

我国水稻微核心种质资源对白叶枯病抗性的鉴定和评价

王明明¹, 张帆¹, 石英尧², 卓大龙^{1,2}, 胡丹丹^{1,2}, 周永力¹, 黎志康¹

(¹中国农业科学院作物科学研究所, 北京 100081; ²安徽农业大学农学院, 合肥 230036)

摘要:由 *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* (*Xoo*) 引起的白叶枯病是水稻生产中普遍发生、危害严重的一种细菌病害。本研究采用我国和菲律宾的 6 个 *Xoo* 代表菌株, 人工接种评价了来源于我国 26 个省份的 174 份水稻微核心种质资源对白叶枯病的抗性。结果表明, 来源于不同稻作区的种质资源以及籼粳亚种对白叶枯病的抗性存在明显分化, 6 个籼稻品种和 7 个粳稻品种对 2 个或 2 个以上的菌株具有抗性, 其中 7-304、山酒谷、麻谷子、包二幅以及古 154 抗谱较广。本文的研究结果将为水稻抗白叶枯病育种提供有用的信息。

关键词: 水稻; 微核心种质; 白叶枯病; 抗性评价

Evaluation of Bacterial Blight Resistance of Chinese Micro Core Rice Germplasm

WANG Ming-ming¹, ZHANG Fan¹, SHI Ying-yao², ZHUO Da-long^{1,2},
HU Dan-dan^{1,2}, ZHOU Yong-li¹, LI Zhi-kang¹

(¹Institute of Crop Sciences, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081;

²College of Agronomy, Anhui Agricultural University, Hefei 230036)

Abstract: Bacterial blight disease of rice, caused by *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* (*Xoo*), is one of the most devastating rice diseases worldwide. In this study, total 174 of rice core germplasm materials from 26 provinces of China were evaluated resistance to BB by inoculation with six representative *Xoo* strains of China and the Philippines. The results showed there was distinct difference of bacterial blight resistance among cultivars from rice different cultivation regions, and subgroup specificity between *indica* and *japonica* rice. Six japonica cultivars and seven indica cultivars were resistant to two or more than two *Xoo* strains, among them, Shangujiu, Maguzi, Baoerfu and Gu154 exhibited broader resistance spectrums. These results will provide useful information for improvement bacterial blight resistance in rice breeding program.

Keywords: rice; micro core collection; bacterial blight; resistance evaluation

由黄单胞杆菌水稻变种 (*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*, *Xoo*) 引起的白叶枯病是水稻生产中一种毁灭性的细菌病害。该病在我国华南、华中和华东以及亚洲其他东南亚稻区, 经常暴发成灾, 是水稻高产、稳产的重要限制因子之一。长期以来, 选育和种植抗病品种在防治白叶枯病害中起到了重要作用^[1]。

但是, 由于可利用的抗白叶枯病基因十分有限, 育种中往往利用单一主效抗病基因。抗病品种大面积推广种植后, 寄主抗性遗传背景狭窄对病菌群体施加较强的选择作用, 潜在的 *Xoo* 毒性菌株迅速上升为优势小种或病菌变异产生新的毒性小种而使水稻抗性丧失。如自 20 世纪 70 年代以来, *Xa4* 曾被亚洲

收稿日期: 2017-01-04 修回日期: 2017-02-09 网络出版日期: 2017-06-13

URL: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20170613.0904.026.html>

基金项目: 国家高技术研究发展计划项目(2014AA10A603); 国家自然科学基金项目(U1201211); 中国农业科学院科技创新工程资助

第一作者研究方向为植物病理学。E-mail: 1448267443@qq.com

通信作者: 周永力, 研究方向为水稻抗病分子机理与分子育种。E-mail: zhouylcaas@126.com

各水稻种植国家广泛用于籼稻育种,我国90%的籼稻品种携带 *Xa4*,导致对 *Xa4* 有毒力的 C5 和 GV 型菌频率在我国不断增高^[2-3]。因此,筛选水稻抗白叶枯病种质资源,对于发掘新的抗病基因以及为培育抗病品种提供新抗源具有重要指导意义^[3]。

水稻微核心种质资源来源广泛、遗传变异丰富,是鉴定抗病资源、挖掘新基因的重要物质基础^[4]。近年来,王法军^[5]采用2个 *Xoo* 菌株对476份水稻品种人工接种,筛选出对2个菌株表现抗性的材料31份。夏小东等^[6]采用8个 *Xoo* 菌株人工接种评价203份水稻种质资源的白叶枯病抗性,鉴定出抗性频率为75%的品种2个,抗性频率为62.5%的品种6个。曾列先等^[7]采用IV型和V型菌评价了2270份国际水稻种质资源的白叶枯病抗性,筛选出了一批抗病兼有较好农艺性状的种质资源。虽然我国研究者对发掘水稻抗白叶枯病种质资源十分重视,

