

宋兆强, 刘 艳, 王宝祥, 等. 稻瘟病抗性基因 *Pi-ta*、*Pi-b*、*Pi54* 和 *Pi-km* 的育种利用价值评价[J]. 江苏农业学报, 2017, 33(5): 968-974.

doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2017.05.002

## 稻瘟病抗性基因 *Pi-ta*、*Pi-b*、*Pi54* 和 *Pi-km* 的育种利用价值评价

宋兆强<sup>1</sup>, 刘 艳<sup>1</sup>, 王宝祥<sup>1</sup>, 王芳权<sup>2</sup>, 迟 铭<sup>1</sup>, 刘金波<sup>1</sup>, 陈庭木<sup>1</sup>, 方兆伟<sup>1</sup>, 邢运高<sup>1</sup>, 徐 波<sup>1</sup>, 杨 波<sup>1</sup>, 杨 杰<sup>2</sup>, 徐大勇<sup>1</sup>

(1. 江苏徐淮地区连云港农业科学研究所/江苏省现代作物生产协同创新中心, 江苏 连云港 222006; 2. 江苏省农业科学院粮食作物研究所, 江苏 南京 210014)

**摘要:** 稻瘟病是水稻生产上的主要病害, 利用稻瘟病抗性基因培育抗病品种是防治稻瘟病最经济、最有效的方法。为了明确稻瘟病抗性基因 *Pi-ta*、*Pi-b*、*Pi54* 和 *Pi-km* 在水稻抗病育种中的利用价值, 本研究利用这 4 个抗性基因的功能标记, 对在稻瘟病菌圃经多年抗性筛选的 60 份资源材料进行基因型鉴定, 并通过连续两年稻瘟病菌接种鉴定对不同抗性基因的抗稻瘟病发展趋势进行调查分析。结果表明, 60 份试验材料中, 只携带 *Pi-ta* 基因的有 14 份, 占总材料的 23.3%, 携带 *Pi-ta*+*Pi-b* 基因组合的有 9 份, 占总材料的 15.0%, 携带 *Pi-b*+*Pi54* 基因组合的有 9 份, 占总材料的 15.0%, 携带 *Pi-ta*+*Pi-b*+*Pi54* 基因组合的有 12 份, 占总材料的 20.0%。在连续两年的接种鉴定中, *Pi-ta*、*Pi-ta*+*Pi-b* 和 *Pi-ta*+*Pi-b*+*Pi54* 基因组合均无 4 级高感; 只有 *Pi-b*+*Pi54* 基因组合出现 4 级高感材料。通过连续两年抗性基因与穗颈瘟发病等级的相关性分析, 发现几乎所有基因的抗病能力都在不断减弱。因此, 在抗稻瘟病新品种选育中抗稻瘟病新抗源的挖掘和新抗性基因的导入已经迫在眉睫。

**关键词:** 水稻; 稻瘟病; 抗性基因

**中图分类号:** S332.2 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2017)05-0968-07

## Application value of blast resistant genes *Pi-ta*, *Pi-b*, *Pi54* and *Pi-km* in rice breeding

SONG Zhao-qiang<sup>1</sup>, LIU Yan<sup>1</sup>, WANG Bao-xiang<sup>1</sup>, WANG Fang-quan<sup>2</sup>, CHI Ming<sup>1</sup>, LIU Jin-bo<sup>1</sup>, CHEN Ting-mu<sup>1</sup>, FANG Zhao-wei<sup>1</sup>, XING Yun-gao<sup>1</sup>, XU Bo<sup>1</sup>, YANG Bo<sup>1</sup>, YANG Jie<sup>2</sup>, XU Da-yong<sup>1</sup>

(1. Lianyungang Institute of Agricultural Sciences of the Xuhuai District of Jiangsu Province/Jiangsu Collaborative Innovation Center for Modern Crop Production, Lianyungang 222006, China; 2. Institute of Food Crops, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing 210014, China)

