种携带抗性基因数量与抗级间的关系分析

Fig. 3 Analysis of the resistance gene number carried by each variety and resistance level

瘟抗性改良，除简单的抗性基因聚合外，还应考虑不同遗传背景下抗性基因的强弱及组合效应。

2.5 稻瘟病抗性基因对穗颈瘟抗性贡献分析

采用逻辑回归法分析各基因对穗颈瘟抗性的贡献，结果见图 4a，*Pi2* 与穗颈瘟抗性间的回归系数 (*B*) 为 1.79，达到极显著 ($P=0.00$)，*Pid3* 与穗颈瘟抗性间的 *B* 为 2.01，达到极显著 ($P=0.00$)，表明在单基因水平上 *Pi2* 和 *Pid3* 对抗性有显著贡献；*Pi2*

和 *Pid3* 的优势比 (OR) 分别为 5.98 和 7.50，表明携带 *Pi2*、*Pid3* 对抗性的贡献是不携带 *Pi2*、*Pid3* 的 5.98 与 7.50 倍。进一步分析 (图 4b) 显示，携带 *Pi2* (*Pi2*⁺) 的品种平均抗级为 4.58，不携带 *Pi2* (*Pi2*⁻) 的品种平均抗级为 6.90，差异极显著，携带 *Pid3* (*Pid3*⁺) 的品种平均抗级为 4.35，不携带 *Pid3* (*Pid3*⁻) 的品种平均抗级为 6.80，差异极显著，而其他基因的携带与否，造成的抗级差异均不显著。

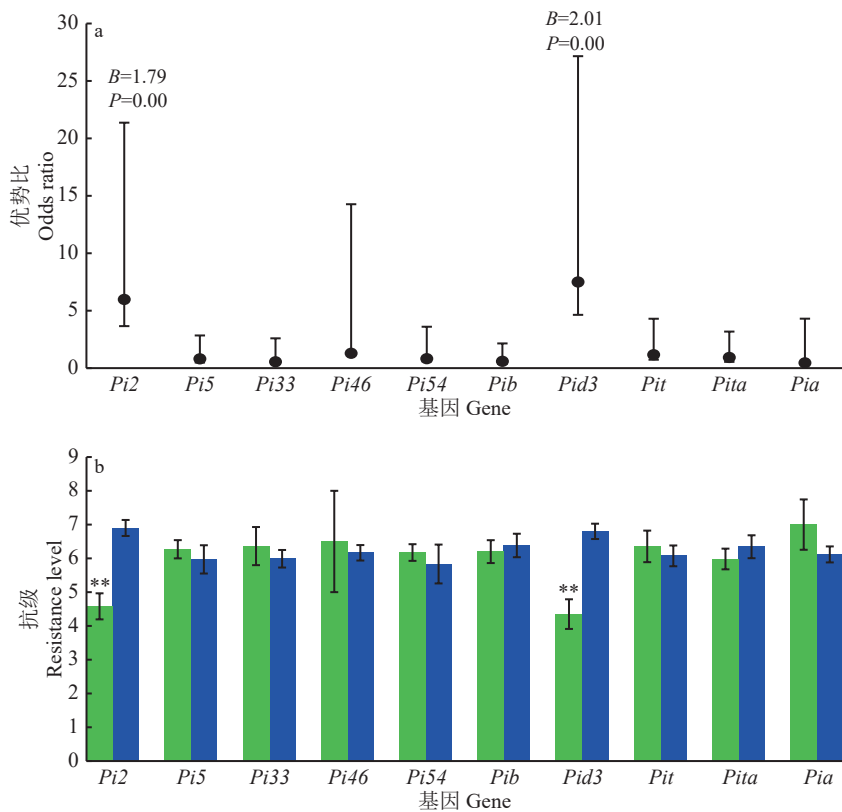


图 a 中黑点上下黑线分别为各优势比的 95% 置信区间；图 b 中绿色柱表示携带某基因的平均抗级，蓝色柱表示不携带某基因的平均抗级，“**”表示与不携带该基因的材料差异显著 ($P<0.01$, *t* 检验)

In figure a, the black lines above and below each black dot represent the 95% confidence intervals for each odds ratio; In figure b, the green column represents the average resistance of carrying a certain gene, the blue column represents the average resistance level of not carrying a certain gene, and “**” indicates significant difference from the material not carrying the gene ($P<0.01$, *t* test)

图 4 单个抗性基因对穗颈瘟抗性贡献的逻辑回归分析 (a) 及平均抗级 (b)

Fig. 4 Logistic regression analysis of contribution to resistance (a) and average resistance (b) of single gene to panicle neck blast

