

彭 艳,张 震,柴荣耀,等. 26 个杂交稻组合稻曲病田间抗性评估[J]. 江苏农业科学,2017,45(7):84–87.  
doi:10.15889/j.issn.1002–1302.2017.07.021

# 26 个杂交稻组合稻曲病田间抗性评估

彭 艳<sup>1,2</sup>, 张 震<sup>2</sup>, 柴荣耀<sup>2</sup>, 邱海萍<sup>2</sup>, 王教瑜<sup>2</sup>, 毛雪琴<sup>2</sup>, 王艳丽<sup>2</sup>, 孙国昌<sup>2</sup>

(1. 浙江农林大学林业与生物技术学院,浙江杭州 310021; 2. 浙江省农业科学院植物保护与微生物研究所,浙江杭州 310021)

**摘要:**稻曲病是我国稻作区普遍发生的水稻病害之一,近年来,稻曲病危害程度日趋加重。利用水稻抗病品种是植物病害防治中最为经济有效的手段。笔者在浙江省临安市太阳镇、新昌县城南乡稻曲病自然病圃对浙江省市售的杂交水稻组合稻曲病的田间抗性水平,以及水稻穗部性状与稻曲病田间抗性间的相关性进行分析。结果表明,26 个杂交稻组合间存在稻曲病田间抗性差异,且同一组合在种植地理区域间也存在差异。水稻稻曲病田间抗性表现受杂交稻组合、病圃以及杂交稻组合与病圃交互作用影响显著。就杂交稻类型而言,总体上 2 个病圃均表现粳型杂交稻稻曲病田间抗性较强,粳型杂交稻次之,籼粳型杂交稻最弱。稻曲病危害程度与水稻穗部特征进行相关分析表明,水稻稻曲病田间抗性与穗长呈负相关,但不显著,与初级枝梗数、穗粒数、着粒密度均呈极显著正相关。

**关键词:**杂交水稻;稻曲病;田间抗性评估

**中图分类号:** S432.2<sup>+</sup>1;S435.111.4<sup>+</sup>6 **文献标志码:** A **文章编号:** 1002–1302(2017)07–0084–03

稻曲病(rice false smut)是由稻绿核菌[*Ustilaginoidea vires* (Che.) Tak.]侵染水稻花序引起的穗粒病害。以前稻曲菌作为次要病害进行防治,但随着高产杂交水稻的大面积推广,稻曲病的发生面积呈上升趋势<sup>[1]</sup>,对水稻稳产增产造成严重威胁<sup>[2]</sup>。此外,稻曲病病粒——稻曲球含有环肽类真菌毒素,能够抑制真核细胞微管蛋白的组装与细胞骨架的形成,从而影响细胞分裂,人畜食用后可引发中毒及消化系统病变<sup>[3–4]</sup>。

抗性品种の利用是植物病害防治中最为经济有效的方法,明确现有杂交水稻组合稻曲病田间抗性水平有利于指导水稻品种种植布局,以期预防稻曲病在部分病区频繁暴发成灾<sup>[5]</sup>。相关研究结果表明,不同水稻品种间存在稻曲病抗性差异<sup>[6–7]</sup>,早熟品种优于晚熟品种,粳型优于粳型,三系优于两系<sup>[8]</sup>。这些差异可能与水稻生育期、穗部特征、分蘖率等因素相关<sup>[9–11]</sup>。为了明确浙江省现有种植杂交稻组合稻曲病的田间抗性水平,笔者对收集的 26 个杂交稻组合分别在浙江省临安市太阳镇、新昌县城南乡 2 个稻曲病病区进行稻曲病田间抗性评价,并对杂交稻组合类型、穗部特征与稻曲病危害程度进行相关性分析,本研究结果可为水稻抗稻曲病种植品种布局以及水稻抗稻曲病育种提供依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 杂交稻组合与种植

稻曲病田间抗性鉴定圃在临安市太阳镇(119°17′35″E、30°08′57″N)和新昌县城南乡平丰岩村(120°52′14″E、

29°27′16″N)。2 个自然病圃处于山区,东西两侧均有山体阻挡,全天日光直接照射时间短,叶片结露时间长,是稻曲病、稻瘟病历年发生的病区。收集浙江省市售杂交水稻组合 26 个,供试组合及遗传背景见表 1。

