

用不同类型的水稻鉴别品种鉴定江苏稻瘟病菌的致病性

周益军¹ 程兆榜¹ 范永坚¹ 王金生² 陈毓苓¹ 张文荟¹

(¹江苏省农业科学院植物保护研究所, 江苏南京 210014; ²南京农业大学植物病理系, 江苏南京 210095)

摘要 根据DNA指纹图谱和系谱, 从1999年采集的96个江苏稻瘟菌株中选择44个菌株进行致病性测定。它们被鉴定为7个生理小种。用日本清泽系列单基因鉴别品种和LTH近等基因系(NLs)鉴别品种分析, 分别产生27和10个致病类型, CO39NLs对江苏菌株几乎没有鉴别作用。分析结果可见供试菌株之间致病性差异极大。研究表明, 发展包含较多抗病基因的近等基因系鉴别品种能准确地反映病原菌致病性以及合理评价和利用相关抗性基因。

关键词 稻瘟病菌; 遗传系谱; 致病性; 鉴别品种

中图分类号: S511 文献标识码: A

Study on the Pathogenicity of *Magnaporthe grisea* Collected from Jiangsu with Four Sets of Differentials

ZHOU Yi-Jun¹ CHENG Zhao-Bang¹ FAN Yong-Jian¹ WANG Jin-Sheng² CHEN Yu-Ling¹
ZHANG Wen-Hui¹

(¹ Institute of Plant Protection, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing 210014, China; ² Department of Plant Pathology, Nanjing Agricultural University, Nanjing 210095, China)

Abstract 44 representative isolates of *M. grisea* were chosen from 96 isolates collected from rice in Jiangsu in 1999 according to rep-PCR fingerprints, host varieties and collection areas. The pathogenicity was studied with 4 sets of differentials. The results indicated that the Chinese race differentials, the Tsunematsu mono-resistance-gene lines from Japan and the LTH-NLs could differentiate the 44 isolates into 7, 27 and 10 pathogenic types respectively, while CO39NLs showed poor differentiating ability. The results also revealed that there existed many differences in the scope of the pathogenicity of different isolates. It is suggested that the inclusion of improvement of more resistance genes into the NL differentials might lead to more accurate appraising of the pathogenicity of the pathogen and resistance genes of the rice varieties.

Key words *Magnaporthe grisea*; Genetic lineages; Pathogenicity; Differential varieties

水稻稻瘟病菌 (*Magnaporthe grisea*, 无性世代为 *Pyricularia grisea*) 存在着品种专化性及致病性的分化, 给抗病品种的选育和推广带来极大的困难。对于稻瘟病致病性的稳定性的认识目前仍然存在着两种不同的观点, 一种观点认为稻瘟病菌的致病性是复杂多变的, 另一种则认为稻瘟病菌的生理小种是相对稳定的。从田间稻瘟病菌类群的群体来看, 稻瘟病菌的动态变化是显而易见的。因此, 对稻瘟

病菌致病性测定和生理小种监测一直受到稻瘟病研究工作者的重视。20世纪60年代以来, 各国先后确立了一些对稻瘟病菌致病性测定的鉴别品种, 我国于80年代建立了一套适合我国稻瘟病生理小种的鉴别体系, 对抗病品种的培育和推广起到了积极指导作用^[1,2]。但因其鉴别品种遗传背景复杂, 所含抗病基因的类型不清楚, 很难用于对生产上的水稻品种进行抗病基因型的准确评价。随着研究工作

基金项目: ADB-IRRI国际合作项目(RET/3711)、江苏省国际合作项目(BS2000732)、863合作项目(Z16-03M)、国家“十五”攻关项目(2001BA509B02)。

作者简介: 周益军(1957-), 男, 博士, 研究员, 主要从事水稻病害研究。E-mail: yjzhou@jaas.ac.cn

Received on (收稿日期): 2001-12-18, Accepted on (接受日期): 2002-05-21

的深入, 近年来一些国家的研究者先后发展了单基因鉴别品种和近等基因系(N L s)鉴别品种^[3,4], 使人们能够从更高水平上认识和应用不同的抗瘟基因, 为病害监测和控制发挥了重要作用。合理地评价不同鉴别品种对江苏稻瘟病菌致病性的监测作用, 发展更适合江苏稻瘟病菌监测和品种抗病基因分析的鉴别体系是必要的。本研究旨在比较不同类型的几套鉴别品种对稻瘟病菌的抗、感反应, 结合稻瘟病菌的分子遗传系谱分析, 合理地评价这些鉴别品种对江苏稻瘟病菌致病性的监测作用, 为发展更适合江苏稻瘟病菌监测和品种抗病基因分析的鉴别体系提供依据。