2.6 稻瘟病抗性基因组合效应分析

分析抗性基因间的聚合叠加效应, 结果 (图 5) 显示, $Pi2^+Pid3^+$ 平均抗级 4.35, $Pi2^+Pid3^-$ 的平均抗级 5.57, $Pi2^+$ 的平均抗级 4.58, 表明聚合 $Pi2$ 和 $Pid3$ 能增强抗病效应; $Pi2^+Pi33^+$ 平均抗级低于 $Pi2^+Pi33^-$ 和 $Pi2^+$ 的平均抗级, $Pid3^+Pi33^+$ 平均抗级低

于 $Pid3^+Pi33^-$ 的平均抗级, 表明在携带 $Pi2$ 和 $Pid3$ 的材料中聚合 $Pi33$ 能一定程度上增强抗病效应。此外, 5 个 $Pi2^+Pi33^+Pi54^+$ 的供试品种平均抗级 3.0, 田间穗颈瘟鉴定无感~高感的情况, 1 个 $Pi2^+Pi33^+Pi54^-$ 的供试品种抗级 9.0, 表明 $Pi54$ 也可能使 $Pi2^+Pi33^+$ 的抗病效应增强。

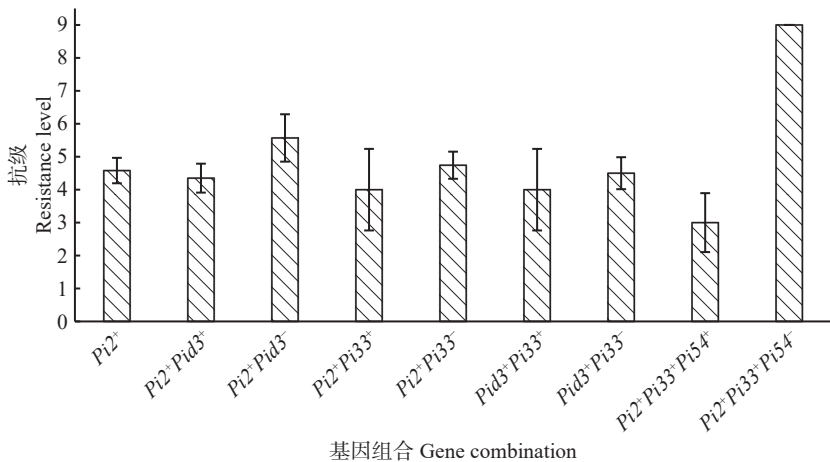


图 5 不同稻瘟病抗性基因组合的抗级差异
Fig. 5 Resistance level of different rice blast gene combinations

3 讨论与结论

稻瘟病生理小种复杂多变, 不同的水稻种植区域优势小种构成往往不同, 稻瘟病抗性基因在面对不同的生理小种时表现的抗性也不尽相同, 培育广谱、持久抗性的水稻品种是防控稻瘟病的重要措施。而抗性基因鉴定及田间抗性分析, 能较快掌握目标基因的分布状态和潜在的育种价值, 是水稻育种资源鉴定的重要基础。

陆展华等^[18]对广东省主栽品种的稻瘟病抗性基因及田间抗性鉴定表明, $Pi2$ 的检出率为 17.6%, 且抗性贡献显著, Pib 和 $Pita$ 的检出率虽高, 但抗性贡献低; $Pi9$ 作为广谱抗性基因, 对大多数国家的生理小种均表现出较好的抗性^[19-20], 但 $Pi9$ 在国内育种上的应用差异较大, 在东北稻区粳稻品种中检出率高达 45.8%^[21], 而在广东籼稻主栽品种中未鉴定到^[22], Tian 等^[23]研究也认为 $Pi9$ 还未广泛应用于我国籼稻品种。本研究结果发现, 来源于两广地区的供试粳型常规稻品种均不携带 $Pi9$, $Pi2$ 的检出率为 31.4%, 逻辑回归分析表明 $Pi2$ 对穗颈瘟抗性贡献极显著, Pib 和 $Pita$ 的检出率分别为 37.2% 和 45.5%, 均对穗颈瘟抗性贡献不显著, 本研究与上述研究结论是一致的, 说明 Pib 和 $Pita$ 对两广籼稻区的生产应用价值降低, 应持续加强对 $Pi2$ 的应用, 并挖掘 $Pi9$ 在两广籼稻区抗病品种选育及生产上的应用潜力。主效稻瘟病抗性基因 Pik 及其等位基因 $Pik-m$

