

董超, 董丽英, 薛静, 杨雅云, 汤翠凤, 阿新祥, 张斐斐, 杨勤忠, 戴陆园. 云南三地布朗族聚集区地方稻种资源苗瘟抗性评价及抗性基因鉴定 [J]. 广东农业科学, 2025, 52 (1): 1-13.

DONG Chao, DONG Liying, XUE Jing, YANG Yayun, TANG Cuifeng, A Xinxiang, ZHANG Feifei, YANG Qinzong, DAI Luyuan. Evaluation of seedling blast resistance and identification of resistance genes in rice landraces from three bulang minority gathering areas in Yunnan [J]. Guangdong Agricultural Sciences, 2025, 52 (1): 1-13.

优秀青年学者论坛



董超, 硕士, 云南省农业科学院生物技术与种质资源研究所副研究员, “农业农村部云南及周边作物种质资源评价创新团队”核心成员, 云南省技术创新人才培养对象, 云南省科技特派员。主要从事稻种资源收集与评价、基因挖掘与创新利用及绿色超级稻新品种选育研究。主持或参与国家及省级项目 8 项; 以主要完成人承担农业农村部平台建设项目 3 项。在《Plant Disease》《Rice》《中国水稻科学》《植物遗传资源学报》等期刊发表学术论文 30 余篇; 获授权国家发明专利 1 件、实用新型专利 7 件, 软件著作权 5 项, 审定水稻新品种 1 个, 获植物新品种保护权 3 项; 收集入库保存云南及周边作物种质资源 3 000 余份, 鉴定评价与创制绿色新种质 2 000 余份, 对外提供利用 1 245 份次; 选育的新品种‘云资红 23 号’‘云资粳 25 号’获云南省作物学会首届优质米品鉴金奖。

云南三地布朗族聚集区地方稻种资源 苗瘟抗性评价及抗性基因鉴定

董 超¹, 董丽英², 薛 静¹, 杨雅云¹, 汤翠凤¹, 阿新祥¹, 张斐斐¹, 杨勤忠², 戴陆园¹

(1. 云南省农业科学院生物技术与种质资源研究所 / 云南省农业生物技术重点实验室 /

云南种子种业联合实验室 / 农业农村部西南作物基因资源与种质创制重点实验室 /

农业农村部云南稻种资源科学观测试验站, 云南 昆明 650205;

2. 云南省农业科学院农业环境资源研究所, 云南 昆明 650205)

摘 要:【目的】明确农家保护下云南布朗族地方稻种资源苗期稻瘟病抗性水平与分布。【方法】以云南三地布朗族聚集区 78 份地方稻种资源为材料, 利用 10 个稻瘟病菌株进行苗期接种鉴定和 24 个稻瘟病抗性基因的 31 个功能标记检测与分析。【结果】苗期接种鉴定结果表明, 78 份地方稻种资源抗性在 40%~100%, 平均抗性达 93.6%; 其中 55 份地方稻种资源对 10 个菌株的抗性达 100%, 占总资源数的 70.5%; 3 个布朗族聚集区地方稻种资源的抗性强弱为勐海县 (99.00%) > 墨江县 (89.09%) > 双江县 (80.59%)。菌株 08-16-6a-1 和 HN-09-1c-7 对 3 个布朗族聚集区的地方稻种资源致病力最强 (11.54%), 而菌株 HN-09-1c-7 和 08-20-1a-1 对勐海县稻种资源致病力最强 (4.00%), 菌株 08-20-1a-1 对墨江县稻种资源致病力最强 (36.36%), 菌株 08-16-6a-1 对双江县稻种资源致病力最强 (52.94%)。功能基因检测结果显示, 从云南三地布朗族聚集区的地方稻种资源中, 检测出 *Pi9*、*Pi5*、*Pita*、*Pikh*、*Pid2* 和 *Pikm* 6 个抗性基因; 抗性基因频率为 73.08%~84.62%, 最高的为 *Pid2*, 最低的为 *Pi9*; 勐海县稻种资源中频率最高为 *Pita* 和 *Pid2*, 最低为 *Pi9*; 墨江县中频率最高为 *Pid2*、*Pi5* 和 *Pi9*, 最低为 *Pita*; 双江县中频率最高为 *Pid2*、*Pita*、*Pikm*、*Pikh* 和 *Pi9*, 最低为 *Pi5*。回归分析结果显示, 6 个抗性基因对苗期叶瘟抗性均未达到显著水平 ($P>0.05$), 不同抗性基因组合可解释苗期叶瘟抗性变化 1.8%~25.8%, 抗性基因

收稿日期: 2024-06-07

基金项目: 云南省重大科技专项 (202302AE090011); 云南省科技人才与平台计划项目 (202405AD350066); 国家重点研发计划子课题项目 (2021YFD1200505-1); 云南省种子种业联合实验室项目 (202205AR070001-11)

作者简介: 董超 (1984—), 男, 硕士, 副研究员, 研究方向为水稻种质资源, E-mail: cchaodong@126.com

通信作者: 杨雅云 (1980—), 女, 博士, 研究员, 研究方向为水稻病理, E-mail: yangyayun2002@163.com;

戴陆园 (1962—), 男, 博士, 研究员, 研究方向为稻类种质资源与遗传育种, E-mail: Luyundai@163.com

Pid2+Pi5+Pikm+Pikh 组合的贡献率最低, 而 6 个抗性基因组合的贡献率最高, 但组合效应均不显著。【结论】云南三地布朗族聚集区的地方稻种资源抗性强、抗谱宽, *Pid2* 基因为主要抗性基因, 筛选出 38 份对 10 个菌株抗性达 100% 且含 *Pid2* 和 *Pi9* 基因的资源, 是拓宽稻瘟病抗性遗传背景的重要资源。

关键词: 地方稻种资源; 布朗族; 稻瘟病; 抗性基因; 功能标记; 致病力

中图分类号: S3

文献标志码: A

文章编号: 1004-874X (2025) 01-0001-13

Evaluation of Seedling Blast Resistance and Identification of Resistance Genes in Rice Landraces from Three Bulang Minority Gathering Areas in Yunnan

DONG Chao¹, DONG Liying², XUE Jing¹, YANG Yayun¹, TANG Cuifeng¹,

A Xinxiang¹, ZHANG Feifei¹, YANG Qinzong², DAI Luyuan¹

(1. Biotechnology and Germplasm Resources Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences / Yunnan Key Lab of Agricultural Biotechnology / Yunnan Seed Laboratory / Key Laboratory of Southwestern Crop Gene Resources and Germplasm Innovation, Ministry of Agriculture and Rural Affairs / Scientific Observation Station for Rice Germplasm Resources of Yunnan, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Kunming 650205, China; 2. Agricultural Environment and Resources Research Institute, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming 650205, China)

Abstract: 【Objective】 In order to determine the resistance characteristics and distribution of rice blast disease in rice landraces from Bulang minority in Yunnan. 【Method】 Seedling-stage resistance evaluation and molecular characterization were conducted on 78 rice landraces using 31 functional markers targeting 24 blast resistance genes and 10 blast fungal strains.

【Result】 Inoculation assays revealed that the 78 rice landraces exhibited resistance levels ranging from 40% to 100%, with an average resistance rate of 93.6%. Notably, 55 accessions (70.5%) demonstrated complete resistance (100%). Regional resistance patterns were observed as follows: Menghai County (99.00%) > Mojiang County (89.09%) > Shuangjiang County (80.59%). The results of Pathogen Virulence Profiling showed strains 08-16-6a-1 and HN-09-1c-7 displayed the highest virulence against Bulang landraces (11.54% susceptibility), where Menghai accessions being most susceptible to strains HN-09-1c-7 and 08-20-1a-1 (4.00% susceptibility), Mojiang landraces showed 36.36% susceptibility to strain 08-20-1a-1, Shuangjiang resources exhibited the highest susceptibility (52.94%) to strain 08-16-6a-1. Functional gene analysis revealed the presence of six blast resistance genes (*Pi9*, *Pi5*, *Pita*, *Pikh*, *Pid2*, and *Pikm*) in the Bulang rice landraces, with allele frequencies ranging from 73.08% to 84.62%. The *Pid2* exhibited the highest overall frequency, while *Pi9* showed the lowest. Regional variations were observed: In Menghai County, *Pita* and *Pid2* predominated (84.62%), contrasting with the reduced prevalence of *Pi9* (73.08%). Mojiang County displayed elevated frequencies of *Pid2*, *Pi5*, and *Pi9* (84.62%), whereas *Pita* was least frequent (73.08%). In Shuangjiang County, *Pid2*, *Pita*, *Pikm*, *Pikh*, and *Pi9* were dominant (84.62%), while *Pi5* occurred at the lowest frequency (73.08%). Regression analysis demonstrated no significant correlations ($P > 0.05$) between these six genes and seedling-stage leaf blast resistance. Gene combinations accounted for 1.8% to 25.8% of resistance variability, with the *Pid2+Pi5+Pikm+Pikh* quartet showing the lowest explanatory power (1.8%) and the six-gene combination exhibiting the highest contribution (25.8%). However, no statistically significant synergistic effects were observed among the combined genes.

