

抗稻瘟病基因 *Pi-ta*、*Pi-b*、*Pi54* 和 *Pikm* 在黄淮稻区水稻品种资源中的抗性分布

王宝祥, 刘艳, 邢运高, 迟铭, 徐波, 杨波, 李健, 孙志广,
刘金波, 陈庭木, 卢百关, 方兆伟, 徐大勇
(连云港市农业科学院 / 江苏省现代作物生产协同创新中心, 连云港 222006)

摘要: 为了探明黄淮稻区 4 个抗稻瘟病基因 *Pi-ta*、*Pi-b*、*Pi54* 和 *Pikm* 在品种资源中的分布及其不同基因型组合的抗病抗性。本研究利用上述 4 个抗病基因的功能标记, 对 88 个黄淮稻区育成品种进行抗稻瘟病基因型检测, 结果表明: 检出最多的抗稻瘟病基因组合是 *Pib+Pi54*, 占总检测材料的 60.2%。经过 2016-2017 年连续两年的人工接种鉴定和田间自然鉴定, 稻瘟病感病材料比例分别达到 87.5%、77.3%, 感病材料的比例增高说明抗性基因的抗性作用在逐渐降低。在检测品种中, 抗性较好的 4 个基因型或基因型组合分别是 *Pi-ta*、*Pi-ta+Pi-b*、*Pi-ta+Pi-b+Pi54* 和 *Pi-ta+Pi-b+Pi54+Pikm*, 但检出率很低。本研究结果说明, 黄淮稻区品种中, 携带 *Pi-ta*、*Pi-ta+Pi-b*、*Pi-ta+Pi-b+Pi54* 和 *Pi-ta+Pi-b+Pi54+Pikm* 基因型的抗病性较好, 应得到加强利用。本研究结果对育成品种抗稻瘟病基因或基因组合跟踪检测和抗病性评价是抗稻瘟病育种的有效途径。

关键词: 水稻; 稻瘟病; 基因型; 育种

The Distribution of Blast Resistant Genes *Pi-ta*、*Pi-b*、*Pi54* and *Pikm* in Rice Varieties of Huang-Huai-Hai Region

WANG Bao-xiang, LIU Yan, XING Yun-gao, CHI Ming, XU Bo, YANG Bo, LI Jian, SUN Zhi-guang,
LIU Jin-bo, CHEN Ting-mu, LU Bai-guan, FANG Zhao-wei, XU Da-yong
(Lianyungang Academy of Agricultural Sciences/Jiangsu Collaborative
Innovation Center for Modern Corp Production, Lianyungang 222006)

Abstract: To clarify the distribution status of *Pi-ta*, *Pi-b*, *Pi54*, *Pikm* genes and their effects on the resistance of rice blast in Huang-Huai-Hai Region, 88 rice varieties collected from this region were detected using the functional markers that specifically target to the four genes. The genetic frequency of *Pib+Pi54* was 60.2% within this collection. In parallel, this collection was subjected to test for resistance by inoculation identification and field identification in 2016 and 2017. 87.5% and 77.3% of varieties were susceptible in two years, respectively. This result suggested that the effects of resistant genes were declined. Four genes or gene combinations (*Pi-ta*, *Pi-ta+Pi-b*, *Pi-ta+Pi-b+Pi54* and *Pi-ta+Pi-b+Pi54+Pikm*) are applicable in the rice-breeding, due to the resistance to rice blast but with low distribution in the tested varieties. Taken together, the results raised a positive strategy for breeding rice cultivars with rice blast-resistance.

Key words: rice; rice blast; genotype; rice-breeding

收稿日期: 2019-02-18 修回日期: 2019-03-25 网络出版日期: 2019-05-20

URL: <http://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20190218002>

第一作者研究方向为水稻遗传育种, E-mail: wbxrice@163.com

通信作者: 徐大勇, 研究方向为农作物新品种选育和推广, E-mail: xudayong3030@sina.com

基金项目: 国家七大育种专项 (2017YFD0100400); 江苏省自然科学基金 (BK20161299); 江苏省科技支撑项目 (BE2017323); 江苏省农业重大品种创制 (PZCZ201704); 连云港市财政专项 (QNJJ201712)

Foundation project: The National Key Research Program (2017YFD0100400), Natural Science Foundation of Jiangsu Province of China (BK20161299), the Science and Technology Support Program of Jiangsu Province of China (BE2017323), the Project for Agricultural Significant New Varieties Breeding of Jiangsu Province (PZCZ201704), Financial Grant Support Program of Lianyungang City (QNJJ201712)

稻瘟病是由子囊菌 *Magnaporthe grisea* (Hebert) Barr. [无性世代为 *Pyricularia grisea* (Cooke) Sacc.] 引起,是制约水稻生产的重要病害之一。培育抗性持久、稳定的品种是解决这一问题的最有效措施。但由于稻瘟病病菌小种遗传的复杂性和致病性的多样性,抗病新品种常在推广数年后抗性逐渐丧失。因此,摸清主栽品种与新选育抗病品种的抗稻瘟病基因型是改良品种抗性的首要前提。