对国内多个生理小种都有良好的抗性^[24], $Pik-m$ 和 Pik 对广东、湖南、四川、江苏等稻瘟菌株的抗性频率达到 90% 以上^[25], 广谱抗性基因 $Pigm$ 是一个与 $Pi2$ 等位、抗谱差异显著的基因, 对稻瘟病抗性改良有重要应用价值^[26], 本研究结果发现供试品种均不携带 $Pik-m$ 、 Pik 和 $Pigm$, 暗示着两广籼稻区抗病品种选育及生产可尝试对 $Pik-m$ 、 Pik 和 $Pigm$ 的利用。 $Pid3$ 是从‘谷梅 2 号’中克隆的一个广谱稻瘟病抗性基因, 在抗病品种改良中具有重要的利用价值^[27], 本研究结果表明, $Pid3$ 对穗颈瘟抗性贡献显著, 供试品种中 $Pid3$ 的平均检出率为 25.6%, 2011 年前后广西供试品种中 $Pid3$ 的检出率从 0 提高到 18.2%, 2011 年前后广东供试品种中 $Pid3$ 的检出率从 34.6% 提高到 70.0%, 说明对 $Pid3$ 在抗病育种中的重视和利用逐渐加强。

本研究结果发现, 对穗颈瘟抗性贡献显著的 $Pi2$ 和 $Pid3$ 在广东品种中的应用明显高于广西品种, 这是广东品种田间穗颈瘟抗性表现明显好于广西品种的重要原因之一。2011 年以前广西品种对 $Pi2$ 和 $Pid3$ 的利用为 0, 2011 年之后广西常规稻品种选育中加强了对这 2 个基因的利用, 这也是广西常规稻品种稻瘟病抗性提升的重要原因之一。

利用分子标记辅助选择是水稻新品种选育的高效手段, 聚合多个稻瘟病抗性基因是改良品种抗性的常用方法, 陈晴晴等^[13]研究表明, 聚合 3 个抗性基因的穗颈瘟抗病率比 1 个基因时上升 54.3%,

但更多的研究认为,携带的抗性基因数与稻瘟病抗性之间并不呈显著的负相关^[11-12],抗性基因的聚合并非简单的抗谱叠加,应选择抗性好、抗谱互补的基因进行聚合,不仅能拓宽抗谱,还能提高对一些生理小种的抗性^[28]。与前人研究结果一致,本研究结果表明,携带的抗性基因数量与穗颈瘟抗性间相关性不显著,对穗颈瘟的抗性改良,除简单的抗性基因聚合外,还应该充分考虑不同遗传背景下抗性基因的强弱及基因间的互作效应,而本研究对稻瘟病抗性基因组合效应分析发现,*Pi2⁺Pid3⁺*、*Pi2⁺Pi33⁺*和 *Pid3⁺Pi33⁺*组合的穗颈瘟抗性表现较好。此外本研究中 6 个 *Pi2⁺Pi33⁺Pi54⁻*的供试品种平均抗级 3.0,唯一一个 *Pi2⁺Pi33⁺Pi54⁻*的供试品种抗级 9.0,是否是 *Pi54* 的存在增强了 *Pi2⁺Pi33⁺*的抗性,还需更多的样本支撑。

参考文献:

[1] 夏小东,袁筱萍,余汉勇,等.中国稻种资源初级核心种质对稻瘟病的抗性聚类分析[J]. 华南农业大学学报, 2011, 32(2): 39-43.

[2] 何峰,张浩,刘金灵,等.水稻抗稻瘟病天然免疫机制及抗病育种新策略[J]. 遗传, 2014, 36(8): 756-765.

[3] 张影,朴日花,陈莫军,等.水稻抗稻瘟病分子机制及分子育种研究进展[J/OL]. 分子植物育种, 2022, <https://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.s.20220711.1634.006.html>.

[4] 王小军,王丽锋.水稻穗颈瘟发病特征、原因及其对策浅析[J]. 安徽农学通报, 2010, 16(2): 90-91.

[5] 刘军化,黄成志,蒋静玥,等.87 份水稻材料中抗稻瘟病基因的分子检测[J]. 西南农业学报, 2022, 35(9): 2030-2037.

[6] 卢宣君,苏珍珠,刘小红,等.稻瘟病菌致病机制及绿色防控新策略[J]. 浙江大学学报(农业与生命科学版), 2022, 48(6): 721-730.

[7] 杨瑰丽,张瑞祥,王慧,等.利用分子标记辅助选择改良水稻保持系香味和稻瘟病抗性[J]. 华南农业大学学报, 2022, 43(3): 9-17.