**收稿日期:** 2017-03-14

**基金项目:** 连云港市现代农业项目 (CN1502); 国家水稻产业技术体系 (CARS-01-05B); 连云港市现代农业项目 (NYYQ1617)

**作者简介:** 宋兆强 (1984-), 男, 山东临沂人, 硕士, 助理研究员, 主要研究方向为水稻遗传育种研究。(Tel) 13815665524; (E-mail) 616728009@qq.com

**通讯作者:** 徐大勇, (E-mail) xudayong3030@sina.com; 杨 杰, (E-mail) yangjie168@aliyun.com

**Abstract:** Rice blast is one of the major diseases in rice production, and breeding resistant cultivars is an effective way to prevent. To evaluate the value of blast resistant genes *Pi-ta*, *Pi-b*, *Pi54* and *Pi-km* in rice breeding, the functional markers of resistant genes were used to detect 60 rice cultivars subjected to years' rice blast resistance selection. 14 cultivars solely carrying *Pi-ta*, 9 carry-

ing *Pi-ta*+*Pi-b*, 9 carrying *Pi-b*+*Pi54*, and 12 cultivars carrying *Pi-ta*+*Pi-b*+ *Pi54* were identified, accounting for 23.3%, 15.0%, 15.0%, and 20.0% respectively. Only rice cultivars carrying *Pi-b*+*Pi54* gene combination showed high susceptibility in two continuous years' artificial identification. Two years' correlation analysis between resistant genes and neck blast resistance revealed that the resistance of almost all genes have weakened. It is crucial to select new resistant genes in rice breeding.

**Key words:** rice; rice blast; resistance gene

稻瘟病是水稻主产区的第一大病害,由稻瘟病菌(*Pyricularia grisea* saccardo)引起<sup>[1]</sup>。稻瘟病菌可在水稻的整个生育期进行危害,依据侵染部位的不同可分为:叶瘟,节瘟,穗茎瘟和谷粒瘟等,其中穗茎瘟的危害尤为严重,可以导致颗粒无收。育种实践证明,选育并利用抗病品种是控制稻瘟病最经济有效的方法之一<sup>[2]</sup>。

在常规育种中,水稻稻瘟病抗性分析主要依赖于抗性鉴定和表型选择,存在育种周期长、选择效率低和工作量大等诸多缺点。近年来,随着分子生物技术的迅速发展,迄今已有 69 个抗稻瘟病位点、84 个主效基因被报道,24 个基因已被成功克隆<sup>[3]</sup>。利用与稻瘟病抗性基因紧密连锁的分子标记甚至基因本身的功能标记进行辅助选择已经成为稻瘟病抗性的常规手段<sup>[4]</sup>。*Pi-ta* 和 *Pi-b*<sup>[5-9]</sup>是最早被克隆出来的 2 个抗稻瘟病基因,其分子标记也相继被开发并广泛应用于水稻抗稻瘟病分子育种<sup>[10-13]</sup>。华丽霞等<sup>[14]</sup>对已克隆的抗稻瘟病基因 *Pi2*、*Pi9* 以及 *Piz-t* 进行了特异性分子标记的开发,成功研发了基于 PCR 技术以及电泳检测技术的这 3 个抗性基因的分子标记;马建等<sup>[15]</sup>开发了在日本作为广谱持久的抗性基因 *Pi35* 的功能性分子标记 *Pi35-dCAPS*,为通过分子育种手段高效利用 *Pi35* 基因改良中国水稻品种的稻瘟病抗性提供了手段;朱金燕等<sup>[16]</sup>依据稻瘟病广谱抗性隐性等位基因 *pi21* 的序列设计了分子标记 *Pi21-1*,鉴定了新等位抗性基因 *pi21t*,为水稻广谱抗稻瘟病育种提供了新的有利资源。抗性基因分子标记的设计研发为抗性基因在水稻抗病育种中的开发利用提供了有效手段,但由于稻瘟病菌小种的高度变异性,病菌群体遗传结构会随着抗性基因的利用随即发生变化<sup>[17]</sup>,要针对性地利用抗性基因改良品种抗性,需要了解品种本身的抗性基因型及抗性基因的抗性表现,避免育种上抗病基因利用的盲目性。

