

云南省水稻细菌性条斑病菌的致病型划分和水稻抗性资源的鉴定

杨俊^{1#}, 王星^{1#}, 王彦芳¹, 刘棋¹, 汪娅婷¹, 张晋豪¹, 魏兰芳², 姬广海^{1*}

(¹云南农业大学植物保护学院, 昆明 650201; ²云南农业大学农科基础实验教学中心, 昆明 650201)

摘要:为明确云南省水稻细菌性条斑病菌(*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola*, *Xoc*)的致病力分化以及不同类型水稻品种对*Xoc*的抗感特性,通过针刺接种法将云南省8个稻区采集的86株*Xoc*菌株,接种于6个携带不同抗性基因的水稻鉴别品种(IRBB4、IRBB5、IRBB14、IRBB18、IRBB21和IR24)。根据这些菌株在鉴别品种上的毒力差异进行了UPGMA聚类分析,将其划分为9个致病型(I型~IX型)。其中,I型为优势菌群,分布频率为50.5%。对不同稻区的优势菌群进行分析,发现云南省各稻区*Xoc*的致病型呈多样性分布,以强毒力的I型为高频率致病型。选用I型、II型和VI型代表菌株对云南省的80个主栽和区试水稻品种进行抗性评价,对3个致病型表现抗性的材料比例分别为30.0%、35.0%和57.5%。筛选出9个对3种致病型都表现为抗性的品种,其中“Deyou16”和“Changgui2”表现为高抗。研究结果可为云南省防治水稻细菌性条斑病的水稻区域性布局 and 抗性品种的利用提供理论依据。

关键词:致病型; 抗性鉴定; 水稻细菌性条斑病菌

Pathotypes differentiation of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola* and identification of rice varieties resistant to bacterial leaf streak in Yunnan Province

YANG Jun^{1#}, WANG Xing^{1#}, WANG Yan-fang¹, LIU Qi¹, WANG Ya-ting¹, ZHANG Jin-hao¹, WEI Lan-fang², JI Guang-hai^{1*} (¹ College of Plant Protection, Yunnan Agricultural University, Kunming 650201, China; ² Experimental Agricultural Center, Yunnan Agricultural University, Kunming 650201, China)

Abstract: To identify pathotypes different of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola* and rice varieties resistant to bacterial leaf streak from Yunnan Province. The virulence levels differentiation of 86 isolates of *Xoc* collected from 8 rice-growing areas in Yunnan province were identified, by using 6 rice varieties (IRBB4, IRBB5, IRBB14, IRBB18, IRBB21, IR24) which each containing a single resistance gene. The cluster analysis using UPGMA method to *Xoc* virulence levels showed that 86 strains were classified as 9 pathotypes I–IX. Among the 9 pathotypes, the pathotype I is the dominant group and most of the pathotype I strains are SSSSSS disease phenotype. The pathotypes I was dominant *Xoc* pathotype in various rice areas of Yunnan. Further research, resistance evaluation of 80 rice varieties from Yunnan Province to pathotype I strain NO.19, pathotype II strain NO.14 and pathotype VI strain NO.16, only 30.0%, 35.0% and 57.5% exhibited resistance to 3 pathotype strain respectively. 9 rice varieties showed resistance to three pathotype strains, especially Deyou16 and Changgui2 showed high resistance levels, this result will be one of the perfect ways to develop bacterial leaf streak disease

收稿日期: 2019-04-01; 修回日期: 2019-05-30; 网络出版时间: 2019-06-04

网络出版地址: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.2184.Q.20190604.0914.002.html>

基金项目: 云南省科技厅农业基础研究联合专项项目(2017FG001-005); 国家重点研发计划项目(2018YFD0200308; 2018YFD0200703; 2017YFC1702502); 国家自然科学基金资助项目(31460458)

通讯作者: 姬广海, 博士, 教授, 研究方向为植物病原细菌病害及其生物防治; E-mail: jghai001@aliyun.com

共同第一作者: 杨俊, 博士研究生, 研究方向为植物与病原微生物互作; E-mail: 729747016@qq.com

王星, 硕士研究生, 研究方向为入侵生物预警及其生物防治; E-mail: 631008845@qq.com。

resistance breeding.

Key words: pathotypes; resistance evaluation; *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola*

中图分类号: S435.111

文献标识码: A

文章编号: 0412-0914(2020)02-0218-10

水稻细菌性条斑病 (Bacterial leaf streak, BLS) 是一种检疫性病害,由水稻细菌性条斑病菌 (*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola*, *Xoc*) 引起。1918 年该病首次发生于菲律宾^[1],我国广东省 1995 年首次发现并报道^[2]。近几年,该病在我国大部分稻区已成为普发的、重要的经济病害,一般年份水稻减产 15% ~ 25%, 严重时达 40% ~ 60%。其危害程度在云南省德宏、红河等稻区已超过水稻白叶枯病,严重威胁水稻的高产、稳产^[3,4]。生产上防治水稻条斑病,主要依赖于化学农药,抗、耐药性 *Xoc* 菌株的出现,不利于该病的防治工作^[5,6]。

选择抗病品种控制水稻条斑病是最经济有效的策略。目前,尚未在寄主水稻中发现抗 *Xoc* 的主效抗病基因,仅在非寄主玉米中鉴定到一个 *Rxo1* 基因。*Rxo1* 基因对应于 *Xoc* 的无毒基因 *avrRxo1* 在 *Xoc* 中高度保守,*Rxo1* 基因对 *Xoc* 的抗性具有广谱性^[7,8]。Tang 等^[9] 定位的 11 个 BLS 抗性 QTL 中,*qBlSr5a* 对表型变异贡献率最大,能够解释重组自交系群体中 14.3% 的表型变异,具有较高的育种价值。Xie 等^[10] 采用在目标 QTL 区域建立染色体片段代换系重叠群策略,实现了 *qBlSr5a* 基因的精细定位,进一步将其定位至 InDel 标记 ID29 和 ID71 之间,物理距离为 78.3 Kb。Cao 等^[11] 以携有多个 BLS 抗性 QTL (*qBlSr3d*、*qBlSr5a*、*qBlSr5d*) 的近等基因系 H359R 作为供体亲本,以感病品种 H359 作为受体亲本,通过杂交,多次回交和自交,并结合分子标记辅助选择,定位得到渗入区段位于第 4 号染色体分子标记 3DSSR3 和 3DSSR12 之间,物理距离约为 1250 Kb。由于植物抗性是可遗传的,所以寻找抗病基因、研究其作用机制,对培育抗病新品种意义重大。