1 材料及方法

1.1 供试菌株

1999 年从江苏五大稻区采集稻瘟病菌株样品经单孢分离后, 根据 rep-PCR 指纹图谱分析选择具有不同 DNA 指纹图谱, 来源于不同品种和不同稻区的代表性菌株 44 个供致病性测定。js0-01~ js0-12 采自通州, js0-13~ js0-15 采自宜兴, js0-16~ js0-24 采自高邮, js0-25 ~ js0-36 采自赣榆,

js0-37~ js0-44 采自吴江。所属系谱^[5]在研究结果表 1~ 3 中均注明。

1.2 供试品种

用于致病性测定的鉴别品种为中国统一稻瘟病菌生理小种鉴别品种(7 个, 由本所繁殖保存)、日本清泽系列单基因鉴别品种(13 个, 由中国水稻所提供)、菲律宾国际水稻研究所(RR I)和中国农科院作物所研制培育的近等基因系鉴别品种(CO 39 N L s 6 个, L T H N L s 7 个, 由 R R I 提供)。这些品种对不同生理小种的鉴别作用以及所含有的抗病基因类型见文献[5, 6]。

1.3 rep-PCR 指纹图谱及系谱分析

详见文献[5]。

1.4 稻瘟病菌致病性测定

用单孢菌株在产孢培养基(玉米粉、稻秆粉培养基)上培育 7 d, 黑光灯光照处理 3 d, 洗脱分生孢子, 配成 10^6 孢子/mL 的悬浮液, 喷雾接种离体叶^[7]或 20~ 25 d 苗龄的水稻幼苗(3~ 4 叶龄), 保湿 24 h, 7~ 10 d 观察记载结果。每处理接种 30 株以上稻苗, 3 次重复。

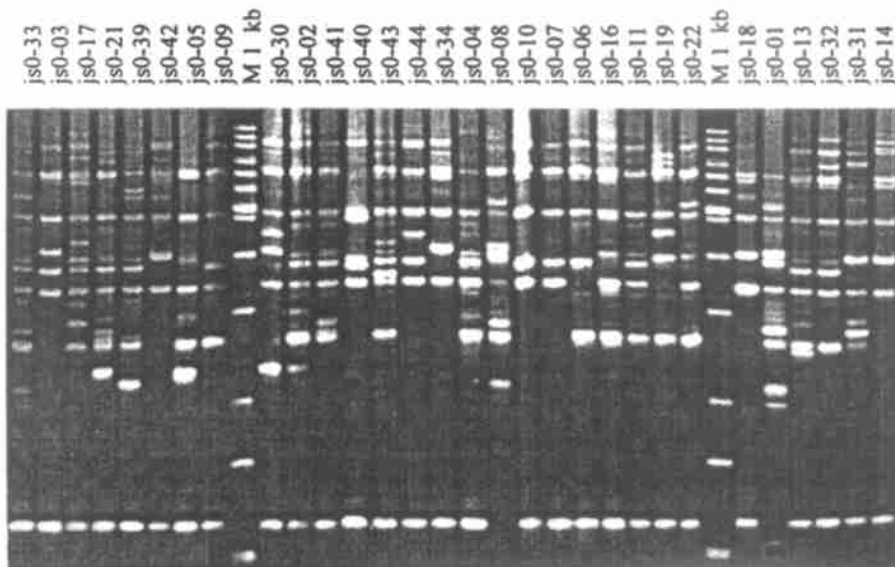


图 1 江苏部分稻瘟病菌株 rep-PCR 指纹图谱

Fig 1 DNA fingerprints of *M. grisea* isolates collected from Jiangsu with rep-PCR