表 1 供试杂交稻类型、组合及亲本来源

类型	名称	亲本
粳型杂交稻	常优 5 号	常 01–11A×CR–205
	浦优 22	浦矮粳 15S×浦恢 22
	甬优 10	甬糯 2 号 A×K6962
	甬优 8 号	甬梗 3 号 A×K6876
	甬优 9 号	甬梗 2 号 A×K306093
	浙优 12	浙 04A×浙恢 H414
	秀优 378	秀水 3A×XR78
籼粳型杂交稻	春优 84	春江 16A×C84
	甬优 12	甬梗 2 号 A×F5032
	甬优 15	京双 A×F5032
	甬优 17	甬梗 4 号 A×甬恢 12
	甬优 538	甬梗 3 号 A×F7538
	浙优 18	浙 04A×浙恢 818
籼型杂交稻	Ⅱ 优 650	Ⅱ–32A×盐恢 650
	丰两优 4 号	丰 39S×盐稻 4 号
	两优 2186	SE21S×明恢 86
	两优 688	SE21S×南恢 688
	内 5 优 8015	内香 5A×中恢 8015
	钱优 930	钱江 3 号 A×浙恢 930
	深两优 5814	Y58S×丙 4114
	两优 689	Y58S×温恢 689
	Y 两优 1 号	Y58S×93–119
	粤优 938	粤泰 A×R938
	中浙优 10	中浙 A×06 制 7–10
	中浙优 1 号	中浙 A×航恢 570
	中浙优 8 号	中浙 A×T–8

收稿日期:2016–02–26

基金项目:浙江省公益技术研究农业项目(编号:2014C32018)。

作者简介:彭 艳(1989—),女,四川德阳人,硕士研究生,研究方向为植物病理学。E-mail:18358109361@163.com。

通信作者:孙国昌,:博士,研究员,主要从事水稻病害防控和分子植物病理学研究。E-mail:sungc01@sina.com。

将收集的水稻种子用清水浸种 72 h,35 ℃催芽至露白为止,采用直播方式种植,用种量为 15 kg/hm<sup>2</sup> 干种子,每个品

种种植面积 50 m<sup>2</sup>。直播时间:临安市太阳镇为 2014 年 7 月 2 日(临安),新昌城南乡为 2014 年 7 月 3 日(晚于正常的种植时间,更有利于稻曲病的发生)。田间肥水管理和害虫防控按当地常规,全生育期不使用杀菌剂。

1.2 调查时间及方法

待水稻进入成熟期后,临安市太阳镇于 2014 年 10 月 28 日进行病害调查,新昌县城南乡于 2014 年 10 月 29 日进行病害调查。田间调查采用随机抽样方法,每个小区随机抽取 4 个样方,每个样方面积为 1 m<sup>2</sup>,调查每个样方内总有效穗数、病穗数、每个病穗上的病粒数,计算病穗率。调查水稻穗部特征,每品种随机采集 5 丛,记录有效穗数、每个有效穗穗长、初级枝梗数和总粒数。

病情指数的计算标准参照卢代华等的方法<sup>[11]</sup>,分级标准,0 级,无病;1 级,每穗有 1 个曲球或染病稻粒;2 级,每穗有 2 个曲球或染病稻粒;3 级,每穗有 3~5 个曲球或染病稻粒;4 级,每穗有 6~9 个曲球或染病稻粒;5 级,每穗有 10 个以上曲球或染病稻粒。