【Conclusion】 The Bulang rice landraces of Yunnan possess robust and broad-spectrum blast resistance, predominantly mediated by the *Pid2* gene. Thirty-eight accessions with complete resistance (100%) to 10 strains and co-occurrence of *Pid2* and *Pi9* alleles were identified. These accessions represent valuable genetic resources for diversifying the genetic basis of blast resistance in modern rice breeding programs.

Key words: rice landraces; Bulang minority; rice blast disease; resistance gene; functional marker; pathogenicity

【研究意义】稻瘟病(Rice blast disease)是危害全球稻谷生产的三大主要病害之一,并位列十大真菌病害之首,严重威胁水稻产量和粮食安全。筛选抗性资源并培育推广含有稻瘟病抗性基因的抗病品种是防治稻瘟病最经济、安全、有效的方法。【前人研究进展】稻瘟病抗性基因是研究抗病水稻品种的热点,已有500多个与稻瘟病抗性相关的QTL和基因被报道,50多个稻瘟病抗性基因被成功克隆^[1]。其中*Pi1*、*Pi2*、*Pi5*、*Pi56(t)*、*Pi64*、*Pi9*、*Piz-t*、*Pizh*、*Pi50*、*Pigm*和*Pijx*等多个已被克隆的稻瘟病抗性基因对稻瘟病表现出广谱抗性,并被用于分子标记辅助选择^[2-3]。周弋力等^[4]研究表明黑龙江主栽水稻品种中*Pi9*、*Pita*和*Pikm*基因频率最高,*Pib*和*Pii*基因频率较低,*Pid3*基因频率最低。田维逵等^[5]研究表明勐海县18个水稻主栽品种中*Pib*基因频率最高,且均不携带*Pi9*和*Pi50/Pigm*基因。吴子帅等^[6]研究表明广西常规籼稻品种含*Pi54*和*Pi5*基因频率较高,均不携带*Pi9*、*Pigm*、*Pikm*和*Pik*基因,而携带*Pi2*和*Pid3*对穗颈瘟抗性贡献显著。陆展华等^[7]研究表明广东主栽水稻品种或骨干亲本含*Pi2*基因频率最高,均不携带*Pi1*和*Pi9*基因。何海燕等^[8]研究表明浙江省水稻栽培品种中*Pita*基因频率最高,*Pi1*基因频率最低。李刚等^[9]研究表明江苏省水稻主导品种中含*Pid2*基因频率最高,均不携带*Pigm*和*Pish*基因。马继琼等^[10]研究表明贵州“禾”中含*Pi5*和*Pikh*基因频率高,*Pi9*和*Pi2*频率低。谢倩凤等^[11]研究表明来自广东、广西、云南、湖南、江西和贵州等地区的82份地方稻种资源的含*Pia*基因频率最高,均不携带*Pikm*基因。张文龙等^[12]研究表明云南省五大稻区收集的51份水稻地方品种含*Pii*、*Piks*、*Pi3*基因频率最高。汪文娟等^[13]研究表明华南稻区杂交水稻组合中*Pita*和*Pi*基因频率最高,均不携带*Pi9*基因。综上可知,抗性基因在品种和区域间的分布呈现差异,因此,从不同区域的稻种资源中挖掘新的水稻抗稻瘟病基因,培育抗性新品种至关重要。【本研究切入点】云南是亚洲栽培稻的起源中心及生物多样性中心之一^[14]。布朗族是云南省15个少数民族之一,主要分布在

云南省保山市、临沧市、普洱市、西双版纳州的澜沧江和怒江流域,在悠久的历史中通过古老的轮歇耕作保留并种植大量地方稻种资源,并拥有丰富的遗传多样性^[15-16]。从布朗族地方稻种资源中筛选抗性资源及抗性基因资源、培育抗稻瘟病品种对水稻生产和粮食安全有重要意义。【拟解决的关键问题】本研究利用云南三地布朗族聚居区(西双版纳州勐海县、普洱市墨江县和临沧市双江县)收集的78份地方稻种资源,通过接种10个稻瘟病菌株及24个抗性基因的功能标记进行检测分析,筛选抗性资源及抗性基因资源,并分析抗性水平与抗性基因分布特点,为充分利用云南特色地方稻种资源来培育水稻新品种和指导云南稻作安全生产提供参考依据。

1 材料与方法

1.1 供试品种与菌株

供试品种:选取董超等^[16]采用的80份布朗族地方稻种资源,其中2份未出苗,共计78份(表1)。

供试菌株:10株稻瘟病单孢菌(*Magnaporthe Oryzae*)由云南省农业科学院农业环境资源研究所杨勤忠研究员提供,菌株与水稻鉴别品种的致病性见表2。

1.2 试验方法

1.2.1 稻瘟病接种方法及评价标准 供试品种的栽种:2022年4月在云南省农业科学院农业环境资源研究所昆明温室,将种子催芽,播于装有秧田土的12 cm×18 cm×5 cm塑料育苗盒内,每品种5粒,重复2次;2叶期时追施尿素2次,每次0.5 g/盒,间隔5 d。孢子悬浮液制备:在供试品种播种7 d后,将供试10个菌株分别活化并接种于燕麦培养基上,在25℃下培养约10 d,待菌丝长满培养基后,用蒸馏水洗去气生菌丝,再在普通日光灯下光照产孢培养2~3 d。用蒸馏水洗下孢子并加入0.02% Tween-20,制成孢子悬浮液用于喷雾接种,孢子浓度为 $2 \times 10^5 \sim 5 \times 10^5$ 孢子/mL。接种方法:三叶一心时喷雾接种病菌后,于25℃保湿保温箱内培养24 h。取出置于温室内,每天定时喷水雾保持温室湿度。于接种7 d后调查发病情况。

表 1 供试云南三地布朗族聚集区地方稻种资源名称及其来源

Table 1 Name and source county of rice landraces from three Bulang minority gathering areas in Yunnan

