

# 黑龙江省水稻稻瘟病研究的回顾与展望

张国民, 辛爱华, 马军韬, 肖佳雷, 刘迎雪  
(1. 黑龙江省农业科学院耕作栽培所, 哈尔滨 150086)

**摘要:** 黑龙江省是北方粳稻主产区, 但长期以来一直受到稻瘟病的威胁。为此, 对黑龙江省稻瘟病研究情况进行了回顾, 对黑龙江省存在的稻瘟病生理小种普查不全面、品种(系)遗传背景不清晰及抗稻瘟病资源匮乏等问题进行了分析, 同时提出了明确稻瘟病致病性本质、明确抗稻瘟病基因利用价值、对水稻品种进行抗瘟基因型推断及加强种质资源鉴定等具体解决黑龙江省稻瘟病长期危害的方案。

**关键词:** 黑龙江省; 水稻; 稻瘟病; 展望

中图分类号: S435.111.4<sup>+</sup>1      文献标识码: A      文章编号: 1002-2767(2008)06-0156-03

## The Retrospect and Prospect of Investigation of Rice Blast in Heilongjiang Province

ZHANG Guo-min<sup>1</sup>, XIN Ai-hua<sup>1</sup>, MA Jun-tao<sup>1</sup>, XIAO Jia-lei<sup>1</sup>, LIU Ying-xue<sup>1</sup>  
(Crop Tillage and Cultivation Institute of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin 150086)

**Abstract:** Heilongjiang province is a main area of rice production in northern part and rice blast is the main rice production constraint. The article reviewed the diversity of physiologic races of *Piricularia oryzae* and analyzed the reason of mischief of *Piricularia oryzae* which contained no overall of census in physiologic races of *Piricularia oryzae*, no clearness of genetic background in rice variety and short of resistance rice variety of *Piricularia oryzae* in Heilongjiang province. The article brought up the projects which control the mischief of *Piricularia oryzae*, it contained appreciation the diversity of physiologic races of *Piricularia oryzae*, appreciation the utilization value of resistance genes of *Piricularia oryzae*, prediction of resistance genes of *Piricularia oryzae* of rice variety and so on.

**Key words:** Heilongjiang province; rice blast; prospection

黑龙江省水稻从建国开始经历了缓慢、波动、高速、萎缩及快速发展的五个阶段, 稻瘟病作为主要稻作病害, 一直伴随着水稻的发展, 只是发生的品种、地区以及减产幅度不同而已, 随着水稻面积的扩大呈现加重的趋势。据统计, 历史上有 13 次稻瘟病大发生年, 累计稻谷损失达 60 亿 kg<sup>[1]</sup> (统计年鉴)。特别是近几年如 1999 年、2002 年、2005 年、2006 年黑龙江省稻瘟病大发生, 平均每年至少损失近 10 亿元人民币, 严重影响着稻农的经济收入。所以, 解决黑龙江省稻瘟病问题是当务之急。

关于稻瘟病前人作了一些系统、深入的研究, 本文旨在对黑龙江省以前的稻瘟病研究成果进行归纳与总结, 吸取精华, 找出不足, 为下一步工作计划提

出指导性建议。

### 1 黑龙江省水稻稻瘟病研究现状

#### 1.1 稻瘟病菌致病性生理小种的变化动态

黑龙江省关于稻瘟病生理小种的研究, 早在 1973 年就开展病菌生理分化研究, 同时也对单孢菌株的分离性状做了简单分型, 初步分为四大类型 10 个分型, 认为稳定型是 I II 两类型, 且 I 型菌株致病性强, II 型菌株致病性弱; 1978 ~ 1982 年李桦<sup>[2]</sup> 等用 5 年时间将黑龙江省 35 个县市的 470 个单孢菌株鉴定为 7 群 15 个中国小种, 其中以 ZE、ZF、ZA、ZD 四群为主要菌群, ZE1、ZF1、ZD1、ZG1 小种为黑龙江省优势小种, ZA17、ZD1 为致病性最强小种; 1983 ~ 1988 年接着开展生理小种的消长动态研究, 采集了 29 个县市 55 个品种, 分离 292 个单孢, 得出 1978 ~ 1982 年出现的菌群频率的顺位是 ZE、ZF、ZA、ZD, 而 1983 ~ 1988 年变为 ZE、ZA、ZD、ZF, 优

