

文章编号: 1003-8701(2006)06-0035-03

# 吉林省稻瘟病菌对水稻品种的致病谱研究

任金平<sup>1</sup>, 郭晓莉<sup>1</sup>, 郑民<sup>2</sup>, 杨晓辉<sup>2</sup>, 刘小梅<sup>1</sup>,  
李莉<sup>1</sup>, 孙辉<sup>1</sup>

(1. 吉林省农业科学院植保所, 吉林公主岭 136100; 2. 梨树县植保植检站, 吉林梨树 136500)

**摘要:** 稻瘟病菌存在不同的生理小种(或株系), 不同小种对不同水稻品种的致病力不同, 不同抗病品种抵抗的小种数量和种类(抗谱)也不同, 抗病品种抗谱广。试验筛选出 Pi-z<sup>1</sup>、pi-b、Pi-z、Pi-k<sup>0</sup> 和 Pi-k<sup>0</sup> 5 个抗瘟单基因对吉林省稻瘟病菌具有较好的抗性, 抗谱均在 80% 以上, 尤其是 Pi-z<sup>1</sup> 和 Pi-z 的抗谱达到 95.1% 和 91.7%。这 5 个抗瘟单基因在吉林省水稻抗瘟育种和水稻抗稻瘟病转基因中具有较大利用价值。

**关键词:** 稻瘟病; 致病性; 抗谱; 抗瘟基因

中图分类号: S435.111.4<sup>1</sup>

文献标识码: A

稻瘟病是我省水稻最重要的病害, 每年都不同程度发生。重发生年可造成水稻产量损失 10% ~ 15%, 严重田块甚至绝收。培育和推广抗病品种是防治稻瘟病最经济有效的措施之一。但由于稻瘟病菌的易变异性, 使其存在广泛的生理分化, 并在时间和区域上随着栽培品种的变化而产生差异。不同菌株对不同品种具有不同的致病力, 从而影响发病程度。为明确吉林省稻瘟病菌对不同主栽水稻品种和不同抗瘟基因的致病力, 于 2002 ~ 2004 年进行了吉林省稻瘟病菌对水稻品种的致病谱研究。

## 1 材料与方 法

### 1.1 吉林省主栽水稻品种抗谱测定

#### 1.1.1 试验材料

水稻品种: 选择各地主栽水稻品种 47 个。

病原菌: 选择各地区有代表性菌株(2002 年 50 个, 2003 年 70 个, 2004 年 87 个)。

#### 1.1.2 试验方法

供试品种播种于带孔的塑料育苗盘中, 于幼苗 3 ~ 4 叶期采用不同菌株的分生孢子悬浮液(浓度为 100 倍显微镜视野下 20 ~ 30 个孢子)分别喷雾接种不同水稻品种, 接种后在 25 ~ 27 ℃ 下保湿 24 h, 然后在 20 ~ 30 ℃ 及高湿条件下培育。7 ~ 8 d 调查病情。

### 1.2 不同抗瘟基因对吉林省稻瘟病菌的抗谱测定

为了明确吉林省稻瘟病菌对不同抗瘟单基因水稻品种的抗性反应, 于 2004 和 2005 年进行了不同抗瘟基因对吉林省稻瘟病菌的抗谱测定。

#### 1.2.1 试验材料

供试品种: 从各地收集的水稻单基因抗瘟品种 29 份。

供试菌株: 吉林省有代表性菌株 82 个。

#### 1.2.2 试验方法

试验方法同水稻品种抗谱测定。

收稿日期: 2006-07-17

作者简介: 任金平(1961-)男, 辽宁省开原市人, 研究员, 主要从事植物病害研究。

## 2 结果与分析

### 2.1 吉林省主栽水稻品种抗谱测定结果

2002 ~ 2003 年吉林省稻瘟病菌对主栽水稻品种的致病频率综合测定结果见表 1, 2004 年分地区菌株测定结果见表 2。

从表 1 结果看出, 不同品种的抗谱具有较大差异, 菌株的致病频率从 4.2% ~ 60.0%。从变化趋势上看, 抗病品种抗谱广, 中抗以上品种的菌株致病频率在 4.2% ~ 18.0%, 感病品种抗谱窄, 容易发病, 菌株致病频率在 25.0% ~ 50.0%, 而高感品种抗谱很窄, 菌株致病频率为 59.3% ~ 60.0%, 说明抗谱广的品种一般抗性较强。因此在抗病育种中应尽量选择抗谱广的材料, 不易因小种类群的变化而丧失抗性。