抗病新品种选育可以通过对不同致病型病原菌的抗性表型明确,鉴别品种选用是病原菌致病型分化的关键,不同的鉴别品种划分病原菌的致病型或生理小种完全不同。Ji 等^[12] 利用水稻近等基因系材料作为鉴别品种,证实 *Xoc* 少数菌株之间存在致病力分化现象。He 等^[13] 选用 6 个鉴别品种 IRBB4、IRBB5、IRBB14、IRBB21、IR24 和金刚 30

将安徽省 11 个不同稻区的 72 个 *Xoc* 分为 6 个致病型;Zhang 等^[14] 使用鉴别品种 IRBB4、IRBB5、IRBB14、IRBB21、IR24 和金刚 30 测定江苏徐淮地区 82 个 *Xoc*,划分为 8 个致病型;Li 等^[15] 选用 IRBB5、IRBB14、IR24、IRBB4、IRBB21 和金刚 30 等 6 个鉴别品种将江西省 6 个稻区的 129 株 *Xoc* 菌株划分为 9 个致病型;Wang 等^[16] 以水稻品种 IRBB4、IRBB5、IRBB14、IRBB18、IRBB21 和 IR24 为鉴别品种将西南地区 141 株 *Xoc* 划分为有 21 个致病型。近年来随着云南稻区种植模式和主栽品种的改变,水稻细菌性条斑病流行,危害严重的稻区水稻减产 50% 以上^[17,18]。因此,明确云南省各稻区水稻细菌性条斑病菌的致病力分化状况,以及当地主栽、区试水稻品种对条斑病的抗性反应,对防治各稻区水稻细菌性条斑病尤为重要。

本研究采用 IRBB4、IRBB5、IRBB14、IRBB18、IRBB21 和 IR24 共 6 个鉴别品种,对 2018 年采自云南 8 个稻区的 86 株 *Xoc* 菌株进行了致病型分析,利用 3 株不同致病型的 *Xoc* 代表菌株对 80 个云南主栽及区试品种进行抗性鉴定,筛选出对 *Xoc* 具有抗性的品种,以期抗病品种的选育和云南各稻区的抗病品种合理布局提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 供试菌株

86 株 *Xoc* 菌株,分离于云南省 8 个不同水稻种植区,分离方法参照 Lin 等^[19] 的梯度稀释涂布法。菌株纯化后,移入 25% 甘油管中冻存于 -80℃ 超低温冰箱备用。

1.2 供试水稻

1.2.1 鉴别品种 近等基因系材料 IRBB4、IRBB5、IRBB14、IRBB18、IRBB21 和 IR24,感病对照品种日本晴,由云南农业大学植物保护学院提供。

1.2.2 抗性鉴定材料 云南省主要栽培及区试品种 80 个,包括常规稻品种 20 个(粳稻 11 个、籼稻 9 个),杂交稻品种 40 个(粳稻 2 个、籼稻 38 个),

区试品种 7 个(粳稻 5 个、籼稻 2 个)和地方稻品种 13 个,由云南各地(州)农业局植保站提供。

1.3 水稻细菌性条斑病菌接种方法

1.3.1 孕穗期接种 接种试验于云南省西双版纳傣族自治州水稻试验基地进行。

1.3.2 接种菌悬液制备 将供试 *Xoc* 菌株(86 株)复壮培养于 NA 固体培养基上,28℃ 恒温培养 48 h,用无菌水稀释至 3×10^8 CFU · mL⁻¹ (OD₆₀₀ ≈ 0.3) 的菌悬液。水稻孕穗期采用针刺法接种于剑叶主脉两侧,每个菌株对同一水稻品种接种 10 片叶,共 20 个接种点。

1.4 水稻细菌性条斑病菌调查方法

接种 21 d 后,待感病对照水稻品种发病完全。测量针刺接种点的病斑长度,同一水稻品种接种每个菌株测量 10 片叶上 20 个接种点,病斑长度取平均值,作为衡量菌株致病力强弱的尺度。

水稻细菌性条斑病菌的致病型划分标准参照 Ji 等^[19]的方法,即依据接种后病斑长度将 *Xoc* 的毒力划分为 10 级:0 级,病斑长度 ≤ 1 mm;1 级,1 mm < 病斑长度 ≤ 5 mm;2 级,5 mm < 病斑长度 ≤ 15 mm;3 级,15 mm < 病斑长度 ≤ 20 mm;4 级,20 mm < 病斑长度 ≤ 25 mm;5 级,25 mm < 病斑长度 ≤ 30 mm;6 级,30 mm < 病斑长度 ≤ 35 mm;7 级,35 mm <

病斑长度 ≤ 40 mm;8 级,40 mm < 病斑长度 ≤ 45 mm;9 级,45 mm < 病斑长度 ≤ 50 mm;10 级,病斑长度 > 50 mm;基于病原菌的毒力等级,采用非加权组平均法(unweighted pair group arithmetic method, UPGMA)进行聚类分析对病原菌进行致病力分型。