由此,本研究利用 4 个江苏省主要利用的抗病

基因 *Pi-ta*、*Pi-b*、*Pi54* 和 *Pi-km* 的分子标记对 60 份在稻瘟病自然病菌圃筛选出的抗病材料进行基因检测,并在 2015 年和 2016 年连续两年对试验材料进行穗茎瘟人工接种鉴定,通过对试验材料的抗病表现综合评价抗病基因在育种中的利用价值。

## 1 材料和方法

### 1.1 试验材料

供试水稻材料为连云港市农业科学院在江苏省连云港市赣榆区塔山镇稻瘟病菌圃经多年筛选出的抗病育种骨干亲本 60 份,命名为 LB1~LB60。

### 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。2015 年接种鉴定的稻瘟病菌代表菌株:ZB29、ZC15、ZD7、ZE3、ZF1 和 ZG1,2016 年接种鉴定的稻瘟病菌代表菌株:ZB7、ZC11、ZD5、ZE5、ZF1 和 ZG1。

水稻穗颈瘟的抗性鉴定采用人工注射接种,接种体为稻瘟病菌的混合孢子,在水稻孕穗至破口期接种,在水稻成熟后进行水稻穗颈瘟的抗性调查。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。

### 1.3 稻瘟病抗性基因的分子标记

利用 *Pi-b*、*Pi-ta*、*Pi54* 和 *Pi-km* 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 1 042 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 *Pi-km* 由 2 对引物扩增,*Pi-km1* 引物扩增片段大小为 174 bp(抗)/213 bp(感),*Pi-km2* 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 *Pi-km*。

#### 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<sup>[18]</sup>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。

表 1 PCR 引物序列及名称

Table 1 PCR primers' sequence and name

目的基因	引物名称	引物序列 (5'→3')	预期片段 (bp)
<i>Pi-ta</i>	<i>Pi-ta</i> -F	AGCAGGTTATAAGCTAGGCC	1 042
	<i>Pi-ta</i> -R	CTACCAACAAGTTCATCAAA	
<i>pi-ta</i>	<i>NPi-ta</i> -F	AGCAGGTTATAAGCTAGCTAT	1 042
	<i>NPi-ta</i> -R	CTACCAACAAGTTCATCAAA	
<i>Pi-b</i>	<i>Pi-b</i> -F	GAACAATGCCCAAACTTGAGA	365
	<i>Pi-b</i> -R	GGGTCCACATGTCAGTGAGC	
<i>pi-b</i>	<i>NPi-b</i> -F	TCGGTGCTCGGTAGTCAGT	803
	<i>NPi-b</i> -R	GGGAAGCGGATCCTAGGTCT	
<i>Pi54</i>	<i>Pi54</i> -F	CAATCTCCAAAGTTTTCAGG	216/315
	<i>Pi54</i> -R	GCTTCAATCACTGCTAGACC	
<i>Pi-km</i>	<i>Pi-km</i> 1F	TGAGCTCAAGGCAAGAGTTGAGGA	174/213
	<i>Pi-km</i> 1R	TGTTCCAGCAACTCGATGAG	
<i>pi-km</i>	<i>Pi-km</i> 2F	CAGTAGCTGTGTCTCAGAACTATG	290/332
	<i>Pi-km</i> 2R	AAGGTACCTCTTTTCGGCCAG	

## 2 结果和分析

### 2.1 抗性基因分析

利用水稻抗稻瘟病基因 *Pi-b*、*Pi-ta*、*Pi54* 和 *Pi-km* 的功能标记检测了 60 份育种资源(表 2、表 3),只携带 1 个检测抗性基因的材料 18 份,占总材料的 30.0%,其中只携带 *Pi-ta* 基因的材料 14 份,只携带 *Pi-b* 基因的材料 3 份,只携带 *Pi54* 基因的材料 1 份;携带 2 个检测抗性基因的材料 23 份,占总材料的 38.3%,其中携带 *Pi-ta*+*Pi-b* 基因的材料 9 份,携带 *Pi-ta*+*Pi54* 基因的材料 4 份,携带 *Pi-b*+*Pi54* 基因的材料 9 份,携带 *Pi-b*+*Pi-km* 基因的材料 1 份;携带 3 个检测抗性基因的材料 13 份,占总材料的 21.7%,其中携带 *Pi-ta*+*Pi-b*+*Pi54* 基因的材料 12