表 1 菌株对不同品种的致病频率

品种名称	抗性等级	致病频率(%)
通 92-36	MR	4.2
通育 102	MR	11.1
九稻 16	MS	16.0
松粳 6 号	R	18.0
丰优 301	S	25.0
超产 2 号	S	32.0
丰优 203	S	40.3
吉优 1 号	S	50.0
通粘 3 号	HS	59.3
通粘 2 号	HS	60.0

表 2 水稻品种对不同地区菌株的抗谱

品种	吉林	通化	长春	四平	辽源	总抗谱(%)
九稻 41	100.0	90.9	100.0	100.0	100.0	98.8
通丰 8 号	98.0	100.0	100.0	80.0	87.5	96.3
九稻 33	94.1	100.0	100.0	80.0	100.0	95.1
九稻 44	92.2	100.0	100.0	80.0	100.0	93.9
丰选 2 号	94.1	100.0	85.7	80.0	87.5	92.7
吉玉粳	96.1	100.0	71.4	60.0	100.0	92.7
九稻 46	96.1	72.7	85.7	100.0	100.0	92.7
九稻 39	90.2	81.8	100.0	100.0	87.5	90.2
九稻 42	92.2	81.8	100.0	60.0	100.0	90.2
超级稻 1 号	92.2	90.9	71.4	100.0	75.0	89.0
通粘 8 号	94.1	72.7	71.4	80.0	100.0	89.0
超产 1 号	92.2	81.8	71.4	80.0	100.0	89.0
通丰 9 号	88.2	81.8	100.0	80.0	75.0	86.6
超产 2 号	92.2	72.7	57.1	100.0	87.5	86.6
通育 316	84.3	81.8	100.0	60.0	100.0	85.4
特优 21	86.3	72.7	85.7	60.0	100.0	84.1
延粳 23	86.3	90.9	100.0	40.0	62.5	82.9
通粳 790B	90.2	72.7	57.1	60.0	75.0	81.7
通粳 791B	86.3	63.6	85.7	80.0	62.5	80.5
九稻 19	82.4	81.8	85.7	20.0	100.0	80.5
松粳 6 号	72.5	100.0	100.0	80.0	75.0	79.3
通 35	80.4	81.8	85.7	40.0	75.0	78.0
通粳 793	82.4	63.6	57.1	80.0	75.0	76.8
丰优 301	68.6	72.7	85.7	100.0	75.0	73.2
通粳 790	80.4	63.6	42.9	40.0	75.0	72.0
五优 1 号	64.7	72.7	85.7	60.0	50.0	65.9
九稻 47	58.8	45.5	85.7	80.0	62.5	61.0
通引 31	54.9	54.5	42.9	40.0	62.5	53.7
通育 318	49.0	36.4	57.1	60.0	50.0	48.8
通引 58	45.1	36.4	57.1	40.0	62.5	46.3
通粳 611	47.1	18.2	85.7	60.0	25.0	45.1
通育 124	39.2	27.3	85.7	60.0	37.5	42.7
通 95-74	43.1	18.2	57.1	60.0	25.0	40.2
秋光	31.4	36.4	42.9	40.0	75.0	37.8
关东 107	41.2	36.4	28.6	20.0	25.0	36.6
农大 3 号	27.5	18.2	42.9	40.0	50.0	30.5
长白 9 号	29.4	9.1	28.6	40.0	37.5	28.0
吉引 12	23.5	9.1	57.1	60.0	37.5	28.0
藤系 138	25.5	0.0	42.9	40.0	12.5	23.2
富源 4 号	19.6	18.2	42.9	40.0	12.5	22.0

从表 2 看出, 九稻 41、通丰 8 号、九稻 33、九稻 44、丰选 2 号、九稻 46、九稻 42 和九稻 39 的抗谱在 90% 以上, 上述品种都是近几年通过审定的水稻新品种, 说明近几年新育成的品种抗瘟性已有较大的提高。

病菌种群分布及小种组成随地理位置和时间而异, 并与种植的品种类型密切相关。同一品种对不同地区菌株的抗谱有较大的差异, 如松粳 6 号对通化、长春地区的菌株抗谱达到 100%, 而对吉林和辽源地区菌株的抗谱只有 72.5% 和 75%。说明不同地区病原菌组成不同, 同一品种在不同地区将表现出不同的抗性水平。