水稻品种抗病性鉴定及抗感分级标准参考 Li 等^[15]、He 等^[20]的方法,分级标准为:高抗(HR) 1 mm < 病斑长度平均值 ≤ 5 mm;抗(R), 5 mm < 病斑长度平均值 ≤ 10 mm;中抗(MR), 10 mm < 病斑长度平均值 ≤ 15 mm;中感(MS), 15 mm < 病斑长度平均值 ≤ 20 mm;感(S), 20 mm < 病斑长度平均值 ≤ 25 mm;高感(HS), 病斑长度平均值 > 30 mm。

2 结果与分析

2.1 云南省水稻 *Xoc* 菌株致病型的划分

将从云南省 8 个不同稻区采集的 86 个 *Xoc* 菌株接种到含有不同抗性基因的 6 个水稻鉴别品种 IR24、IRBB5、IRBB21、IRBB4、IRBB18、IRBB14,接种后测量的水稻条斑病病斑长度见表 1。结果显示 86 株参试菌在 6 个鉴别品种的平均病斑长度 1.25 cm ~ 2.31 cm,最长病斑长度达到 8.13 cm (IR24 接种 NO.63 菌株)。IR24 的平均病斑长度值最大,为 2.31 cm;IRBB21 平均病斑长度值最小,为 1.25 cm。

Table 1 Lesion lengths of the tested *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola* strains in 6 different rice varieties

Strains NO.	Lesion length for rice varieties/cm						Strains NO.	Lesion length for rice varieties/cm					
	IR24 <i>Xa18</i>	IRBB5 <i>xa5</i>	IRBB21 <i>Xa21</i>	IRBB4 <i>Xa4</i>	IRBB18 <i>Xa18</i>	IRBB14 <i>Xa4</i>		IR24 <i>Xa18</i>	IRBB5 <i>xa5</i>	IRBB21 <i>Xa21</i>	IRBB4 <i>Xa4</i>	IRBB18 <i>Xa18</i>	IRBB14 <i>Xa4</i>
1	2.24	3.02	2.33	1.77	3.61	3.53	44	1.85	0.64	0.67	1.28	1.84	1.67
2	1.36	1.91	2.65	2.16	1.77	2.11	45	1.69	0.74	0.91	1.67	2.06	1.39
3	2.14	2.03	0.98	1.94	1.96	1.77	46	1.68	1.74	0.73	1.94	2.17	2.46
4	1.23	1.61	0.56	1.42	1.65	0.67	47	1.63	1.49	1.68	2.10	2.26	2.03
5	1.19	2.13	1.29	1.94	0.71	1.16	48	1.67	0.74	1.64	1.67	1.74	1.69
6	1.27	1.91	1.53	1.65	0.62	1.64	49	1.76	0.85	1.29	1.62	1.59	1.74
7	1.35	1.26	1.26	1.39	1.96	1.57	50	1.64	0.84	0.64	1.28	1.31	1.54
8	1.56	2.26	1.89	2.01	2.37	1.73	51	3.66	1.11	3.66	0.79	1.19	0.73
9	1.22	0.93	1.28	1.18	0.85	0.76	52	5.85	0.96	5.85	1.54	1.06	1.19
10	1.49	2.44	2.08	1.81	2.58	2.11	53	4.51	2.14	4.51	0.75	2.16	0.53
11	1.46	1.84	1.75	1.29	1.66	1.57	54	3.84	1.23	3.84	0.99	1.47	0.76
12	1.22	2.21	0.61	0.57	1.39	1.55	55	4.45	1.57	4.45	0.85	1.55	0.71
13	1.33	1.89	1.74	0.68	1.44	1.64	56	4.18	2.38	4.18	1.29	1.92	1.18
14	1.19	1.52	1.68	0.88	1.94	1.86	57	0.88	0.93	0.88	1.10	1.14	1.10
15	1.28	1.31	1.56	2.11	1.93	2.01	58	1.19	2.13	1.19	0.75	0.65	0.37
16	1.46	0.84	1.38	1.27	2.07	2.22	59	5.11	1.37	5.11	1.36	1.86	0.71

