

实性,由此推理得知,雄不育高于雌不育,是否确切有待进一步研究证实。在回交二次的后代中选到了一批千粒重达 50 多克的大粒型小麦材料、综合性状较好的小麦型新品系,经产量鉴定试验,亩产在 400 公斤左右,比标准品种增产 20% 以上的有 13 份,同时还选到种子饱满度较好的小黑麦新品系。

结 论

小黑麦×小麦杂种不育性不是废物而是宝,关键在利用。经实践初步看到:利用它可以创造大群体,选育小麦、小黑麦新品种;利

用它可以创造小麦新类型、新抗源,丰富小麦种质基因库;利用它可以改进小麦、小黑麦育种方法;利用它可以使外源基因导入普通小麦。因此应该进一步加强 DR 不育性遗传特性的研究,使之为小麦育种服务。

参 考 文 献

- [1] 马缘生等:小麦与黑麦类远缘杂交中结实性问题的研究,作物学报,1980,4
- [2] 邱崇力:普通小麦与六倍体小黑麦杂交不亲和性的研究,作物学报,1986,1
- [3] 王兴智:六倍体小黑麦与普通小麦杂种 F_1 花粉植株的细胞遗传学研究,遗传学报,1984,1

水稻品种抗病基因利用的研究

郑锦燮

(黑龙江省农业科学院水稻研究所)

摘要 对日本 12 个粳型单基因鉴别品种进行鉴定结果中得知,在水稻已知抗性基因中, $Pi-Z'$ 、 $Pi-b$ 、 $Pi-ta^2$ 、 $Pi-Z$ 基因在黑龙江省水稻抗瘟育种及生产上有利用价值。用日本 7 个鉴别菌系测定我省部分水稻品种的抗性,根据品种对 7 个菌系的反应型进行抗性的初步分类,提出一批抗源及生产上有直接利用的抗病材料。

日本清泽等人曾从抗病基因分析入手,选用致病性稳定的 7 个鉴别菌系测定日本主要品种的抗性,根据品种对 7 个菌系的反应型及对代表品种进行抗性基因分析,将全国主要品种划分为 14 个品种群。在研究利用中国 7 个鉴别品种明确我省稻瘟病菌生理小种的基础上,选用主要小种分测大量的水稻品种资源,明确了抗性谱^[1],并对水稻品种进行抗性的初步分类^[2]。鉴于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,有的做杂交亲本,就目前利用的抗病品种而言,其抗源主要来自日本育成的粳稻品种。为此,1987~1989 年,引用日本 12 个单基因鉴

别品种和 7 个鉴别菌系,以探讨已知抗性基因在我省的利用价值,并对部分水稻品种进行抗性的初步分类,为水稻品种抗性基因分析及利用提供科学依据。

材料与方法

一、水稻不同抗病基因对黑龙江省稻瘟病菌的抗性鉴定

参鉴品种:新 2 号($Pi-K'$)、爱知旭($Pi-\alpha$)、藤板 5 号($Pi-i$)、草笛($Pi-K$)、露明($Pi-K^m$)、福锦($Pi-Z$)、K1($Pi-ta$)、Pi4 号($Pi-ta^2$)、磐 1 号($Pi-Z'$)、K60($Pi-K'$)、BL1(Pi

-b)、K59(Pi-t)。

鉴定方法: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,并在佳木斯、绥化、尚志、穆稜等县(市)常发病区设点,在自然诱发条件下进行鉴定。于8月10日左右,按国际水稻所统一标准,目测调查叶瘟发病情况(调查标准省略)。

二、水稻品种抗性分类的研究

参鉴品种:经鉴定筛选在我省稻瘟病菌主要小种鉴定中表现抗性反应的207份粳、梗稻品种,同时加入日本12个鉴别品种及从日本引进的已知抗性基因品种。

参鉴菌系:用日本7个鉴别菌系,即P-2b、研53-33、稻72、北1、研54-20、研54-04、稻168。

鉴定方法:在温室水泥池内进行,早播早育,每品种播1穴保苗10株。水稻4~5叶期喷雾接种;孢子悬液浓度每视野(100倍)有孢子15~20个,菌液用量50毫升/平方米,接种后保湿24小时。接种至发病期间温度保持22~28℃,并随时喷雾保湿。接种后7~10天调查记载b、bg、bG、PG四种病斑型所占比例,按R^b、R、MR、M、MS、S标准划分其反应型,然后将R^b-M归于R,MS-S归于S。根据对7个菌系的抗(R)、感(S)反应作为划分水稻品种抗性的依据。

结果与分析

一、水稻不同抗病基因对黑龙江省稻瘟病菌的抗性

鉴定结果表明,Pi-Z¹、Pi-b两个基因,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,这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-Z¹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^[3]。因此认为,Pi-Z¹是目前我省最有利用价值的抗性基因。Pi-ta²、Pi-Z基因,在人工接种条件下虽发

病,但发病很轻,仅产生少量的曲型病斑,并在重点病区自然诱发鉴定中均表现抗病。这两个基因目前在我省抗瘟育种和生产上亦有利用价值。Pi-K^a、Pi-α、Pi-i、Pi-K、Pi-K^m、Pi-ta、Pi-K^p、Pi-t等基因,基本上对我省稻瘟病菌不具备抗性^[4]。