势小种由 ZE1、ZF1、ZD1、ZG1 变为 ZE1、ZD1、ZF1、ZA49。ZD1、ZA49 两小种顺位提前,而 ZG1 小种由优势变为弱势。1983~1984 年商士吉等<sup>[3]</sup> 利用日本 12 个单基因鉴别品种对具有代表性的 60 个菌株进行鉴定,得出把我省稻瘟病区分为 40 个小种,pi-z<sup>1</sup> 是当时有利用价值的抗性基因。Pi-k<sup>s</sup>、pi-G、pi-k、pi-z、pi-i、pi-km、pi-k<sup>p</sup>、pi-ta、pi-ta<sup>2</sup> 对黑龙江省稻瘟病菌小种无效。1996 年又对全省 110 个菌株进一步鉴别,利用 7 个中国鉴别品种划分为 4 群 7 个生理小种,日本鉴别寄主划分为 77 个生理小种,同时指出对含有 +、pi-a、pi-k、pi-z 具有致病性的生理小种遍布全省。对 pi-t、pi-b、pi-z<sup>1</sup> 具有致病的生理小种分布狭窄;2004 年吕军等<sup>[19]</sup> 利用中国 7 个鉴别寄主对 39 个菌株鉴别出 6 群 11 个生理小种,ZC 为优势菌群,ZC1 为优势小种;宋成艳<sup>[4]</sup> 等利用中国七个鉴别品种对黑龙江省 2001~2006 年分别出的 189 个稻瘟病单孢菌株鉴别,监测出 7 群 28 个生理小种,其中 ZA、ZD、ZB 为黑龙江省主要菌群,ZA49、ZD1 为优势小种;2002 年宋成艳等<sup>[15]</sup> 利用中国鉴别寄主对 57 个菌株鉴别出 6 群 10 个生理小种,其中 ZD 群为优势菌群,ZD1 为优势小种;靳学慧<sup>[5]</sup> 等也利用中国鉴别寄主对 2002~2006 年鉴别出 8 群 45 个生理小种,其中 ZH 小种出现频率最高。

1.2 对主栽品种基因型的推断

利用抗稻瘟病品种是最生态、最安全、最经济的有效方法,得到了广泛利用和大面积推广。尽管如此,黑龙江省稻瘟病没有得到长期稳定的控制,其根本问题是因为我们没有完全掌握水稻品种的抗稻瘟病基因型。商士吉等<sup>[12]</sup> 通过喷雾法接种具有鉴别能力的稻瘟病菌小种(037、007、033、035、017、333、137、101)推断出合江 14 含有 pi-i,合江 19 含有 pi-i 和 pi-k 真抗性基因等;李新海等<sup>[11]</sup> 利用“累积分布曲线法”推测出东农 415 至少含有三对显性抗稻瘟病基因;薛清芝等<sup>[13]</sup> 用 SSR 分子标记 RM316 检测出空育 131、龙稻 7 号、沙沙尼、龙粳 17、松粳 9 号等品种中有 pi-15(t) 抗稻瘟病基因;何琳等<sup>[14]</sup> 用 SSR 分子标记 RM144 检测出富士光、龙稻 7 号、沙沙尼等品种中有 pi-1(t) 抗稻瘟病基因。

黑龙江省关于稻瘟病的研究多是利用中国鉴别寄主对病菌生理小种的鉴别,稻瘟病的综合防治等方面,而关于已知抗稻瘟病基因在黑龙江省的利用评价以及主栽品种(系)抗稻瘟病基因型推断的研究工作还一直没有开展。

2 黑龙江省稻瘟病研究存在的问题

2.1 稻瘟病生理小种的普查不全面

稻瘟病生理小种并不是一成不变,而是随着新品种的推广发生改变,如庆安县的生理小种:1983 年优势小种编号为 005.4,1995 年为 017.1<sup>[12]</sup>,2001 年优势小种为 213.1<sup>[9]</sup>,在 18 年中发生了三次变化,平均 6 年变化一次,这与雷财林<sup>[10]</sup> 每 5~6 年普查一次的观点相符。而近二十年来,黑龙江省没有对致病性生理小种进行彻底的普查。二是黑龙江省水稻面积 236 hm<sup>2</sup>,四个积温带,涉及品种多,单纯的用几十个菌株来鉴别优势菌群不全面、不科学,导致用来鉴别的菌株具有盲目性,不能代表其群体毒性组成特征,很难鉴别出潜在毒力小种(见表 1)。鉴定时造成抗病假象,结果品种一推广,潜在毒力小种上升为优势小种,使品种丧失抗性。同时研究表明,不同稻区的稻瘟病菌株其致病性存在差异。