Continued Table 1

Strains NO.	Lesion length for rice varieties/cm						Strains NO.	Lesion length for rice varieties/cm					
	IR24	IRBB5	IRBB21	IRBB4	IRBB18	IRBB14		IR24	IRBB5	IRBB21	IRBB4	IRBB18	IRBB14
	<i>Xa18</i>	<i>xa5</i>	<i>Xa21</i>	<i>Xa4</i>	<i>Xa18</i>	<i>Xa4</i>		<i>Xa18</i>	<i>xa5</i>	<i>Xa21</i>	<i>Xa4</i>	<i>Xa18</i>	<i>Xa4</i>
17	1.63	0.77	2.13	2.05	1.84	0.66	60	4.12	1.65	4.12	1.48	0.69	0.96
18	0.41	0.36	1.02	1.74	1.61	1.55	61	4.77	1.23	4.77	1.31	1.59	0.73
19	1.28	2.06	1.86	1.29	1.58	0.52	62	5.52	1.28	5.52	1.28	1.25	1.14
20	1.33	0.69	1.56	1.67	1.49	1.57	63	8.13	1.60	8.13	1.07	1.66	0.79
21	0.55	0.61	1.21	1.06	1.36	1.27	64	5.18	1.37	5.18	1.52	0.81	1.13
22	1.62	1.50	0.54	2.08	2.11	0.97	65	4.41	2.85	4.41	1.97	1.57	0.72
23	0.48	1.24	1.94	1.58	1.74	0.49	66	4.40	0.68	4.40	1.60	1.36	1.21
24	1.86	0.64	0.75	2.03	1.88	1.65	67	4.55	1.15	4.55	1.80	1.92	1.29
25	1.32	2.11	1.46	2.01	1.67	1.95	68	3.89	1.33	3.89	1.43	1.86	0.67
26	0.29	1.22	1.31	1.26	1.45	0.75	69	5.35	1.64	5.35	1.84	3.2	1.64
27	1.33	1.71	0.84	1.56	1.29	1.84	70	3.41	1.44	3.41	1.60	1.38	1.72
28	2.06	0.85	0.73	1.52	1.46	1.88	71	4.65	1.08	4.65	2.46	1.96	0.86
29	1.29	1.48	0.79	1.64	1.37	1.76	72	4.03	1.09	4.03	1.83	2.34	1.83
30	1.65	0.66	0.71	1.32	1.64	0.67	73	5.03	1.85	5.03	1.47	1.92	1.36
31	1.43	0.67	1.64	1.55	0.52	0.64	74	3.65	1.24	3.65	1.63	1.46	1.03
32	1.59	0.76	0.81	1.66	1.24	1.61	75	2.15	2.15	2.15	1.40	1.56	1.73
33	1.29	1.32	0.84	1.46	1.82	2.21	76	2.50	0.73	2.50	1.65	1.20	0.82
34	1.33	1.41	2.01	1.65	2.45	2.66	77	0.73	1.18	0.73	1.10	0.97	0.59
35	1.63	0.71	0.46	0.81	1.37	1.63	78	3.17	1.23	3.17	1.21	1.59	1.98
36	1.52	0.81	0.71	1.24	1.38	1.63	79	2.51	1.74	2.51	0.83	0.57	0.59
37	2.13	1.54	0.64	1.67	2.11	2.13	80	4.33	1.45	4.33	0.41	0.89	0.97
38	1.21	0.64	1.26	1.64	1.85	1.37	81	3.24	0.85	3.24	0.5	1.48	0.43
39	1.33	1.81	2.13	2.22	1.33	0.56	82	0.66	1.31	0.66	0.89	1.44	0.84
40	1.62	0.86	1.64	3.01	1.06	0.67	83	2.86	1.31	2.86	0.61	1.45	1.36
41	2.03	0.67	1.34	1.71	1.82	0.72	84	0.71	0.8	0.71	0.50	1.17	1.21
42	1.34	1.91	0.72	1.64	1.81	0.86	85	0.77	1.05	0.77	0.59	1.03	0.67
43	2.06	0.65	0.66	1.74	1.65	0.88	86	4.50	2.58	4.50	0.30	1.23	0.62

按照 10 级毒力水平划分标准,86 个 *Xoc* 菌株的毒力水平通过 UPGMA 聚类后分为 9 个致病型(图 1)。不同致病类型占参试菌株的比例为:I 型菌株分布频率最高,为 45.34%;II、IV、VIII 型菌株分布频率中等,分别为 13.95%、13.95%和 8.13%;其余的 III、V、VI、VII 和 IX 型菌株的分布频率较低,分别为 2.32%、4.65%、3.48%、5.81%和 2.32%。

2.2 云南省 *Xoc* 菌株地理分布的多样性分析

根据致病型分析 86 株 *Xoc* 菌株的地理分布(表 2)。楚雄稻区(7 株参试菌株)存在 I 型、II 型、IV 型和 VI 型 4 个致病型;德宏稻区(54 株参试菌株)存在 I ~ IX 型 9 个致病型;红河稻区(11 株参试菌株)存在 I 型、II 型和 III 型 3 个致病型;西双版纳稻区(6 株参试菌株)存在 I 型和 II 型 2 个致病型;丽江稻区(2 株参试菌株)存在 I 型和 IV 型 2 个致病型;临沧稻区(2 株参试菌株)全为 I 型致病

菌;昭通稻区 1 株参试菌株为 IV 型致病菌;玉溪稻区(3 株参试菌株)存在 I 型、VIII 型和 IX 型 3 个致病型。8 个稻区中有 7 个稻区均含有 I 致病型的病菌,只有昭通稻区没有发现 I 型致病菌。德宏稻区出现的 V 型和 VI 型致病型为该稻区特有的致病型(图 2)。说明云南省水稻种植区主要的 *Xoc* 致病型呈现多样性,但主要优势种群为 I 型致病型。

2.3 水稻品种对 *Xoc* 菌株的抗性鉴定分析

为了明确云南省主栽水稻品种对 *Xoc* 的抗性,在水稻孕穗期,利用不同致病型代表菌株:I 型致病菌(I 型毒力最强,且分布频率最大)NO.19、II 型致病菌(II 型中等毒力致病型)NO.14 和 VI 型致病菌(VI 型致病菌毒力最弱,且分布频率最低)NO.26 对云南省 80 个主栽或区试水稻品种进行针刺接种。结果显示,80 个品种中,对 I 型致病菌表现抗性的水稻品种共 24 个,占 30.0%;对 II 型致病菌