份,携带 *Pi-b*+*Pi54*+*Pi-km* 基因的材料 1 份;携带 *Pi-ta*+*Pi-b*+*Pi54*+*Pi-km* 4 个检测抗性基因的材料只有 1 份,占总材料的 1.7%;4 个抗性基因都没检测到的材料有 5 份,占总材料的 8.3%。

### 2.2 水稻穗茎瘟抗性鉴定

水稻穗茎瘟抗性鉴定,在 2015 年和 2016 年均采用人工注射接种鉴定。在 2015 年接种鉴定中,60 份试验材料中穗茎瘟达到 4 级高感的有 4 份,3 级感病的有 13 份,2 级中抗的有 18 份,1 级高抗的有 25 份,0 级免疫的材料未发现(表 2)。在 2016 年接种鉴定中,60 份试验材料穗茎瘟达到 4 级高感的有 17 份,3 级感病的有 10 份,2 级中抗的有 16 份,1 级高抗的有 17 份,0 级免疫的材料未发现(表 2)。从两年的连续接种结果中可看出,4 级高感和 3 级感病材料在增加,抗病材料在减少。

### 2.3 水稻穗茎瘟抗性与抗性基因的相关性

在 60 份测试材料中(表 3),只携带 *Pi-ta* 基因的材料 14 份,2015 年抗性鉴定中 14 份材料均表现为抗穗茎瘟,2016 年 10 份材料表现为抗穗茎瘟,4 份材料表现为感穗茎瘟;只携带 *Pi-b* 基因的材料 3 份,两年均为感稻瘟病;只携带 *Pi54* 基因的材料 1 份,2015 年表现为 3 级感病,2016 年为 4 级高感。在基因组合中,携带两个检测抗病基因的 23 份材料中,除 *Pi-b*+*Pi54* 基因外其他基因组合均无 4 级高感;同时携带 3 个抗病基因的 13 份材料中,*Pi-ta*+*Pi-b*+*Pi54* 基因 12 份均无 4 级高感材料,*Pi-b*+*Pi54*+*Pi-km* 基因 1 份,2016 年表现 4 级高感;同时携带 4 个抗性基因的材料只有 1 份,两年均为抗病;4 个抗性基因都没检测到的材料有 5 份,有 1 份材料表现为中抗,说明此材料含有其他抗性基因,需进一步验证。

### 2.4 抗病基因 *Pi-ta* 和 *Pi-b* 育种利用价值评价

从不同抗性基因在 60 份试验材料中的分布可看出(表 3),携带 *Pi-ta* 基因的材料有 40 份,占总材料的 66.7%;携带 *Pi-b* 基因的材料 36 份,占总材料的 60.0%;携带 *Pi54* 基因的材料 28 份,占总材料的 47.0%;携带 *Pi-km* 基因的材料 3 份,占总材料的 5.0%。60 份测试材料中携带 *Pi-km* 基因的材料较少,且相关文献报道 *Pi54* (*Pik<sup>h</sup>*) 基因与穗茎瘟抗性呈负相关<sup>[19]</sup>,为此本研究单独对 *Pi-ta* 和 *Pi-b* 两个抗性基因与穗茎瘟抗性的相关性做了进一步分析。