编号 No.	稻种资源 Rice landrace	来源地 Source	编号 No.	稻种资源 Rice landrace	来源地 Source
B1	墨江谷	普洱市墨江哈尼族自治县	B40	Kadian-2	西双版纳傣族自治州勐海县
B2	大白糯	普洱市墨江哈尼族自治县	B41	香米	西双版纳傣族自治州勐海县
B3	百天谷	普洱市墨江哈尼族自治县	B42	Kao nan meng	西双版纳傣族自治州勐海县
B4	花壳谷	普洱市墨江哈尼族自治县	B43	Hu shi kao-2	西双版纳傣族自治州勐海县
B5	201	普洱市墨江哈尼族自治县	B44	Kao mo lao-2	西双版纳傣族自治州勐海县
B6	建水谷	普洱市墨江哈尼族自治县	B45	Kao de long	西双版纳傣族自治州勐海县
B7	细红谷	普洱市墨江哈尼族自治县	B46	Kao zhan me leng	西双版纳傣族自治州勐海县
B8	山糯	普洱市墨江哈尼族自治县	B47	A mie qie	西双版纳傣族自治州勐海县
B9	糯谷	普洱市墨江哈尼族自治县	B48	A mie qie-2	西双版纳傣族自治州勐海县
B10	紫谷	普洱市墨江哈尼族自治县	B49	黑谷	西双版纳傣族自治州勐海县
B11	小红谷	普洱市墨江哈尼族自治县	B50	依林保矮	西双版纳傣族自治州勐海县
B12	红糯米	西双版纳傣族自治州勐海县	B51	Hao kan dou	西双版纳傣族自治州勐海县
B13	Ang fai er	西双版纳傣族自治州勐海县	B52	Hao gao dou	西双版纳傣族自治州勐海县
B14	Hu du long	西双版纳傣族自治州勐海县	B53	Kao nan wen	西双版纳傣族自治州勐海县
B15	红香米	西双版纳傣族自治州勐海县	B54	Bo kan	西双版纳傣族自治州勐海县
B16	紫糯米	西双版纳傣族自治州勐海县	B55	Kao nan nuo	西双版纳傣族自治州勐海县
B17	Hu shi kao-1	西双版纳傣族自治州勐海县	B56	He zhe	西双版纳傣族自治州勐海县
B18	Bie ban	西双版纳傣族自治州勐海县	B57	Huo huan	西双版纳傣族自治州勐海县
B19	Zhan me leng-1	西双版纳傣族自治州勐海县	B58	Deng jin	西双版纳傣族自治州勐海县
B20	糯米	西双版纳傣族自治州勐海县	B59	Fang bai lao	西双版纳傣族自治州勐海县
B21	香红糯米	西双版纳傣族自治州勐海县	B60	Huo he	西双版纳傣族自治州勐海县
B22	谷子	西双版纳傣族自治州勐海县	B61	Huo hao	西双版纳傣族自治州勐海县
B23	白糯米	西双版纳傣族自治州勐海县	B62	San gao	临沧市双江拉祜族佤族布朗族傣族自治县
B24	白米	西双版纳傣族自治州勐海县	B63	小黄糯	临沧市双江拉祜族佤族布朗族傣族自治县
B25	Ka dian-1	西双版纳傣族自治州勐海县	B64	百鬼糯	临沧市双江拉祜族佤族布朗族傣族自治县
B26	Du long-2	西双版纳傣族自治州勐海县	B65	青塘谷	临沧市双江拉祜族佤族布朗族傣族自治县
B27	Zhan me leng-2	西双版纳傣族自治州勐海县	B66	河谷	临沧市双江拉祜族佤族布朗族傣族自治县
B28	Kao xin duo	西双版纳傣族自治州勐海县	B67	小白霉谷	临沧市双江拉祜族佤族布朗族傣族自治县
B29	Mo de long-1	西双版纳傣族自治州勐海县	B68	冷水白谷	临沧市双江拉祜族佤族布朗族傣族自治县
B30	Du long-1	西双版纳傣族自治州勐海县	B69	Ke sha	临沧市双江拉祜族佤族布朗族傣族自治县
B31	黑米	西双版纳傣族自治州勐海县	B70	八一选	临沧市双江拉祜族佤族布朗族傣族自治县
B32	Mo lao	西双版纳傣族自治州勐海县	B71	八一选-2	临沧市双江拉祜族佤族布朗族傣族自治县
B33	Zhan me leng-3	西双版纳傣族自治州勐海县	B72	小乌嘴	临沧市双江拉祜族佤族布朗族傣族自治县
B34	Mo de leng-2	西双版纳傣族自治州勐海县	B73	长毛霉谷	临沧市双江拉祜族佤族布朗族傣族自治县
B35	曼皮红米	西双版纳傣族自治州勐海县	B74	小霉谷	临沧市双江拉祜族佤族布朗族傣族自治县
B36	曼皮糯米	西双版纳傣族自治州勐海县	B75	大黑冷水谷	临沧市双江拉祜族佤族布朗族傣族自治县
B37	曼皮香红糯米	西双版纳傣族自治州勐海县	B76	紫霉谷	临沧市双江拉祜族佤族布朗族傣族自治县
B38	杂交旱谷	西双版纳傣族自治州勐海县	B77	小黄糯谷	临沧市双江拉祜族佤族布朗族傣族自治县
B39	Kao mo lao-1	西双版纳傣族自治州勐海县	B78	小红糯谷	临沧市双江拉祜族佤族布朗族傣族自治县

表 2 供试 10 个菌株在水稻稻瘟病单基因鉴别品种上致病表现

Table 2 Pathogenic performance of 10 test rice blast fungal strains on single-gene identification varieties

水稻鉴别品种 Rice identification variety	鉴别 基因 Gene	菌株 Strain									
		07-11-2c-1	07-13-4a-1	08-16-6a-1	08-20-1a-1	08-4-2a-1	08-5-3b-1	08-8-6a-2	CH130	HN-09-1c-7	Y88-278
IRBLA-A	<i>Pia</i>	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S
IRBLA-C	<i>Pia</i>	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
IRBLI-F5	<i>Pii</i>	S	S	S	S	R	R	S	S	S	S
IRBLKS-F5	<i>Pik-s</i>	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
IRBLKS-S	<i>Pik-s</i>	S	S	S	R	R	R	S	S	R	S
KRBLK KA	<i>Pik</i>	S	S	S	R	S	R	S	R	R	S
KRBLKP-K60	<i>Pikp</i>	S	S	S	R	S	R	S	S	S	S
KRBLKH-K3	<i>Pikh</i>	S	S	S	R	S	R	S	R	R	S
IRBLZ FU	<i>Piz</i>	-	-	S	R	S	R	S	-	R	-
IRBLZ5-CA	<i>Pi2</i>	S	R	S	R	S	R	S	R	R	S
IRBLZT-T	<i>Pizt</i>	R	S	R	S	R	S	R	R	R	R
IRBLTA-K1	<i>Pita</i>	S	S	R	R	S	S	S	S	S	S
IRBLTA CT2	<i>Pita</i>	S	S	R	S	S	S	S	S	R	S
IRBLB-B	<i>Pib</i>	R	S	R	S	R	S	R	S	S	R
IRBLT-K59	<i>Pit</i>	R	S	S	S	S	S	R	R	S	S
IRBLSH-S	<i>Pish</i>	S	S	R	S	R	S	S	S	S	R
IRBLSH-B	<i>Pish</i>	S	S	R	S	R	S	S	S	S	R
IRBL1-CL	<i>Pi1</i>	S	S	S	R	S	R	S	R	R	S
IRBL3-CP4	<i>Pi3</i>	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S
IRBL5-M	<i>Pi5</i>	R	R	S	R	R	R	S	R	R	R
IRBL7-M	<i>Pi7</i>	S	S	S	R	S	R	S	S	S	S
IRBL9-W	<i>Pi9</i>	S	R	S	R	R	R	R	R	R	R
IRBL12-M	<i>Pi12</i>	S	S	S	S	S	S	R	S	S	R
IRBL19-A	<i>Pi19</i>	S	S	S	S	S	S	S	S	S	S
IRBLKM-TS	<i>Pikm</i>	S	S	S	R	S	R	S	R	R	S
IRBL20-IR24	<i>Pi20</i>	S	R	R	S	R	S	S	-	R	-
IRBLTA2-PI	<i>Pita-2</i>	S	R	R	R	R	S	R	S	R	R
IRBLTA2-RE	<i>Pita-2</i>	S	R	R	R	R	S	S	S	R	R
IRBLTA CP1	<i>Pita</i>	S	S	S	S	S	S	R	S	S	S
IRBL11-ZH	<i>Pi11</i>	R	S	R	S	R	S	R	S	S	R
IRBLZ5-CA®	<i>Piz5</i>	S	R	S	R	S	R	S	R	R	S
LTH (CK)		S	S	S	S	S	S	S	S	S	S

注：“R”代表抗性；“S”代表感型；“-”代表未测定。

Note: R: Resistance; S: Susceptible; -: Not determined.