2 结果与分析

2.1 致病性测定菌株的遗传系谱

1999 年从江苏各地采集的 96 个稻瘟病菌株样

品, 经 rep-PCR 指纹图谱分析, 选择具不同带型(图 1)的菌株以及虽然带型相同、但来自不同品种或不同地区的菌株共 44 个作为致病性测定的供试菌株。用 U PGRAM 进行聚类分析, 根据 55% 以上

相似性程度划分遗传相似组(遗传系谱或系谱)。44个测定致病性菌株DNA 指纹图谱的 21 个带型分属于 9 个遗传系谱^[5] (JSL 04、JSL 07、JSL 08、JSL 09、JSL 11、JSL 13、JSL 15、JSL 16、JSL 17)。

2.2 江苏稻瘟病菌生理小种研究

根据供试菌株在全国统一生理小种鉴别品种上的反应^[6]，将它们划分为 ZC₁₃、ZD₁、ZD₅、ZE₂、

ZE₃、ZF₁ 和 ZG₁ 等 7 个生理小种，其中 ZG₁ 组合比例较高，占供试菌株的 63.6%；ZE₃ 占供试菌株的 15.9%。从菌株的生理小种和遗传系谱的关系来看(表 1)，虽然有些系谱(JSL 11、JSL 16)在 ZG₁ 生理小种中分布较多，但有些系谱在其它生理小种中也有分布，因此我们认为生理小种与病菌的遗传系谱并无十分密切的关系。

表 1 江苏稻瘟病菌生理小种鉴定

Table 1 Identification of *M. grisea* races in Jiangsu

生理小种 Race	菌株 Isolate	菌株数 Amount of isolates	遗传系谱 Lineage
ZC ₁₃	js0-05 (04)	1	JSL 04 × 1
ZD ₁	js0-09 (16), js0-12 (08)	2	JSL 16 × 1, JSL 08 × 1
ZD ₅	js0-03 (11), js0-21 (11)	2	JSL 11 × 2
ZE ₂	js0-17 (17), js0-42 (17)	2	JSL 17 × 2
ZE ₃	js0-16 (17), js0-30 (17), js0-39 (11), js0-40 (15), js0-43 (16)	7	JSL 09 × 1, JSL 11 × 1 JSL 15 × 1, JSL 16 × 2 JSL 17 × 2
ZF ₁	js0-01 (04), js0-29 (11)	2	JSL 04 × 1, JSL 11 × 1
ZG ₁	js0-02 (11), js0-04 (16), js0-06 (16), js0-07 (13), js0-08 (04), js0-10 (11), js0-11 (11), js0-13 (11), js0-14 (17), js0-15 (11), js0-18 (17), js0-19 (11), js0-20 (16), js0-22 (16), js0-23 (17), js0-24 (11), js0-25 (11), js0-26 (16), js0-27 (11), js0-28 (11), js0-31 (07), js0-32 (11), js0-33 (11), js0-35 (15), js0-36 (16), js0-37 (16), js0-38 (16), js0-44 (15)	28	JSL 04 × 1, JSL 11 × 12 JSL 07 × 1, JSL 13 × 1 JSL 15 × 2, JSL 16 × 8 JSL 17 × 3
合计 Total		44	

注: 括号内的数字为该菌株所属遗传系谱代号。 Note: The numbers in brackets is lineage No of this isolate

2.3 日本清泽系列单基因鉴别品种对江苏稻瘟病菌致病性分析

供试菌株在日本清泽系列 13 个单基因鉴别品种上产生 27 种反应型(表 2)。其中 js0-06 等 5 个菌株反应型相同，有 8 个菌株与 js0-04 有相同的反应型，除 BL I 品种以外，这两个反应型在其它品种上反应完全一样。它们均含有系谱 JSL 11、JSL 16。在所含有 13 个抗性基因中，有的抗病基因被克服的频率高达 77%，而 *Pi-z'* 仅有 2%，说明江苏稻瘟病菌毒性基因差异较大。因为这套鉴别品种数量多、所含抗性基因类型完全不同，表现的抗感反应差异较大，反应类型表现多而分散，也与所选择的供试菌株代表性强、带型、系谱差异较大有密切关系。