另一方面, 由于寄主和病菌的互作, 导致自然界稻瘟病菌群体发生了变化, 优势种群从上个世纪 80~90 年代 G 群和 F 群变为现在的 D 群和 E 群, 使部分品种的抗性发生了变化。如 90 年代初我省主推品种吉玉粳在全省大面积推广, 到 1995~1996 年由于稻瘟病菌生理小种的变化而抗性丧失, 近几年种植面积较小, 使得对吉玉粳致病的小种数量及频率下降, 抗谱达到 92.7%, 抗性明显提高, 这一结果为品种的轮换种植提供了科学依据。

通过对不同菌株的比较可以看出, 稻瘟病菌不同菌株对不同品种的致病性差异显著。030108-1G<sub>1</sub> 只对供试品种延粳 23 致病, 030404-2F<sub>1</sub> 只对吉引 12 致病; 030307-2 G<sub>1</sub> 对通粳 793、秋光两个品种致病, 032304-2E<sub>1</sub> 对通粳 790、通 95-70 两个品种致病; 而 031408-2B<sub>9</sub> 对供试品种致病率达 60%, 030107-1D<sub>1</sub>、030304-1D<sub>1</sub>、030201-1E<sub>3</sub>、032303-1E<sub>1</sub> 这 4 个菌株对供试品种致病率为 47.5%。这一结果进一步说明要根据不同地区优势小种来选择适宜的种植品种, 规避品种的发病适区, 以便延长品种的抗病性年限。同时在进行品种抗性测定时必须采用多菌株进行测试, 以便全面反映品种的抗性程度。

## 2.2 不同抗瘟基因对吉林省稻瘟病菌的抗谱测定

含不同抗瘟基因水稻品种对吉林省稻瘟病菌的抗谱测定结果见表 3。

表 3 不同抗瘟基因对吉林省稻瘟病菌抗谱测定结果

品种名称(单基因)	接种菌株数	0~3 级(抗)	4 级(中)	5~9 级(感)	0~3 级百分率
爱知旭 pi-a	19	9	4	6	47.4
BL1 pi-b	82	71	1	10	86.6
藤坂 5 号 pi-i	25	7	4	14	28.0
草笛 pi-k	24	6	2	16	25.0
关东 51 Pi-k	82	24	7	51	29.3
露明 Pi-k <sup>n</sup>	8	4	0	4	50.0
K3 Pi-k <sup>n</sup>	17	14	2	1	82.4
K60 Pi-k <sup>n</sup>	82	68	3	11	82.9
新 2 号 Pi-k <sup>s</sup>	24	4	0	20	16.7
K59 Pi-t	17	8	1	8	47.1
K1 Pi-ta	26	20	1	5	76.9
福锦 Pi-z	25	21	3	1	84.0
城堡 1 号 Pi-z <sup>l</sup>	82	78	0	4	95.1
IRBL-4 Pi-k <sup>s</sup>	60	7	16	37	11.7
IRBL-5 Pi-k <sup>s</sup>	60	7	5	48	11.7
F-129-1 Pi-k <sup>n</sup>	60	33	5	22	55.0
K60 Pi-k <sup>n</sup>	60	40	7	13	66.8
IRBL-6 Pi-k	60	20	4	36	33.3
IRBL-8 Pi-k <sup>h</sup>	60	29	4	27	48.3
IRBL-10 Pi-z <sup>l</sup>	60	26	6	28	43.3
福锦 Pi-z	60	55	2	3	91.7
IRBL-17 Pi-sh	60	0	1	59	0.0
IRBL-20 Pi-5(t)	60	25	9	26	41.7
IRBL-21 Pi-7(t)	60	32	0	28	53.3
IRBL-22 Pi-9(t)	60	45	4	11	75.0
IRBL-24 Pi-19(t)	60	2	1	57	3.3
F-124-1 Pi-ta	60	27	6	27	45.0
F-128-1 Pi-ta <sup>2</sup>	60	45	5	10	75.0
IRBL-3 Pi-i	60	14	2	44	23.3
IRBL-18 Pi-1	60	27	4	29	45.0

迄今为止, 已鉴定和定位了 30 多个水稻抗稻瘟病基因, 为水稻抗瘟育种和抗稻瘟病转基因提供了良好的基础和前景。但每个抗瘟基因都不是对所有的稻瘟病菌产生抗性, 只是对部分或个别菌株产生抗性, 因此, 明确不同抗瘟基因对吉林省稻瘟病菌的抗性情况便可有目标地选择抗瘟基因, 加速抗病育种和抗病转基因进程。

从测定结果看出, Pi-z<sup>l</sup>、pi-b、Pi-z、Pi-k<sup>n</sup> 和 Pi-k<sup>n5</sup> 个抗瘟单基因对吉林省稻瘟病(下转第 47 页)

[11] Schuzle H.,H.S.Saini,J.Huism an, et al.Increased nitrogen secretion by inclusion of soya lectin in the diets of pigs[J].Sci.Food Agric.1995,69: 501-510 .

