

基于丽江新团黑谷的稻瘟病菌致病性分化

兰波¹ 杨迎青¹ 常冬冬² 徐沛东² 李湘民¹

1. 江西省农业科学院植物保护研究所, 南昌 330200; 2. 江西农业大学生物工程学院, 南昌 330045

摘要 为明确普感品种丽江新团黑谷中稻瘟病菌致病性的分化情况, 将分离的 100 个单孢菌株分别接种到 7 个中国传统鉴别品种和 30 个抗瘟单基因品系上, 根据接种品种的抗感反应确定稻瘟病菌的优势小种类型、生理小种组成、致病力及其所含无毒基因等信息, 并与从同一地区其他寄主品种分离到的稻瘟病菌种群的致病性比较。结果表明: 从丽江新团黑谷上分离的稻瘟病菌与从整个区域不同品种上分离的病菌致病性分化情况相似, 其中从丽江新团黑谷分离的菌株各种群组成为小种 ZA 占 85.00%、ZB 占 13.00%、ZC 占 2.00%, 优势小种为 ZA1、ZA5、ZB13, 菌株平均毒性频率为 83.33%; 从其他寄主品种分离的菌株各种群组成为 ZA 占 53.85%、ZB 占 38.46%、ZC 占 5.77%、ZD 占 1.92%; 优势小种为 ZA1、ZB15、ZB13, 菌株平均毒性频率为 78.01%。

关键词 丽江新团黑谷; 稻瘟病菌; 致病性; 分化

中图分类号 S 435.111.4⁺1 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2015)01-0028-05

水稻稻瘟病是世界性的重要真菌病害, 病害流行的年份严重影响水稻产量和稻米品质, 在很多重病区甚至颗粒无收^[1]。选育和利用抗病水稻品种是防治稻瘟病的最有效措施, 但稻瘟病菌生理小种不断变化且变异较快, 育成的抗病水稻品种通常种植数年后极易丧失抗性^[2]。水稻品种丧失抗病性的主要原因是稻瘟病菌生理小种的变化以及新生理小种的出现和积累^[3-4], 因此, 了解田间稻瘟病菌生理小种的变化动态和潜在致病小种的发展趋势, 是水稻抗瘟性品种选育、新品种推广、品种合理布局和稻瘟病防治的重要课题, 也是水稻病害可持续控制的长期任务^[5-10]。

水稻稻瘟病菌 (*Magnaporthe grisea*) 生理小种监测是一项十分重要的工作, 现在以多点、多面、多寄主地采样分离单孢菌株测定其小种类型^[11], 可准确反映某一地区总体稻瘟病菌生理小种组成与分布情况, 但这种方法工作量较大且费时费力。本试验从江西省井冈山稻瘟病抗性鉴定基地种植的不含已知抗瘟基因品种丽江新团黑谷 (Lijiangxintuanheigu, LTH) 稻瘟病菌标本中分离单孢菌株, 利用 7 个中国传统鉴别品种和 30 个单基因抗瘟品系分别测定稻瘟病菌致病性分化情况及其无毒基因, 并与这一地区多点不同品种标本分离的稻瘟病菌致病性

分化情况进行比较, 旨在明确 LTH 稻瘟病菌群体构成与当地整体稻瘟病菌群体的相关性, 为监测稻瘟病菌生理小种和鉴定品种抗性基因的研究提供新途径。

1 材料与方法

1.1 供试材料

供试菌株: 从江西省井冈山稻瘟病抗性鉴定基地种植的 LTH 采集分离的 100 个有效单孢菌株和从其他 20 个水稻品种上分离的 200 个单孢菌株。

供试品种: 中国农业科学院作物栽培研究所育成的 6 个水稻抗稻瘟病近等基因系和国际水稻研究所与日本合作育成的 24 个水稻抗稻瘟病单基因系 (表 1); 7 个中国鉴别寄主特特勃、珍龙 13、四丰 43、东农 363、关东 51、合江 18 和 LTH 均由广东省农业科学院朱小源博士惠赠。

1.2 接种孢子液的制备

单孢菌株在含 PDA 培养基试管里培养 7~10 d 后转接到玉米粉稻秆琼脂培养基上扩大培养 7~9 d, 然后在黑光灯下光照培养 3~4 d。用无菌水冲洗孢子, 将接种孢子液浓度调至 1×10^5 个/mL 备用。菌株培养及产孢均在 25℃ 下进行。

收稿日期: 2014-06-03

基金项目: 国家自然科学基金项目 (31360425); 江西省农业科学院青年创新基金项目 (2011)