1.3 数据统计分析

采用 SPSS 19.0 数据分析软件,对杂交稻组合间稻曲病田间抗性,水稻穗部特征与稻曲病危害的相关性进行统计分析。

2 结果与分析

2.1 不同杂交稻组合稻曲病田间抗性水平

在新昌和临安 2 个病圃对浙江省种植的 26 个杂交稻组合稻曲病危害程度调查结果见表 2。新昌病圃水稻稻曲病病穗率为 0.58%~47.35%,病情指数为 0.12~28.86;而临安病圃病穗率为 0~27.30%,病情指数为 0~12.52。杂交稻组合在同一种植区域的稻曲病田间抗性表现存在差异。杂交稻组合在不同地理区域间的稻曲病田间抗性表现也存在较大差异,总体新昌病圃的稻曲病严重程度明显高于临安病圃。两优 2186 和内 5 优 8015 在临安病圃未见发病,而在新昌病圃病穗率分别为 0.58%、5.93%;春优 84 在临安病圃病穗率最高,而在新昌病圃病穗率仅为 10.35%;浙优 12 在新昌病圃病穗率在 17.53%,而在临安病圃发病较轻,仅为 3.63%;粤优 938 在新昌病圃病情指数最高,而在临安仅为 4.30。调查结果表明,稻曲病田间抗性差异除受水稻遗传因素决定外还受其他因素的影响。

最高病粒率可评估水稻最高发病潜能,在新昌、临安 2 个病圃,不同品种稻曲病最高病粒率分别在 0.69%~21.76%、0~11.38%;2 地品种间的趋势基本与病情指数保持一致。粤优 938 和甬优 17 等品种不但病穗率高,而且最高病粒率也高,浙优 18、浦优 22 等品种病穗率高但最高病粒率相对较低。这些品种一旦遇到稻曲病流行年份,前者稻瘟病造成的损失率将远高于后者。

2.2 杂交稻品种稻曲病田间抗性水平受地理区域影响

对 2 个病圃种植的 26 个杂交稻组合稻曲病的危害程度进行双因素方差分析,分析结果表明,病圃、品种及二者的交互效应显著影响 26 个杂交稻组合的田间抗性表现。环境效应是稻曲病田间抗性变异的主要来源(表 3),临安病圃稻曲病田间抗性水平好于新昌,2 地病情指数的均值分别在 4.21、

表 2 不同杂交稻组合稻曲病危害程度比较

杂交稻类型	品种	新昌			临安		
		病穗率(%)	病情指数	单穗最高病粒率(%)	病穗率(%)	病情指数	单穗最高病粒率(%)
粳型	常优 5 号	10.83	2.89	2.40	2.08	0.56	1.24
	浦优 22	45.45	22.43	4.72	16.58	5.79	2.34
	甬优 10	16.13	5.09	1.83	11.00	3.37	3.70
	甬优 8 号	13.80	4.17	3.00	10.65	2.86	1.65
	甬优 9 号	42.20	21.37	8.95	8.35	3.69	4.96
	浙优 12	17.53	6.49	4.83	3.63	1.26	1.36
籼粳型	秀优 378	5.20	1.37	3.17	4.88	1.28	2.27
	春优 84	10.35	5.78	9.75	27.30	11.99	5.81
	甬优 12	27.50	12.98	7.30	23.10	11.54	5.81
	甬优 15	39.35	18.86	8.70	21.90	8.59	7.98
	甬优 17	40.03	18.49	3.84	24.40	12.52	11.38
	甬优 538	9.93	2.53	0.80	7.03	2.00	2.18
籼型	浙优 18	47.35	21.79	4.44	10.95	4.93	7.47
	Ⅱ 优 650	3.88	1.43	3.45	18.18	8.13	8.08
	丰两优 4 号	3.78	1.38	1.68	11.48	5.10	4.18
	两优 2186	0.58	0.12	0.69	0.00	0.00	0.00
	两优 688	12.90	3.36	1.89	14.73	5.11	5.29
	内 5 优 8015	5.93	0.91	1.60	0.00	0.00	0.00
	钱优 930	38.50	18.46	6.43	13.05	4.41	1.49
	深两优 5814	17.40	6.53	3.28	6.83	2.41	4.15
	两优 689	11.90	3.26	2.62	4.75	1.35	3.67
	Y 两优 1 号	16.95	5.89	3.38	7.23	2.29	1.88
	粤优 938	41.63	28.86	21.76	8.83	4.30	7.06
	中浙优 10	18.65	6.85	3.76	4.23	1.13	1.41
	中浙优 1 号	18.38	7.60	6.41	4.88	2.38	8.67
	中浙优 8 号	19.03	7.68	5.09	5.85	2.45	6.41