表 1 抗病鉴定与生产上抗病表现

品种	叶瘟	穗瘟	抗性	2006 年生产表现
龙稻 2 号	8.5	9.0	S	R
绥粳 3 号	6.0	7.0	S	R
龙 D99-709	4.5	3.0	R	S
松粳 10 号	3.0	4.0	R	S
绥粳 7 号	6.5	6.0	S	R
龙稻 3 号	5.0	5.0	M	R
龙稻 5 号	3.0	7.5	S	R
系选 1 号	5.0	5.0	M	S
松 98-131	1.0	3.0	R	S
垦稻 12	5.0	7.0	S	R
龙选 99-196	3.0	4.0	R	S
东 98-25	7.0	8.0	S	R
松粳 9 号	3.0	2.5	R	S
普优 18	1.0	3.0	R	S
龙粳 17	3.3	6.3	M	S

R: 抗瘟; S 感瘟; 抗性鉴定结果取自潘国军的博士论文。

2.2 品种(系)的遗传背景不清晰

半个世纪以来,多种防治稻瘟病抗性“丧失”的策略:分子聚合育种;多系品种混种;抗病品种(基因)轮换;抗病品种合理布局。其实质是以明确抗稻瘟病基因型为前提,实现品种抗性基因的复杂化或多样化。同时,在抗病性鉴定时也需要材料的遗传背景清晰,因为田间抗性分析是在有基因分析的基础上进行的,在日本大多数育种单位把具有相同抗性基因型材料放在一起进行抗病鉴定,否则,只根据病斑型的表现来鉴定其田间抗性往往不准确。

无论是在材料创新、抗病鉴定,还是在指导生产上,都必须明确品种的抗稻瘟病基因型。

2.3 抗稻瘟病遗传资源匮乏,取材范围狭窄

种质资源蕴藏着品种遗传改良的各种有利基

因,高效发掘种质资源的有利基因是实现育种突破的前提。

表 2 黑龙江省 150 个品种的血缘关系

主干亲本	品种数量	所占比例/%	推导基因型
虾夷(京引 59)	19	12.7	Pi-i、k
石狩白毛	30	20	Pi-a、k
东农 3134	3	2	Pi-E
滕系系列	17	11.3	
上育 397	6	4	Pi-i、k
富士光	3	2	
彩	3	2	Pi-a
辽粳 5 号	10	6.7	Pi-a
富国	2	1.3	Pi-a
吉粳系列	3	2	Pi-a
BL7	2	1.3	Pi-b、i

从表 2 得出,黑龙江省从 1958~2005 年审定引进的 150 个品种血缘多数来源于虾夷、石狩白毛、滕系系列等 11 个品种,且虾夷、石狩白毛、滕系、辽粳 5 号、上育 397 所占比例超过 54.7%,致使黑龙江省的遗传变异性显得十分单纯。

2.4 使用的鉴别品种不科学

中国 7 个鉴别品种包括 3 个粳稻和 4 个粳稻<sup>[6]</sup>,20 年来的应用结果表明,粳稻品种在粳稻区/粳稻区具有较高/较低的小种鉴别能力,而粳稻品种在粳稻区/粳稻区具有较高/较低鉴别能力,中国鉴别品种比较适合粳粳混种区,不适应黑龙江省粳稻区<sup>[7]</sup>;日本的鉴别品种在粳稻区,特别是北方稻区表现比较强的生理小种鉴别能力<sup>[8]</sup>。而各研究单位在鉴别生理小种却多数采用的是中国 7 个鉴别寄主,利用日本鉴别品种来鉴别黑龙江省生理小种在近年来,少见报道。

3 今后要开展的工作

稻瘟病菌的致病性易发生变异、水稻品种的抗性基因组成简单以及大面积单一化种植是导致抗稻瘟病“丧失”主要原因。为了有效控制稻瘟病的大发生,黑龙江省急需解决以下几个问题:

