

水稻抗病基因利用的初步研究

郑 镐 璜

(黑龙江省农业科学院水稻研究所)

摘 要

引用日本 12 个粳型单基因鉴别品种,进行人工接种和在稻瘟病常发区诱发鉴定。结果表明, $pi-z'$ 、 $pi-b$ 、 $pi-ta^2$ 、 $pi-z$ 抗病基因,目前在我省水稻抗稻瘟病育种及生产上很有利用价值。

稻瘟病是威胁我省水稻生产的最主要病害。种植抗病品种是减轻稻瘟病危害的最经济有效的措施。为了因地制宜地选育和利用抗病品种,探讨水稻品种的抗病基因对当地稻瘟病菌的抗性,进行了本项研究工作。由于目前对水稻品种的抗病基因尚未进行较全面的和系统的分析,而且所利用的粳稻抗病品种中,其抗源主要来自日本育成的粳稻抗病品种。因此,在利用中国 7 个鉴别品种研究明确我省稻瘟病菌生理小种的基础上,引用日本清泽的 12 个粳型单基因鉴别品种,在人工接种和自然诱发条件下进行鉴定,以探讨已知抗病基因在我省的利用价值。

材料和方法

品种及基因型: 新 2 号($pi-k^s$)、爱知旭($pi-a$)、藤板 5 号($pi-i$)、草笛($pi-k$)、露明($pi-k^m$)、福锦($pi-z$)、kl($pi-ta$)、 $piN0.4$ ($pi-ta^2$)、皆 1 号($pi-z'$)、k60($pi-k^p$)、BL1($pi-b$)、k59($pi-t$)。

方法: 1987 年在所内设病圃,利用省内重点病区采集分离的混合菌株进行人工接种鉴定。在此基础上,1988 年在佳木斯、绥

化、尚志、穆棱等县(市)的常发区设点,在自然诱发条件下进行鉴定。鉴定点均插秧栽培,每品种种植 1~2 行,行长 2 米,氮肥用量较当地施肥标准增加 1/3,其它栽培管理按当地现行方法进行。在 8 月 10 日左右,根据国际水稻所统一标准,目测调查叶瘟发病情况。

结果及讨论

鉴定结果表明: $pi-z'$ 、 $pi-b$ 2 个基因,在田间人工接种和自然诱发条件下,均未出现典型的稻瘟病病斑,说明对我省稻瘟病菌具有较强的抗性,可作为优良抗源利用。尤其是 $pi-z'$ 基因,在省内 26 个县(市)采集分离的具有区域代表性的 109 个单孢菌株分测中,尚未发现能致病的菌株^[1],所以 $pi-z'$ 是目前我省最有利用价值的抗病基因,目前国内已利用 $pi-z'$ 基因育成了中花 8 号、中花 9 号、城特 232、C82-12 等抗病品种。我所利用 $pi-b$ 基因育成的抗病优良新品系龙花 83-079,不仅在小种分测中表现抗性谱较广,而且近年来各地种植结果均表现抗病^[2]。 $pi-ta^2$ 、 $pi-z$ 基因,在人工接种下自然发病,但发病很轻,仅产生少量的典型病斑,并在重点病区自然诱发鉴定中均表现抗病,这两个抗病基因,目前在我省水稻抗稻瘟病育种和生产上亦有利用价值。 $pi-k^s$ 、 $pi-a$ 、 $pi-i$ 、 $pi-k$ 、 $pi-k^m$ 、 $pi-ta$ 、 $pi-k^p$ 、 $pi-t$ 等基因,对我省稻瘟病菌基本上不具抗性(见表)。含有这些基因的品种不宜大面积种植,以免造成严重损失。

水稻品种的抗病基因与病菌的非致病基因有着密切的相关。更换不同的抗病基因品种,则病菌也随之发生相应的变化。所以侵染水稻不同抗病基因病菌的地区分布,反映

黑龙江省稻瘟病菌对单基因鉴

别品种致病情况

鉴别品种 及基因型		人工接种条件下发病情况	自然诱发条件下发病情况			
			佳木斯	绥化	尚志	穆棱
新2号	pi-k ^s	5	5	6	5	5
爱知旭	pi-a	5	5	8	5	5
藤板5号	pi-i	5	5	6	5	5
草笛	pi-k	6	5	8	5	7
露明	pi-k ^m	6	5	5	5	5
福锦	pi-z	5	0	4	2	0
kl	pi-ta	5	5	0	5	5
piN0.4	pi-ta ²	5	0	0	2	2
些1号	pi-z ¹	2	0	0	2	2
k60	pi-k ^p	5	0	5	5	5
BL1	pi-b	0	0	0	2	2
k59	pi-t	5	5	5	5	2

了该地区近期栽培品种所具有的与病菌相对的基因型。我省以往从日本引进较多的水稻品种,有的直接在生产上利用,有的用于做杂交亲本,如五十年代富国(pi-a)、兴国(pi-a)、石狩白毛(pi-i)、松本糯(pi-i)等,六十年代国光(+),农林11号(pi-a、+),早生锦(pi-a)等,七十年代新雪(pi-a、pi-i)、虾夷(pi-a、pi-k)、手稻(pi-a、pi-k)、姬穗波(pi-a、+),大雪(pi-i)、松前(pi-k)等,八十年代石狩(pi-a、pi-k)、夕波(pi-a、pi-

k)、下北(pi-a、pi-ta)、滨旭、富士光等,其中有的品种因感病严重已被淘汰,这说明与其相应的致病小种在我省早已广泛分布。与此相反,具有 pi-z¹、pi-b、pi-ta²、pi-z 基因的品种在我省表现抗病,说明能侵染这些基因的致病小种分布极少,可推断过去栽培的水稻品种中多数不含这些抗病基因。这对我省今后的引种、抗病育种和品种合理布局是有一定的参考价值。此外,在利用抗病品种时要避免抗病基因单一化,有计划的实行不同抗性品种轮换种植,以延长抗病品种的寿命,充分发挥其抗病增产的作用。

在我省稻瘟病菌生理小种种类多,小种组成较复杂,同一地区同时存在多个小种,许多小种同时能侵染多个已知抗病基因的水稻品种的情况下,以利用已知抗病基因的品种在常发病地区直接种植诱发发病的鉴定方法,了解当地稻瘟病菌对不同抗病基因品种的致病性,从而确定可利用的基因型是可行的。因此,今后应根据我省水稻生产实际,研究提出适合于我省的梗型单基因鉴别品种,以更有效的开展抗病育种和生产利用。

参考文献

- [1] 罗桂茹等:用单基因鉴别品种对稻瘟病菌小种的测定结果,黑龙江农业科学,1988(1):12~16
- [2] 郑锦燮等:水稻品种资源对稻瘟病菌生理小种抗性谱的测定,作物品种资源,1988(1):28~29