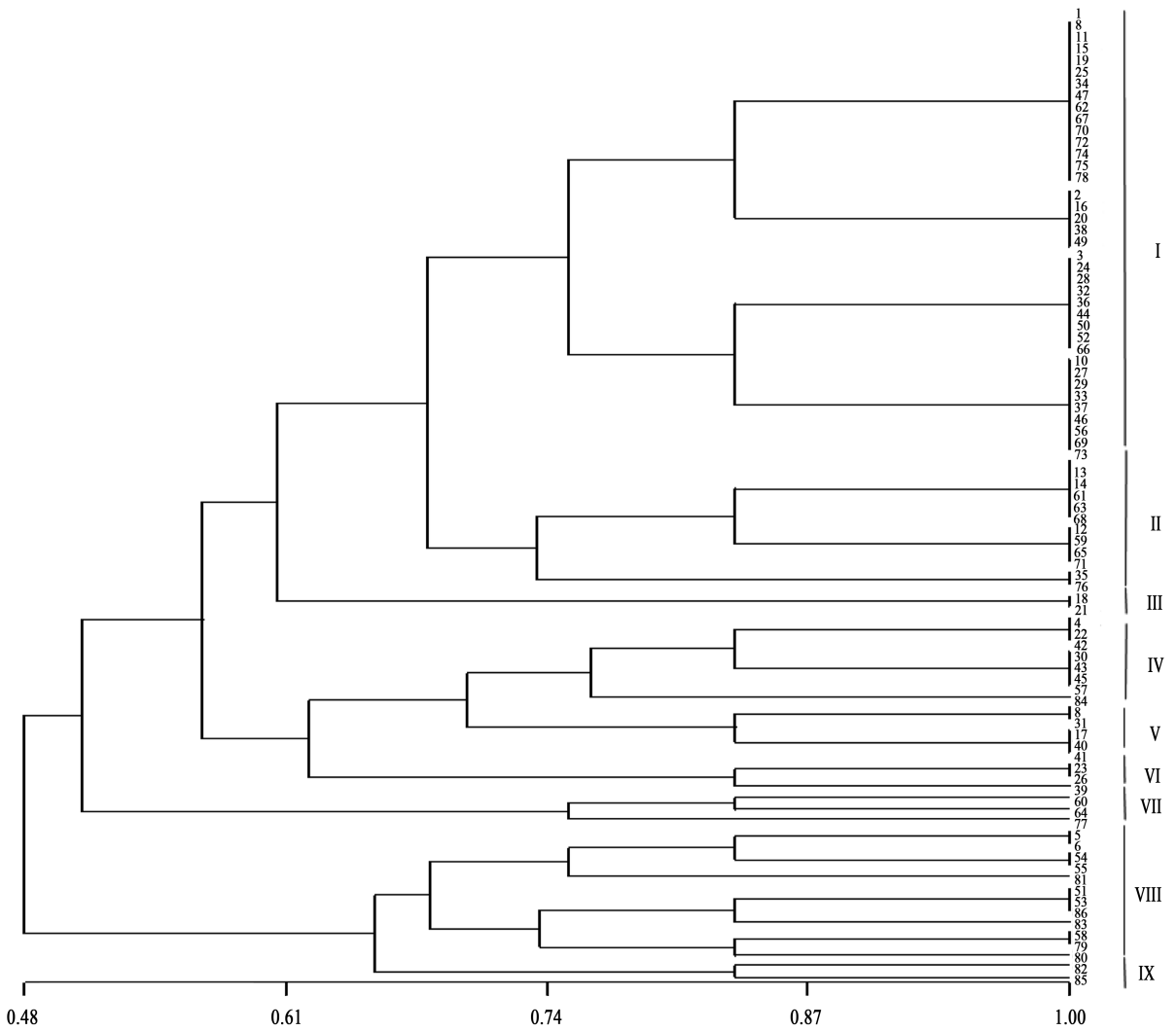


Fig. 1 Classification of 86 *Xanthomonas oryzae* pv. *orydicola* strains into pathotypes

Table 2 Distribution frequency of *Xanthomonas oryzae* pv. *orydicola* strains with different pathogenicity in rice-growing areas of Yunnan Province

Location	Number of strains	Pathotype/%								
		I	II	III	IV	V	VI	VII	VIII	IX
Chuxiong	7	50.0	14.2	0.0	14.2	0.0	0.0	28.6	0.0	0.0
Dehong	54	31.1	16.2	2.6	12.5	8.2	6.3	6.3	12.5	4.5
Honghe	11	72.7	18.2	9.1	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Xishuangbanna	6	66.7	33.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Lijiang	2	50.0	0.0	0.0	50.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Lincang	2	100.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Yuxi	3	33.3	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	33.3	33.3
Zhaotong	1	0.0	0.0	0.0	100.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
Yunnan province	86	50.5	10.2	1.5	22.1	1.0	0.8	4.4	5.7	4.7

表现出抗性的水稻品种 28 个,占 35.0%;对Ⅵ型致病菌表现出抗性的水稻品种 46 个,占 57.5%。本研究筛选出 9 个对 3 株 *Xoc* 菌株均表现为抗病的水稻品种,其接种 3 种致病型 *Xoc* 菌株的结果见表 3。

2.4 不同类型水稻的抗性分析

80 个水稻品种(材料)分为 4 种类型,包括常

规稻品种 20 个、杂交稻品种 40 个、区试品种 7 个和地方稻品种 13 个(表 4)。通过抗性评价表明:针对强毒力致病型Ⅰ型菌株 NO.19,常规稻、杂交稻和区试品种表现抗性比例分别为 60.0%、35.0%和 28.5%,地方稻中没有表现为抗性的品种。对中等毒力的Ⅱ型致病菌 NO.14,常规稻、杂交稻和区试品种表现抗性比例分别为 55.0%、27.5%和 35.0%,