但是筛选到的广谱抗源、以及对强致病力菌株表现抗性的资源十分有限。本研究以来源于我国26个省份的174份水稻微核心种质资源为材料,采用我国和菲律宾的6个 *Xoo* 代表菌株人工接种,系统评价其白叶枯病抗性,鉴定抗白叶枯病种质资源,以期抗病基因发掘和育种亲本选择提供新的信息。

1 材料与方法

1.1 供试水稻材料

本研究根据 H. Zhang 等^[8]以189份水稻种质构建的水稻微核心种质,从中选取174份作为供试材料(表1),其中籼型水稻100份,粳型水稻74份;从水稻种植区划分,来自南方、华中和北方稻作区的品种数目分别为73个、78个和23个。这些供试材料由中国农业科学院国家农作物种质保存中心提供。

表1 174份中国水稻微核心种质资源

Table 1 174 accessions of Chinese rice micro core collection

名称	亚种	稻作区	省份	名称	亚种	稻作区	省份	名称	亚种	稻作区	省份
Name	Subgroups	Region	Province	Name	Subgroups	Region	Province	Name	Subgroups	Region	Province
金优1号	籼	南方	福建	湘晚籼3号	籼	华中	湖南	寸谷糯	籼	南方	贵州
闽北晚籼	籼	南方	福建	包协-7B	籼	华中	湖南	飞蛾糯2	籼	南方	贵州
陆财号	籼	南方	福建	湘恢91269	籼	华中	湖南	阳壳糯	籼	南方	贵州
一支香	籼	南方	福建	白壳旱禾	籼	华中	湖南	小白米	籼	南方	贵州
盐水赤	籼	南方	福建	湘晚籼1号	籼	华中	湖南	八百粒	粳	南方	贵州
红晚一号	籼	南方	福建	L301B	籼	华中	湖南	泽谷	粳	南方	贵州
金包银	粳	南方	福建	朝阳一号B	粳	华中	湖南	麻谷糯	粳	南方	贵州
广陆矮4号	籼	南方	广东	安农晚粳B	粳	华中	湖南	紫芒飞蛾	粳	南方	贵州
矮脚南特	籼	南方	广东	培C122	粳	华中	湖南	贯推白禾1	粳	南方	贵州
南雄早油	籼	南方	广东	须谷糯	粳	华中	湖南	加巴拉	籼	南方	西藏
鼠牙占	籼	南方	广东	木瓜糯	粳	华中	湖南	滇瑞409B	籼	南方	云南
丝苗	籼	南方	广东	红旗5号	粳	华中	湖南	文香糯	籼	南方	云南
饿死牛	籼	南方	广东	粳87-304	粳	华中	湖南	齐头白谷	籼	南方	云南
黑督4	籼	南方	广东	彬晚3号	粳	华中	湖南	大弯糯	籼	南方	云南
赤壳糯	籼	南方	广东	早熟农虎6号B	粳	华中	湖南	清可	籼	南方	云南
齐头谷	籼	南方	广东	宁恢21	籼	华中	江苏	金枝糯	籼	南方	云南
青四矮16B	籼	南方	广东	88B	籼	华中	江苏	饭毫皮	籼	南方	云南
黄丝桂占	籼	南方	广东	扬稻2号	籼	华中	江苏	秕五升	籼	南方	云南
桂朝2号	籼	南方	广东	镇籼232	籼	华中	江苏	细麻线	籼	南方	云南
广陆矮15-1	籼	南方	广西	南京11号	籼	华中	江苏	乌咀红谷	籼	南方	云南
矮仔占	籼	南方	广西	苏粳2号	粳	华中	江苏	老造谷	籼	南方	云南

表 1(续)