9.10。病圃及其与品种的交互作用使得相同品种在 2 地稻曲病田间抗性表现分化尤为明显,如Ⅱ 优 650、丰两优 4 号、春优 84 等品种临安病圃的稻曲病严重度均高于新昌;内 5 优 8015 在临安病圃不发病,而新昌病圃病穗率、病情指数分别为 5.93%、0.91;甬优 9 号在新昌病圃病穗率达到 42.20%,而临安病圃则仅有 8.35%。种植区域引起的品种间稻曲病田间抗性差异,可能与区域间小气候条件和稻曲病菌致病性分化有关。

表 3 不同杂交稻组合在 2 地的稻曲病田间抗性差异分析

变异来源	平方和	自由度	均方	F 值
病圃间	1 322.122	1	1 322.122	89.962 **
品种间	7 627.400	25	305.096	20.752 **
病圃×品种	2 698.597	25	107.944	7.342 **
误差	2 293.566	156	14.702	
总变异	13 941.685	207		

注:\*\*表示极显著相关。表 5 同。

2.3 不同杂交稻组合类型与稻曲病田间抗性的关系

根据杂交稻亲本的遗传背景可将 26 个杂交稻组合分为籼型杂交稻、粳型杂交稻、籼粳型杂交稻。对它们的水稻类型与发病情况进行方析,不同品种类型在病穗率、病情指数方面差异极显著。从病穗率、病情指数来看籼粳型杂交稻稻曲病田间抗性显著高于其他 2 种杂交稻组合类型,粳型杂交稻病害高于籼型杂交稻,但二者间差异不显著(表 4)。相同类型杂交稻组合间稻曲病田间抗性差异明显,即使是抗性最差的

粳型杂交稻组合甬优 538 与其他粳型组合相比也具有相对较好的抗性,病穗率、病情指数仅为 9.93%、2.53。

表 4 不同杂交水稻类型稻曲病田间抗性比较

水稻类型	病穗率 (%)	病情指数
粳型杂交稻	11.90B	5.05B
粳型杂交稻	14.88B	5.90B
粳粳型杂交稻	24.10A	11.00A

注:同列数据后不同大写字母表示差异极显著( $P < 0.01$ )。

2.4 水稻穗部特征与水稻田间抗性的关系

卢代华等研究发现,粳型杂交稻组合稻曲病田间抗性与水稻分蘖率、有效穗数、剑叶性状等没有显著的相关性<sup>[11]</sup>。由于稻曲病是一种穗粒病害,水稻穗型特征可能与稻曲病的田间抗性相关。笔者对在 2 地种植的 26 个杂交稻组合穗型特征与稻曲病病穗率、病情指数进行偏相关分析,结果显示,病穗率、病情指数与穗部特征之间存在一定的相关性。病穗率、病情指数与穗长呈负相关( $r = -0.239$ 、 $-0.235$ ),但相关不显著,与初级枝梗数、穗粒数、着粒密度等均呈极显著正相关(表 5)。

表 5 杂交稻组合穗部特征与病害严重度间的偏相关分析

指标	相关系数			
	穗长	初级枝梗数	穗粒数	着粒密度
病穗率	-0.239	0.442 **	0.598 **	0.542 **
病情指数	-0.235	0.391 **	0.572 **	0.520 **

3 结论与讨论

本研究对 26 个杂交稻组合在浙江省 2 个种植区域进行稻曲病田间抗性分析,分析结果表明,不同品种间稻曲病田间抗性存在差异。稻曲病田间抗性除受杂交稻组合遗传因素决定外,还与种植环境密切相关<sup>[12]</sup>。相关研究已发现 9 个与抗病性相关的 QTL<sup>[13-14]</sup>,李余生等研究水稻稻曲病抗性遗传除受主基因控制外还受多基因的影响<sup>[15-16]</sup>。值得注意的是,相同母本和不同父本配制的杂交稻组合(两优 2186、两优 688)或者不同母本和相同父本配制的杂交稻组合(浙优 12、浙优 18)在田间的稻曲病抗性也均存在较大差异,说明杂交稻品种间的抗性差异既可以来自恢复系,又可以来自不育系。