表 2 试验材料穗颈瘟抗性评价及携带的检测抗病基因分析

Table 2 Identification of neck blast resistance of rice varieties

编号	2015 抗性	2016 抗性	<i>Pi-ta</i>	<i>Pi-b</i>	<i>Pi-km</i>	<i>Pi54</i>	编号	2015 抗性	2016 抗性	<i>Pi-ta</i>	<i>Pi-b</i>	<i>Pi-km</i>	<i>Pi54</i>
LB1	3	4	-	+	-	-	LB31	4	4	-	+	-	-
LB2	1	1	+	+	-	-	LB32	4	4	-	-	-	-
LB3	1	2	-	+	-	+	LB33	4	4	-	-	-	-
LB4	1	1	+	+	-	+	LB34	2	3	±	-	-	-
LB5	1	2	+	-	-	-	LB35	2	3	+	-	-	-
LB6	3	4	-	+	-	+	LB36	2	2	+	-	-	-
LB7	2	3	+	+	-	+	LB37	3	4	-	+	-	+
LB8	3	4	-	+	-	+	LB38	1	2	±	+	-	-
LB9	1	1	+	+	-	-	LB39	2	3	+	+	-	+
LB10	1	2	+	+	-	+	LB40	2	2	+	+	-	+
LB11	2	3	+	+	-	-	LB41	1	1	+	+	-	-
LB12	1	1	+	-	-	+	LB42	1	2	+	-	-	-
LB13	4	4	-	+	-	+	LB43	2	3	+	+	-	-
LB14	3	4	-	-	-	-	LB44	1	2	+	-	-	+
LB15	3	4	-	-	-	-	LB45	2	1	±	-	-	+
LB16	2	3	+	-	-	-	LB46	2	2	+	-	-	+
LB17	3	4	-	+	-	+	LB47	2	1	+	+	-	+
LB18	3	4	-	+	-	+	LB48	3	2	±	+	-	+
LB19	3	4	-	+	-	+	LB49	2	3	-	+	+	-
LB20	3	4	-	-	-	+	LB50	2	3	+	+	-	+
LB21	2	2	-	-	-	-	LB51	1	1	+	±	-	-
LB22	1	1	+	-	-	-	LB52	2	2	+	-	-	-
LB23	1	1	+	-	-	-	LB53	1	1	±	±	-	-
LB24	1	1	+	-	-	-	LB54	1	2	+	+	-	+
LB25	1	3	+	-	-	-	LB55	3	4	-	+	-	-
LB26	1	1	+	-	-	-	LB56	1	1	±	±	-	+
LB27	1	1	+	-	-	-	LB57	3	4	-	+	-	+
LB28	1	2	+	+	-	-	LB58	1	2	±	+	+	+
LB29	1	1	+	-	-	-	LB59	1	2	±	±	-	+
LB30	2	4	-	+	+	+	LB60	2	1	±	+	-	+

通过 2015 年和 2016 年连续 2 年抗性基因与穗茎瘟抗性的相关性分析(表 4 和表 5),14 份 *Pi-ta*+/ *Pi-b* + 基因组合材料中,在 2 年中均有 4 级高感材料出现,由 2015 年 4 份高感增加到 2016 年 12 份高感,表明 *Pi-b* 抗性基因的抗性在不断地丧失;18 份

*Pi-ta* +/*Pi-b*-基因组合材料中,在 2015 年均表现为抗病,2016 年出现 4 份 3 级感病;22 份 *Pi-ta* +/*Pi-b*+基因组合材料中,2015 年出现 1 份 3 级感病,2016 年出现 5 份 3 级感病,表明 *Pi-ta* 抗性基因的抗性有逐渐减弱的趋势。

表 3 不同抗性基因组合的抗病性

Table 3 Rice blast resistances of different genes and gene combinations

抗病基因	含检测抗病基因材料数	2015 年抗病等级					2016 年抗病等级				
		0 (免疫 I)	1 (高抗 HR)	2 (中抗 MR)	3 (感病 S)	4 (高感 HS)	0 (免疫 I)	1 (高抗 HR)	2 (中抗 MR)	3 (感病 S)	4 (高感 HS)
无检测抗病基因	5	0	0	1	2	2	0	0	1	0	4
<i>Pi-ta</i>	14	0	10	4	0	0	0	6	4	4	0
<i>Pi-b</i>	3	0	0	0	2	1	0	0	0	0	3
<i>Pi54</i>	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
<i>Pi-km</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Pi-ta+Pi-b</i>	9	0	7	2	0	0	0	5	2	2	0
<i>Pi-ta+Pi54</i>	4	0	2	2	0	0	0	2	2	0	0
<i>Pi-ta+Pi-km</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Pi-b+Pi54</i>	9	0	1	0	7	1	0	0	1	0	8
<i>Pi-b+Pi-km</i>	1	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0
<i>Pi-54+Pi-km</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Pi-ta+Pi-b+Pi-km</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Pi-ta+Pi-b+Pi54</i>	12	0	5	6	1	0	0	4	5	3	0
<i>Pi-ta+Pi54+Pi-km</i>	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
<i>Pi-b+Pi54+Pi-km</i>	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
<i>Pi-ta+Pi-b+Pi54+Pi-km</i>	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0