名称	亚种	稻作区	省份	名称	亚种	稻作区	省份	名称	亚种	稻作区	省份
Name	Subgroups	Region	Province	Name	Subgroups	Region	Province	Name	Subgroups	Region	Province
红矮糯	籼	南方	广西	三粒寸	粳	华中	江苏	鸡血糯	粳	南方	云南
七月籼	籼	南方	广西	JWR221	粳	华中	江苏	齐眉	粳	南方	云南
柳沙 1 号	籼	南方	广西	寸三粒	粳	华中	江苏	毫补卡	粳	南方	云南
横县良春畚谷	籼	南方	广西	粳 7623	粳	华中	江苏	本邦谷	粳	南方	云南
早熟香黑米	籼	南方	广西	桂花黄	粳	华中	江苏	紫米	粳	南方	云南
墨米	籼	南方	广西	三百粒	籼	华中	江西	香谷	粳	南方	云南
红梗旱谷	粳	南方	广西	江农早 1 号 B	籼	华中	江西	小红谷	粳	南方	云南
光亮香糯	粳	南方	广西	金溪白	籼	华中	江西	五紫堆	粳	南方	云南
包二幅	籼	南方	海南	矮禾迟	籼	华中	江西	毫巴永 1	粳	南方	云南
闷加丁 2	籼	南方	海南	矮密	籼	华中	江西	公居 73	粳	南方	云南
闷家高 1	粳	南方	海南	南特号	籼	华中	江西	黄皮糯	粳	南方	云南
台中籼选 2	籼	南方	台湾	解放籼	籼	华中	江西	魔王谷内	粳	南方	云南
白壳花螺	籼	南方	台湾	台山糯	籼	华中	江西	半节芒	粳	南方	云南
台中在来 1	籼	南方	台湾	献改 B	籼	华中	江西	背子糯	粳	南方	云南
台东陆稻	粳	南方	台湾	红米三担	粳	华中	江西	中花 8 号	粳	北方	北京
台中 65 号	粳	南方	台湾	老虎种	粳	华中	上海	高阳淀稻	粳	北方	河北
早籼 240	籼	华中	安徽	有芒早粳	粳	华中	上海	水原 300 粒	粳	北方	河北
秋前白	籼	华中	安徽	木樨球	粳	华中	上海	叶里藏花	粳	北方	河北
雷火占	籼	华中	安徽	矮麻抗	籼	华中	四川	抚宁紫皮	粳	北方	河北
六十早	籼	华中	安徽	中农 4 号	籼	华中	四川	隆化毛葫	粳	北方	河北
京虎 B	粳	华中	安徽	红谷	籼	华中	四川	早麻谷	籼	北方	河南
当育 5 号	粳	华中	安徽	泸科 3 号	籼	华中	四川	香稻	籼	北方	河南
洞庭晚籼	籼	华中	湖北	成农水晶米	籼	华中	四川	郑稻 5 号	粳	北方	河南
洞庭晚籼	籼	华中	湖北	谷梅 2 号	籼	华中	四川	晋稻 1 号	粳	北方	山西
柳叶粘	籼	华中	湖北	成都矮 3 号	籼	华中	四川	中楼一号	粳	北方	山西
宣恩长坛	籼	华中	湖北	蜀丰 101	籼	华中	四川	麻谷子	粳	北方	陕西
霸王鞭 1	粳	华中	湖北	麻麻谷	籼	华中	四川	老红稻	粳	北方	陕西
湘矮早 10 号	籼	华中	湖南	梅花糯	籼	华中	四川	葡萄黄	粳	北方	天津
金南特 B	籼	华中	湖南	三颗寸	籼	华中	四川	老光头 83	粳	北方	黑龙江
竹珍 B	籼	华中	湖南	矮沱谷 151	籼	华中	四川	白毛稻	粳	北方	黑龙江
金南特 43B	籼	华中	湖南	立新粳	粳	华中	四川	黑粳 2 号	粳	北方	黑龙江
湘早籼 3 号	籼	华中	湖南	山酒谷	粳	华中	四川	兴国	粳	北方	吉林
古 154	籼	华中	湖南	G 珍汕 97B	粳	华中	四川	丹东陆稻	粳	北方	辽宁
圭 630	籼	华中	湖南	南天纲酒	粳	华中	四川	黎明 B	粳	北方	辽宁
IR661-1(早)	籼	华中	湖南	秀水 115	粳	华中	浙江	卫国	粳	北方	辽宁
包协 123B	籼	华中	湖南	铁秆乌	粳	华中	浙江	辽粳 287	粳	北方	辽宁
特青选恢	籼	华中	湖南	马尾粘	籼	南方	贵州	黑芒稻	粳	北方	宁夏

1.2 供试菌株

用于评价水稻微核心种质资源白叶枯病抗性的 *Xoo* 菌株包括:4 个国际水稻研究所的代表菌株 PXO61 (P1)、PXO340 (P3c)、PXO99A (P6)、PXO339 (P9a),以及 2 个中国广东的 *Xoo* 菌株 GD1358 (C5) 和 GD-V (GV)。其中 C5 和 GV 分别能够克服水稻广谱抗白叶枯病基因 *Xa4*^[9] 和 *Xa21*^[2]。