2.4 水稻近等基因系鉴别品种对江苏稻瘟病菌致

病性分析

表 3 可见，供试菌株在 CO 39 N L s 鉴别品种上被 2 个菌株仅侵染 5 次，侵染频率太低，因此认为不适合作为江苏稻瘟菌致病性测定的鉴别品种。44 个菌株在 L TH N L s 鉴别品种上产生 10 种类型反应。抗性基因(*Pi-ta*²)被克服的频率最高，为 66%；*Pi-b* 基因未能被这 44 个菌株所克服。Js0-02 菌株所代表的反应类型中，10 个菌株来自系谱 JSL 11，6 个菌株来自 JSL 16，其它 2 个来自 JSL 17，1 个来自 JSL 15；而 js0-16 所代表的反应类型中，5 个菌株中的 4 个来自 JSL 17，js0-10 代表的反应类型和 js0-05 所代表的反应类型分别为 JSL 11 和 JSL 04。从这几个反应类型来看，稻瘟病菌的系谱与 L TH N L s 鉴别品种划分的致病类型有一定的相关性。

表 2 江苏菌株对日本清泽系列单基因品种致病性

Table 2 Reaction of *M. grisea* isolates from Jiangsu on Tsunematsu mono-resistance gene varieties

菌株 Iso late	Shin2 <i>Pir</i> ^{k^s}	A ichi A sahi <i>Pir</i> ^a	Fujis- aka 5 <i>Pir</i> ⁱ	Kus- abue <i>Pir</i> ^k	Tsuy- uanke <i>Pir</i> ^m	Fukun- ishiki <i>Pir</i> ^z	K1 <i>Pir</i> ^h	NO. 4 <i>Pir</i> ^{ta²}	Toride 1 <i>Pir</i> ^{z¹}	K60 <i>Pir</i> ^{kp}	BL 1 <i>Pir</i> ^b	K59 <i>Pir</i> ^t	K3 <i>Pir</i> ^{kb}	LTH Ck	菌株数 Amount of isolates
js0-19 (11)	+	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-	+	-	+	1
js0-14 (17)	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	+	-	+	1
js0-31 (07)	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	1
js0-20 (16)	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	+	1
js0-33 (11), js0-35 (15)	+	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	+	-	+	2
js0-25 (11)	+	-	-	-	-	-	+	+	-	+	+	+	-	+	1
js0-06 (16), js0-07 (13), js0-15 (11), js0-28 (11), js0-37 (16)	+	-	-	-	-	-	+	+	-	-	+	+	-	+	5
js0-04 (16), js0-10 (11), js0-13 (11), js0-18 (17), js0-26 (16), js0-27 (11), js0-32 (11), js0-36 (16)	+	-	-	-	-	-	+	+	-	-	-	+	-	+	8
js0-22 (16)	+	-	-	-	-	-	+	+	-	-	+	-	-	+	1
js0-39 (11), js0-42 (17)	+	-	-	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+	+	2
js0-41 (16)	+	-	-	+	+	+	+	+	-	+	-	+	-	+	1
js0-43 (16)	+	-	-	+	+	+	+	+	-	+	-	+	+	+	1
js0-16 (17)	+	-	-	+	+	+	-	-	-	+	+	-	+	+	1
js0-30 (17)	+	-	-	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+	+	1
js0-21 (11), js0-29 (11)	+	+	-	-	-	-	+	+	-	-	-	+	-	+	2
js0-40 (15)	+	+	-	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+	+	1
js0-09 (16)	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+	-	+	+	+	1
js0-12 (08)	+	+	+	+	+	+	+	-	-	+	+	+	+	+	1
js0-03 (11)	+	+	+	-	-	-	+	+	-	-	-	+	-	+	1
js0-05 (04)	+	+	+	-	-	-	-	-	-	-	+	-	-	+	1
js0-17 (17), js0-44 (15)	-	-	-	+	+	+	+	-	-	-	-	+	-	+	2
js0-34 (09), js0-08 (04), js0-24 (11), js0-38 (16)	-	-	-	+	+	+	+	-	-	-	-	-	-	+	3
js0-23 (17)	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-	+	1
js0-02 (11)	-	+	-	-	-	-	+	+	-	-	-	+	-	+	1
js0-11 (11)	-	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	1
js0-01 (04)	-	+	+	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	+	1
侵染次数 Infection times	34	10	5	12	13	14	30	29	2	11	14	32	8	44	44
侵染频率(%) Infection frequency	77	23	11	27	30	32	68	66	5	25	32	73	18	100	