近年来,国内研究者对抗稻瘟病基因在不同稻区的分布进行了分析评价^[1-7]。储黄伟等^[1]分析了 *Pi2*、*Pi5*、*Pi-b* 和 *Pi9* 等 8 个抗瘟基因在上海地区三系杂交粳稻亲本中的分布情况,8 个抗性基因在检测的品系中有不同频率的分布,其中 *Pi-b* 分布最为广泛,其次为 *Pia*、*Pia54*、*Pi9*、*Pi2* 和 *Pita*。李刚等^[2]利用 *Pi2*、*Pi5*、*Pi9*、*Pia* 和 *Pi-b* 等 10 个抗瘟基因分子标记对 544 份水稻种质资源的基因分布情况及抗性水平进行了分析,*Pik*、*Pi2*、*Pid2* 和 *Pia* 等基因在抗、感群体中均匀分布,其对鉴定小种的抗性反应不显著。汪文娟等^[3]分析了 *Pil*、*Pik-p*、*Pik-h* 和 *Pi2* 等 8 个抗稻瘟病基因在华南籼型杂交稻中的分布,*Pita* 和 *Pii* 在检测组合中分布频率最高,而 *Pi2* 与 *Pil* 对提升华南稻区品种抗病性贡献最大。在云南地区 *Pi40* 表现出广谱抗性^[4],*Pi9* 在黑龙江省水稻抗病育种中具有很高应用价值^[5]。在辽宁地区携带 *Pi-ta+Pid3+Pi5* 的材料抗性最强,3 个抗瘟基因型的材料抗病比率为 77.24%^[8]。

由于不同稻区稻瘟病菌生理小种存在差异,其主效抗瘟基因也随之变化。为了探明黄淮稻区水稻品种的主效抗病基因型,对 88 个黄淮稻区育成品种进行了抗稻瘟病鉴定,并利用抗病基因 *Pi-ta*、*Pi-b*、*Pi54*

和 *Pikm* 分子标记进行基因型检测,通过分析品种的基因型和抗病表现评价抗病基因在品种资源中的分布及抗性贡献率,为抗稻瘟病育种提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

供试水稻材料为从天津、北京、山东、河南、安徽、江苏等地收集的 88 个黄淮海稻区水稻品种。

1.2 稻瘟病抗性鉴定方法

稻瘟病抗性鉴定菌株为江苏省农业科学院植物保护研究所提供的江苏省稻瘟病菌优势小种及其各群小种的代表菌株。2016 年接种鉴定的稻瘟病菌代表菌株: ZB7、ZC11、ZD5、ZE5、ZF1 和 ZG1; 2017 年接种鉴定的稻瘟病菌代表菌株: ZB3、ZC11、ZD7、ZE3、ZF1 和 ZG1。

水稻穗颈瘟的抗性鉴定采用人工注射接种和田间穗颈瘟发病率两种方法,在水稻成熟后进行水稻穗颈瘟的抗性调查。接种鉴定接种体为稻瘟病菌的混合孢子,在水稻孕穗至破口期接种,稻瘟病抗性等级分为 5 级: 0 级为免疫,1 级为抗病,2 级为中抗,3 级为感病,4 级为高感; 水稻穗颈瘟发病率群体抗性分级标准为: 0 级为无病,1 级为病穗率低于 5%,3 级为病穗率达到 5.1%~10.0%,5 级为病穗率达到 10.1%~25.0%,7 级为病穗率达到 25.1%~50.0%,9 级为病穗率达到 50.1%~100.0%。

1.3 稻瘟病抗性基因的分子标记

利用 *Pi-b*、*Pi-ta*、*Pi54* 和 *Pikm* 抗性基因引物检测试验材料,引物名称、序列及其扩增片段预期大小见表 1。*Pi-ta* 引物检测到 1042 bp 片段同时 *Npi-ta* 引物扩增不出目的片段,此材料含有 *Pi-ta* 基

表 1 PCR 引物名称及序列

Table 1 Name and sequence of PCR primers

目的基因 Target genes	引物名称 Primer names	引物序列 (5' -3') Primer sequence (5' -3')	预期 DNA 片段长度 (bp) Expected length of DNA fragment
<i>Pi-ta</i>	Pita-F	AGCAGGTTATAAGCTAGGCC	1042
	Pita-R	CTACCAACAAGTTCATCAAA	
<i>pi-ta</i>	NPita-F	AGCAGGTTATAAGCTAGCTAT	1042
	NPita-R	CTACCAACAAGTTCATCAAA	
<i>Pi-b</i>	Pib-F	GAACAATGCCCAAAGTTGAGA	365
	Pib-R	GGGTCCACATGTCAGTGAGC	
<i>pi-b</i>	NPib-F	TCGGTGCTCGGTAGTCAAGT	803
	NPib-R	GGGAAGCGGATCCTAGGTCT	
<i>Pi54</i>	Pi54-F	CAATCTCCAAAGTTTTTCAGG	216/315
	Pi54-R	GCTTCAATCACTGCTAGACC	
<i>Pi-km</i>	Pi-km1F	TGAGCTCAAGGCAAGAGTTGAGGA	174/213
	Pi-km1R	TGTTCCAGCAACTCGATGAG	
<i>pi-km</i>	Pi-km 2F	CAGTAGCTGTGTCTCAGAATATG	290/332
	Pi-km 2R	AAGGTACCTCTTTTCGGCCAG	