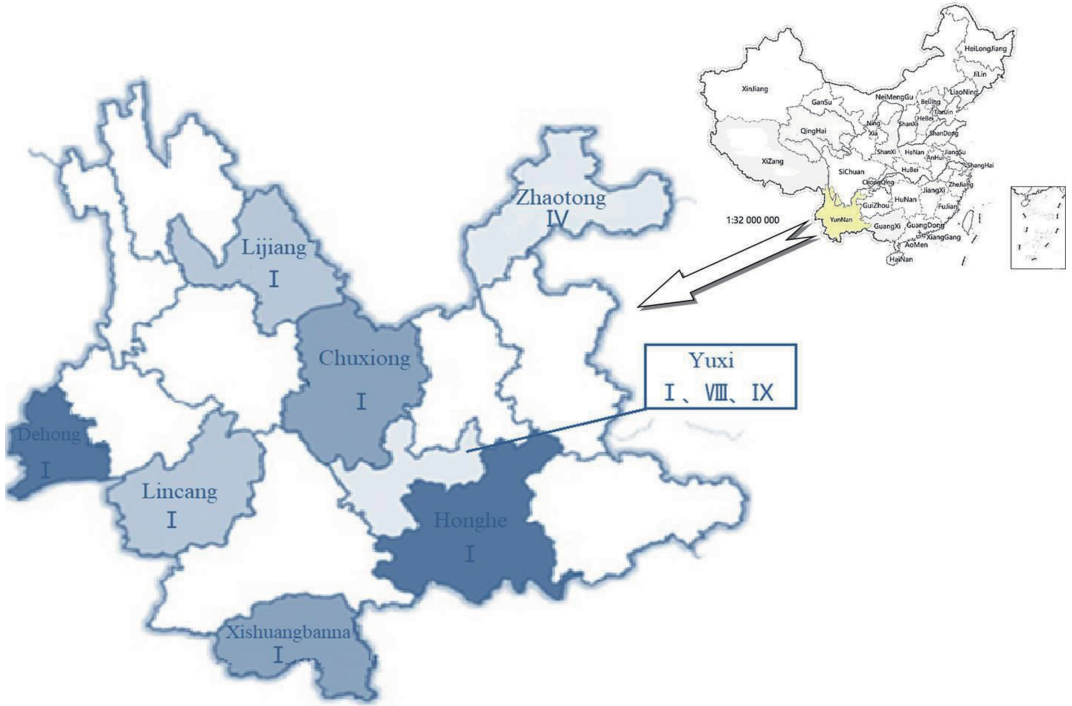


Fig. 2 Distribution of the predominant *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola* pathotypes in different rice-growing areas of Yunnan Province

Table 3 The responses of cultivated rice varieties in Yunnan Province to three pathotypes *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola* strains

Varieties	Pathotype of <i>Xoc</i>		
	NO.19 lesion length /cm	NO.14 lesion length /cm	NO.26 lesion length /cm
Deyou 16	0.28 ± 0.021	0.30 ± 0.034	0.33 ± 0.014
Deyou 8	0.32 ± 0.013	0.38 ± 0.025	0.36 ± 0.011
Changgui 2	0.21 ± 0.031	0.20 ± 0.014	0.27 ± 0.012
Yujing 16	0.45 ± 0.006	0.83 ± 0.019	0.35 ± 0.027
Zhengjing 11	0.75 ± 0.022	0.77 ± 0.011	0.88 ± 0.008
Fengdao 27	0.77 ± 0.015	0.50 ± 0.016	0.28 ± 0.016
Chujing 28	0.92 ± 0.019	0.93 ± 0.002	0.45 ± 0.021
Yunjing 3	0.53 ± 0.031	0.85 ± 0.017	0.33 ± 0.061
Hexi 39	1.00 ± 0.011	0.83 ± 0.009	0.57 ± 0.018

Table 4 Resistance of different types of rice varieties to different pathogenic strains of bacterial leaf blight of rice

Rice type	I		II		VI	
	Resistant varieties	Percentage resistance/%	Resistant varieties	Percentage resistance/%	Resistant varieties	Percentage resistance/%
Inbred japonica (11)	6	54.55	7	63.64	10	90.91
Inbred indica (9)	6	66.67	4	44.44	5	55.56
Hybrid indica (38)	13	34.21	11	28.95	14	36.84
Hybrid japonica (2)	1	50.00	0	0.00	0	0.00
Regional test japonica (5)	2	40.00	2	40.00	5	100.00
Regional test indica (2)	0	0.00	0	0.00	2	100.00
landraces rice of Yunnan (13)	0	0.00	0	0.00	9	71.43

地方稻没有表现为抗性的品种;对弱毒力的VI型致病菌 NO.26,常规稻、杂交稻和区试品种表现为抗性的比例分别为 75.0%、35.0%和 100%,地方稻中 69.2%的水稻品种对 NO.26 致病菌表现为抗性。从粳、籼稻类型比较可知,粳稻品种对 *Xoc* 菌株的抗性要好于籼稻品种。综上所述,云南省水稻品种中常规稻对不同毒力致病型 *Xoc* 菌株的抗性要优于杂交稻和地方稻,暗示常规稻仍为理想的抗源材料。

3 讨论

细菌性条斑病是水稻生产上一类重要的病害,种植抗病品种对水稻条斑病的防治最为经济有效,而抗病材料的选育是抗病品种的关键^[21]。Liu 等^[22]以金刚 30、窄叶青、XM5、XM 6、M41 作为鉴别品种,将 40 株稻细条病菌划分成 7 个致病型,Chen 等^[23]以 IRBB4、IRBB5、IRBB14、IRBB21、IR24 和金刚 30 共 6 个品种鉴别了江苏徐淮地区 *Xoc* 为 8 个致病型;Wang 等^[16]以 IRBB4、IRBB5、IRBB14、IRBB18、IRBB21、IR24 共 6 个品种于 2010 年通过采用针刺接种病斑长度 ≥ 1 cm 为感病(S)表型,病斑长度 <1 cm 为抗病(R)表型的致病力分级标准,测定了我国西南地区菌株的致病力反应,发现云南的致病小种多样性较高具有 13 个致病型,同时也表明了该套水稻鉴别品种对云南省 *Xoc* 菌株具有较好的鉴别能力。本研究采用 IRBB4、IRBB5、IRBB14、IRBB18、IRBB21、IR24 共

6 个水稻鉴别品种,以 0~10 级的毒力水平对 2018 年采自云南省 8 个地区的 86 株 *Xoc* 菌株进行了致病型分析,将这些菌株划分为 I ~ IX, 9 个致病型。与此同时我们采用病斑长度 ≥ 1 cm 为感病(S)表型,病斑长度 <1 cm 为抗病(R)表型对参试菌株的致病力进行划分,86 个菌株被划分为 27 个致病型(C1~C27)如表 5。两种分型结果的差异,其原因可能是 1 cm 划分抗感表型的范围相对较宽,27 个致病型中致病型之间只有一个鉴别品种的抗感表型存在差异,容易导致更多的致病型出现。针对云南省 *Xoc* 致病菌多样性的特点,采用 10 级毒力水平进行划分致病型不失为更加合理的划分标准。