1.3 田间设计与接种

2013 年,人工接种试验在中国农业科学院作物科学研究所隔离的网室进行。供试水稻品种 5 月 2 日育秧,6 月 4 日移栽,每个品种设 2 次重复,每个重复种植 6 行,每行移栽 8 株。7 月上旬分蘖盛期接种。

供试菌株保存于 -80 °C 的甘油中,接种前在 PSA 培养基上复壮,挑取单菌落,经毒力测试后保存于 4 °C。菌株采用 PSA 培养基于 28 °C 培养 48 h,用无菌水制备浓度约为 10⁸ cfu/mL 的菌悬液,采用人工剪叶法接种^[10]。

1.4 病斑长度调查与分级标准

接种 21 d 后调查,测量接种水稻叶片的病斑长度和叶片长,用病斑长度/叶片长计算病斑比 (LLR, Lesion length rate)。根据方中达等^[11]的分级标准划分抗感类型:病斑比 (LLR) LLR ≤ 0.05、0.05 < LLR ≤

0.10、0.10 < LLR ≤ 0.25、0.25 < LLR ≤ 0.5、0.5 < LLR ≤ 0.75 和 LLR > 0.75 分别为高抗 (HR)、抗病 (R)、中抗 (MR)、中感 (MS)、感病 (S)、高感 (HS)。

1.5 统计分析

利用 R 软件整理数据并对病斑比例进行方差分析,用 R 软件包 multcomp 进行菌株间、亚种间及稻作区间病斑比例的 Tukey 多重比较,用 R 软件包 ggplot2 展现病斑比例和病级在亚种间及稻作区间的差异情况。

2 结果与分析

2.1 水稻种质资源病斑比例方差分析

方差分析结果表明病菌菌株与水稻品种之间存在极显著互作 (表 2)。水稻品种效应、菌株效应以及水稻品种与菌株的互作效应对病斑比表型变异贡献率分别为 65.4%、8.3% 和 18.7%,三者联合贡献率达 92.5%。多重比较结果表明 (图 1),供试水稻品种接种 P9a 的病斑比为 0.33,显著低于其他 5 个菌株。供试水稻品种接种 P6 的平均病斑比为 0.52,显著高于 C5、GV、P3c、P9a,与接种 P1 病斑比无显著差异;供试水稻品种接种 C5、GV、P3c 的病斑比也无显著差异。上述结果表明供试菌株中 P9a 致病力最弱,P6 致病力最强。

表 2 水稻白叶枯病病斑比方差分析

Table 2 ANOVA of percentage of lesion length caused by *X. oryzae* pv. *oryzae* in rice

变异来源	自由度	平方和	均方	F 值	P 值	贡献率 (%)
Variance source	df	SS	Mean Square	F value	P value	R square
重复 Replication	1	0.05	0.05	7.09	0.031	
水稻品种 Variety	173	53.84	0.31	45.49	<.0001	65.4
菌株 Strain	5	6.84	1.37	200.08	<.0001	8.3
水稻品种 × 菌株 Variety × Strain	865	15.42	0.02	2.61	<.0001	18.7
误差 Error	897	6.14	0.01			

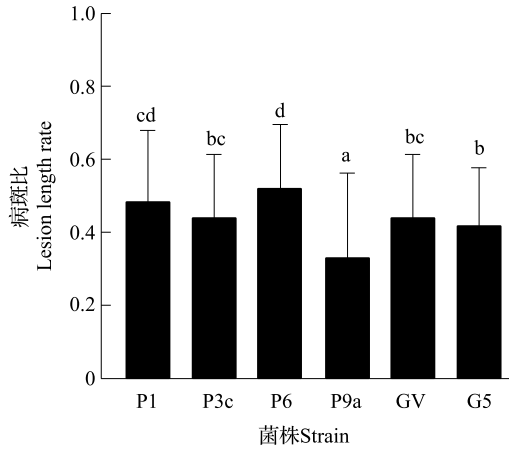
在 174 份水稻种质资源中,对 P9a 菌株表现抗病 (R 和 MR) 的品种最多,占供试群体 39% (图 2);对 P1、GV、P3c 和 C5 表现抗病的品种分别占群体总数的 8%、6%、4% 和 3%;抗 P6 的品种仅有 2 个。

2.2 不同稻作区水稻微核心种质及籼粳亚种对不同菌株的抗病反应

来源于不同稻作区的水稻微核心种质对 *Xoo* 各菌株的抗性水平不同 (图 3A)。对于 C5,各稻区种质资源均表现中感,平均病斑比为 0.41;对于 P1,南方稻区种质资源的抗性水平高于北方和华中稻区的种质资源;对于 P6,各稻区种质资源均表现感病,平均病斑比为 0.53;对于 P9a,北方稻作区的种质资源