病害分级标准：寄主及待测品种表现出的抗病性按 5 级分类标准记载；0 级：无病斑；1 级：叶上有褐点型过敏性坏死点，无产孢能力；2 级：叶上有小的近圆形病斑，其直径在 2 mm 以下，病斑中心呈灰色、外围有褐色边缘，有产孢能力；3 级：叶上有典型梭型稻瘟病病斑，其直径

在 2 mm 以上，外围有褐色边缘，有产孢能力；4 级：叶上有水浸状病斑，且无边缘，继续扩展。其中，0~2 级为抗病型反应（R），3~4 级为感病型反应（S）。

1.2.2 稻瘟病抗性功能基因分子检测 供试标记由昆明擎科生物有限公司合成（表 3）。采

表 3 供试 31 个稻瘟病抗性功能基因标记信息

Table 3 Marker information of 31 test rice blast functional genes

目标基因 Target gene	标记名称 Marker	标记序列 Sequence	抗、感型目标片段 Resistant and susceptible target fragments (bp)
<i>Pi37</i>	Pi37	F:TTGGCTGGCTTACGTTTGG R:TGAATTCCTTCCAGCGGATA	3853(R)
<i>Pit</i>	tNpb	F:ATGATAACCTCATCCTCAATAAGT R:AAGCACCAAGTGGCGCCA	590(R)
	TK59-1	F:ATGATAACCTCATCCTCAATAAGT R:GTTGGAGCTACGGTTGTTTACG	733(R)
	TK59-2	F:ATGATAACCTCATCCTCAATAAGT R:CCAAGGGATTAGGTCCTACTG	530(R)
<i>Pish</i>	AOL52-R	F:CGTAAGATCATGAGCGAATG R:GTGAAAGATTCCACCCAGGTTT	1289(R)
<i>Pib</i>	Pib	F:AGGGAATAATGGAATGTGC R:AGTAACCTTCTGCTGCCCAA	1251(R)
<i>Pi63</i>	Pi63	F:TATAGGCGCGCTGCGGTATGCATTAGCACAT R:GGCCTTAATTAATTGATGACAGTCCCGAAACA	800(R)
<i>pi21</i>	pi21	F:CGGCAAATTTG ACAGATGGGTAT R:CTTCTCCGGGTGGAACCTTC	1109(R)
<i>Pi25</i>	CAP1	F:TGAAATGGGTGAAAGATGAG R:GCCACATCATAATTCTTTGA	406(R)
	CAP3	F:CCTCACGTTTCTACGTCTTG R:CACACCATTTCTGATGAACC	409(R)
<i>Pid3</i>	Pid3	F:TACTACTCATGGAAGCTAGTTCTC R:ACGTCACAAATCATTCGCTC	148(R) 510(S)
<i>Pid2</i>	d2	F:TGTGAAGCAAATGATCACCA R:GGCACTCGTATTGCTGTGAA	1009(R)
	d2In	F:GCGTGAAGATGTCCTGAAGCTCA R:GGCACTCGTATTGCTGTGAA	629(R)
<i>Pi9</i>	Pi9	F:GCTGTGCTCCAAATGAGGAT R:GCGATCTCACATCCTTTGCT	291(R) 397(S)
<i>Pi2/ Pizt</i>	Pi2	F:CAGCGATGGTATGAGCACAA R:CGTTCCTATACTGCCACATCG	450(R) 282(S)
<i>Pi36</i>	R36P1	F:GCTAGCAAGCATGGAGTTCTGT R:AGCGGCTAAGGTAGCATAGGT	1601(R)
<i>Pi56</i>	CRG 4-3	F:TGCAAGAACCCTCCTCTAC R:CCTGCCATCTCAAGACTCTC	725(R)
<i>Pi5</i>	Pi5	F:ATAGATCATGCGCCCTCTTG R:TCATACCCCATTCGGTCATT	206(R) 307(S)
<i>Pb1</i>	Pb1	F:GTCGACATGACTGAGCTCGCGTCTGGTGCC R:GTATGGATACCCCTGCTTACATTTAAGAATTATC	1296(R)
	Pibdom	F:GAACAATGCCCCAACTGAGA R:GGGTCCACATGTCAGTGAGC	365(R)
	Lys145	F:TCGGTGCCTCGGTAGTCACT R:GGGAAGCGGATCCTAGGTCT	803(R)
<i>Pikp1</i>	Pikp-1	F:GCAGCTCAGCCAAGCAAT R:CAACCGTTGTTTTGCCTCC	795(R)
	Pikp-2	F:CGTGAAGTTCAACAAAAGG R:CAGCACCTGTATTATCCCAT	1879(R)

(续表 3)

目标基因	标记名称	标记序列	抗、感型目标片段
Target gene	Marker	Sequence	Resistant and susceptible target fragments (bp)
<i>Pikm</i>	Pikm-1	F: TGAGCTCAAGGCAAGAGTTGAGGA	174(R)
		R: TGTTCAGCAACTCGATGAG	213(S)
	Pikm-2	F: CAGTAGCTGTGTCTCAGAACTATG	290(R)
		R: AAGGTACCTCTTTTCGGCCAG	332(S)
<i>Pikh</i>	Pikh	F: CAATCTCCAAAGTTTTTCAGG	216(R)
		R: GCTTCAATCACTGCTAGACC	359(S)
<i>Pil</i>	Pi1-6C	F: CAATAGTCCAGCTAAAACGG R: CATTGCGCCTTTACCTTGT	-(R)
<i>Pik</i>	Pik	F: TTCGAGGCCCTACCAAGACA R: CATGGAAGGCTATCCTTGTA	2953(R)
<i>Pita</i>	YL183/YL87	F: AGCAGGTATAAGCTAGCTAT R: CTACCAACAAGTTCATCAA	1042(R)
<i>Pigm</i>	KG2	F: TGCCAAAGCTACAGGTTCAAT R: GACTAGGAACCAACACCTTCT	750(R) 500(S)
<i>Pis</i>	Pis	F: TGCAGAGTCAGCATTCGAAGG R: CGCTGTTACACCGTTCACT	1116(R)

注：“R”表示抗性；“S”代表感型；“-”代表无条带。
Note: R: Resistance; S: Susceptible; -: No band.

用 CTAB 法提取基因组 DNA，PCR 反应体系 20 μL：Buffer 2 μL，dNTPs 1 μL，上下游引物各 1 μL，Ex Taq 酶 0.4 μL，ddH₂O 13.6 μL，DNA 模板 1 μL。反应程序：95℃，5 min；95℃、40 s，57℃、30 s，72℃、50 s，38 个循环；72℃延伸 10 min。扩增产物用琼脂糖凝胶电泳检测，核酸染料染色，紫外灯下拍照观察。无条带统计为“0”，与目标抗性片段大小一致统计为“1”，与目标感病片段大小不一致统计为“2”，与目标抗、感片段均不一致统计为“3”。

1.3 数据统计分析

采用办公软件 WPS 进行数据整理和图表绘制，对获得的数据进行描述性统计分析。抗性比例 (%) = 抗性资源数量 / 总供试资源数量 × 100；致病力 (%) = 对菌株感病资源数量 / 总供试资源数量 × 100。利用 SPSS statistics 26 软件的逻辑回归进行抗性基因效应分析。

2 结果与分析

2.1 78 份地方稻种资源苗期叶瘟抗性分析

对 78 份地方稻种资源进行苗期接种 10 株供试稻瘟病菌，结果（表 4）表明，78 份地方稻种资源的抗性为 40%~100%，平均抗性达 93.6%；

其中 55 份抗性达 100%，分别来自勐海县 47 份、墨江县 3 份、双江县 5 份；9 份抗性为 90%，分别来自勐海县 2 份、墨江县 4 份、双江县 3 份；5 份抗性为 80%，分别来自墨江县 3 份、双江县 2 份；6 份抗性为 70%，分别来自勐海县 1 份、墨江县 1 份、双江县 4 份；2 份抗性为 60%，来自双江县；1 份抗性为 40%，来自双江县的‘长毛霉谷’。由图 1 可知，3 个布朗族聚集区地方稻种资源对 10 个菌株的抗性为 82.35%~100%，平均为 93.46%；其中勐海县的地方稻种资源对 10 个供试菌株抗性为 88.46%~100%，平均为 99.00%；墨江县的地方稻种资源抗性为 63.64%~100%，平均为 89.09%；双江县的地方稻种资源抗性为 47.06%~100%，平均为 80.59%；地方稻种资源抗性表现为勐海县 > 墨江县 > 双江县。这表明布朗族地方稻种资源苗期稻瘟病抗性强，尤其是勐海县的资源抗性最好。