[8] 李晓蓉,苏思荣,张银霞,等.*Pita*、*Pib* 在宁夏及引进水稻种质资源中的分布及与穗颈瘟抗性的关系[J]. 河南农业科学, 2022, 51(10): 25-35.

[9] 李刚,袁彩勇,曹奎荣,等.544 份水稻种质稻瘟病抗性鉴定及抗性基因的分布研究[J]. 中国农业大学学报, 2018, 23(5): 22-28.

[10] 朱业宝,方珊茹,沈伟峰,等.国外引进水稻种质资源的稻瘟病抗性基因检测与评价[J]. 植物遗传资源学报, 2020, 21(2): 418-430.

[11] 王小秋,杜海波,陈夕军,等.江苏近年育成粳稻新品种/系的稻瘟病抗性基因及穗颈瘟抗性分析[J]. 中国水稻科学, 2020, 34(5): 413-424.

[12] 周坤能,张彩娟,夏加发,等.长江中下游地区粳稻稻瘟病基因型与苗瘟抗性分析[J]. 核农学报, 2022, 36(10): 1920-1928.

[13] 陈晴晴,杨雪,张爱芳.长江中下游区试水稻品种稻瘟病抗性评价及抗性基因检测[J]. 南方农业学报, 2022, 53(1): 21-28.

[14] 王晓玲,吴婷,唐书升,等.82 份籼粳稻骨干亲本抗稻瘟病基因的分子检测[J]. 热带作物学报, 2021, 42(5): 1199-1208.

[15] 潘争艳,邱福林,吕桂兰,等.辽宁省粳稻品种稻瘟病抗性基因分析[J]. 中国水稻科学, 2019, 33(3): 241-248.

[16] YE S, DHILLON S, KE X, et al. An efficient procedure for genotyping single nucleotide polymorphisms[J]. *Nucleic Acids Research*, 2001, 29(17): e88.

[17] 中华人民共和国农业部.水稻品种试验稻瘟病抗性鉴定与评价技术规程: NY/T 2646—2014[S]. 北京: 中国标准出版社, 2014.

[18] 陆展华,付魏魏,刘维,等.广东省主栽水稻品种稻瘟病主效抗性基因的鉴定及分析[J]. 植物病理学报, 2020, 50(6): 711-722.

[19] INUKAI T, NELSON R J, ZEIGLER R S, et al. Allelism of blast resistance genes in near-isogenic lines of rice[J]. *Phytopathology*, 1994, 84(11): 1278-1283.

[20] DENG Y, ZHU X, SHEN Y, et al. Genetic characterization and fine mapping of the blast resistance locus *Pigm(t)* tightly linked to *Pi2* and *Pi9* in a broad-spectrum resistant Chinese variety[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2006, 113(4): 705-713.

[21] 邹德堂,姜思达,赵宏伟,等.广谱抗性基因 *Pi9* 在黑龙江省水稻品种中的分布[J]. 东北农业大学学报, 2016, 47(7): 1-8.

[22] 汪文娟,周继勇,汪聪颖,等.八个抗稻瘟病基因在华南籼型杂交水稻中的分布[J]. 中国水稻科学, 2017, 31(3): 299-306.

[23] TIAN D G, CHEN Z J, CHEN Z Q, et al. Allele-specific marker-based assessment revealed that the rice blast resistance genes *Pi2* and *Pi9* have not been widely deployed in Chinese indica rice cultivars[J]. *Rice*, 2016, 9(1): 19.

[24] ZHAI C, LIN F, DONG Z, et al. The isolation and characterization of *Pik*, a rice blast resistance gene which emerged after rice domestication[J]. *New Phytologist*, 2011, 189(1): 321-334.

[25] WANG L, XU X, LIN F, et al. Characterization of rice blast resistance genes in the *Pik* cluster and fine mapping of the *Pik-p* locus[J]. *Phytopathology*, 2009, 99: 900-905.

[26] 于苗苗,戴正元,潘存红,等.广谱稻瘟病抗性基因 *Pigm* 和 *Pi2* 的抗谱差异及与 *Pi1* 的互作效应[J]. 作物学报, 2013, 39(11): 1927-1934.

[27] 黎玲,吕启明,彭志荣,等.籼型水稻中稻瘟病抗性基因分布及抗性研究[J]. 杂交水稻, 2022, 37(1): 30-37.

[28] 宛柏杰,刘凯,赵绍路,等.水稻抗稻瘟病基因 *Pi-ta*、*Pi-b*、*Pigm* 和 *Pi54* 在骨干亲本中的分布以及对穗颈瘟抗性的作用[J]. 西南农业学报, 2020, 33(1): 1-6.