

云南稻瘟菌致病能力分析*

陈于敏^{1,2}, 何月秋^{1**}

(1. 云南农业大学教育部生物多样性与病虫害控制重点实验室, 云南 昆明 650201;
2. 云南省农业科学院质量标准与测试技术研究所, 云南 昆明 650223)

摘要: 33个主要来自云南的稻瘟菌株接种于43个品种上接种的结果表明, 它们的致病频率在20.59%~83.72%之间, 菌株的致病能力与生境来源存在一定关系, 宜良菌株致病力最强, 致病频率达81.40%, 澄江、巍山的菌株次之, 致病频率分别为64.29%, 62.79%, 其它来源的菌株致病频率较低。总体来看, 滇东南菌株致病力强且致病类型多, 滇中西部菌株致病力弱。

关键词: 稻瘟病; 菌株; 致病能力

中图分类号: S 435.111.41 **文献标识码:** A **文章编号:** 1004-390X(2007)01-0041-04

Pathogenicity Analysis of *Magnaporthe grisea* Isolates from Yunnan

CHEN Yu-min^{1,2}, HE Yue-qiu¹

(1. Key Laboratory for Agricultural Biodiversity for Pest Management of China Education Ministry, Y A U, Kunming 650201, China;
2. Quality Standard and Testing Technology Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming 650223, China)

Abstract: The pathogenicity of 33 isolates of *Magnaporthe grisea* mainly from Yunnan Province was analyzed by inoculation onto 43 rice varieties. Their pathogenic frequencies (PF) varied greatly, from 20.59% to 83.72%. Their pathogenicity is related to the origins at some extent. Virulence of the isolates from Yiliang County was the strongest with 81.40% PF, the middle from Chengjiang and Weishan Counties, with 64.29% and 62.79% PF, respectively, and weaker from other counties. The isolates from Southeastern Yunnan diversified in pathogenicity with strong virulence. The isolates, however, from the middle and western Yunnan have relatively weaker virulence.

Key words: *Magnaporthe grisea* (Hebert) Barr.; isolates; pathogenicity

水稻是最为重要的粮食作物, 稻瘟病 [*Magnaporthe grisea* (Hebert) Barr] 是中国稻区分布面积广、常年发病中最严重的主要真菌病害^[1,2], 其病原菌可侵染多种禾谷类作物及田间杂草^[3,4], 流行年份严重影响水稻的稳产、高产乃至稻米品质, 重病稻区甚至颗粒无收^[5]。云南省也是一个稻瘟病多发地区, 据不完全估计, 每年因稻瘟病损失的粮食约5000万kg^[6]。

实践证明, 利用寄主抗性选育和种植抗瘟病品种是控制稻瘟病中最经济、安全和有效的途

径^[7,8]。*M. grisea* 和其寄主之间存在基因对基因关系^[9]。稻瘟病菌致病的分子生物学及其与水稻寄主的互作研究是寻找新的防病途径的关键。由于进化的原因, 稻瘟病菌的致病性表现为多变性^[10]。抗病品种的抗性除受环境影响外, 导致抗病品种感病的主要原因是产生了对该品种具有致病性的新小种, 或是由于地区内病菌优势小种的致病性变化所致^[11]。因此抗病品种的选育和推广首先必须了解品种的抗瘟性和该地稻瘟病菌的致病性。本文选用33个云南稻瘟菌株对43个水稻品种的致病

收稿日期: 2006-05-31

* 基金项目: 国家“863”项目(2002AA245041); 云南省科技厅配套项目(2003GP06); 云南农科院植物新品种保护与测试项目。 ** 通讯作者