表 4 2015 年抗性基因 *Pi-ta* 和 *Pi-b* 对穗茎瘟的抗性

Table 4 The resistances of *Pi-ta* and *Pi-b* genes to neck blast in 2015

抗病等级	<i>Pi-ta+Pi-b+</i>	<i>Pi-ta+Pi-b-</i>	<i>Pi-ta-/Pi-b+</i>	<i>Pi-ta-/Pi-b-</i>
1 级	13	12	1	0
2 级	8	6	0	1
3 级	1	0	9	3
4 级	0	0	4	2

表 5 2016 年抗性基因 *Pi-ta* 和 *Pi-b* 对穗茎瘟的抗性

Table 5 The resistances of *Pi-ta* and *Pi-b* genes to neck blast in 2016

抗病等级	<i>Pi-ta+Pi-b+</i>	<i>Pi-ta+Pi-b-</i>	<i>Pi-ta-/Pi-b+</i>	<i>Pi-ta-/Pi-b-</i>
1 级	9	8	0	0
2 级	8	6	1	1
3 级	5	4	1	0
4 级	0	0	12	5

3 讨论

由稻瘟病菌引起的稻瘟病是广泛发生在世界稻区最重要的病害之一。长期的育种实践证明,利用稻瘟病抗性基因选育和推广抗病水稻新品种(组合)是控制水稻稻瘟病病害最安全、经济和环保的方法。由于不同水稻生产区域稻瘟病菌优势生理小种与毒力基因具有很大的差异性和复杂性<sup>[17,20]</sup>,且稻瘟病菌与抗病基因之间存在协同进化的关系,因此抗性基因的抗性也存在地域性和时空性差异。抗性基因 *Pi9* 与 *Pita2*、*Pizt*、*Pil*、*Piz* 4 种组合在云南稻区的抗病性最强<sup>[21]</sup>,基因 *Pik<sup>h</sup>* [或 *Pi<sub>1</sub>(t)* ]、*Pi9* [或 *Piz<sup>5</sup>* ]以及 *Pish* [或 *Pi-ta<sup>2</sup>* ]的聚合有利于提高广东省水稻品种对该地区稻瘟病菌的抗谱<sup>[22]</sup>,基因 *Pi-ta* 和 *Pi-b* 在江苏和浙江的栽培品种中存在一定的分布<sup>[23]</sup>,*Pi-ta*、*Pi-b* 基因与江苏省粳稻穗茎瘟抗性呈正相关,2 对基因的联合效应与 2009 年、2010 年江苏省粳稻穗茎瘟抗性正相关系数分别为 0.71 和

0.62<sup>[24]</sup>。由此可见,摸清水稻品种资源携带的抗性基因及其抗性基因在品种资源中分布和利用情况,可为充分利用抗性基因改良水稻品种稻瘟病抗性提供依据。