因; *Pi-b* 引物检测到 365 bp 片段同时 *Npi-b* 引物扩增不出目的片段, 此材料含有 *Pi-b* 基因, 而 *Npi-b* 引物扩增出 803 bp 片段, *Pi-b* 不能扩增出目的片段, 此材料携带有感病基因; *Pi54* 功能标记为共显性标记, 扩增片段 216 bp(抗)/359 bp(感); 抗病基因 *Pikm* 由 2 对引物扩增, *Pikm1* 引物扩增片段大小为 174 bp(抗)/213 bp(感), *Pikm2* 引物扩增片段大小为 290 bp(抗)/332 bp(感), 2 对引物同时扩增出抗病目的片段, 表明存在抗病基因 *Pikm*。

1.4 稻瘟病抗性基因检测

采用 SDS 法提取水稻基因组 DNA。以基因组 DNA 为模板, PCR 反应体系参照范方军等^[9]的方法进行基因片段扩增。反应产物经 1% 的琼脂糖凝胶电泳分离, 溴化乙啶染色, 在紫外凝胶成像仪上观

察并照相。

2 结果与分析

2.1 水稻品种基因型分析

在 88 个测试品种中(表 2), 基因型所占比例较多是 *Pi-b+Pi54*、*Pi54*、*Pi-ta+Pi54* 和 *Pi-ta+Pi-b+Pi54*。携带 *Pi-b+Pi54* 基因的材料 38 份, 占总材料的 43%, 只携带 *Pi54* 基因的材料 17 份, 占总材料的 19%, 分别携带 *Pi-ta+Pi54* 和 *Pi-ta+Pi-b+Pi54* 基因的材料 6 份, 占总材料的 7%。连续 2 年抗性接种鉴定分析结果显示, 抗性比例较高的 4 个基因型分别是 *Pi-ta*、*Pi-ta+Pi-b*、*Pi-ta+Pi-b+Pi54* 和 *Pi-ta+Pi-b+Pi54+Pikm*, 除抗性基因型 *Pi-ta+Pi-b+Pi54* 的抗性比例为 33.33% 外, 其他基因型两年的抗性比例平均值均在 50% 及以上(表 3)。

表 2 88 个水稻品种基因型检测及其抗病等级

Table 2 Genotypes and resistant level of 88 rice cultivars

品种 Varieties	抗性基因 Resistant genes				接种鉴定 Inoculation identification	田间发病 Field identification	品种 Varieties	抗性基因 Resistant genes				接种鉴定 Inoculation identification	田间发病 Field identification
	<i>Pi-ta</i>	<i>Pi-b</i>	<i>Pikm</i>	<i>Pi54</i>				<i>Pi-ta</i>	<i>Pi-b</i>	<i>Pikm</i>	<i>Pi54</i>		
隆粳 341054	-	+	-	±	4	9	圣稻 17	-	+	-	+	4	7
隆粳 71	-	+	-	±	4	9	圣稻 18	-	+	-	+	4	7
金粳 667	+	+	-	+	2	3	圣稻 19	-	+	-	+	4	9
鑫稻 538	-	-	-	±	4	5	大粮 202	-	+	-	±	4	3
W018	-	+	-	±	4	5	大粮 203	-	±	-	±	4	3
中粳 06-1	-	+	-	±	4	9	新丰 6 号	-	±	-	+	4	9
中作 1022	-	+	-	+	4	1	郑稻 21	-	+	-	±	4	9
津粳优 2088	±	±	-	-	4	9	裕粳 136	-	-	-	-	4	3
金粳 698	-	±	+	+	4	9	新粳 599	+	-	-	+	3	9
隆粳 968	-	-	-	±	4	5	新科稻 31	+	+	+	+	4	1
中作 1594	-	±	-	+	4	9	新丰 5 号	+	-	-	±	4	9
中作 12204	-	-	-	+	4	9	郑稻 20	-	-	-	±	2	3
中作稻 1 号	-	-	-	±	4	7	豫粳 6 号	-	-	-	+	4	7
中作稻 2 号	-	±	-	±	4	5	新稻 10 号	-	±	-	+	3	5
09-11(临沂)	-	±	-	±	4	5	新科 29	-	-	-	-	3	5
JH11-8	-	+	-		4	7	获稻 008	-	-	-	-	4	9
润农 Y-4	-	±	-	+	4	9	新丰 2 号	-	-	-	+	4	9
圣稻 20	-	-	+	+	4	7	新丰 7 号	-	-	-	-	4	9
圣稻 22	-	-	-	+	4	7	新稻 18	-	-	-	±	4	5
临稻 16	-	-	+	±	4	5	新丰 2 号	+	-	-	+	4	9
临稻 20	-	-	+	+	4	5	新稻 22	+	-	-	+	4	9
阳光 600	+	-	-	±	4	5	郑稻 10 号	-	+	+	±		5
大粮 207	-	±	-	+	4	5	原稻 1 号	-	+	-	±	4	9
圣稻 974	±	+	-	±	4	7	汴稻 01	-	-	-	±	3	9
圣稻 15	-	±	-	±	4	5	玉粳 04316	-	-	-	+	4	7
圣稻 16	-	-	-	±	4	7	皖垦粳	-	+	+	-	4	5