作者简介: 陈于敏(1972-), 男, 云南巍山人, 在职硕士研究生, 主要从事种质资源研究和新品种 DUS 测试。

性进行测定,以期明确菌株的致病性与生境来源之间的关系,为选配抗病亲本和生产上的合理布局提供依据。

1 材料与方 法

1.1 材 料

1.1.1 参 试 菌 株

选用的 33 个稻瘟病菌由云南农业大学植物病理实验室从病稻穗颈瘟标样上分离得到并保存,大部分来自云南省水稻主产区的 7 个地市、14 个县。选择时兼顾菌株生境的多样性和代表性,以及标准菌株的多元性(表 2)。

表 1 供鉴定的水稻品种

Tab. 1 Rice varieties for identification of pathogenicity of the pathogen

种号 No.	品 种 cultivar	种号 No.	品 种 cultivar	种号 No.	品 种 cultivar	种号 No.	品 种 cultivar
1	先农 4 号*** Xiannong 4	12	II 优 3027*** II - you 3027	23	云恢 909** Yunhui 909	34	滇梗优 2 号* dianjingyou2hao
2	先农 10 号*** Xiannong 10	13	抗优 98*** Kangyou 98	24	云恢 188** Yunhui 188	35	滇系 4 号* Dianxi 4
3	新香 80*** Xinxiang 80	14	冈优 881*** Gangyou 881	25	云恢 124** Yunhui 124	36	合系 33* Hexi 33
4	中优 838*** Zhongyou 838	15	冈优 527*** Gangyou 527	26	楚梗 26* Chujing 26	37	合系 24* Hexi 24
5	中优桂 99*** Zhongyougui 99	16	冈优 151*** Gangyou 151	27	楚梗 25* Chujing25	38	合系 41* Hexi 41
6	中优 207*** Zhongyou 207	17	冈优 12*** Gangyou 12	28	楚梗 23* Chujing 23	39	合系 40* Hexi 40
7	D 优 68*** Diyou 68	18	汕优多 I*** Shanyouduo I	29	滇超 6 号* Dianchao 6	40	西南 175* Xinan175
8	金优 253*** Jinyou 53	19	扎昌龙** Zhachanglong	30	滇超 2 号* Dianchao 2	41	合系 39* Hexi39
9	金优 207*** Jinyou 207	20	陵香 16** Lingxiang 16	31	德农 211** Denong211	42	CO39**
10	金优桂 99*** Jinyougui 99	21	黄壳糯* Huangkenuo	32	滇屯 502** Diantun502	43	丽江新团黑谷* Lijiangxintuanleigu
11	金优 77*** Jinyou 77	22	云香糯 1 号* Yunxiang 1	33	滇比优 1 号* Dianbiyou 10		

注:*** 籼型杂交稻品种; ** 籼稻品种; * 粳稻品种*** Hybrid *Indica* cultivars; ** *Japonica* cultivars; * *Indica* cultivars

1.1.2 参 试 品 种

选择生产影响大、血缘系统类型多样性强的品种 43 个(表 1)。其中高感品种丽江新团黑谷和 CO39 作为为鉴别品种。这些品种涵盖籼粳亚种,含常规稻(籼和粳)和杂交稻,也含推广种和地方种。

1.2 方 法

1.2.1 品 种 抗 瘟 性 接 种 鉴 定

培养秧苗至 3.5 ~ 4.0 叶期接种。按 0 ~ 5 级病斑型调查病情^[18],病级 0,1,2,3 为 R,4,5 为 S。

1.2.2 菌 株 致 病 频 率

$$\text{致病频率}(\%) = \frac{\text{引起感病的品种数}}{\text{鉴定品种总数}} \times 100$$

1.2.3 聚 类 分 析

接种结果中的 S 记为“1”,R 记为“0”,用 Statistica 软件中的差异百分值(Percent disagreement)和非加权成对分组平均法(Unweighted pair-group average, UPGA)程序按致病力对参试菌株进行聚类分析。