2014年范方军等<sup>[18]</sup>利用抗性基因 *Pi-b*、*Pi-ta*、*Pi-km* 和 *Pi54* 对 64 份江苏省迟熟中粳稻预试品系进行了基因型分析及穗茎瘟抗性评价,64 份品系中含有抗稻瘟病基因 *Pi-ta* 或 *Pi-b*、*Pi-km* 与 *Pi54* 组合的品系穗颈瘟抗性水平在 2 级中抗或 3 级感病,无 4 级高感,其他抗病基因组合的品系中存在 4 级高感,且只有抗性基因 *Pi-ta* 与穗茎瘟抗性存在显著相关性。2016 年王军等<sup>[19]</sup>利用 4 个抗稻瘟病基因对 2007–2013 年江苏省审定的粳稻品种进行了稻瘟病抗性基因检测,稻瘟病抗性基因 *Pi-ta*、*Pi-b*、*Pi-km* 与穗颈瘟的抗性呈正相关,相关系数分别 0.81、0.11 和 0.15,稻瘟病抗性基因 *Pik<sup>h</sup>* 与穗颈瘟抗性呈负相关,相关系数为-0.05。前人的相关研究中<sup>[18,19,25]</sup>均是着重于对审定(或预审)品种的抗稻瘟病基因与穗颈瘟抗性的分析,但有关水稻品系(种)的抗性基因随着不同年份稻瘟病菌生理小种的变化,其抗性变化趋势的研究比较少。在本研究中主要对水稻品种抗性资源进行了基因检测和连续两年穗颈瘟人工接种鉴定,对不同抗性基因型材料的两年抗性变化趋势进行了评价分析。60 份试验材料中,2015 年接种鉴定有 4 份 4 级高感,13 份 3 级感病,抗性材料占到 71.7%;2016 年接种鉴定有 17 份 4 级高感,10 份 3 级感病,抗性材料占到 55.0%。两年的稻瘟病抗性接种鉴定中,抗性材料减少 13.33%。从试验材料的抗性基因型分析,抗性变化较大的两个基因型材料是单独携带 *Pi-ta* 基因的材料由 2015 年的无感病材料到 2016 年的 4 份感穗茎瘟,*Pi-b*+*Pi54* 基因组合材料由 2015 年的 1 份 4 级高感到 2016 年的 8 份 4 级高感。抗性材料的减少,其根本原因是稻瘟病菌种群结构正在发生变化,并且连云港稻区稻瘟病菌小种类群较为复杂,出现了 5 群 10 个小种<sup>[17]</sup>。

综合前人近几年对稻瘟病抗性基因的抗性分析和本研究的试验结果可见:在水稻抗病育种中江苏省主要利用的抗性基因 *Pi-b*、*Pi-ta*、*Pi-km* 和 *Pi54* 的抗性在不断下降,*Pi54* 抗性基因与穗茎瘟抗性呈负相关,*Pi-b* 和 *Pi-b*+*Pi54* 的抗性在逐年丧失,*Pi-ta* 和 *Pi-ta*+*Pi-b* 的抗性有减弱趋势。单一优势抗性基因

的利用极易使得稻瘟病菌群体中的毒性小种演变成优势小种而造成水稻稻瘟病病害流行,因此在今后水稻抗稻瘟病育种中,除坚持利用 *Pi-ta* 基因在本稻区的优势抗病性外,需加大抗性资源的引进和新的抗稻瘟病基因的利用,以及通过基因聚合手段培育广谱或持久抗稻瘟病品种。

#### 参考文献:

- [1] 王伟舵,于俊杰,聂亚锋,等. 2011–2014 年江苏省稻瘟病菌种群动态及毒力变化[J]. 江苏农业学报, 2015, 31(2): 285–289.
- [2] 姜少芸,郑露,朱畎,等. 湖北省主栽水稻品种对稻瘟病的田间抗性鉴定[J]. 南方农业学报, 2016, 47(8): 1303–1312.
- [3] 国家水稻数据中心. 稻瘟病主效抗性基因列表[DB/OL]. (2012-06-20) [2017-03-01]. [http://www.ricedata.cn/gene/gene\\_pi.htm](http://www.ricedata.cn/gene/gene_pi.htm).
- [4] 杨永义,张华,宣宁,等. 利用分子标记辅助选择培育抗稻瘟病粳稻新品系[J]. 山东农业科学, 2016, 48(11): 18–20, 25.
- [5] BRYAN G T, WU K S, FARRALL L, et al. A single amino acid-difference distinguishes resistant and susceptible alleles of the rice blast resistance gene *Pi-ta* [J]. The Plant Cell, 2000, 12(11): 2033–2046.
- [6] 陈涛,张亚东,朱镇,等. *Pi-b* 和 *Pi-ta* 基因在江苏省粳稻中的分布以及与穗颈瘟抗性的关系[J]. 江苏农业学报, 2016, 32(1): 1–8.
- [7] WANG Z, JIA Y, RUTGER J, et al. Rapid survey for presence of a blast resistance gene *Pi-ta* in rice cultivars using the dominant DNA markers derived from portions of the *Pi-ta* gene [J]. Plant Breeding, 2007, 126: 36–42.
- [8] 张银霞,张敏,田蕾,等. 宁夏水稻品种抗稻瘟病基因 *Pi-ta*、*Pi-b* 和 *Pi9* 的检测分析[J]. 江苏农业科学, 2016, 44(9): 35–39.
- [9] WANG Z X, YANO M, YAMANOUCI U, et al. The *Pib* gene for rice blast resistance belongs to the nucleotide binding and leucinerich repeat class of plant disease resistance genes [J]. The Plant Journal, 1999, 19(1): 55–64.
- [10] FJELLSTROM R, CONAWAY-BORMANS C A, MCCLUNG A M, et al. Development of DNA markers suitable for marker assisted selection of three *Pi* genes conferring resistance to multiple *Pyricularia grisea* pathotypes [J]. Crop Science, 2004, 44(5): 1790–1798.
- [11] 刘洋,徐培洲,张红宇,等. 水稻抗稻瘟病 *Pi-b* 基因的分子标记辅助选择与应用[J]. 中国农业科学, 2008, 41(1): 9–14.
- [12] JIA Y L, WANG Z H, SINGH P. Development of dominant rice blast *Pi-ta* resistance gene markers[J]. Crop Science, 2002, 42(6): 2145–2149.
- [13] 王忠华,贾育林,吴殿星,等. 水稻抗稻瘟病基因 *Pi-ta* 的分子标记辅助选择[J]. 作物学报, 2004, 30(12): 1259–1265.
- [14] 华丽霞,汪文娟,陈深,等. 抗稻瘟病 *Pi2/9/z-t* 基因特异性