注: 括号内数字为该菌株系谱代号, + 为克服该抗病基因, - 为未能克服该抗病基因。

Note: () is lineage No of this isolate; + : overcome the R-gene; - : unable to overcome the R-gene

2.5 不同类型鉴别品种对稻瘟病菌致病性鉴别作用的评价

从以上三类鉴别品种对江苏 44 个代表性稻瘟病菌株的鉴别作用来看, 它们分别产生了 7、27、13 个致病反应类型, 单基因鉴别品种和 LTH 近等基因系的鉴别作用是显而易见的。它们之间还存在一定的相关性(表 2, 3, 4), 这是因为日本清泽系列对应 6 个鉴别品种分别是 LTH 系列 NLs 的供体亲本^[4]。用单基因品种鉴定出的以 js0-33、js0-06、js0-04、js0-08 为代表的 4 种反应型共 18 个菌株均为 ZG₁ 生理小种。而以 LTH NLs 鉴定的以 js0-02 为代表的反应型共 19 个菌株中, 除 js0-07、js0-03 为 D₃、js0-29 为 F₁ 外, 其它 16 个菌株也均为 ZG₁ 生理小种, 以 js0-39 为代表的反应型中的 5 个菌株均为 E 群生理小种, 以 js0-16 为代表的反应型中的

5 个菌株中, 除 js0-23 为 ZG₁ 小种外, 其它 4 个菌株均为 E 群生理小种(表 1, 表 3)。LTH mono-R-NLs 中的 F80-1 (*Pir*^k) 和 F128-1 (*Pir*^{ta²}) 分别与其供体日本清泽系列单基因品种 Kusabue (*Pir*^k) 和 NO. 4 (*Pir*^{ta²}) 对供试菌株有几乎相同的反应, 可以认为 Kusabue 和 NO. 4 为单基因抗性品种(表 4)。

3 讨论

1980 年以来, 全国统一的 7 个稻瘟病菌生理小种鉴别品种在我国稻瘟病菌致病性监测、品种抗性鉴定等方面发挥了重要作用。但它也有不足之处, 鉴别品种数量不多显得对病菌的鉴别作用尚不够精细。且因其遗传背景比较复杂, 很难确定被鉴定的菌株致病性的相关基因类型或无毒基因类型, 因而不易明确被鉴定的水稻品种的基因类型。近年来发

表 3 近等基因系鉴别品种对江苏稻瘟病菌的致病性测定

Table 3 Reaction of *M. grisea* isolates from Jiangsu on NL differential varieties

菌株 Isolates	CO39 N L s						LTH N L s						Suyunuo 0 Ck	菌株数 Amount of isolates	
	CO39 0	C101- A51 <i>Pi-z^s</i>	C101- LAC <i>Pi-i</i>	C104- PKT <i>Pi-3</i>	C101- PKT <i>Pi-ta</i>	C105- TTP <i>Pi-ta</i>	LTH 0	F124-1 <i>Pi-ta</i>	F128-1 <i>Pi-ta²</i>	F129-1 <i>Pi-k^p</i>	F145-2 <i>Pi-b</i>	F80-1 <i>Pi-k</i>			F98-7 <i>Pi-k</i>
js0-02 (11), js0-03 (11), js0-04 (16), js0-13 (11), js0-14 (17), js0-18 (17), js0-19 (11), js0-20 (16), js0-21 (11), js0-22 (16), js0-25 (11), js0-26 (16), js0-27 (11), js0-28 (11), js0-29 (11), js0-33 (11), js0-35 (15), js0-36 (16), js0-37 (16)	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-	-	-	+	19
js0-32 (11), js0-31 (07)	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-	-	+	+	2
js0-39 (11), js0-40 (15), js0-41 (16), js0-42 (17), js0-43 (16)	-	-	-	-	-	-	+	-	+	-	-	+	-	+	5
js0-07 (13)	-	-	-	-	-	-	+	-	+	+	-	-	-	+	1
js0-10 (11), js0-24 (11)	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	+	2
js0-44 (15)	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	-	-	1
js0-38 (16)	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	-	+	-	1
js0-05 (04), js0-08 (04)	-	-	-	-	-	-	+	+	-	+	-	-	+	+	2
js0-01 (04)	-	-	-	+	-	-	+	+	-	+	-	-	+	+	1
js0-11 (11)	-	-	-	-	-	-	+	+	-	-	-	-	+	+	1
js0-06 (16), js0-15 (11)	-	-	-	-	-	-	+	+	+	+	-	-	+	+	2
js0-16 (17), js0-17 (17), js0-23 (17), js0-30 (17), js0-34 (09), js-12 (08)	-	-	-	-	-	-	+	-	-	-	-	+	-	+	1
js0-09 (16)	+	-	+	+	-	-	+	-	-	-	-	+	-	+	1
侵染次数 Infective times	2	0	1	2	0	0	44	6	29	6	0	12	9	42	44
侵染频率 (%) Infective frequency	5	0	2	5	0	0	100	14	66	14	0	27	20	95	