兰波, 助理研究员。研究方向: 水稻真菌病害。E-mail: lanbo611@163.com

通信作者: 李湘民, 博士, 研究员。研究方向: 植物病原真菌学。E-mail: xmli1025@aliyun.com

表 1 30 个单基因品系所含的抗瘟基因¹⁾

Table 1 *Pi*-genes in 30 monogenic lines

单基因系 Monogenic lines	基因 Gene	供体 Donor	单基因系 Monogenic lines	基因 Gene	供体 Donor
IRBLa-A	<i>Pi-a</i> (1)	Aichi-asahi	IRBLsh-S	<i>Pi-sh</i> (1)	Shin 2
IRBLa-C	<i>Pi-a</i> (2)	CO39	IRBLsh-B	<i>Pi-sh</i> (2)	BL1
IRLBLi-F5	<i>Pi-i</i>	Fujisaka 5	F80-1	<i>Pi-k</i> (2)	荔支江 Lizhijiang
IRBLks-F5	<i>Pi-ks</i> (1)	Fujisaka 5	F98-7	<i>Pi-k^m</i>	华北大米 Huabeidami
IRBLks-S	<i>Pi-ks</i> (2)	Shin 2	F124-1	<i>Pi-ta</i> (2)	Tadukan
IRBLk-Ka	<i>Pi-k</i> (1)	Kanto 51	F128-1	<i>Pi-ta²</i>	Tadukan
IRBLkp-K60	<i>Pi-k^p</i> (1)	K60	F129-1	<i>Pi-k^p</i> (2)	Pusur
IRBLkh-K3	<i>Pi-k^h</i>	K3	F145-2	<i>Pi-b</i> (2)	Tijahaja
IRBLz-Fu	<i>Pi-z</i>	Fukunishiki	IRBL1-CL	<i>Pi-1</i> (1)	C101LAC
IRBLz5-CA	<i>Pi-z⁵</i>	C101A51	IRBL3-CP4	<i>Pi-3</i> (1)	C104PKT
IRBLzt-T	<i>Pi-z^t</i>	Toride 1	IRBL5-M	<i>Pi-5</i> (t)	Shin 2
IRBLta-CT2	<i>Pi-ta</i> (2)	C105TTP2L9	IRBL7-M	<i>Pi-7</i> (t)	RIL29
IRBLta-CP1	<i>Pi-ta</i> (1)	C101PKT	IRBL9-W	<i>Pi-9</i> (t)	WHD-IS-75-1-127
IRBLb-B	<i>Pi-b</i> (1)	BL1	IRBL12-M	<i>Pi-12</i> (t)	RIL10
IRBLt-K59	<i>Pi-t</i>	K59	IRBL19-A	<i>Pi-19</i> (t)	Aichi-asahi

1)具有相同名称的基因后面加“(1)”和“(2)”表示基因来源不同。“(1)”和“(2)” were attached to the same genes and standed for the different origins separately.

1.3 致病性的测定

水稻种子催芽后穴播于长 35 cm、宽 30 cm、高 5 cm 的塑料育秧盘里(50 个孔),每盘播 37 份材料,每份材料播种量为 8~10 粒。采用早育秧,待秧苗长至 2 叶 1 心期,每盘施尿素 0.5 g,接种前共施 3 次。待秧苗长至 3.5~4.0 叶龄,用制备的孢子液进行人工喷雾接种,接种菌液量为每盘 40 mL。接种前在孢子悬浮液中加入 0.1% 吐温 20,接种后将秧苗置于培养箱中暗培养,在 25℃ 下保湿 24 h。之后置于温室,在 25~28℃ 下保湿至秧苗发病,接种 7 d 后进行抗性测定。每个菌株的致病性测定均设 2 个重复。病级调查按国际水稻研究所稻瘟病菌苗瘟分级标准进行,1~3 级为抗病、4~9 级为感病,并按照中国稻瘟病菌生理小种联合试验组提出的方法划分稻瘟病菌生理小种^[12]。

1.4 致病率与毒力频率的计算

致病性测定参照杨秀娟等^[13]的方法进行,单个菌株对所有测试水稻品种(基因)的致病率(pathogenic frequency, PF)=(感病的水稻品种数/所有测试水稻品种数)×100%,其中 PF≥70%为强致病力,50%≤PF≤69%为较强致病力,29%≤PF≤49%为中等致病力,PF<30%为弱致病力。

稻瘟病菌无毒基因的出现频率(occurance frequency, OF)=(出现某个无毒基因的菌株数/总菌株数)×100%。

2 结果与分析

2.1 同一寄主稻瘟病单孢菌的生理小种

利用 7 个中国传统鉴别品种和 30 个近等单基因系抗瘟品种,对 100 个从 LTH 稻瘟病菌标本中分离的单孢菌株分别测定生理小种和致病力。试验结果表明,测试菌株可分为 3 个种群 11 个小种,其中 ZA 占 85.00%, ZB 占 13.00%, ZC 占 2.00%(图 1)。