2.2 10 株稻瘟病菌对 78 份地方稻种资源的致病力分析

10 株供试稻瘟病菌对 78 份地方稻种资源的致病力为 0%~11.54%（图 2），平均为 6.94%。菌株 08-16-6a-1 和 HN-09-1c-7 致病力最强

表 4 78 份地方稻种资源对 10 株稻瘟病菌的抗性表现

Table 4 The resistance and susceptibility of 78 rice landraces on to 10 test rice blast fungal strains

编号 No.	菌株 Strain										抗性 Resistances (%)		编号 No.	菌株 Strain										抗性 Resistances (%)
	08-4-2a-1	08-16-6a-1	HN-09-1c-7	07-13-4a-1	08-5-3b-1	CH130	07-11-2c-1	08-20-1a-1	08-8-6a-2	Y88-278				08-4-2a-1	08-16-6a-1	HN-09-1c-7	07-13-4a-1	08-5-3b-1	CH130	07-11-2c-1	08-20-1a-1	08-8-6a-2	Y88-278	
B1	R	R	R	R	S	R	R	S	R	R	80		B40	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100
B2	R	R	R	R	S	R	R	S	R	R	80		B41	R	R	R	R	R	R	R	S	R	R	90
B3	R	R	R	R	R	S	R	S	R	S	70		B42	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100
B4	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	90		B43	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100
B5	R	R	R	R	R	S	R	R	R	R	90		B44	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100
B6	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100		B45	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100
B7	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	90		B46	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100
B8	S	R	R	R	R	R	R	S	R	R	80		B47	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100
B9	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100		B48	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100
B10	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	90		B49	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100
B11	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100		B50	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100
B12	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100		B51	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100
B13	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100		B52	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100
B14	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100		B53	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100
B15	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100		B54	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100
B16	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100		B55	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100
B17	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100		B56	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100
B18	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100		B57	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100
B19	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100		B58	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100
B20	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100		B59	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100
B21	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100		B60	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100
B22	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100		B61	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100
B23	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	90		B62	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100
B24	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100		B63	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S	90
B25	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100		B64	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100
B26	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100		B65	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	90
B27	R	R	S	R	R	R	R	S	S	R	70		B66	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100
B28	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100		B67	R	S	R	R	R	S	R	R	R	S	70
B29	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100		B68	R	S	S	R	R	R	R	R	S	S	60
B30	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100		B69	R	S	S	R	R	R	S	R	S	R	60
B31	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100		B70	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100
B32	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100		B71	R	R	S	R	S	R	R	S	R	R	70
B33	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100		B72	R	R	S	R	R	R	R	R	S	S	70
B34	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100		B73	S	S	R	R	S	R	S	R	S	S	40
B35	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100		B74	R	S	R	R	R	R	R	R	R	S	80
B36	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100		B75	R	S	R	R	R	R	R	R	S	R	80
B37	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100		B76	R	S	R	R	R	R	R	R	S	S	70
B38	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100		B77	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100
B39	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	100		B78	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	90

注：“R”代表抗性；“S”代表感型。

Note : R: Resistance; S: Susceptible.

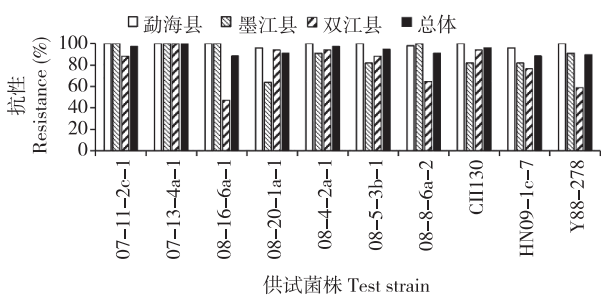


图 1 云南三地布朗族聚集区地方稻种资源苗期叶瘟抗性分布
Fig. 1 Distribution of leaf blast resistance of rice landraces from three Bulang minority gathering areas of Yunnan at the seedling-stage

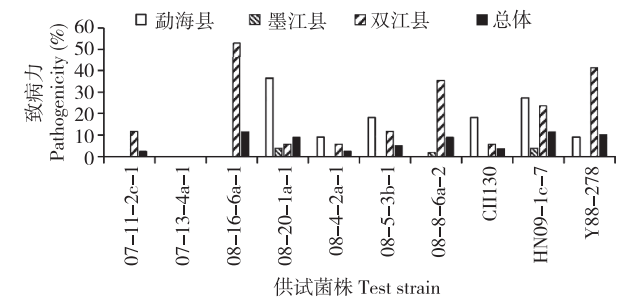


图 2 10 株稻瘟病菌对云南三地布朗族聚集区地方稻种资源的致病力

Fig. 2 Pathogenicity of 10 test rice blast fungal strains to rice landraces from three Bulang minority gathering areas in Yunnan

(11.54%), 其次是 Y88-278 (10.26%)、08-8-6a-2 和 08-20-1a-1 (8.97%), 07-13-4a-1 致病力最差 (0.00%)。菌株致病力在不同来

源县中也存在差异, 10 个菌株对墨江县资源致病力为 0%~36.36%, 平均为 12.09%, 菌株 08-20-1a-1 致病力最强 (36.36%), 其次是菌株 N-09-1c-7 (27.27%), 而菌株 08-16-6a-1、07-11-2c-1 和 08-8-6a-2 致病力最差 (0.00%); 对勐海县资源致病力为 0.00%~4.00%, 平均为 1.10%, 菌株 HN-09-1c-7 和 08-20-1a-1 致病力最强 (4.00%), 其次是 08-8-6a-2 (2.00%), 其余 7 个致病力均为 0; 对双江县资源致病力为 0.00%~52.94%, 平均为 20.76%, 08-16-6a-1 致病力最强 (52.94%), 其次是 Y88-278 (41.18%)、08-8-6a-2 (35.29%), 07-13-4a-1 致病力最差 (0.00%); 表明菌株 08-16-6a-1 和 HN-09-1c-7 对云南布朗族聚集区的资源鉴定效果较好, 而菌株 07-13-4a-1 鉴定效果最差; 菌株 HN-09-1c-7 和 08-20-1a-1 对勐海县资源的鉴定效果较好, 菌株 08-20-1a-1 对墨江县资源的鉴定效果较好, 08-16-6a-1、Y88-278 和 08-8-6a-2 对双江县资源鉴定效果较好。

2.3 78 份地方稻种资源稻瘟病抗性基因分析

78 份地方稻种资源的 31 个功能标记检测统计结果见表 5。其中, 11 个功能标记未扩增出产物, 12 个功能标记扩增产物与目标片段不一致, 8 个功能标记扩增产物与目标片段一致; 基

表 5 31 个功能标记对 78 份地方稻种资源检测结果
Table 5 Detection results of 31 functional markers to 78 rice landraces

标记 Marker	目标基因 Target gene	抗、感型目标片段大小 Length of resistant and susceptible target fragments (bp)	扩增片段大小 Length of amplified fragment (bp)	标记 Marker	目标基因 Target gene	抗、感型目标片段大小 Length of resistant and susceptible target fragments (bp)	扩增片段大小 Length of amplified fragment (bp)
Pi37	<i>Pi37</i>	3853(R)	—	R36p1	<i>Pi36</i>	1601(R)	600
tNpb	<i>Pit</i>	590(R)	—	GR4-3	<i>Pi56</i>	725(R)	400
Tk59-1		733(R)	—	Pibdom	<i>Pb1</i>	365(R)	280
TK59-2		530(R)	—	Lys145	<i>Pb1</i>	803(R)	400
AOL52	<i>Pish</i>	1289(R)	—	Pikp2	<i>Pikp1</i>	1879(R)	100
Pi63	<i>Pi63</i>	800(R)	—	Pi1-6c	<i>Pi1</i>	—(R)	180
Pikp1	<i>Pikp1</i>	795(R)	—	Pik	<i>Pik</i>	2953(R)	100
Pikm1	<i>Pikm</i>	174(R)/213(S)	—	Pi2	<i>Pi2/Pizt</i>	450(R)/282(S)	282
YL155/YL187	<i>Pita</i>	1042(R)	—	Pid3	<i>Pid3</i>	148(R)/510(S)	510
KG2/KG4	<i>Pigm</i>	750(R)/500(S)	—	d2	<i>Pid2</i>	1009(R)	1009
Pis	<i>Pis</i>	1116(R)	—	Pi9	<i>Pi9</i>	291(R)/397(S)	291/397