注: 括号内数字为该菌株系谱代号, + 为克服该抗病基因, - 为未能克服该抗病基因
Note: () is lineage No of this isolate; + : overcome the R-gene; - : unable to overcome the R-gene

表 4 江苏菌株在不同单基因鉴别品种上的反应

Table 4 Reactions of *M. grisea* on rice mono-R-gene differential varieties

鉴别品种 Differential variety	抗性 基因 R-gene	克服抗病基因 的菌株数 Amount of isolates overcom ing R-gene	鉴别品种 Differential variety	抗性 基因 R-gene	克服抗病基因 的菌株数 Amount of isolates overcom ing R-gene	鉴别品种 Differential variety	抗性 基因 R-gene	克服抗病基因 的菌株数 Amount of isolates overcom ing R-gene
Shin 2	<i>Pi-k^s</i>	34	CO39 N L s			LTH N L s		
A ichi-A sahi	<i>Pi-ta</i>	10	C104PKT	<i>Pi-3</i>	2			
Fujisaka 5	<i>Pi-i</i>	5	C101LAC	<i>Pi-i</i>	1	F80-1	<i>Pi-k</i>	12
Kusabue	<i>Pi-k</i>	12				F98-7	<i>Pi-k^m</i>	9
T suyuanke	<i>Pi-k^m</i>	13						
Fukunishiki	<i>Pi-z</i>	14						
K1	<i>Pi-ta</i>	30	C101PKT	<i>Pi-ta</i>	0	F124-1	<i>Pi-ta</i>	6
No 4	<i>Pi-ta²</i>	29	C105TTP	<i>Pi-ta²</i>	0	F128-1	<i>Pi-ta²</i>	29
Toridel	<i>Pi-z^t</i>	2	C101A51	<i>Pi-z^s</i>	0			
K-60	<i>Pi-k^p</i>	11				F129-1	<i>Pi-k^p</i>	6
BL1	<i>Pi-b</i>	14				F145-2	<i>Pi-b</i>	0
K59	<i>Pi-t</i>	32	CO39	0	2			
K3	<i>Pi-k^h</i>	8	Suyunuo	0	44	LTH	0	44