表 2 (续)

品种 Varieties	抗性基因 Resistant genes				接种鉴定 Inoculation identification	田间发病 Field identification	品种 Varieties	抗性基因 Resistant genes				接种鉴定 Inoculation identification	田间发病 Field identification
	<i>Pi-ta</i>	<i>Pi-b</i>	<i>Pikm</i>	<i>Pi54</i>				<i>Pi-ta</i>	<i>Pi-b</i>	<i>Pikm</i>	<i>Pi54</i>		
SH1576	±	+	-	-	3	1	扬粳 239	-	+	-	±	4	7
皖垦粳 JZ-1	-	-	-	+	4	3	徐稻 9 号	-	±	-	±	4	5
连粳 16 号	+	-	-	-	1	3	连粳 7 号	-	±	-	±	4	7
JD79	+	±	-	±	2	3	徐稻 3 号	-	+	-	±	4	5
连粳 14219	+	+	-	-	3	1	连粳 12 号	-	-	-	±	4	5
连粳 13117	+	±	-	-	2	1	连粳 6 号	-	+	-	+	4	7
中垦 468	+	+	+	+			连粳 4 号	-	+	-	±	4	5
华瑞稻 8 号	-	+	-	±	4	9	连粳 9 号	-	+	-	±	4	7
连糯 1 号	+	±	-	±	4	9	苏秀 326	-	±	-	±	4	5
徐稻 8 号	-	+	-	±	4	9	苏秀 10 号	-	-	-	+	4	5
连粳 10 号	-	+	-	±	4	1	苏秀 8608	-	-	-	±	3	5
连粳 11 号	-	+	-	±	4	9	武运 4190	-	+	-	±	4	9
盐稻 11040	-	+	-	±	2	5	镇稻 243	-	+	+	-	4	3
武运 2007	-	+	-	-	4	1	盐稻 4355	-	±	-	-	4	1
苏秀 633	-	+	-	+	4	9	苏秀 867	-	-	-	±	1	0
苏秀 9 号	-	+	-	±	4	5	宁 4722	+	+	-	±	4	3
苏秀 298	+	+	+	+	2	3	宁粳 4 号	-	+	+	+	4	7
镇稻 88	-	+	-	±	4	9	迁稻 11-72	-	+	-	±	4	3

+: 检测到该基因; -: 未检测到该基因; ±: 该位点为杂合子

+: the gene was detected, -: the gene was not detected, ±: the locus is heterozygote

表 3 不同抗性基因型品种的抗性鉴定结果

Table 3 Result of different genotypes with types of gene/gene combinations upon infections

抗病基因 Genes contained	材料总数 No. of plant materials	2016 年接种鉴定等级 Resistant level of inoculation identification in 2016					抗性比例 (%) Ratio of resistance	2017 年接种鉴定等级 Resistant level of inoculation identification in 2017					抗性比例 (%) Ratio of resistance
		0	1	2	3	4		0	1	2	3	4	
		none	4	—	—	1		—	3	33.30	—	—	
<i>Pi-ta</i>	1	—	1	—	—	—	100.00	—	1	—	—	—	100.00
<i>Pi-b</i>	3	—	—	—	—	3	—	—	1	—	1	1	33.33
<i>Pi54</i>	17	—	2	2	1	12	23.50	—	3	3	6	5	35.29
<i>Pikm</i>	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
<i>Pi-ta+Pi-b</i>	4	—	—	1	3	—	25.00	—	—	3	—	1	75.00
<i>Pi-ta+Pi54</i>	6	—	—	—	2	4	—	—	—	2	—	4	—
<i>Pi-ta+Pikm</i>	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
<i>Pi-b+Pi54</i>	38	—	1	2	—	35	7.90	—	2	4	11	21	15.78
<i>Pi-b+Pikm</i>	2	—	—	—	—	2	—	—	—	—	2	—	—
<i>Pi-54+Pikm</i>	3	—	—	—	—	3	—	—	—	—	—	3	—
<i>Pi-ta+Pi-b+Pikm</i>	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
<i>Pi-ta+Pi-b+Pi54</i>	6	—	2	—	1	3	33.30	—	—	2	2	2	33.33
<i>Pi-ta+Pi54+Pikm</i>	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—	—
<i>Pi-b+Pi54+Pikm</i>	2	—	—	—	—	2	—	—	—	—	1	1	—
<i>Pi-ta+Pi-b+Pi54+Pikm</i>	2	—	—	1	1	—	50.00	—	—	1	—	1	50.00
合计 Total	88	—	6	7	8	67	14.78	—	7	15	26	40	—