(续表 5)

标记 Marker	目标基因 Target gene	抗、感型目标片段大小 Length of resistant and susceptible target fragments (bp)	扩增片段大小 Length of amplified fragment (bp)	标记 Marker	目标基因 Target gene	抗、感型目标片段大小 Length of resistant and susceptible target fragments (bp)	扩增片段大小 Length of amplified fragment (bp)
Pib	<i>Pib</i>	1251(R)	400	Pi5	<i>Pi5</i>	206(R)/307(S)	206/307
Pi21	<i>pi21</i>	1109(R)	220	Pikm2	<i>Pikm</i>	290(R)/332(S)	290
CAP3	<i>Pi25</i>	409(R)	280	Pikh	<i>Pikh</i>	216(R)/359(S)	216/359
CAP1	<i>Pi25</i>	406(R)	280	YL183/ YL187	<i>Pita</i>	850(R)	850
dlb2	<i>Pid2</i>	629(R)	420				

注：R 代表抗性；S 代表感型；- 代表无条带。
Note : R: Resistance; S: Susceptible; -: No band.

因 *Pi2* 和 *Pid3* 的 2 个标记 *Pi2/Pizt*、*Pid3* 的产物与感型目标产物一致。由此判断，云南三地布朗族聚集区的地方稻种资源中含 6 个抗性基因，即 *Pid2*、*Pi9*、*Pi5*、*Pikm*、*Pikh* 和 *Pita* 基因，基因频率分别为 84.62%、80.77%、78.21%、78.21%、75.64%、70.08%，且 6 个抗性基因在 3 个布朗族聚集区的地方稻种资源之间有差异（图 3），在勐海县的地方稻种资源中占比为 68%~86%，*Pita* 和 *Pid2* 基因频率最高，*Pi9* 基因频率最低；在墨江县的地方稻种资源中占比为 72.73%~100%，*Pid2*、*Pi5* 和 *Pi9* 基因频率最高，*Pita* 基因频率最低；在双江县的地方稻种资源中占比为 58.82%~70.59%，*Pid2*、*Pita*、*Pikm*、*Pikh* 和 *Pi9* 基因频率最高，*Pi5* 基因频率最低。表明 *Pid2* 为云南布朗族聚集区地方稻种资源携带的主要抗性基因。

2.4 6 个稻瘟病抗性基因效应分析

采用逻辑回归法分析各基因对苗期叶瘟抗

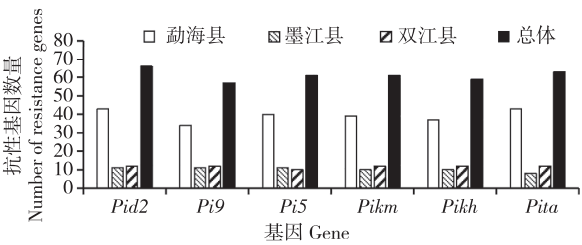


图 3 6 个抗性基因在云南三地布朗族聚集区地方稻种资源中的分布

Fig. 3 Distribution of six resistance genes detected in the rice landraces from three Bulang minority gathering areas in Yunnan

性的贡献，结果（表 6）表明，在单基因水平上 *Pi9*、*Pikm*、*Pikh*、*Pid2*、*Pi5*、*Pita* 与苗期叶瘟抗性均未达到显著差异水平。78 份地方稻种资源共包含 16 种不同抗性基因组合方式，其叠加效应见表 7。不同抗性基因组合效应可解释苗期叶瘟抗性 1.8%~25.8%，抗性基因 *Pid2*+*Pi5*+*Pikm*+*Pikh* 组合的贡献率最低，而 6 个抗性基因组合的贡献率最高，但均无显著差异，表明检测出的抗性基因及其组合效应与苗期稻瘟病抗性不相关。

表 6 6 个稻瘟病对苗期叶瘟抗性的贡献
Table 6 Contribution of six rice blast genes to leaf blast resistance at seedling-stage

基因名称 Gene name	回归系数 Regression coefficient	平均抗性 Average resistance (%)	P 值 P value
<i>Pid2</i>	0.062	93.79	0.784
<i>Pi9</i>	0.247	92.81	0.111
<i>Pi5</i>	0.148	94.10	0.367
<i>Pikm</i>	0.032	93.77	0.862
<i>Pikh</i>	0.078	93.39	0.642
<i>Pita</i>	0.198	94.29	0.226

3 讨论

稻瘟病菌生理小种的多样和易变极易导致品种抗性丧失，而水稻地方品种在农家保护下因长期的自然和人为选择对环境有着很好的适应性，并蕴含优良的抗源材料^[11]。本研究表明云南三地布朗族聚集区的地方稻种资源平均抗性达

表 7 6 个稻瘟病抗性基因不同组合方式叠加效应
Table 7 Superposition effect of different combinations of six rice blast resistance genes

基因组合 Gene combination	平均抗性 Average resistance (%)	F 值 F value	贡献率 Contribution rate (%)
无 None	90.0	—	—
<i>Pid2</i> + <i>Pikm</i> + <i>Pita</i>	100.0	0.053	2.1
<i>Pi5</i> + <i>Pikm</i> + <i>Pita</i>	100.0	0.563	2.2
<i>Pid2</i> + <i>Pi9</i> + <i>Pita</i>	100.0	1.410	5.4
<i>Pid2</i> + <i>Pi9</i> + <i>Pi5</i> + <i>Pita</i>	90.0	1.215	6.2
<i>Pid2</i> + <i>Pi5</i> + <i>Pikm</i> + <i>Pita</i>	100.0	0.460	2.5
<i>Pid2</i> + <i>Pi5</i> + <i>Pikm</i> + <i>Pikh</i>	100.0	0.336	1.8
<i>Pid2</i> + <i>Pi9</i> + <i>Pikh</i> + <i>Pita</i>	90.0	1.044	5.4
<i>Pid2</i> + <i>Pikm</i> + <i>Pikh</i> + <i>Pita</i>	100.0	0.505	2.7
<i>Pi9</i> + <i>Pi5</i> + <i>Pikm</i> + <i>Pita</i>	100.0	1.233	6.3
<i>Pid2</i> + <i>Pi9</i> + <i>Pi5</i> + <i>Pikm</i> + <i>Pikh</i>	87.5	0.709	4.7
<i>Pid2</i> + <i>Pi9</i> + <i>Pi5</i> + <i>Pikm</i> + <i>Pita</i>	100.0	0.979	6.4
<i>Pid2</i> + <i>Pi9</i> + <i>Pi5</i> + <i>Pikh</i> + <i>Pita</i>	100.0	1.020	6.6
<i>Pid2</i> + <i>Pi9</i> + <i>Pikm</i> + <i>Pikh</i> + <i>Pita</i>	86.7	0.849	5.6
<i>Pid2</i> + <i>Pi5</i> + <i>Pikm</i> + <i>Pikh</i> + <i>Pita</i>	100.0	0.481	3.2
<i>Pid2</i> + <i>Pi9</i> + <i>Pi5</i> + <i>Pikm</i> + <i>Pikh</i> + <i>Pita</i>	92.9	0.843	25.8

93.6%，广抗谱资源（70% 以上）占比 96.15%，抗性 100% 资源占比 70.51%。虽然在 3 个布朗族聚集区的地方稻种资源之间平均抗性表现出差异，即勐海县（99.00%）> 墨江县（89.09%）> 双江县（80.59%），但平均抗性均超过 80%；且抗性趋势与地方稻种资源的丰富度及遗传多样性趋势一致^[15-16]。表明云南布朗族地方稻种资源中蕴含优良的抗源材料，并且其抗性与遗传多样性密切相关。