抗性水平较高,平均病斑比为 0.17,高于南方和华中稻区的品种。对于 GV 和 P3c,南方和北方稻区种质资源的抗性高于华中稻区的种质资源,平均病斑比为 0.41。

供试水稻微核心种质亚种间对白叶枯病的抗性存在明显差异。粳稻对 P9a、C5、GV 和 P3c 的抗性强于籼稻,籼粳亚种对 P1、P6 菌株的抗性无明显差异 (图 3B)。从亚种、稻作区两因素来看,北方稻区粳稻资源对 P9a 的抗性较强,南稻区粳稻资源对 P1、P6、C5、P3c 的抗性略强于籼稻种质资源,各稻区的粳稻资源对 GV 菌株的抗性均高于籼稻种质资源 (图 3C)。



a, b, c 表示在 0.05 水平上的差异显著性

a, b and c indicate significant difference at 0.05 level

图 1 174 份水稻微核心种质接种不同 *X. oryzae* pv. *oryzae* 菌株后叶片病斑比例多重比较

Fig. 1 Multiple comparison of lesion length ratio caused by *X. oryzae* pv. *oryzae* strains in 174 rice accessions

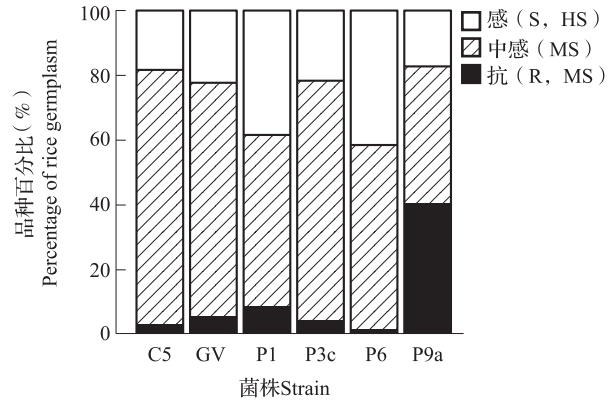
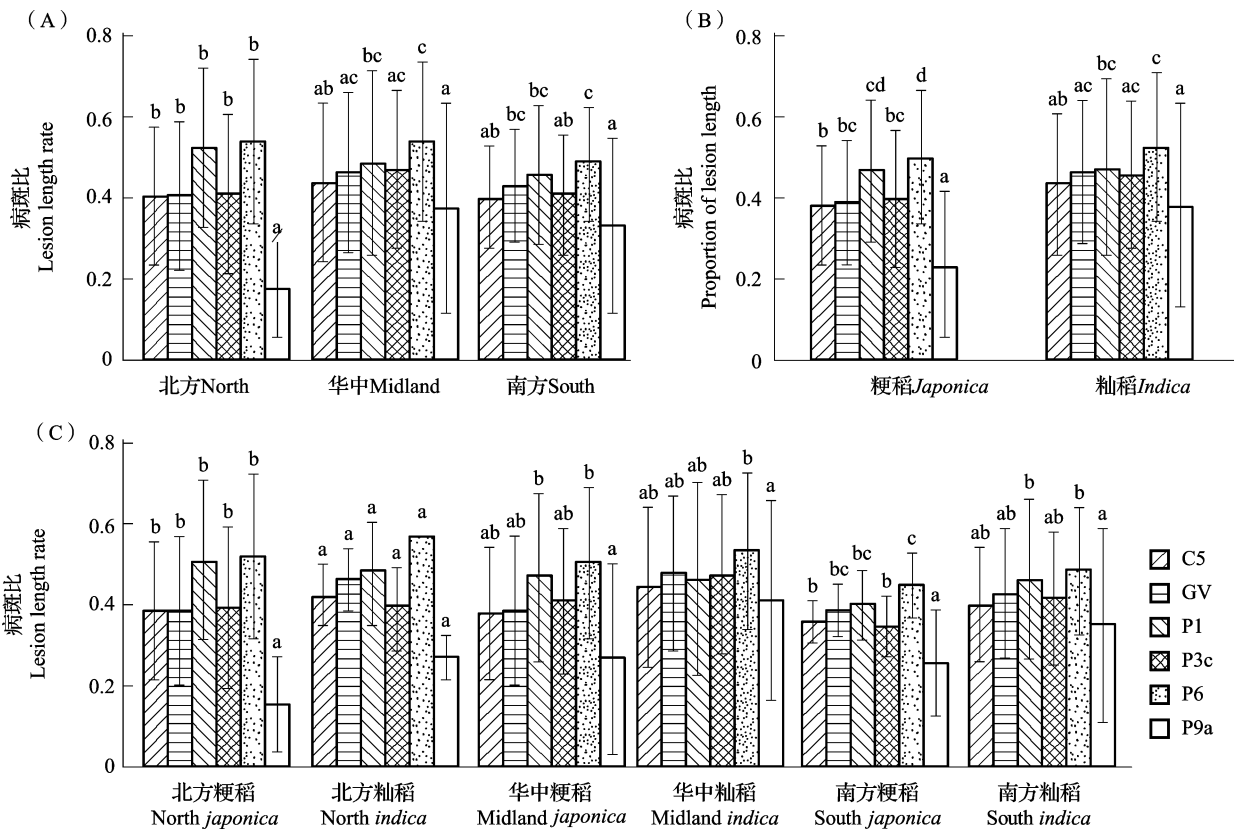