2010 年 Wang 等^[8]对云南、四川、贵州的 75 个菌株划分为 13 个不同的致病型,并且 C9 (SRSSSS)为云南省的优势致病型,但本研究发现云南不同水稻区的致病型呈现多样性,且几乎所有稻区(除参试菌株只有 1 株的昭通稻区)的优势致病型为 I 型, I 型致病菌的优势表型主要为 SSSSSS 表型;说明云南省的水稻细菌性条斑病菌整体向强致病力方向进化,强毒力致病型菌株高频率广泛分布是近年来云南省细菌性条斑病频发、高发的重要原因。德宏稻区 I ~ IX 型均存在,优势致病型为 I 型,独有的致病型为 V、VI、VIII 和 IX。这也表明德宏稻区病原菌致病型多样性,也是该地区抗性水稻品种抗性丧失较快,细菌性条斑病害不断发生,难以防治的原因。

Table 5 Comparison of the pathogenicity differentiation of 87 *Xoc* strains in 6 differential cultivars

Pathotype	Ratio/%	Pathotype	Ratio/%	Pathotype	Ratio/%
C1 SSSSSS	18.39	C10 SRRSSS	10.34	C19 SSRRRS	3.45
C2 SRSSSS	6.90	C11 SRRRSS	2.30	C20 RSRRRS	2.30
C3 SSRSSR	3.45	C12 SRRSSR	4.60	C21 SSRRRR	1.15
C4 SSRSSS	10.34	C13 SRRSRR	1.15	C22 SSSRRS	2.30
C5 RSRSSS	1.15	C14 SRSSRR	2.30	C23 SSSRRR	1.15
C6 SSSSRS	2.30	C15 SRSSSR	3.45	C24 SRSRRS	1.15
C7 SSRSSR	1.15	C16 RSSSSR	2.30	C25 RSSRRS	1.15
C8 SSSRSS	6.90	C17 SSSSSR	1.15	C26 RSRRSS	1.15
C9 SSRRSS	4.60	C18 RRSSSS	2.30	C27 RSRRSR	1.15

The pathotype of rice varieties order: IRBB4, IRBB5, IRBB14, IRBB18, IRBB21, IR24.

目前为止,还没有从水稻中鉴定出对亚洲 *Xoc* 菌株具有抗性的主效基因。仅从玉米中发现一个非寄主抗性基因 *Rxo1*^[7] 和从美国地方水稻品种 Carolina Gold Select 鉴定出一个针对非洲 *Xoc* 菌株具有抗性的基因 *Xo1*^[24]。大量研究表明,常规稻品种对水稻细菌条斑病的抗性优于杂交稻,粳稻对条斑病的抗性更好。Zhang 等^[25] 利用 3 个不同毒力的致病型菌株对江苏省 240 个不同类型水稻品种的条斑病抗性进行鉴定发现,粳稻中没有对强毒力致病型菌株表现抗性的品种,对中等毒力致病型菌株表现抗性的比例仅为 17.2%,粳稻中对强毒力菌株表现抗性的比例较高,为 59.8%。Wang 等^[26] 对我国 3 343 份水稻材料进行抗性评价,常规稻表现为抗性的材料比例为 19.02%,杂交稻没有抗性(R)材料,表现中抗(MR)的材料比例也仅有 2.86%。本研究以云南稻区 3 个不同毒力水平的致病型代表菌株,分布频率最高的 I 型和 II 型致病菌,且 I 型致病菌为强毒力菌株,II 型致病菌为中等毒力菌株和弱毒力 VI 型致病力菌株对云南 80 个不同类型的水稻品种(包括常规稻、杂交稻和地方稻)进行抗性评价,结果显示云南省水稻品种对强毒力优势致病型菌株表现为抗性的比例为 30%;对 3 个致病型都表现为抗病性的水稻品种 9 个,其中 Deyou16 和 Changgui2 表现为高抗,既可直接作为抗病品种在品种适宜稻区种植推广,又可作为良好的种质资源,这对于云南省水稻细菌性条

斑病的防控十分有意义。从不同类型水稻品种的抗性分析结果来看,云南常规稻品种抗性高于杂交稻品种,粳稻好于籼稻;其中常规籼稻品种 Changgui2 对 3 个致病型均具有高抗水平的表现。云南省种植的水稻主要以籼稻为主,尤其致病型最为丰富的德宏稻区,籼稻抗性品种的发现对缓解籼稻主要种植区的抗性退化具有重要价值。

云南 *Xoc* 优势种群致病力强,生产中普遍种植的水稻品种抗病性偏弱,病害防控形势十分严峻,今后对该地区应及时评价水稻品种对细菌性条斑病的抗病性,监测病菌致病力分化变化动态,进一步选育抗病品种为云南水稻安全生产提供保障。

本研究筛选出的抗病品种 Deyou16, Changgui2 等,有待于利用分子生物学从分子水平阐明抗病机理,为水稻条斑病的抗病育种提供理论依据。

参考文献

- [1] Reinking O. Philippine economic plant diseases [J]. Philippine Journal of Science, 1918, 13(5): 217-274.
- [2] Ma L, Fang Y, Xiao S Q, et al. QTL exploration of bacterial leaf streak and their gene expression in rice (in Chinese) [J]. Chinese Bulletin of Botany (植物学报), 2018, 53(4): 468-476.
- [3] NIÑO-LIU D O, Ronald P C, Bogdanove A J. *Xanthomonas oryzae* pathovars: model pathogens of a