表 2 稻瘟病菌来源及其致病频率

Tab. 2 Origins and pathogenicity frequencies of *Magnaporthe grisea* isolates

菌株 Isolate	来源 origin (county)	致病频率/% pathogenicity frequency	菌株 isolate	来源 origin (county)	致病频率/% pathogenicity frequency
宜 02 - 1 Yi 02 - 1	宜良县 Yiliang	83.72	安 02 - 2 An02 - 2	安宁市 Anning	41.86
宜 02 - 8 Yi 02 - 8	宜良县 Yiliang	79.07	B01446	牟定县 Mouding	41.86
屏 23 - 1 Ping23 - 1	屏边县 Pingbian	79.07	P06 - 6	国际水稻所 IRRI	41.86
P01 - 57	红河县 Honghe	79.07	屏 9 - 1 Ping9 - 1	屏边县 Pingbian	39.53
95 - 8 - 36	云南标准菌株 Standard Isolate of Yunnan	69.77	HH15	红河县 Honghe	35.14
B01264	澄江县 Chengjiang	64.29	20	陆良县 Luliang	34.88
W01 - 22	巍山县 Weishan	62.79	RC1(4)141	国际水稻所 IRRI	34.88
9	陆良县 Luliang	60.47	TH45	云南标准菌株 Standard Isolate of France	34.88
墨 02 - 3 Mo 02 - 3	墨江县 Mojiang	55.81	JSH9	建水县 Jianshui	33.33
合系 39 02 - 8 - A Hexi39 02 - 8 - A	江川县 Jiangchuan	53.49	HH36	红河县 Honghe	30.23
泸 02 - 1 Lu02 - 1	泸西县 Luxi	53.49	RC1(4+5)141	国际水稻所 IRRI	30.23
P01 - 68	红河县 Honghe	48.84	LC1(5)141	国际水稻所 IRRI	30.23
21	陆良县 Luliang	46.51	98 - 234	泸西县 Luxi	30.23
B01594	砚山县 Yanshan	45.24	06 - 32	个旧市 Gejiu	28.57
18 - 3	陆良县 Luliang	44.19	玉红 02 - 1 - A Yuhong02 - 1 - A	红塔 Hongta	25.58
单 47 Dan47	陆良县 Luliang	44.19	HH16	红河县 Honghe	20.59
95 - 4 - 1C	云南标准菌株 Standard Isolate of Yunnan	44.19			

2 结果与分析

2.1 菌种致病性分析

菌株间的致病频率差异大,在 20.59% ~ 83.72% 之间(表 2)。按致病频率可把参试菌株分为 4 组,1 组为高致病菌(致病频率 > 70%),含菌株 4 个:宜 02 - 1,宜 02 - 8,屏 23 - 1, P01 - 57,源自宜良、屏边和红河。2 组为强致病菌(致病频率 50% ~ 70%),共 7 个:95 - 8 - 36, B01264, W01 - 22, 9, 墨 02 - 3, 合系 39 02 - 8 - A, 泸 02 - 1, 来源主要是澄江、巍山、陆良、墨江、江川、泸西,含云南标准菌株 1 个;3 组为中致病菌(致病频率 35 - 50%)含菌 11: P01 - 68, 21, B01594, 18 - 3, 单 47, 95 - 4 - 1C, 安 02 - 2, B01446, P06 - 6, 屏 9 - 1, HH15, 它们来自红河、陆良、砚山、安宁、牟定、屏边等地,含云南标准菌株 1 个;4 组为弱致病菌,致病频率 < 35%,共有菌 11 个: 20, RC1(4)141, TH45, JSH9, HH36, RC1(4+5)141, LC1(5)141, 98 - 234, 06 - 32, 玉红 02 - 1 - A, HH16, 来源为陆良、泸西、个旧、红塔和国际水稻研究所,含法国标准菌株 1 个。标准菌株 95 - 8 - 36, 95 - 4 - 1C, TH45 分别划归 2, 3, 4 组,可作为强、中、弱 3 种致病类型的标准菌株。