2.2 品种所含基因数及其所占比例

对 88 个水稻品种资源检出的抗瘟基因数量进行分析(表 2、图 1), 新科稻 31、中垦 468 和苏秀 298 三个品种检出 4 个抗瘟基因, 基因型为 *Pi-ta*+*Pi-b*+*Pi54*+*Pikm*, 占总检测材料的比率是 3.4%。金粳 667、圣稻 974、连糯 1 号和宁 4722 等 8 个水稻品种检出了 3 个抗瘟基因, 基因型为 *Pi-ta*+*Pi-b*+*Pi54* 和 *Pi-b*+*Pi54*+*Pikm*, 占总检测组合的比率为 9.1%。郑稻 10 号、徐稻 9 号、连粳 7 号和中作 1594 等 53 个品种检出了 2 个抗瘟基因, 占总检测组合的比率为 60.2%, 其中, 多数组合检出的抗瘟基因是 *Pib*+*Pi54*。另外, 21 个品种只检测出 1 个抗瘟基因, 其比率为 23.9%, 基因型多为 *Pi54*, 还有 4 个品种不含有上述 4 个抗瘟基因中的任何一个。

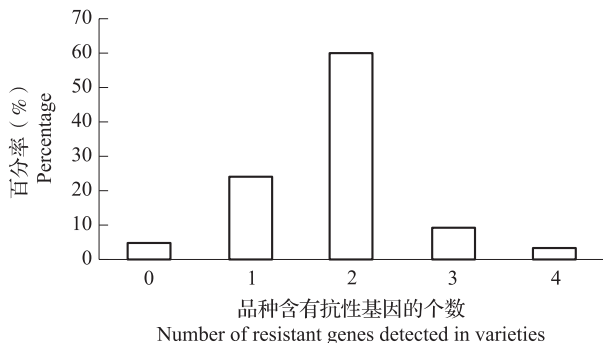


图 1 携带不同抗性基因数目的水稻品种百分率
Fig.1 Percentage of varieties with different number of genes

2.3 88 个品种稻瘟病抗性水平

为了探明水稻品种含有的抗病基因数量与抗病性间的相关性, 本研究对 88 个品种连续两年进行稻瘟病接种鉴定及田间病圃鉴定, 结合两组数据对品种资源进行稻瘟病抗性综合评价。在选取的 88 个水稻品种中, 2016 年人工接种鉴定高感、感病、中抗、高抗所占比例分别为 78.4%、9.1%、6.8%、8.0%, 高感水平最高(图 2); 2017 年人工接种鉴定高感、感病、中抗、高抗所占比例分别为 45.5%、31.8%、17.0%、8.0%, 抗性水平主要分布在高感和感病, 可达 77.3%(图 2)。2016 年田间自然发病高感、感病、中感、中抗、抗病、高抗所占比例分别为 25.0%、17.0%、23.9%、11.4%、22.7%、2.3%, 高感、中感和抗病水平分布较高(图 3); 2017 年高感、感病、中感、中抗、抗病、高抗所占比例分别为 20.5%、9.1%、29.5%、29.5%、6.8%、6.8%, 在高感、中感和中抗水平分布较高(图 3)。

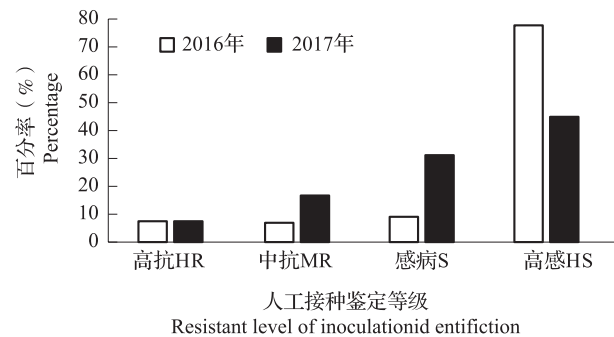


图 2 基于人工接种鉴定的不同抗性等级品种所占的比率
Fig.2 Percentage of rice genotypes with levels of rice blast resistance upon mechanical inoculation

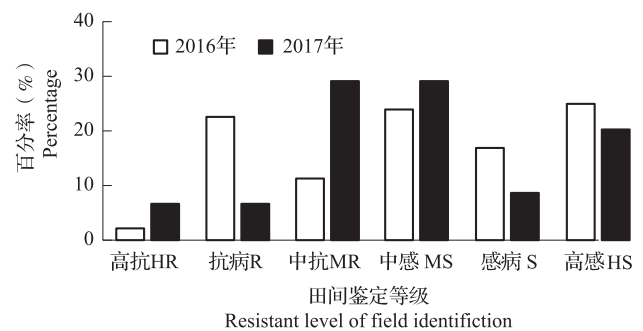


图 3 基于自然接种鉴定的不同抗性等级品种所占比率
Fig.3 Percentage of rice genotypes with levels of rice blast resistance upon natural inoculation