- 3.1 揭示稻瘟病菌致病性的本质,明确病原菌群体致病型及时空变化。
- 3.2 评价已知抗稻瘟病基因在水稻生产上的利用价值;
- 3.3 对水稻品种进行抗稻瘟病基因推断,明确其抗稻瘟病基因型,实现生产上应用品种抗稻瘟病基因的复杂化和多样化。
- 3.4 利用致病性生理小种对资源材料进行筛选。
- 3.5 引进新的抗稻瘟病基因进行分子聚合育种。

以上是水稻抗稻瘟病育种中紧密相关,相辅相成的几方面,是科学选育和合理布局抗瘟品种,准确预测预报病害发生,控制稻瘟病流行的前提和基础。

参考文献:

[ 1 ] 中华人民共和国农业部. 中国农业统计年鉴[ M]. 北京: 中国农业出版社, 1964-2007.

[ 2 ] 李桦, 郑锦燮. 黑龙江省稻瘟病菌生理小种消长动态研究[ J]. 植物保护, 1989, 15(5): 2-4.

[ 3 ] 商士吉, 李明贤, 朴明浩, 等. 黑龙江省稻瘟病生理小种的鉴别[ J]. 植物保护, 1996, 22(4): 11-16.

[ 4 ] 宋成艳, 王桂玲, 辛爱华, 等. 黑龙江省稻瘟病菌生理小种监测研究[ J]. 黑龙江农业科学, 2007(4): 48-50.

[ 5 ] 靳学慧, 郭永霞, 郑雯, 等. 黑龙江省稻瘟病发生特点及 2007 年发生趋势预测[ J]. 北方水稻, 2007(2): 57-61.

[ 6 ] Flor H H. The complementary genic systems in flax and flax-rust[ J]. Adv Genetics, 1956, 8: 29-54.

[ 7 ] Bonman J M, Vergel de Dios T I, Khin M M, Physiologic specialization of pyricularia oryzae in philippines[ J]. Plant Disease, 1986, 70: 167-769.

[ 8 ] Flor H H. Identification of flax rust by lines with single rust-conditioning genes[ R]. USDA. Tech. Bull. 1954, 1087. 25.

[ 9 ] 张国民, 孙野青, 李明贤, 等. 航天诱变水稻对叶瘟和穗瘟的抗性鉴定[ J]. 植物保护, 2003, 29(2): 36-39.

[ 10 ] 雷财林, 王久林, 凌忠专, 等. 稻瘟病菌生理小种的变化动态[ J]. 作物杂志, 1996(4): 35-37.

[ 11 ] 李新海, 邹德堂. 水稻东农 415 的抗瘟性基因分析[ J]. 中国水稻科学, 1996, 10(2): 85-90.

[ 12 ] 商士吉, 张颖, 李明贤, 等. 水稻品种稻瘟病真抗性基因型的推断[ J]. 延边农学院学报, 1996, 18(3): 151-154.

[ 13 ] 薛清芝, 靳学慧, 张亚玲, 等. 黑龙江省水稻主栽品种(系)抗瘟基因 pi15(t)的 SSR 推测[ J]. 黑龙江八一农垦大学学报, 2007, 19(1): 26-29.

[ 14 ] 何琳, 靳学慧, 张亚玲. 用 SSR 标记对部分粳稻品种抗瘟基因 pil 的推测[ J]. 黑龙江八一农垦大学学报, 2006, 18(2): 13-15.

[ 15 ] 宋成艳, 王桂玲, 辛爱华, 等. 黑龙江省水稻品种空育 131 稻瘟病菌生理小种种类及发病原因分析[ J]. 黑龙江农业科学, 2007(1): 41-42.

[ 16 ] 吕军, 靳学慧, 张亚玲, 等. 2004 年黑龙江省部分稻区稻瘟病生理小种的测定[ J]. 黑龙江八一农垦大学学报, 2007, 19(1): 14-17.

我国第一家遗尿症医院

院长 刘兴禹

主治: 遗尿症、尿失禁、尿崩症、糖尿病、小儿神经性尿频。

地址: 山东省嘉祥县迎风路 3 号遗尿症医院  
邮编: 272400  
电话: 0537—6824392 6805999  
网址: <http://www.cnynz.com>  
([www.cnynz.com.cn](http://www.cnynz.com.cn))