2.2 聚类分析

根据接种结果(数据略),记“感”为“1”,记“抗”为“0”,用 UPGA 法把菌株按致病力进行聚类(图 1)。图中各参试菌株按致病能力,虽有交差现象,但基本上能按来源聚类。在差异相似性距离 0.42 水平处,参试菌株分 3 类, G1 仅含菌株 20; G2 致病力强,含 7 个菌株:墨 02 - 3, 95 - 8 - 36, 宜 02 - 1, 宜 02 - 8, 屏 23 - 1, P01 - 57, B01264, 平均致病频率为 72.97%,含表 3 中 1 组的全部高致病菌和 2 组的 3 个(占 43%)强致病菌,这些菌株源自宜良、石屏、红河与墨江, 29% 为宜良菌株。特别的是,表 1 中的 4 个高致病菌株在这里单独为一个亚类,这说明菌株的致病能力与生境来源存在一定关系; G3 菌株最多,共 25 个,含表 3 中 3 组、4 组(菌株 20 除外)的所有菌株和 2 组的部分菌株。菌株 20 没划归 G3,可能是 20 独特的致病特性所致,也可能与参试品种的选择有关。分析各县菌株的致病频率发现,宜良菌株毒性最强,达 81.40%,澄江、巍山的菌株次之,分别为 64.29%, 62.79%。总体看,滇东南菌株致病力强且致病类型多,从强到弱都有分布,滇中西部菌株致病力弱,主要为中弱型菌株。