本研究结果显示,不同亲本类型的杂交水稻稻曲病田间抗性存在差异,总体上粳粳型杂交水稻田间抗性最差,粳型次之,粳型较强,本结果与黄瑞荣等研究结果<sup>[8]</sup>相似。但是,甬优 538 在粳粳杂交水稻中发病相对较轻,说明通过筛选合适的抗性材料可以提高粳粳杂交稻稻曲病抗性水平。稻曲病病原学研究表明,病菌的侵染主要发生在水稻开花之前,水稻孕穗时间与稻曲病危害密切相关<sup>[17]</sup>。孕穗时间在不同类型的水稻间存在差异,总体上粳稻的长于籼稻<sup>[18]</sup>。杂交水稻具有超亲现象,而亲本亲缘关系较远的粳粳型杂交稻则尤为明显<sup>[19-20]</sup>,这可能是粳粳型杂交稻稻曲病发病严重的重要因素。

本研究结果表明,相同组合在不同区域间种植田间抗性表现存在差异。稻曲病田间抗性受环境、品种及二者互作效应的影响,其中环境效应更是水稻品种田间抗性差异最主要的来源。环境效应主要包括小气候条件、土壤肥力水平及稻

曲病菌致病菌源等。从菌源的角度来看,虽然尚没有区域性菌株致病性分化的直接证据,但是稻曲病菌遗传多样性具有明显的地理区域性特征<sup>[21]</sup>。王舒婷等对来自 11 个省份 84 个菌株遗传多样性进行分析,发现不同地区之间或同一地区内的不同菌株表现出不同程度的变异<sup>[22]</sup>。

稻曲病是水稻穗粒病害,水稻穗部特征与水稻发病情况具有一定的相关性。笔者还发现,杂交水稻稻曲病危害程度与稻穗的长度呈负相关,与穗粒数、初级枝梗数呈极显著正相关,这与李友荣等对粳型杂交晚稻的穗部主要特征与稻曲病抗性相关性的研究结果<sup>[9]</sup>相似。就不同类型杂交组合穗部性状而言,总体上穗粒数、着粒密度、初级枝梗数均表现为粳粳型杂交稻 > 粳型杂交稻 > 粳型杂交稻<sup>[23]</sup>,与稻曲病危害严重程度的趋势相一致。

综上所述,开展水稻品种稻曲病田间抗性评估,明确当前生产种植品种的抗性特性,有利于品种种植合理布局可有效控制稻曲病的危害程度。同时,本研究结果也将加深对杂交水稻稻曲病田间抗性差异的认识,对杂交水稻育种和推广均具有一定的参考意义。杂交稻组合的田间抗性受品种遗传基因互作、农艺性状、外界环境因子等综合影响,本试验仅从品种、品种类型、穗部特征等角度进行研究,对抗性形成的遗传机制、病害流行的气候条件以及稻曲病菌的致病性分化等方面的差异还有待进一步研究。

参考文献:

[1] 岑尧校,张震,张昌杰,等. 氮磷钾施肥水平对水稻稻曲病为害的影响[J]. 浙江农业科学,2014(2):225-226.

[2] 邹克琴,胡东维,王为民,等. 水稻稻曲病的研究进展[J]. 浙江农业科学,2012(5):704-706.

[3] 吕仕琼,刘浩,赵江林,等. 稻曲菌素研究进展[J]. 中国农学通报,2010,26(14):265-268.

[4] 伍永炎. 畜禽稻曲菌毒素中毒调查与防治报告[J]. 中兽医学杂志,2004(5):20-22.

[5] 刘梦泽,万荣,刘正,等. 十二种药剂防治中稻稻曲病药效对比试验[J]. 湖北植保,2014(2):26-27.

[6] 尹小乐,陈志谊,于俊杰,等. 江苏省水稻区域试验品种对稻曲病的抗性评价及稻曲病菌致病力分化研究[J]. 西南农业学报,2014,27(4):1459-1465.