展的以病菌DNA 指纹图谱划分病菌类群即遗传系谱(lineage), 尚不能证明与致病性有非常密切的关系, 但基本反映与寄主共同进化的关系^[7,8]。日本清泽系列(13 个)单基因鉴别品种的鉴别作用是非常明显的, 因其所带抗性基因比较明确, 90 年代逐渐被我国使用, 作为水稻抗性基因的鉴定和评价的参照品种, 其中的一些抗性基因被转移到遗传育种材料中在抗病品种选育上发挥着重要作用^[2]。但清泽系列鉴别品种也有其缺陷, 除所含抗性基因不同外, 每个品种的其它遗传背景也很不一致, 尤其是对环境条件的反应比较敏感。这对致病性鉴定、抗性材料的准确性评价有一定影响。且在这些材料中有些并非只含单个抗性基因。随着对抗性研究的深入, 日本学者已从A ichiA sahi 品种中分离到 *Pi-10*、*Pi-10a* 两个抗病基因^[9]。我们在研究中也发现清泽系列单基因品种 Tsuyuanke (*Pi-k^m*)、K1 (*Pi-ta*)、K-60 (*Pi-k^p*) 和BL I (*Pi-b*) 与其作为供体培育的LTH N L s 中含对应基因的品种 F98-7、F124-1、F129-1 和 F145-2 反应不尽一致(表 2、3、4), 证明此 4 个品种可能也并非真正的“单基因”, 这种系统抗病性与供体抗病性异同的其它原因正在进一步研究中^[4]。CO39 N L s 为 RRI 研究培育的粳型鉴别品种(1994), 在我国南方粳稻区以及 RRI 美国等研究者都有使用。而江苏目前主要为粳稻区, 供试菌株几乎都采自于粳稻, 近年来粳稻上很难采到稻瘟病菌样品, 可能是CO39 N L s 对江苏菌株鉴别作用较差的原因之一。LTH N L s 是凌忠专等与 RRI 合作研究培育的粳型近等基因系鉴别品种^[4], 对江苏供试菌株的鉴别作用是明显的。虽然这套N L s 鉴别品种仅有 6 个抗病基因型, 但却从 44 个供试菌株中产生了 10 个致病反应型, 它所含的抗性基因明确, 其它遗传背景一致。我们认为这套N L s 鉴别品种是对稻瘟病致病性测定和水稻品种抗性基因鉴定的好材料。最近日本学者与 RRI 合作培育了一套以 R24 为背景的抗稻瘟近等基因系品种, 它所包括的抗性基因类型丰富, 已成为水稻抗病遗传育种和水稻抗病基因克隆的好材料^[10]。在单基因品种中 *Pi-z¹* 被侵染频率较低, 近等基因系中 *Pi-b* 基因未被克服, 这两个基因可以在江苏水稻培育抗

病品种中利用。根据试验, 我们认为如果将不同供试鉴别品种互相搭配, 适当组合, 或将有用基因转育成相应的近等基因系品种可以具有更高的应用价值; 发展包含较多抗病基因的近等基因系鉴别品种更能准确地反映病原菌致病性以及合理评价和利用相关抗性基因。

References

- [1] Fang Z-D (方中达), Guo C-J (过崇俭) 我国水稻主要病原菌致病性和害虫的致害性 杜正文主编 中国水稻病虫害综合防治策略和技术 北京: 农业出版社, 1991. 4~ 28
- [2] Chinese National Coordination Research Team on Rice Blast (全国稻瘟病防治科研协作组). Review and advances of studies of Chinese coordination research team on rice blast in 1974-1993. *Acta Agricuturae Zhejiangensis* (浙江农业学报), 5 (suppl): 1~ 4
- [3] Kiyosawa S. Gene analysis for blast resistance *Oryzae*, 1981, 18: 196~ 203
- [4] Ling Z-Z (凌忠专), T M ew (苗东华), Wang J-L (王久林) *et al* Development of Chinese near-isogenic lines of rice and their differentiating ability to pathogenic races of *Pyricularia grisea*. *Scientia Agricultura Sinica* (中国农业科学), 2000, 33 (4): 1~ 8
- [5] Zhou Y-J (周益军). Genetic diversity and mutation for pathogenicity in *Magnaporthe grisea*. PhD Thesis Nanjing Agricultural University, 2000
- [6] ACCRPRPO (全国稻瘟病菌生理小种联合试验组). Research on physiological races of rice blast fungus in China. *Acta Phytopathol Sinica* (植物病理学报), 1980, 10(2): 71~ 82
- [7] Zhou Y-J (周益军), Fan Y-J (范永坚), Wu S-H (吴淑华) *et al* Identification techniques of rice blast fungus races by *in vitro* inoculation and artificial mutation of the pathogenicity. *Jiangsu Journal of Agricultural Research* (江苏农业研究) 1999, 20(1): 34~ 38
- [8] Cheng Z-B (程兆榜), Zhou Y-J (周益军), Lu F (陆凡) *et al* Analysis of population genetic structure of *Magnaporthe grisea* in Jiangsu province in 1999. *Jiangsu Journal of Agricultural Sciences* (江苏农业学报), 2001, 17(4): 223~ 226
- [9] Hiroshi Tsunematsu, Yanoria M J T, Ebron L A *et al* Development of mono-genic lines of rice for blast resistance. *Breeding Science*, 2000, 50: 229~ 234
- [10] RRI (International Rice Research Institute). *Standard Evaluation System for Rice* 4th ed. 1996 Manila (Philippines): RRI 52