二、部分水稻品种抗瘟性初步分类

利用日本7个鉴别菌系进行喷雾接种结果表明,具有Pi-1号型、福锦型和BL1型基因的品种,对7个菌系均表现抗性反应。在喷雾接种条件下,差异较难区分,故将这些品种,暂归于同一个品种类型。根据其反应型及参照日本水稻品种抗性分类法,将参鉴品种初步划分为以下几种类型:

合江3号、4号、6号、9号、10号、11号、13号、18号、丰产4号、5号、9号、奋斗5号、牡丹江2号、牡粘2号、东农9号、10号、公交16号、36号、城建6号、水陆1号等59份品种,对7个菌系均表现感病反应,属于不具已知抗性基因的新2号型(Pi-K^a),这些品种占总鉴定品种数的28.6%。吉林日落、糯2号、新开种、牡丹江17号、黑粳2号、松选18号等22份品种反应为爱知旭型(Pi-α),占10.6%。普选10号、合江1号、14号、稻农71、水陆5号、6号、黑粳3号、太阳4号、禹申龙白毛等31份品种反应的藤板5号型(Pi-i),占15.0%。合江22号、23号、垦稻3号、牡交29、东光1号等12份品种反应为草笛型(Pi-K),占5.8%。牡丹江18号、珍龙13、合江17号、19号、20号、21号、太阳3号、普粘2号、吉粳61号、东农415、龙花83-046、牡粘3号、龙粳1号、普粘6号等33份品种反应为杜稻型(Pi-K、Pi-α),占15.9%。山河10号反应为露明型(Pi-K^m),占0.5%。广陆矮4号、无名稻、奋斗7号、竹珍等15份品种反应K59型(Pi-t),占7.2%。四丰43、不落粳、竹科2号、中作36号、中系7603、双152、合交7811、龙花83-079、龙花84-106、吉80-89、九稻7号、松粳2号、龙杂7807、东农314、红旗1号、东农

8号、校80—品29、苗选5号、银梗1号、宁75—2006、窄叶青1号、九7821、01—680、寒2、寒9、龙城25、延81058、辽丰10号、农垦22、咸南24等30份品种反应为砧1号(Pi-Z')、福锦(Pi--Z)、BL1型(Pi-b),占14.5%。特特谱、杜交80—541、九7810、清杂35号反应为Pi4号型(Pi-ta²),占1.9%。

通过鉴定筛选出一批在我省抗瘟育种及生产上有利用价值的反应型即带有Pi-Z'、Pi-b、Pi-aa²、Pi-Z基因的品种,这些品种在利用我省稻瘟病菌主要小种鉴定中也表现较抗病。其中,不落粒、竹科2号、中作36号、中系7603、校80—品29、咸南24等已被利用做杂交亲本。合交7811、龙花83—079、松梗2号、双152等已开始用于生产。

讨 论

水稻品种抗性基因分析,是水稻抗病育种和抗病品种合理利用的一项不可缺少的工作。就目前来看,我国还没有确立一套具有单基因的鉴别品种及致病性稳定、适宜划分品种抗性的代表菌系。笔者引用日本12个单基因鉴别品种及7个致病性稳定的鉴别菌系,明确已知抗性基因在我省的利用价值的同时,以品种对7个鉴别菌系的反应型为主要依据,对我省部分水稻品种进行抗性的初步分类,为今后抗性基因分析及因地制宜的利用抗病品种提供了依据。

水稻品种的抗病基因与病菌的非致病基因密切相关。更换不同的抗病基因品种,则菌相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。我省自五十年代末期从日本引进了较多的水稻品种,如富国、兴国、弥荣、石狩白毛、松本糯、国光、农林11号、早生锦、新雪、虾夷、手稻、姬穗波、大雪、松前、石狩、夕波、下北、滨旭、富士光等等,这些品种及其配制的

后代多数都含有Pi-K²、Pi-α、Pi-i、Pi-K、Pi-ta等基因,这决定了我省水稻品种的基因组成。基中,有的抗性已丧失,有的亦逐渐丧失,这说明与其相应的致病小种早已广泛分布,有些品种目前仍表现较抗病,是因其本身具有一定的田间抗性,或推广年限不长,致病小种尚未上升为优势小种的缘故。与此相反,具有Pi-Z'、Pi-b、Pi-ta²、Pi-Z基因的品种表现抗病,说明能侵染这些基因的致病小种分布极少,可推断出过去栽培的水稻品种中多数不含有这些基因,这对我省今后引种、抗瘟育种及品种合理布局将有一定的参考价值。笔者认为,为延长抗病品种使用寿命,充分发挥抗病增产作用,不宜过分强调某一品种的覆盖面,应该有计划地实行不同抗性品种轮换种植,使生产上的栽培品种抗性多样化。

据鉴定结果,在喷雾接种条件下,对7个菌系表现抗性反应的品种,推断其基因型是比较困难的。再则,发现某些参鉴品种如合江18号、特特谱、珍龙13等的反应型与前人研究结果有所不同,在已知抗性基因的日本品种中,有个别品种的反应型也表现不一致。这些问题有待于今后通过对各类型品种的基因分析和在利用7个菌系衍生的突变菌系或其它菌系进行的测定中,做进一步探讨。为有效的开展抗瘟育种,今后应确立一套适合于我国的单基因鉴别品种及致病性稳定的鉴别菌系。

参 考 文 献

- [1] 郑锦璧等: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
- [2] 郑锦璧:水稻品种抗稻瘟病特性的初步分类,现代化农业,1989,(9):12~13
- [3] 罗桂如等: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
- [4] 郑锦璧:水稻抗病基因利用的初步研究,黑龙江农业科学,1989,(5):22~23