图 2 174 份水稻微核心种质对 6 个白叶枯病菌株的各病级百分比

Fig. 2 Percentage of reactions to six *X. oryzae* pv. *oryzae* strains in 174 rice core collections accessions



A: 不同稻作区种质资源的反应; B: 不同亚种种质资源的反应; C: 不同稻区籼粳种质资源的反应

A: Lesion length ratio (LLR) of rice micro-core collections from three rice cultivation regions in China, B: LLR of indica and japonica collections, C: LLR of two subgroup collections among from three rice cultivation regions

图 3 不同稻区和不同亚种的水稻微核心种质接种不同 *X. oryzae* pv. *oryzae* (*Xoo*) 菌株的反应

Fig. 3 Responses to *X. oryzae* pv. *oryzae* strains of rice micro-core collection from China

各稻作区抗病种质资源所占比例如图 4A。对于 C5, 5% (4 个) 华中和 4% (1 个) 北方稻区品种表现中抗 (MR), 南方稻区种质资源中未发现抗病品种; 对于 GV, 4% (1 个) 北方稻区品种表现抗病 (R), 1% (1 个) 南方稻区品种表现中抗 (MR); 对于 P1, 5% (3 个) 南方和 10% (8 个) 华中稻区的品种表现抗病 (R), 北方稻区的品种中未发现抗病品种。对于 P3c, 4% (1 个) 北方稻区品种表现抗病 (R)。对于 P6, 1% (1 个) 的华中稻区品种表现抗病 (R),

1% (1 个) 南方稻区的品种表现中抗 (MR); 对于 P9a, 69% 北方稻品种表现抗病或中抗 (MR 和 R)。

粳、籼稻种质资源对白叶枯病的抗性存在明显分化 (图 4B)。如粳稻品种, 对于 C5, 26% 的品种表现感病 (S) 或高度感病 (HS), 这一比例明显高于籼稻; 对于 P1, 粳稻抗病品种 (R 和 MR) 的比例明显高于籼稻, 分别为 11% 和 4%。抗 P6 的资源只出现在籼稻类群中; 对 P9a 表现抗性的品种主要来自于籼稻, 这可能与籼稻中普遍含有隐性抗病基因 *xa25* 有关^[12]。

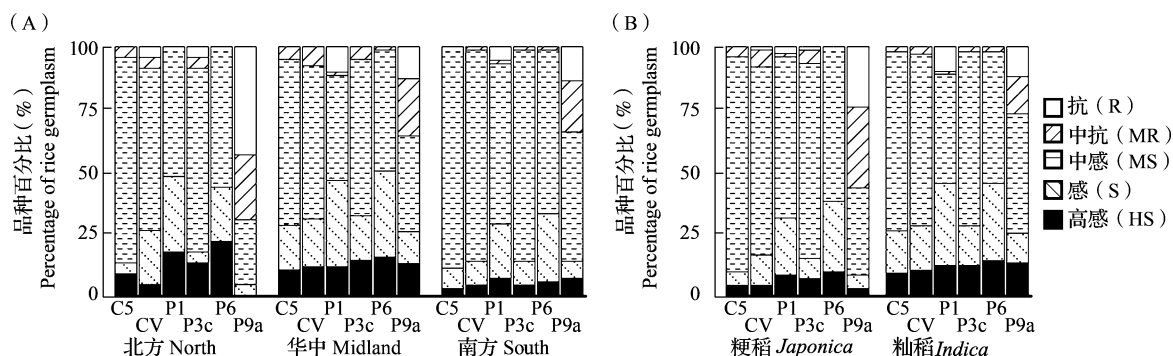


图 4 不同稻作区 (A) 和不同亚种 (B) 的水稻微核心种质对不同 *X. oryzae pv. oryzae* (*Xoo*) 菌株的抗感比例

Fig. 4 Ratio of resistant accessions of rice micro-core collection from three rice cultivation regions (A) and two subgroups (B) responsive to *X. oryzae pv. oryzae* infection