根据稻瘟病抗性综合评价的结果, 进一步分析 *Pi-ta*、*Pi-b*、*Pi54* 和 *Pikm* 抗性基因对水稻品种抗性的贡献。2016 年携带了抗性基因 *Pi-ta*、*Pi-b*、*Pi54* 和 *Pikm* 的水稻品种, 接种鉴定表现为抗病品种的频率分别为 28.6%、14.0%、14.8% 和 22.2%; 2017 年接种鉴定表现为抗病品种的频率分别为 42.8%、17.5%、22.9% 和 11.1%。

携带抗性基因 *Pi-ta*、*Pi-b*、*Pi54* 和 *Pikm* 的水稻品种, 2016 年田间自然发病表现为抗病品种的频率分别为 52.4%、42.1%、29.7% 和 44.4%; 2017 年田间自然发病表现为抗病品种的频率分别为 61.9%、50.9%、36.4% 和 55.5%。上述结果表明, *Pi-ta* 对黄淮稻区稻瘟病的抗瘟性贡献最大, 和前人研究结果^[10]一致。

3 讨论

稻瘟病是水稻生产中的重要病害之一, 严重影响了我国的水稻生产。因此, 在近年来的水稻新品种审定中将稻瘟病抗性列为一个关键的衡量指标。通过多年的实践证明, 种植抗稻瘟病水稻品种、利用品种自身的抗性是防治该病害最安全有效的方

法^[11-13]。因此,水稻品种是否携带抗病基因成为了育种家关注的焦点。抗性的构成是品种抗性基因与病菌无毒基因互作的结果,由于稻瘟病菌小种类群复杂,优势小种随着年份的累积会有所变化,抗瘟基因对稻区品种的抗瘟贡献率也会在不同年份存在差异,这也是导致携带同样基因型的品种在不同年份间抗性表现差异的原因之一。因此,主效抗瘟基因抗性的年份跟踪调查,及多个抗病基因的合理有效聚合是抗瘟育种的关键。

本研究通过对88个品种实施连续2年的田间自然发病和人工接种鉴定,分析了2016年和2017年黄淮稻区品种的抗瘟性,并利用*Pi-ta*、*Pi-b*、*Pi54*和*Pikm*的连锁分子标记分析了这4个抗瘟基因在黄淮品种中的分布及抗性有效性。在2016年和2017年两年间,88个品种的田间发病率分别为66%和59.1%,人工接种鉴定发病比率分别达87.5%和77.3%。检测品种资源稻瘟病的发病率较高。通过分析品种资源的基因型,结果显示抗瘟基因*Pi-b*和*Pi54*在品种中的分布最广,单个品种的基因型也是*Pi-b+Pi54*的组合比率最高,而具有广谱抗瘟性的*Pita*只有24%。前人研究结果表明,*Pi54*与穗颈瘟抗性呈负相关,相关系数为-0.05^[14],且*Pi-b*和*Pi-b+Pi54*基因型的抗性有逐年丧失的趋势^[15]。抗性比例较高的4个基因型是*Pi-ta*、*Pi-ta+Pi-b*、*Pi-ta+Pi-b+Pi54*和*Pi-ta+Pi-b+Pi54+Pikm*,但其所占的比例很低,没有有效的抗病基因或含抗病基因比例少是检测品种资源发病率高的主要原因。与此同时,我们也发现,携带相同基因或基因组合的品种间抗性表现也存在差异,这与品种间是否携带其他抗性基因有关系,也可能受到病菌侵染时环境效应的影响。随着水稻基因组研究的迅速发展,在黄淮稻区稻瘟病的抗性改良及抗瘟水稻新品种的选育中,育种家应注重多基因聚合或引入新型抗性基因,以拓宽抗谱,进而增强抗性,减缓抗性基因衰退的速度。目前,已有30多个抗稻瘟病基因被克隆,本研究仅分析了4个抗瘟基因在黄淮稻区的分布及抗病效应,今后仍需对其他抗稻瘟病基因进行跟踪检测和抗病性分析评价。