本研究功能基因检测结果显示，云南三地布朗族聚集区的地方稻种资源中 *Pid2* 基因频率最高，*Pi9* 基因频率最低。*Pid2* 属于 RLK（Receptor-like kinase）类抗稻瘟病基因，在云南稻种资源中具有多种单倍型等位基因存在，且具有不同的抗谱^[17]，本研究鉴定出抗 10 个稻瘟病菌株的 55 份资源中携带 *Pid2* 基因的资源有 48 份。*Pi9* 为广谱抗性基因^[18-19]，对大多数国家的稻瘟病生理小种均表现出较好的抗性^[20]，在云南水稻中检测出的频率较低^[21]，本研究鉴定出抗 10 个菌株的 55 份资源中携带 *Pi9* 基因的

资源 39 份；同时携带 *Pid2* 和 *Pi9* 基因又抗 10 个菌株的稻种资源 38 份。这些资源在云南稻作生产中具有较大的利用价值，可进一步在稻瘟病抗性育种中加以利用，以拓宽水稻抗性遗传背景。

多基因聚合可改良提升品种抗性，但携带的抗性基因数与稻瘟病抗性之间的相关性并不显著^[22]。吴子帅等^[6]研究表明来源于两广地区的供试粳型常规稻品种不携带 *Pi2* 的检出率为 31.4%，但逻辑回归分析表明 *Pi2* 对穗颈瘟抗性贡献极显著，而 *Pib* 和 *Pita* 的检出率分别为 37.2% 和 45.5%，均对穗颈瘟抗性贡献不显著。陆展华等^[7]研究表明 70 份广东省主栽水稻品种和骨干亲本中 *Pi2* 抗性基因仅占 14.3%，但抗性贡献率显著。本研究表明 *Pid2*、*Pita*、*Pi5*、*Pikm*、*Pikh*、*Pi9* 基因检出率分别 84.62%、80.771%、78.21%、78.21%、75.64%、70.08%，但苗期叶瘟抗性均未达到显著差异水平，含抗性基因 *Pid2*+*Pi5*+*Pikm*+*Pikh* 组合的贡献率最低，抗性基因组合效应与苗期叶瘟抗性也不相关。因此，除简单的抗性基因聚合外，还应充分考虑不同遗传背景下抗性基因的强弱及基因间的互作效应。

4 结论

云南三地布朗族聚集区的地方稻种资源苗期稻瘟病抗性占比表现为：勐海县（99.00%）> 墨江县（89.09%）> 双江县（80.59%），并含 *Pid2*、*Pita*、*Pi5*、*Pikm*、*Pikh* 和 *Pi9* 共 6 个抗性基因，其中，*Pid2* 基因频率最高，*Pi9* 基因频率最低。筛选出 38 份对 10 个菌株抗性为 100% 且含 *Pid2* 和 *Pi9* 基因的资源，是拓宽水稻稻瘟病抗性遗传背景的重要资源。

参考文献（References）：

[1] 王占春, 钟桂涛, 张贝贝, 谢怡琳, 唐定中, 王伟. 水稻稻瘟病抗性基因研究进展[J/OL]. 遗传, 1-15 [2025-01-05]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.1913.R.20250225.1056.002.html>.
WANG Z C, ZHONG G T, ZHANG B B, XIE Y L, TANG D Z, WANG W. Research advances in rice blast resistance genes [J/OL]. *Hereditas*, 1-15 [2025-01-05]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.1913.R.20250225.1056.002.html>.
[2] 肖宁, 吴云雨, 王如意, 赵均良, 余玲, 高鹏, 郝泽芸, 宁约瑟, 李爱宏. 水稻抗稻瘟病基因克隆及其育种应用研究进展[J/OL].

- 生命科学, 1-17 [2025-01-22]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/31.1600.Q.20250121.1523.006.html>.
- XIAO N, WU Y Y, WANG R Y, ZHAO J L, YU L, GAO P, HAO Z Y, NING Y S, LI A H. Advancements in cloning of rice blast resistance [J/OL]. *Chinese Bulletin of Life Sciences*, 1-17 [2025-01-22]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/31.1600.Q.20250121.1523.006.html>.
- [3] 杨婕, 杨长登, 曾宇翔, 侯雨萱, 陈天晓, 梁燕. 水稻稻瘟病抗性基因挖掘与利用研究进展 [J]. *中国水稻科学*, 2024, 38(6):591-603. DOI:10.16819/j.1001-7216.2024.230911.
- YANG J, YANG C D, ZENG Y X, HOU Y X, CHEN T X, LIANG Y. Research progress in mining and utilization of rice blast resistance genes [J]. *Chinese Journal of Rice Science*, 2024, 38(6):591-603. DOI:10.16819/j.1001-7216.2024.230911.
- [4] 周弋力, 张亚玲, 赵宏森, 靳学慧. 黑龙江省主栽水稻品种抗稻瘟病基因的分子检测与分析 [J]. *作物杂志*, 2019(3):172-177. DOI:10.16035/j.issn.1001-7283.2019.03.029.
- ZHOU Y L, ZHANG Y L, ZHAO H S, JIN X H. Molecular detection and analysis of rice blast resistance genes in main rice varieties in Heilongjiang Province [J]. *Crops*, 2019(3):172-177. DOI:10.16035/j.issn.1001-7283.2019.03.029.
- [5] 田维连, 董丽英, 资鸿强, 刘树芳, 刘沛, 杨勤忠. 6 个抗稻瘟病基因在云南省勐海县水稻主栽品种中的分布 [J]. *中国农学通报*, 2024, 40(20):130-134. DOI:10.11924/j.issn.1000-6850.cash2023-0524.
- TIAN W K, DONG L Y, ZI H Q, LIU S F, LIU P, YANG Q Z. Distribution of six rice blast resistance genes in main rice varieties in Menghai County of Yunnan Province [J]. *Chinese Agricultural Science Bulletin*, 2024, 40(20):130-134. DOI:10.11924/j.issn.1000-6850.cash2023-0524.
- [6] 吴子帅, 李虎, 陈传华, 刘广林, 罗群昌, 覃孙骞, 朱其南. 常规籼稻品种资源的稻瘟病抗性基因及穗颈瘟抗性分析 [J]. *华南农业大学学报*, 2023, 44(5):718-724. DOI: 10.7671/j.issn.1001-411X.202305013.
- WU Z S, LI H, CHEN C H, LIU G L, LUO Q C, QIN S J, ZHU Q N. Analysis of blast resistance genes and panicle neck blast resistance of conventional *indica* rice varieties [J]. *Journal of South China Agricultural University*, 2023, 44(5):718-724. DOI: 10.7671/j.issn.1001-411X.202305013.
- [7] 陆展华, 付巍巍, 刘维, 卢东柏, 王晓飞, 王石光, 何秀英. 广东省主栽水稻品种稻瘟病主效抗性基因的鉴定及分析 [J]. *植物病理学报*, 2020, 50(6):711-722. DOI:10.13926/j.cnki.apps.000505.
- LU Z H, FU W W, LIU W, LU D B, WANG X F, WANG S G, HE X Y. Identification and analysis of major resistance genes to *Magnaporthe oryzae* in main rice varieties in Guangdong Province [J]. *Acta Phytopathologica Sinica*, 2020, 50(6):711-722. DOI:10.13926/j.cnki.apps.000505.
- [8] 何海燕, 柴荣耀, 邱海萍, 毛雪琴, 王艳丽, 孙国仓. 五个抗稻瘟病基因在浙江省水稻品种中的分布和抗性评价 [J]. *浙江农业学报*, 2019, 31(6):922-929.
- HE H Y, CHAI R Y, QIU H P, MAO X Q, WANG Y L, SUN G C. Distribution and resistance evaluation of 5 rice blast-resistant genes in cultivated rice varieties in Zhejiang [J]. *Acta Agriculturae Zhejiangensis*, 2019, 31(6):922-929.
- [9] 李刚, 王健, 曹奎荣, 李军, 孙祥良, 程保山, 罗伯祥, 杨子博, 徐卫军, 唐久友, 储成才, 袁彩勇. 江苏水稻主导品种的稻瘟病抗性及其抗性基因遗传多样性 [J]. *湖南农业大学学报 (自然科学版)*, 2017, 43(3):238-243. DOI:10.13331/j.cnki.jhau.2017.03.003.
- LI G, WANG J, CAO K R, LI J, SUN X L, CHENG B S, LUO B X, YANG Z B, XU W J, TANG J Y, CHU C C, YUAN C Y. Blast resistance of the main rice cultivars in Jiangsu and genetic diversity of blast resistance genes [J]. *Journal of Hunan Agricultural University (Natural Sciences)*, 2017, 43(3):238-243. DOI:10.13331/j.cnki.jhau.2017.03.003.
- [10] 马继琼, 孙一丁, 杨奕, 李进斌, 陈惠查, 焦爱霞, 谭金玉, 阮仁超, 许明辉. *Pik1*, *Pi2*, *Pi9*, *Pi5* 4 个稻瘟病抗性基因在贵州禾中的分布 [J]. *西南农业学报*, 2018, 31(11):2217-2222. DOI:10.16213/j.cnki.scjas.2018.11.001.
- MA J Q, SUN Y D, YANG Y, LI J B, CHEN H C, JIAO A X, TAN J Y, RUAN R C, XU M H. Distribution of rice blast resistance genes *Pik1*, *Pi2*, *Pi9*, *Pi5* in local rice varieties of Guizhou Province [J]. *Southwest China Journal of Agricultural Sciences*, 2018, 31(11):2217-2222. DOI:10.16213/j.cnki.scjas.2018.11.001.
- [11] 谢倩凤, 郭建夫, 杨仕华, 陈志雄, 程本义, 黄永相, 李伟. 82 份水稻种质资源的稻瘟病抗性评价与抗性基因鉴定 [J]. *广东农业科学*, 2015, 42(14):31-35. DOI:10.16768/j.issn.1004-874X.2015.14.009.
- XIE Q F, GUO J F, YANG S H, CHEN Z X, CHENG B Y, HUANG Y X, LI W. Evaluation of blast resistance spectrum and identification of resistance genes in 82 rice germplasm resources [J]. *Guangdong Agricultural Sciences*, 2015, 42(14):31-35. DOI:10.16768/j.issn.1004-874X.2015.14.009.
- [12] 张文龙, 尚刚林, 杨勤忠, 李勇成, 杨楠, 陈俊丞, 何平, 陈恺茜, 王云月, 韩光煜. 云南省水稻地方品种的稻瘟病抗性鉴定及抗瘟基因型分析 [J]. *分子植物育种*, 2021, 19(23):7883-7891. DOI:10.13271/j.mpb.019.007883.
- ZHANG W L, SHANG G L, YANG Q Z, LI Y C, YANG N, CHEN J C, HE P, CHEN K X, WANG Y Y, HAN G Y. Identification of rice blast resistance and genotypes analysis of rice landraces in Yunnan Province [J]. *Molecular Plant Breeding*, 2021, 19(23):7883-7891. DOI:10.13271/j.mpb.019.007883.
- [13] 汪文娟, 周继勇, 汪聪颖, 苏菁, 封金奇, 陈炳, 冯爱卿, 杨健源, 陈深, 朱小源. 八个抗稻瘟病基因在华南籼型杂交水稻中的分布 [J]. *中国水稻科学*, 2017, 31(3):299-306. DOI:10.16819/j.1001-7216.2017.6114.
- WANG W J, ZHOU J Y, WANG C Y, SU J, FENG J Q, CHEN B, FENG A Q, YANG J Y, CHEN S, ZHU X Y. Distribution of eight rice blast resistance genes in *indica* hybrid rice in China [J]. *Chinese Journal of Rice Science*, 2017, 31(3):299-306. DOI:10.16819/j.1001-7216.2017.6114.
- [14] ZHAO W G, CHUNG W H, MA K H, PARD Y L. Analysis of genetic diversity and population structure of rice cultivars from Korea, China and Japan using SSR markers [J]. *Gene Genom*, 2009, 31(4):283-292. DOI:10.1007/BF03191201.
- [15] 张敦宇, 徐福荣, 余腾琼, 汤翠凤, 董超, 彭新禧, 阿新祥, 戴陆园. 云南布朗族地区种植的地方稻种及其分布特点 [J]. *植物遗传资源*