[12] Grant G .and E .van D riessche. 1993.Legum e lectins.Physiochem ical and nutritional properties.In A .F.B.van der Poel,JH uism an and H .S.Saini(ed.) Recent advance of research in antinutritional factors in legum es seeds.pp219-234. W agen ingen Pers W agen ingen.The Netherlands .

[13] Pusztai A .1989.B iological effects of dietary lectins.In :J.Huism an,A .F.B.van der poel and I.E.Liener (ed.)Recent advance of research in antinutritional factors in legum es seeds.pp17-29.Pudoc W agen ingen .The Netherlands .

[14] Pusztai A ., S.W .B .Even,G .Grant, et al.Relationship between survival and dindng of plant lectins during small intestinal passage and their effectiveness as grow th factors[J].D igestion .1990,46 :308-316 .

[15] Grant G .,J.T.A .de O liveira,P .M .Doward , et al.M etabolic and homonal changes in rats resulting from consumption of kidney bean (*Phaseolus vulgaris*) or soybean (*G lycine m ax*)[J]N utr.Rep .Int.1987,36 :763-772 .

## Advances of Researches on Molecular Structure and Its Anti- nutritional Effect of Soybean Agglutinin

W ANG Li-m in, Q IN Gui-xin, HU Hai-xia, et al.

(College of Animal Science and Technology, Jilin Agricultural University, Changchun, 130118 China)

Abstract: Researches on soybean agglutinin was reviewed in the paper. Its molecular structure, physical and chemical characteristics and its anti-nutritional effects to animals and human beings were summarized.

Key words: Soybean agglutinin; Molecular structure; Anti-nutritional effects



(上接第 37 页) 菌具有较好的抗性, 抗谱均在 80% 以上, 尤其是 Pi-z' 和 Pi-z 的抗谱达到 95.1% 和 91.7%。这 5 个抗瘟单基因在吉林省水稻抗瘟育种和水稻抗稻瘟病转基因中具有较大利用价值。

### 参考文献:

[1] 王成瓊, 等 . 吉林省东、南部地区 2001 年稻瘟病发生与流行的分析[J].农业与技术, 2001, (6): 11-16 .

[2] 刘洪涛, 等 . 吉林省稻瘟病菌生理小种研究概述[J] .吉林农业大学学报, 2001, (6): 11-16 .

[3] 刘晓梅, 等 . 吉林省稻瘟病菌生理小种的分布及发生动态[J] .吉林农业科学, 2005, (3): 43-45 .

[4] 杨祁云, 等 . 广东水稻品种抗性与稻瘟病菌生理小种变化动态的关系[J] .植物保护学报, 1998, (2): 97-102 .

[5] 孙国昌, 等 . 水稻主要抗瘟基因对我国菌株的抗性分析和利用评价[J] .植物保护学报, 1999, (2): 103-106 .

[6] 何月秋, 等 . 水稻抗稻瘟病遗传研究进展[J] .云南农业大学学报, 2000, (4): 371-375 .

## Studies on Pathogenic Spectrum of Rice Varieties with Magnaporth grisea in Jilin Province

REN Jin-ping, GUO X iao- li, ZHENG M in, et al.

(Institute of Plant Protection, Academy of Agricultural Sciences of Jilin Province, Gongzhuling, 136100, China)

Abstract: Magnaporth grisea existed different physiological race whose pathogenicity was different with different rice varieties. Resistance spectrum of resistant varieties was vary and wide. We have selected five resistant single genes , i.e., pi-zt, pi-b, pi-z, pi-kp and pi-kn, all of which was highly resistant to Magnaporth grisea in Jilin province with average value of resistant spectrum of over 80% . The resistant spectrum of pi-zt and pi-z reached 95.1% and 91.7% . These five resistant single genes were of great value in the breeding of resistant rice varieties and transgenic researches in Jilin province.

Key words: Magnaporth grisea; Pathogenicity; Resistant spectrum ; Genes resistant to Magnaporth grisea