[7] 潘波,杨春晓,杨志富,等. 不同水稻品种(品系)对不同程度稻曲病菌株的抗性反应[J]. 湖南农业科学,2012(9):71-73,76.

[8] 黄瑞荣,李湘民,华菊玲,等. 杂交水稻品种(组合)对稻曲病的抗性研究[J]. 江西农业大学学报,2010,32(4):718-722.

[9] 李友荣,唐善军,高杜娟,等. 粳型杂交晚稻新组合穗部性状与稻曲病抗性相关性研究[J]. 中国农学通报,2011,27(21):234-238.

[10] 胡容平,叶慧丽,姚琳,等. 水稻稻曲病抗源筛选与评价研究[J]. 西南农业学报,2012,25(1):144-148.

[11] 卢代华,毛建辉,王平,等. 粳型杂交水稻对稻曲病的田间抗性差异[J]. 植物保护学报,2008,35(4):289-294.

[12] Jia Q, Lu B, Guo M Y, et al. Effect of rice growth stage, temperature, relative humidity and wetness duration on infection of rice panicles by *Villosiclava virens*[J]. European Journal of Plant Pathology, 2015,141(1):15-25.

潘争艳,邱福林,吕桂兰,等. 辽星系列水稻品种稻瘟病抗性基因鉴定与抗性分析[J]. 江苏农业科学,2017,45(7):87-90.  
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2017.07.022

# 辽星系列水稻品种稻瘟病抗性基因鉴定与抗性分析

潘争艳,邱福林,吕桂兰,马秀芳,王艳华,高虹,李小婉,李睿

(辽宁省水稻研究所,辽宁沈阳 110101)

**摘要:**利用采自辽宁省 4 个稻区的 20 株稻瘟病菌对辽星系列水稻品种进行抗病性鉴定,苗期发病级数为 0~5 级,穗期发病级数为 1~7 级。苗期和穗期抗性频率均大于等于 85% 的有 2 个品种,抗性频率均小于等于 35% 的有 4 个品种。利用已开发的 10 个抗稻瘟病基因的分子标记对 21 份辽星系列水稻品种进行抗性基因分子检测,21 份辽星系列品种含有的抗性基因数量在 2~5 个之间。这些品种中均不含 *Pi9*、*Pi40* 基因,而 *Pik-h*、*Pil* 和 *Pib* 基因较广泛地分布在辽星系列水稻品种中。随着抗性基因位点数量的增多,品种表现出中等抗病性。

**关键词:**稻瘟病;辽星水稻品种;抗性基因

**中图分类号:**S435.111.4<sup>+</sup>1 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2017)07-0087-04

由子囊菌 *Magnaporthe grisea* (Hebert) Barr 引起的稻瘟病广泛发生在世界各稻区,是最具毁灭性的水稻病害之一,严重阻碍水稻高产与稳产。抗性基因的利用是控制稻瘟病的关键措施之一。自 20 世纪 60 年代日本开展水稻抗稻瘟病基因的遗传研究以来,已陆续发现约 100 个抗性基因<sup>[1]</sup>。这些基因成簇地分布于除水稻第 3 染色体外的所有染色体上,其中 27 个稻瘟病抗性基因已被克隆。

*Piz* 和 *Pik* 是水稻中目前报道含有广谱高抗稻瘟病最多的 2 个位点<sup>[2]</sup>,抗瘟基因 *Pi9* 是国际上第一个被克隆的广谱抗病基因,对来自世界各地的稻瘟病生理小种表现出极高的广谱抗性<sup>[3-5]</sup>。到目前为止,至少有 9 个稻瘟病抗性基因 (*Pi2*、*Piz*、*Piz-t*、*Pi40*、*Pigm*、*Pi9*、*Pi26*、*Pi50*、*Pi2-2*) 已经被定位在水稻第 6 染色体短臂端的 *Pi2/9* 基因簇内,其中 *Pi9*、*Pi2* 以及 *Piz-t* 已经被成功克隆<sup>[4,6]</sup>。