- model crop [J]. *Molecular Plant Pathology*, 2006, 7 (5): 303-324.
- [4] Zheng J S, Li Y Z, Fang X J. Detection of QTL conferring resistance to bacterial leaf streak in rice chromosome 2 (*O. sativa* L. spp. *indica*) [J]. *Scientia Agricultura Sinica* (中国农业科学), 2005, 38(9):1923-1925.
- [5] Wei C Y, Li F F, Mo Y X, *et al.* Persistence of gallic acid on bacterial leaf streak of rice (in Chinese) [J]. *Plant Protection* (植物保护), 2019, 45(2):129-133. 142.
- [6] Zhou M G, Ma Z H, Dang X L, *et al.* Characters of resistant isolates of *Xanthomonas oryzae* to Saikuzuo (in Chinese) [J]. *Journal of Plant Protection* (植物保护学报), 1997, 24(2):155-158.
- [7] Zhou Y L, Xu M R, Zhao M F, *et al.* Genome-wide gene responses in a transgenic rice line carrying the maize resistance gene *Rxol* to the rice bacterial streak pathogen, *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola* [J]. *BMC Genomics*, 2010, 11(1): 78.
- [8] Wang L, Xu M R, Gao X Q, *et al.* Resistance to *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola* triggered by non-host resistance gene *Rxol* in rice (in Chinese) [J]. *Biotechnology Bulletin* (生物技术通报), 2010, 12(12):100-102.
- [9] Tang D, Wu W, Li W, *et al.* Mapping of QTLs conferring resistance to bacterial leaf streak in rice [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2000, 101(1-2): 286-291.
- [10] Xie X F, Ling D G, Xu G Q, *et al.* Identification of candidate genes for QTL *qBlsr5a* conferring resistance to bacterial leaf streak in rice by bioinformatics and qRT-PCR analyses (in Chinese) [J]. *Molecular Plant Breeding* (分子植物育种), 2013, 11(3):293-298.
- [11] Cao J L, Chen Z W, Ling D G, *et al.* Verification of QTL *qBlsr3d* conferring resistance to bacterial leaf streak in rice by constructing SSSL (in Chinese) [J]. *Molecular Plant Breeding* (分子植物育种), 2014, 12(3):416-420.
- [12] Ji G H, Xu Z G, Xu S G. Study on resistance of rice near-iso-lines (NILs) to bacterial blight and leaf streak of rice (in Chinese) [J]. *Journal of Yunnan Agricultural University* (云南农业大学学报), 2000, 15(3): 186-191.
- [13] He T, Yu J H, Zhang L X, *et al.* Isolation and pathotype monitoring of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola* population in anhui province (in Chinese) [J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin* (中国农学通报), 2014, 30(10):299-302.
- [14] Zhang R S, Chen Z Y, Liu Y F. Genetic diversity and pathotype variability of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola* strains (in Chinese) [J]. *Chinese Journal of Rice Science* (中国水稻科学), 2011, 25(5):523-528.
- [15] Li X S, Zou L F, Cai Y H, *et al.* Analysis of rice varieties resistant to bacterial leaf streak and pathotype monitoring of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola* in Jiangxi (in Chinese) [J]. *Acta Phytopathologica Sinica* (植物病理学报), 2017, 47(6):808-815.
- [16] Wang S X, Ma G Z, Wei L F, *et al.* Virulence differentiation of strains of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola* in southwest of China (in Chinese) [J]. *Journal of Hunan Agricultural University* (湖南农业大学学报), 2010, 36(2):188-191.
- [17] Zhou L, Han Y, Yang J, *et al.* The sensitive baseline of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola* in southwest China to phenazino-1-carboxylic acid and zinc thiazole (in Chinese) [J]. *Journal of Anhui University* (安徽大学学报), 2014, 38(2):96-102.
- [18] Zhou L H, Han Y, Li M, *et al.* The resistance study of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola* in southwest China to streptomycin sulfate (in Chinese) [J]. *Journal of Yunnan Agricultural University* (云南农业大学学报), 2014, 29(5): 654-660.
- [19] Ji Z Y, Zakria M, Zou L F, *et al.* Genetic diversity of transcriptional activator-like effector genes in Chinese isolates of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola* [J]. *Phytopathology*, 2014, 104(7): 672-682.
- [20] He W A, Huang D H, Liu C, *et al.* Inheritance of

- resistance to bacterial leaf streak in four accessions of common wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.) (in Chinese) [J]. *Acta Phytopathologica Sinica* (植物病理学报), 2010, 40(2): 180-185.
- [21] Hong D W, Gao Y, Luo D J, *et al.* Screening of broad-spectrum resistant resources against rice bacterial leaf streak (in Chinese) [J]. *Journal of Southern Agriculture* (南方农业学报), 2017, 48(2): 272-276.
- [22] Liu Y X, Chen G Y, Tu L C, *et al.* Screening of critical cultivars of pathotypes of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola* (in Chinese) [J]. *Journal of Huazhong Agricultural* (华中农业大学学报), 2004, 23(4): 403-405.
- [23] Chen Z Y, Liu Y F, Liu F Q, *et al.* Resistant evaluation of rice bacterial leaf streak and virulence differentiation of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola* in Jiangsu (in Chinese) [J]. *Journal of Plant Protection*(植物保护学报), 2009, 36(4): 315-318.
- [24] Triplett L R, Cohen S P, Heffelfinger C, *et al.* A resistance locus in the American heirloom rice variety Carolina Gold Select is triggered by TAL effectors with diverse predicted targets and is effective against African strains of *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzicola* [J]. *The Plant Journal*, 2016, 87(5): 472-483.
- [25] Zhang R S, Wang X Y, Luo C P, *et al.* Evaluation of rice varieties resistant to bacterial leaf streak in Jiangsu (in Chinese) [J]. *Journal of Plant Protection*(植物保护学报), 2014, 41(4): 385-389.
- [26] Wang H R, Xie G L, Feng Z M, *et al.* Evaluation of resistance of rice varieties (lines) to rice bacterial leaf streak (in Chinese) [J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*(中国农学通报), 1995, 11(3): 17-19.

责任编辑:于金枝