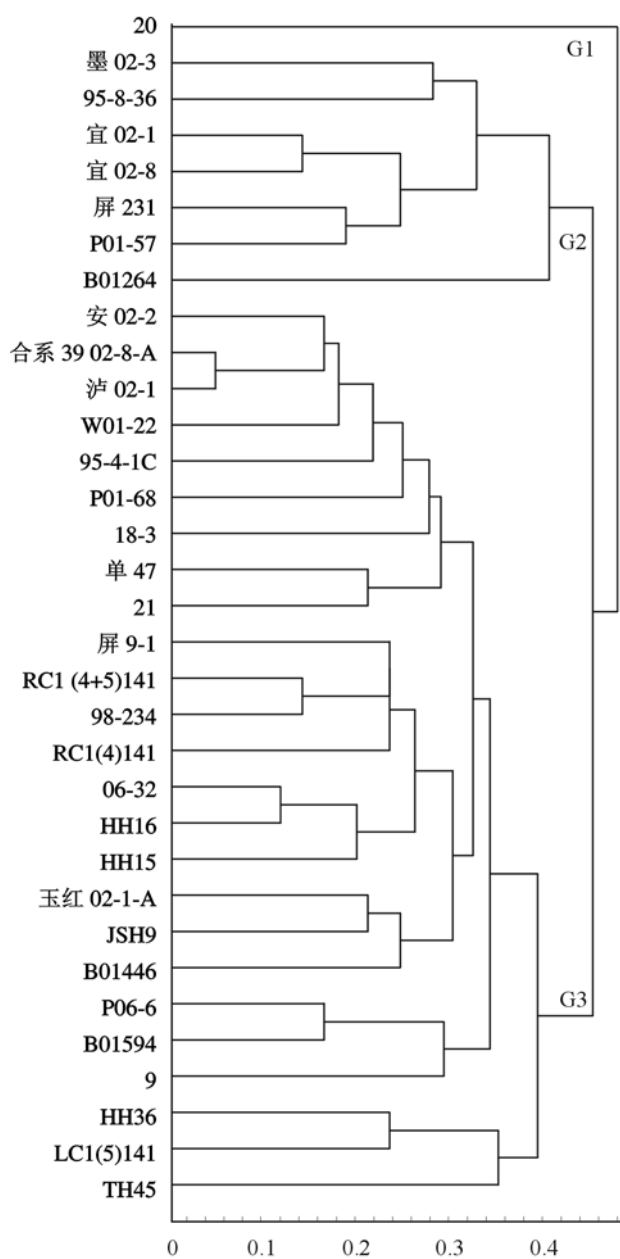


图 1 菌株致病力聚类图

Fig. 1 Dendrograph of 33 isolates based on pathogenicity identification data

3 讨论

水稻生长发育过程中常受到稻瘟菌的侵袭,表现为抗病或感病。这是水稻与稻瘟菌互作的结果。菌株的致病能力与其遗传物质和生态环境有关。讨论菌株的致病能力与生态环境的关系,是稻瘟病研究和控制的一个重要环节。但是,生态受环境气候、水分、土壤和微生物等多因子影响。文中的接种是在人工条件下进行的,所得结果可能与自然条件下的发病情况有不一致的地方。但所有菌种都是从自然中分离得到的,都是相应环境中驯化出来的,携带

着相应的环境效应。试验所得的接种结果能在一定程度上反映不同生境来源的菌种的致病能力。

探求菌株的致病能力与生境间的关系,对研究和防治稻瘟病有现实意义。试验表明,云南省宜良菌株毒性最强,达 81.40%,澄江、巍山的菌株次之,致病频率分别为 64.29%,62.79%。滇东南菌株致病力强且致病类型多,从强到弱都有分布,滇中西部菌株致病力弱,主要为中弱型菌株。由此,到菌株致病力强的地方如宜良等地鉴定抗瘟材料、筛选抗瘟品种能收到较好的效果。同时,在这些地方有利于研究环境与菌株致病力之间的关系,为生产上防控稻瘟病提供理论支持。种植区划方面,也可以根据试验结果,有目的的把抗性强的品种布置在滇东南,而把抗性较弱、丰产性好的品种安排在滇中西部种植,以便取得大面积的增产增收。

[参考文献]

- [1] BARR M E. *Magnaporthe grisea*: Telimenella and Hyponectria (Physosporrellaceae) [J]. *Mycologia*, 1977, 69:952 - 956.
- [2] GIATGONG P, FREDERIKSEN R A. pathogenic variability and cytology of monoconidial subcultures of *Pyricularia oryzae* [J]. *Phytopathology*, 1969, 59:1152 - 1157.
- [3] 沈瑛,金敏忠. 我国稻瘟病菌有性态的研究 [J]. *中国农业科学*, 1994, 27(1):25 - 29.
- [4] 沈瑛,袁筱萍. 分子探针在稻瘟病流行病学中的应用研究 [J]. *西南农业大学学报*, 1998, 20(5):401 - 408.
- [5] 董继新,董海涛,李德葆,等. 水稻抗瘟性研究进展 [J]. *农业生物技术学报*, 2000, 8(1):99 - 101.
- [6] 沈嘉祥,秦德林. 稻瘟病大面积综合防治技术的研究 [J]. *云南农业大学学报*, 1990, 5(1):21 - 25.
- [7] 吴建利,庄杰云,李德葆,等. 水稻对稻瘟病抗性的分子生物学研究进展 [J]. *中国水稻科学*, 1999, 13(2):123 - 128.
- [8] 孙雁,王云月,万瑞亭,等. 黑龙江水稻品种抗病同源序列聚类分析 [J]. *云南农业大学学报*, 2001, 16(2):107 - 109.
- [9] 王洪凯,林福呈,李德葆. 稻瘟病菌致病相关基因研究进展 [J]. *菌物系统*, 2002, 21(3):459 - 464.
- [10] LEUNG H, BORRAMEO E S. Genetic analysis of virulence in the rice blast fungus *Magnaporthe grisea* [J]. *Genetics*, 1988, 78(9):1227 - 1233.
- [11] 董继新,董海涛,李德葆,等. 水稻抗瘟性研究进展 [J]. *农业生物技术学报*, 2000, 8(1):99 - 101.
- [12] 张书建. 云南省稻瘟病菌交配型分布、遗传多样性及近等基因系抗瘟性鉴别能力研究 [D]. 云南农业大学, 2004.