收稿日期:2016-09-08

基金项目:辽宁省农业领域青年科技创新人才项目(编号:2014023);  
辽宁企业博士后项目。

作者简介:潘争艳(1980—),女,黑龙江鹤岗人,博士,助理研究员,主要从事水稻抗病育种研究(辽宁省农业科学院博士后在站研究)。  
E-mail:pzhyma@126.com。

*Pik-p* 等是等位基因,其中 *Pik-h* 基因在稻种资源中存在较多<sup>[7-8]</sup>,且对印度不同地区的稻瘟病菌株表现出很高的抗性。抗性基因 *Pita* 及 *Pib* 在水稻种质资源中出现频率也较高,且 *Pita* 基因极少在高感品种中出现<sup>[9]</sup>。

本研究选取与抗性基因 *Pita*、*Pib*、*Pik-h*、*Pil*、*Pik-m*、*Pi9*、*Pi2*、*Piz-t*、*Pigm* 和 *Pi40* 紧密连锁的标记对辽星系列水稻品种进行抗性基因分析,结合苗期和穗期接种鉴定,明确这些品种携带的抗性基因,以拓宽抗病遗传基础,提高品种抗性。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试材料

21 份辽星系列品种,由辽宁省水稻研究所培育审定。

### 1.2 DNA 提取及 PCR 扩增

利用 CTAB 法提取总 DNA。以总 DNA 为模板,按下列反应体系进行 PCR。PCR 反应体系 (20  $\mu$ L) 为 2  $\mu$ L DNA 模板,上下游引物各 2  $\mu$ L,10  $\mu$ L *Taq* 酶,加 ddH<sub>2</sub>O 至 20  $\mu$ L,引物序列如表 1 所示。

PCR 反应程序:95  $^{\circ}$ C 预变性 5 min,95  $^{\circ}$ C 变性 30 s,退火,72  $^{\circ}$ C 延伸,35 个循环,72  $^{\circ}$ C 延伸 10 min。PCR 产物在含

[13]徐建龙,薛庆中,罗利军,等. 近等基因导入系定位水稻抗稻曲病数量性状位点的研究初报[J]. 浙江农业学报,2002,14(1):14-19.

[14]李余生,张亚东,朱镇,等. 利用重组自交系分析水稻稻曲病抗性位点及效应[J]. 中国水稻科学,2008,22(5):472-476.

[15]李余生,杨娟,黄胜东. 水稻对稻曲病致病菌株 *Pi-1* 抗病位点检测及效应分析[J]. 华北农学报,2014,29(5):1-4.

[16]李余生,朱镇,张亚东,等. 水稻稻曲病抗性的主基因+多基因混合遗传模型分析[J]. 作物学报,2008,34(10):1728-1733.

[17]Tang Y X, Jin J, Hu D W, et al. Elucidation of the infection process of *Ustilaginoidea virens* (teleomorph: *Villosiclava virens*) in rice spikelets[J]. Plant Pathology, 2013, 62(1):1-8.

[18]龚金龙,邢志鹏,胡雅杰,等. 粳、粳超级稻生产力及其形成的生态生理特征(摘要)[J]. 中国稻米,2013(4):139-139.

[19]罗林广,翟虎渠,万建民. 水稻抽穗期的遗传学研究[J]. 江苏农业学报,2001,17(2):119-126.

[20]沈圣泉,朱军. 粳粳杂种主要性状的遗传及其与环境互作效应[J]. 浙江大学学报(农业与生命科学版),1997,23(2):217-222.

[21]Sun X Y, Kang S, Zhang Y J, et al. Genetic diversity and population structure of rice pathogen *Ustilaginoidea virens* in China[J]. PLoS One, 2013, 8(9):e76879.

[22]王舒婷,林廷邦,甘林,等. 中国部分地区稻曲病菌培养特性及其遗传多样性分析[J]. 植物保护学报,2012,39(3):217-223.

[23]姜元华,张洪程,赵可,等. 长江下游地区不同类型水稻品种产量及其构成因素特征的研究[J]. 中国水稻科学,2014(6):621-631.