参考文献

- [1] 储黄伟,程灿,牛付安,周继华,涂荣剑,罗忠永,王新其,曹黎明. 8个稻瘟病抗性基因在三系杂交粳稻亲本中的分布. 上海农业学报, 2018, 34(1): 8-13
Chu H W, Cheng C, Niu F A, Zhou J H, Tu R J, Luo Z Y, Wang X Q, Cao L M. Distribution of 8 rice blast-resistant genes in parents of three-line hybrid keng rice. Acta Agriculturae Shanghai, 2018, 34(1): 8-13
- [2] 李刚,袁彩勇,曹奎荣,孙祥良,李军,王健,程保山,罗伯祥,徐卫军,唐九友,储成才. 544份水稻种质稻瘟病抗性鉴定及抗性基因的分布研究. 中国农业大学学报, 2018, 23(5): 22-28
Li G, Yuan C Y, Cao K R, Sun X L, Li J, Wang J, Cheng B S, Luo B X, Xu W J, Tang J Y, Chu C C. Evaluation and distribution of the blast resistance genes of 544 rice materials. Journal of China Agricultural University, 2018, 23(5): 22-28
- [3] 汪文娟,周继勇,汪聪颖,苏菁,封金奇,陈炳,冯爱卿,杨健源,陈深,朱小源. 8个抗稻瘟病基因在华南籼型杂交水稻中的分布. 中国水稻科学, 2017, 31(3): 299-306
Wang W J, Zhou J Y, Wang C Y, Su J, Feng J Q, Chen B, Feng A Q, Yang J Y, Chen S, Zhu X Y. Distribution of eight rice blast resistance genes in indica hybrid rice in China. Chinese Journal of Rice Science, 2017, 31(3): 299-306
- [4] 邹茜,董丽英,袁平荣,刘慰华,苏振喜,金雁,寇姝燕. 广谱持久抗病基因*Pi40*在云南高原粳稻的应用研究. 西南农业学报, 2016, 29(7): 1493-1498
Zou Q, Dong L Y, Yuan P R, Liu W H, Su Z X, Jin Y, Kou S Y. Application of broad-spectrum blast resistance gene *Pi40* in breeding of japonica rice in yunnan plateau. Southwest China Journal of Agricultural Sciences, 2016, 29(7): 1493-1498
- [5] 邹德堂,姜思达,赵宏伟,郭丽颖,孙健,刘化龙,辛威. 广谱抗性基因*Pi9*在黑龙江省水稻品种中的分布. 东北农业大学学报, 2016, 47(7): 1-8
Zou D T, Jiang S D, Zhao H W, Guo L Y, Sun J, Liu H L, Xin W. Distribution of broad-spectrum resistance gene *Pi9* in the rice cultivars of Heilongjiang Province. Journal of Northeast Agricultural University, 2016, 47(7): 1-8
- [6] 王生轩,李俊周,谢瑛,李勇,李梦琪,曹炳武,赵全志. 河南粳稻抗稻瘟病基因*Pi9*、*Pita*和*Piz-t*的分子检测. 分子植物育种, 2017, 15(3): 951-955
Wang S X, Li J Z, Xie Y, Li Y, Li M Q, Cao B W, Zhao Q Z. Molecular detection of rice blast resistance gene *Pi9*, *Pita* and *Piz-t* in Henan japonica rice. Molecular Plant Breeding, 2017, 15(3): 951-955
- [7] 李耀栋,张银霞,李金吉,张振海,张敏,田蕾,杨淑琴,李培富. 宁夏水稻代表性种质及后代抗稻瘟病基因型分析. 植物遗传资源学报, 2019, 20(2): 321-334
Li Y D, Zhang Y X, Li J J, Zhang Z H, Zhang M, Tian L, Yang S Q, Li P F. Analysis of blast resistance genes in typical japonica rice germplasm and progeny in Ningxia. Journal of Plant Genetic Resources, 2019, 20(2): 321-334
- [8] 王丽丽,赵家铭,马作斌,郑文静,马殿荣. 辽宁地区水稻资源抗稻瘟病基因的检测分析. 植物遗传资源学报, 2017, 18(2): 325-339
Wang L L, Zhao J M, Ma Z B, Zheng W J, Ma D R. Identifying and analyzing to rice blast resistant genes in rice germplasm resources of Liaoning province. Journal of Plant Genetic Resources, 2017, 18(2): 325-339
- [9] 范方军,王芳权,刘永峰,王军,朱金燕,李文奇,仲维功,杨杰. *Pi-b*、*Pi-ta*、*Pikm*和*Pi54*对水稻穗颈瘟的抗性评价. 华北农学报, 2014, 29(3): 221-226
Fang F J, Wang F Q, Liu Y F, Wang J, Zhu J Y, Li W Q, Zhong W G, Yang J. Evaluation of resistance to rice panicle