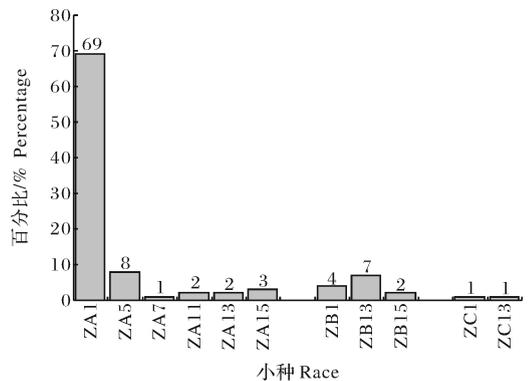


图 1 丽江新团黑谷中稻瘟病菌的生理小种

Fig. 1 Physiological races of rice blast strains from LTH

来源于寄主品种 LTH 稻瘟病菌致病性测定结果表明,所有菌株的毒力频率为 63.33%~96.67%(表 2)。ZA 种群包括 ZA1(69%)、ZA5(8%)、ZA7(1%)、ZA11(2%)、ZA13(2%)、ZA15(3%),ZB 种群包括 ZB1(4%)、ZB13(7%)、ZB15(2%),ZC 种

群包括 ZC1(1%)、ZC13(1%)。100 个单孢菌株中对 30 个单基因抗病品种的毒力频率最高为 100%，最低为 63.33%，平均 83.33%，其中毒力频率在 60%以下、60%~80%、80%~100%所占比例分别为 0、39%、61%。

分析结果表明,从同一品种病标样中分离的稻瘟病单孢菌株包含有不同的生理小种种群和生理小

种,但其中某一种群和某一生理小种占绝对优势,如 ZA 种群菌株数占 85%,而 ZA1 小种菌株数占 69%。分离的单孢菌株的致病力也有差异,对 30 个单基因抗病品种的毒力频率范围为 63.33%~100%。测定结果显示,分离出的 100 个单孢菌株都是中等致病力和强致病力菌株,分别占 39%和 61%,且未测得弱致病力菌株。

表 2 来源于寄主品种 LTH 稻瘟病菌致病性的测定

Table 2 The pathogenicity identification of rice blast strains from LTH

菌株编号 No. strain	毒力频率/% Virulence frequency	小种类型 Race type	菌株编号 No. strain	毒力频率/% Virulence frequency	小种类型 Race type	菌株编号 No. strain	毒力频率/% Virulence frequency	小种类型 Race type
12z6-1	90.00	ZA1	12z6-35	67.67	ZC1	12z6-69	86.67	ZA1
12z6-2	83.33	ZA1	12z6-36	63.33	ZB13	12z6-70	80.00	ZA5
12z6-3	100.00	ZA1	12z6-37	93.33	ZA1	12z6-71	86.67	ZA1
12z6-4	83.33	ZA1	12z6-38	83.33	ZA1	12z6-72	86.67	ZA1
12z6-5	86.67	ZB13	12z6-39	73.33	ZA1	12z6-73	76.67	ZA15
12z6-6	83.33	ZA1	12z6-40	80.00	ZA5	12z6-74	80.00	ZA1
12z6-7	70.00	ZA1	12z6-41	80.00	ZA1	12z6-75	70.00	ZA1
12z6-8	96.67	ZA1	12z6-42	86.67	ZA1	12z6-76	83.33	ZA1
12z6-9	83.33	ZA1	12z6-43	96.67	ZA5	12z6-77	93.33	ZA5
12z6-10	83.33	ZA1	12z6-44	90.00	ZA1	12z6-78	80.00	ZA1
12z6-11	86.67	ZA1	12z6-45	83.33	ZA1	12z6-79	86.67	ZA1
12z6-12	76.67	ZA1	12z6-46	100.00	ZA1	12z6-80	76.67	ZA7
12z6-13	86.67	ZA1	12z6-47	86.67	ZA1	12z6-81	80.00	ZA1
12z6-14	80.00	ZA5	12z6-48	80.00	ZB13	12z6-82	83.33	ZB13
12z6-15	86.67	ZA1	12z6-49	83.33	ZA1	12z6-83	86.67	ZA1
12z6-16	86.67	ZA1	12z6-50	70.00	ZA1	12z6-84	73.33	ZA1
12z6-17	76.67	ZA15	12z6-51	96.67	ZA1	12z6-85	90.00	ZA1
12z6-18	80.00	ZA1	12z6-52	83.33	ZB1	12z6-86	80.00	ZB1
12z6-19	70.00	ZA1	12z6-53	83.33	ZA11	12z6-87	86.67	ZA11
12z6-20	86.67	ZA1	12z6-54	86.67	ZA1	12z6-88	76.67	ZB13
12z6-21	93.33	ZA1	12z6-55	86.67	ZA1	12z6-89	83.33	ZA1
12z6-22	86.67	ZA13	12z6-56	80.00	ZA1	12z6-90	70.00	ZA1
12z6-23	76.67	ZB1	12z6-57	76.67	ZA15	12z6-91	96.67	ZA1
12z6-24	80.00	ZA1	12z6-58	80.00	ZA1	12z6-92	83.33	ZA1
12z6-25	90.00	ZB13	12z6-59	76.67	ZA1	12z6-93	83.33	ZA1
12z6-26	67.67	ZA1	12z6-60	86.67	ZA1	12z6-94	86.67	ZA1
12z6-27	63.33	ZB15	12z6-61	83.33	ZA1	12z6-95	83.33	ZA1
12z6-28	83.33	ZA1	12z6-62	86.67	ZA13	12z6-96	86.67	ZA1
12z6-29	93.33	ZA1	12z6-63	76.67	ZB1	12z6-97	90.00	ZA5
12z6-30	73.33	ZA1	12z6-64	90.00	ZA1	12z6-98	80.00	ZA1
12z6-31	80.00	ZA5	12z6-65	80.00	ZB13	12z6-99	76.67	ZC13
12z6-32	90.00	ZA1	12z6-66	87.67	ZA1	12z6-100	96.67	ZA1
12z6-33	86.67	ZA1	12z6-67	63.33	ZB15			
12z6-34	93.33	ZA5	12z6-68	86.67	ZA1			