- 学报, 2011,12(1):64–70. DOI:10.13430/j.cnki.jpgr.2011.01.014.
- ZHANG D Y, XU F R, YU T Q, TANG C F, DONG C, PENG X X, A X X, DAI L Y. Indigenous rice varieties grown in Bulang minority area in Yunnan Province and their distribution characteristics [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2011, 12(1):64–70. DOI:10.13430/j.cnki.jpgr.2011.01.014.
- [16] 董超, 徐福荣, 杨文毅, 张恩来, 杨雅云, 汤翠凤, 阿新祥, 戴陆园. 布朗族当前种植稻作地方品种的 SSR 位点多样性分析 [J]. 中国水稻科学, 2011,25(2):175–181. DOI:10.3969/j.issn.1001-7216.2011.02.009.
- DONG C, XU F Y, YANG W Y, ZHANG E L, YANG Y Y, TANG C F, A X X, DAI L Y. SSR marker based diversity analysis on rice landraces currently planted by the Bulang minority in China [J]. *Chinese Journal of Rice Science*, 2011, 25(2):175–181. DOI:10.3969/j.issn.1001-7216.2011.02.009.
- [17] LI J B, SUNY D, LIU H, WANG Y Y, JIA Y L, XU M H. Natural variation of rice blast resistance gene *Pi-d2* [J]. *Genetics And Molecular Research*, 2015, 14(1):1235–49. DOI: 10.4238/2015.
- [18] LU L, WANG Q, SHI Z, LI C, GUO Z, LI J. Emergence of rice blast AVR-Pi9 resistance breaking haplotypes in Yunnan Province, China [J]. *Life (Basel)*, 2023,13(6):1320. DOI: 10.3390/life13061320.
- [19] 苏菁, 陈深, 朱小源. 水稻广谱抗病分子机理研究进展 [J]. 广东农业科学, 2020, 47(11):84–92. DOI:10.16768/j.issn.1004-874X.2020.11.010.
- SU J, CHEN S, ZHU X Y. Research progress in molecular mechanism of broad-spectrum disease resistance in rice [J]. *Guangdong Agricultural Sciences*, 2020, 47(11):84–92. DOI:10.16768/j.issn.1004-874X.2020.11.010.
- [20] 李进斌, 李成云, 陈艳, 雷财林, 凌忠专. 二十二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(2):113–119. DOI:10.1360/zc2006-36-4-320.
- LI J B, LI C Y, CHENG Y, LEI C L, LING Z Z. Evaluation of utilization value of 22 blast resistance genes in Yunnan [J]. *Journal of Plant Protection*, 2005(2):113–119. DOI:10.1360/zc2006-36-4-320.
- [21] 周伍民, 董丽英, 刘树芳, 刘沛, 张先闻, 李迅东, 黄立钰, 杨勤忠. 抗稻瘟病基因特异分子标记开发及在云南粳稻中的应用 [J/OL]. 分子植物育种, 1–25 [2024-03-07]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.s.20210928.0151.008.html>.
- ZHOU W M, DONG L Y, LIU S F, LIU P, ZHANG X W, LI X D, HUANG L Y, YANG Q Z. Development of blast resistant gene-specific molecular markers and their application in improved japonica rice cultivars of Yunnan [J/OL]. *Molecular Plant Breeding*, 1–25 [2024-03-07]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/46.1068.s.20210928.0151.008.html>.
- [22] 范德佳, 王汝琴, 陈士强, 何震天, 张容, 韩燕, 王建华. 扬辐梗系列水稻新品系稻瘟病抗性基因与穗颈瘟抗性分析 [J]. 江苏农业科学 2024,52(22):128–132. DOI:10.15889/j.issn.1002-1302.2024.22.019.
- FAN D J, WANG R Q, CHEN S Q, HE Z T, ZHANG R, HAN Y, WANG J H. Analysis of rice blast resistance genes and neck blast resistance of new rice lines “Yangfujing” [J]. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2024,52(22):128–132. DOI:10.15889/j.issn.1002-1302.2024.22.019.

【责任编辑 陈丽娥】