- blast with resistant genes *Pi-b*, *Pi-ta*, *Pikm* and *Pi54*. *Acta Agricultural Boreali-Simica*, 2014, 29(3): 221-226
- [10] 张善磊, 孙旭超, 陈涛, 赵春芳, 朱镇, 赵庆勇, 周丽慧, 赵凌, 姚姝, 王才林. *Pi-ta*、*Pi-5*、*Pi-km* 和 *Pi-b* 基因在粳稻品种(系)中的分布及对穗颈瘟的抗性. *江苏农业学报*, 2018, 34(5): 7-17
Zhang S L, Sun X C, Chen T, Zhao C F, Zhu Z, Zhao Q Y, Zhou L H, Zhao L, Yao S, Wang C L. Distribution of *Pi-ta*, *Pi-5*, *Pi-km* and *Pi-b* genes in japonica rice varieties (lines) and their relationship with neck blast resistance. *Jiangsu Journal of Agricultural Science*, 2018, 34(5): 7-17
- [11] 张燕红, 贾春平, 文孝荣, 唐福森, 王奉斌, 朱小霞. 新疆水稻主要育成品种 13 个稻瘟病的抗性基因分布. *新疆农业科学*, 2017, 54(9): 1595-1605
Zhang Y H, Jia C P, Wen X R, Tang F S, Wang F B, Zhu X X. Distribution of 13 rice blast resistance genes from bred varieties in Xinjiang. *Xinjiang Agricultural Sciences*, 2017, 54(9): 1595-1605
- [12] 时克, 雷财林, 程治军, 许兴涛, 王久林, 万建民. 稻瘟病抗性基因 *Pita* 和 *Pib* 在我国水稻主栽品种中的分布. *植物遗传资源学报*, 2009, 10(1): 21-26
Shi K, Lei C L, Cheng Z J, Xu X T, Wang J L, Wang J M. Distribution of two blast resistance genes *Pita* and *Pib* in major rice cultivars in China. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2009, 10(1): 21-26
- [13] 杨杰, 杨金欢, 王军, 范方军, 朱金燕, 曹卿, 田胜尼, 仲维功. 稻瘟病抗病基因 *Pita* 和 *Pib* 在中国水稻地方品种中的分布. *华北农学报*, 2011, 26(3): 1-6
Yang J, Yang J H, Wang J, Fan F J, Zhu J Y, Cao Q, Tian S N, Zhong W G. Distribution of two blast resistance genes *Pita* and *Pib* in landrace rice in China. *Acta Agricultural Boreali-Simica*, 2011, 26(3): 1-6
- [14] 王军, 宫丹妮, 杨杰, 朱金燕, 范方军, 李文奇, 王芳权, 仲维功. 江苏省粳稻品种抗稻瘟病基因型与穗茎瘟抗性分析. *江苏农业学报*, 2016, 32(2): 250-256
Wang J, Gong D N, Yang J, Zhu J Y, Fan F J, Li W Q, Wang F Q, Zhong W G. Relationship between rice blast resistance genotypes and neck blast resistance of Japonica rice in Jiangsu province. *Jiangsu Journal of Agricultural Science*, 2016, 32(2): 250-256
- [15] 宋兆强, 刘艳, 王宝祥, 王芳权, 迟铭, 刘金波, 陈庭木, 方兆伟, 邢运高, 徐波, 杨波, 杨杰, 徐大勇. 稻瘟病抗性基因 *Pi-ta*、*Pi-b*、*Pi54* 和 *Pikm* 的育种利用价值评价. *江苏农业学报*, 2017, 33(5): 968-974
Song Z Q, Liu Y, Wang B X, Wang F Q, Chi M, Liu J B, Chen T M, Fang Z W, Xing Y G, Xu B, Yang B, Yang J, Xu D Y. Application value of blast resistant genes *Pi-ta*, *Pi-b*, *Pi54* and *Pi-km* in rice breeding. *Jiangsu Journal of Agricultural Science*, 2017, 33(5): 968-974

(上接 1464 页)

- [35] 郑殿升, 高爱农, 李立会. 贵州少数民族地区作物稀有种质资源和野生近缘植物. *植物遗传资源学报*, 2016, 17(3): 570-576
Zheng D S, Gao A N, Li L H. Crop rare germplasm resources and wild related plants in guizhou minority areas. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2016, 17(3): 570-576
- [36] 马志杰, 杨京彪, 薛达元. 内蒙古地区蒙古族常用野生植物相关传统知识研究. *中央民族大学学报: 自然科学版*, 2018, 27(4): 41-45
Ma Z J, Yang J B, Xue D Y. Research on traditional knowledge of Mongolian common wild plants in Inner Mongolia. *Journal of Min Zu University for Nationalities: Natural Science Edition*, 2018, 27(4): 41-45
- [37] 薛达元. 建立遗传资源及相关传统知识获取与惠益分享国家制度: 写在《名古屋议定书》生效之际. *生物多样性*, 2014, 22(5): 547-548
Xue D Y. Establishment of a national system for access to and benefit sharing of genetic resources and related traditional knowledge: written at the time of the entry into force of the Nagoya protocol. *Biodiversity Science*, 2014, 22(5): 547-548
- [38] 戴蓉. 基于《名古屋议定书》中国民族地区遗传资源获取与惠益分享制度研究——以湘西土家族苗族自治州为例. 北京: 中央民族大学, 2014: 38-41
Dai R. Research on access to genetic resources and benefit sharing system in China's ethnic regions based on Nagoya protocol——a case study of Xiangxi Tujia and Miao Autonomous Prefecture. Beijing: Min Zu University of China, 2014: 38-41
- [39] Wehi P M, Lord J M. Importance of including cultural practices in ecological restoration. *Conservation Biology*, 2017, 31(5): 1109-1118
- [40] Pilgrim S, Pretty J, Adams B, Berkes F, Athayde D S, Dudley N. The intersections of biological diversity and cultural diversity: towards integration. *Conservation & Society*, 2009, 7(2): 100