2.3 具有小种专化抗性和广谱抗性的水稻品种

174 份水稻种质资源中, 80 个品种至少对 1 个 *Xoo* 菌株表现抗病。对强毒力菌株 P6 表现抗性的品种为包二福和古 154。对我国广东菌株 C5 表现抗性的品种为 5 个, 山酒谷和麻谷子抗性水平最高, 病斑比分别为 0.10 和 0.12; 对 GV 表现抗性的品种为 9 个, 黎明 B 和山酒谷抗性水平最高, 病斑比分别为 0.09 和 0.10。

6 个粳稻品种和 7 个籼稻品种对 2 个或 2 个以上的 *Xoo* 菌株表现抗性 (表 3), 其中粳 87-304、山酒谷、麻谷子、包二幅以及古 154 抗谱较广, 对 4 个菌株表现抗性。表 3 初步表明不同稻区的种质资源对白叶枯病的抗谱不同, 多抗资源集中于华中稻区。供试水稻微核心种质资源中未发现对 6 个 *Xoo* 菌株均具有抗性的品种。

表 3 抗白叶枯病的水稻核心种质资源

Table 3 Rice accessions resistance to *X. oryzae pv. oryzae*

名称 Name	省份 Province	稻作区 Region	亚种 Subgroups	抗谱 No. of strains	病级 Disease score					
					P1	P6	P3c	P9a	C5	CV
粳 87-304	湖南	华中	粳	4	MS	MS	MR	MR	MR	MR
山酒谷	四川	华中	粳	4	MS	S	MR	R	MR	MR
培 C122	湖南	华中	粳	2	MS	MS	MS	MR	MS	MR
鸡血糯	云南	南方	粳	2	MR	MS	MR	MS	MS	MS
叶里藏花	河北	北方	粳	2	MS	MS	R	MR	MS	MS
麻谷子	陕西	北方	粳	4	MS	MS	MR	R	MR	MR
黄丝桂占	广东	南方	籼	2	R	MS	S	R	MS	MS
包二幅	海南	南方	籼	4	HR	MR	MS	MR	MS	MR
台中籼选 2	台湾	南方	籼	2	R	MS	MS	R	MS	MS
特青选恢	湖南	华中	籼	2	R	MS	MS	R	MS	MS
古 154	湖南	华中	籼	4	MS	MR	MR	MS	MR	MR
谷梅 2 号	四川	华中	籼	3	MS	MS	MR	MR	MS	MR
金溪白	江西	华中	籼	2	MS	MS	MS	R	MR	MS

3 讨论

植物的抗病性是植物与其病原物在协同进化过程中相互适应、相互选择的结果。由于 *Xoo* 寄生专化性强、变异较快^[13], 水稻抗白叶枯病基因/QTLs 与 *Xoo* 之间存在典型的特异性互作^[14-15]。本研究采用我国和菲律宾的 6 个 *Xoo* 代表菌株接种 174 份中国水稻微核心种质资源, 发现水稻与白叶枯病菌之间存在复杂的互作, 来源于不同稻作区的水稻品种以及籼粳亚种对不同 *Xoo* 菌株的抗性反应存在明显分化。因此, 综合考虑水稻品种的籼粳类型和农艺性状, 抗病育种中可以针对不同生态区选择具有广谱抗性或特异性的抗源品种。值得注意的是, 广东是我国水稻白叶枯病的常发稻区, 但是在来自于南方稻区的水稻种质资源中, 我们未发现对广东新毒力菌株 C5 和 GV 表现抗性的品种, 育种中应重视拓宽亲本的抗性遗传基础。

本研究从我国 174 份水稻微核心种质中鉴定出 13 份对 2 个或 2 个以上 *Xoo* 菌株表现抗性的品种。与已报道的水稻抗白叶枯病基因^[16-18] 进行抗谱比较, 发现台中粗 2、黄丝桂占和特青选恢与 *xa5* 的抗谱相似, 推测这 3 份材料可能含有这一抗病基因。此外, 本研究发现粳 87-304、山酒谷、麻谷子、古 154 和金溪白对 C5 表现中等抗性, F. Zhang 等^[19] 报道 *Xa4* 与 QTL 互作可以对 C5 表现抗性, 据此, 我们推测上述抗 C5 的品种可能存在单一抗白叶枯病新基因, 也可能同时存在 *Xa4* 及其互作抗病位点。鉴于水稻育种中曾广泛使用的抗病基因 *Xa4* 已丧失对广东强毒力菌株 C5 的抗性^[9], 这 5 份材料在改良水稻白叶枯病抗性育种中具有较大的应用价值。本研究的结果一方面为制定有效抗源的选择策略提供了信息, 另一方面为水稻抗白叶枯病育种提供了新抗源。由于水稻与白叶枯病菌之间存在复杂的互作, 只有通过进一步的遗传分析和基因定位才能确定水稻抗病种质资源的抗病遗传基础及其携带的抗病基因。