- 分子标记的开发[J], 中国水稻科学, 2015, 29(3): 305-310.
- [15] 马建, 马小定, 赵志超, 等. 水稻抗稻瘟病基因 *Pi35* 功能性分子标记的开发及其应用[J]. 作物学报, 2015, 41(12): 1779-1790.
- [16] 朱金燕, 王军, 范方军, 等. 水稻稻瘟病广谱抗病新等位基因 *pi2lt* 的鉴定及其抗性应用[J]. 华北农学报, 2014, 29(6): 11-15.
- [17] 王伟舵, 于俊杰, 聂亚峰, 等. 2011-2014 年江苏省稻瘟病种群动态及毒力变化[J]. 江苏农业学报, 2015, 31(2): 285-289.
- [18] 范方军, 王芳权, 刘永峰, 等. *Pi-b*、*Pi-ta*、*Pi-km* 和 *Pi54* 对水稻穗颈瘟的抗性评价[J]. 华北农学报, 2014, 29(3): 221-226.
- [19] 王军, 宫丹妮, 杨杰, 等. 江苏省粳稻品种抗稻瘟病基因型与穗茎瘟抗性分析[J]. 江苏农业学报, 2016, 32(2): 250-256.
- [20] 雷财林, 张国民, 程治军, 等. 黑龙江省稻瘟病菌生理小种毒力基因分析与抗病育种策略[J]. 作物学报, 2011, 37(1): 18-27.
- [21] 李进斌, 李成云, 陈艳, 等. 二十个抗稻瘟病基因在云南的利用价值评价[J]. 植物保护学报, 2005, 3(2): 113-119.
- [22] 杨健源, 陈深, 曾列先, 等. 稻瘟病主效抗性基因对广东省籼稻稻瘟病菌的抗性评价[J]. 中国水稻科学, 2008, 22(2): 190-196.
- [23] 杨杰, 杨金欢, 王军, 等. 稻瘟病抗病基因 *Pi-ta* 和 *Pi-b* 在中国水稻地方品种中的分布[J]. 华北农学报, 2011, 26(3): 1-6.
- [24] 王军, 杨杰, 杨金欢, 等. *Pi-ta*、*Pi-b* 基因在江苏粳稻穗茎瘟抗性育种中的价值分析[J]. 华北农学报, 2012, 27(6): 141-145.
- [25] 陈涛, 张亚东, 朱镇, 等. *Pi-b* 和 *Pi-ta* 基因在江苏省粳稻中的分布以及与穗茎瘟抗性的关系[J]. 江苏农业学报, 2016, 32(1): 1-8.

(责任编辑: 姜华珏)