参考文献

- [1] Mew T W. Current status and future prospects of research on bacterial blight of rice [J]. *Ann Rev Phytopathol*, 1987, 25 (1): 359-382
- [2] 曾列先, 黄少华, 伍尚忠. IRBB21 (Xa21) 对广东稻白叶枯病菌 5 个小种的抗性反应 [J]. *植物保护学报*, 2002, 29 (2): 97-100
- [3] 章琦. 水稻白叶枯病抗性基因鉴定进展及其利用 [J]. *中国水稻科学*, 2005, 19 (5): 453-459
- [4] 原静. 水稻微核心种质资源农艺性状的考察及 N、P 胁迫差异表达基因的突变体鉴定 [D]. 广州: 华中农业大学, 2013
- [5] 王法军. 抗白叶枯病水稻种质筛选及一个抗病新基因的初步定位 [D]. 北京: 中国农业科学院, 2013
- [6] 夏小东, 袁筱萍, 余汉勇, 等. 中国稻种微核心种质资源对稻瘟病和白叶枯病的抗性评价 [J]. *浙江农业学报*, 2010, 22 (2): 211-214
- [7] 曾列先, 陈深, 杨健源, 等. 国际水稻白叶枯病圃种质资源在华南的抗性评价和利用 [J]. *植物遗传资源学报*, 2013, 4 (5): 930-935
- [8] Zhang H, Zhang D, Wang M, et al. A core collection and mini core collection of *Oryza sativa* L. in China [J]. *Theor Appl Genet*, 2011, 122 (1): 49-61
- [9] 曾列先, 陈深, 刘景梅, 等. 广东水稻品种抗白叶枯病鉴定与评价 [J]. *广东农业科学*, 2006 (5): 38-40
- [10] Kauffman H E, Reddy A P K, Hsieh S P Y, et al. Improved technique for evaluating resistance of rice varieties to *Xanthomonas oryzae* [J]. *Plant Dis Rep*, 1973, 57: 537-541
- [11] 方中达, 过崇俭. 中国水稻白叶枯病菌致病型的研究 [J]. *植物病理学报*, 1990, 20 (2): 81-88
- [12] Zhou J, Peng Z, Long J, et al. Gene targeting by the TAL effector PthXo2 reveals cryptic resistance gene for bacterial blight of rice [J]. *Plant J*, 2015, 82 (4): 632-643
- [13] NIÑO-LIU D O, Ronald P C, Bogdanov A J. *Xanthomonas oryzae* pathogens: model pathogens of a model crop [J]. *Mol Plant Pathol*, 2006, 7 (5): 303-324
- [14] Sun X, Cao Y, Yang Z, et al. *Xa26*, a gene conferring resistance to *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* in rice, encodes an LRR receptor kinase-like protein [J]. *Plant J*, 2004, 37 (4): 517-527
- [15] Zhang F, Xie X, Xu M, et al. Detecting major QTL associated with resistance to bacterial blight using a set of rice reciprocal introgression lines with high density SNP markers [J]. *Plant Breeding*, 2015, 134 (3): 286-292
- [16] 郑崇珂, 王春连, 于元杰, 等. 水稻抗白叶枯病新基因 *Xa32* (*t*) 的鉴定和初步定位 [J]. *作物学报*, 2009, 35 (7): 1173-1180
- [17] 郭嗣斌, 张端品, 林兴华, 等. 小粒野生稻抗白叶枯病新基因的鉴定与初步定位 [J]. *中国农业科学*, 2010, 43 (13): 2611-2618
- [18] 苗丽丽, 王春连, 郑崇珂, 等. 水稻抗白叶枯病新基因的初步定位 [J]. *中国农业科学*, 2010, 43 (15): 3051-3058
- [19] Zhang F, Xie X, Xu M, et al. Detecting major QTL associated with resistance to bacterial blight using a set of rice reciprocal introgression lines with high density SNP markers [J]. *Plant Breeding*, 2015, 134 (3): 286-292