2.2 同一地区 LTH 与其他品种稻瘟病菌的致病性

从 LTH 稻瘟病菌标本中分离的 100 个单孢菌株可划分为 ZA、ZB、ZC 3 个种群;同一地区种植的其他 20 个水稻品种标本分离的 200 个稻瘟病单孢菌株可划分为 ZA、ZB、ZC、ZD 4 个种群,优势小种为 ZA1(32.69%)、ZB13(15.38%)、ZB15(7.69%),

对 30 个抗瘟单基因系的平均致病频率为 78.01% (表 3)。

测定结果显示,不含任何抗瘟基因品种 LTH 的稻瘟病菌致病性分化,包括生理小种组成、优势小种构成及出现频率、致病力强弱等与同一地区总体稻瘟病菌致病性的分化高度相符。

表 3 LTH 与其他水稻品种稻瘟病菌致病性的比较

Table 3 The pathogenic comparison of *Magnaporthe grisea* from LTH and other rice cultivars

来源品种 Source cultivar	种群 Population				优势小种 Dominant race	平均致病力 Average virulence
	ZA	ZB	ZC	ZD		
LTH	85.00	13.00	2.00	0.00	ZA1(69.00)、ZA5(8.00)、ZB13(7.00)	83.03
其他品种 Other cultivars	53.85	38.46	5.77	1.92	ZA1(32.69)、ZB13(15.38)、ZB15(7.69)	78.01

2.3 同一寄主稻瘟病单孢菌无毒基因的测定

利用 30 个已知抗瘟基因的单基因系抗病品种接种从 LTH 稻瘟病菌标本中分离的 100 个稻瘟病单孢菌, 根据 Flor 的基因对基因学说^[14], 由鉴定品种的抗感反应推导出所接种稻瘟病菌所含的无毒基因(表 4)。

由表 4 可知, 除 *Avr-a*(2) 外, 其余 29 个无毒基因均有出现, 其中 *Avr-k*、*Avr-zt*、*Avr-z5*、*Avr-1*(1)、*Avr-k* 与 *Avr-k*(C) 等 6 个无毒基因在出现频率都高于 50%, 说明与之相对应的抗瘟基因的水稻品种在该地区可以应用。

表 4 100 个水稻稻瘟病菌所含无毒基因的出现频率

Table 4 The occurrence frequency of avirulence genes in 100 rice blast strains from LTH

无毒基因 Avirulence gene	出现频率/% Occurance frequency	无毒基因 Avirulence gene	出现频率/% Occurance frequency
<i>Avr-a</i> (1)	16.67	<i>Avr-sh</i> (1)	16.67
<i>Avr-a</i> (2)	0.00	<i>Avr-sh</i> (2)	12.82
<i>Avr-I</i>	39.74	<i>Avr-k</i> (C)	65.38
<i>Avr-ks</i> (1)	5.13	<i>Avr-km</i>	7.69
<i>Avr-ks</i> (2)	38.46	<i>Avr-ta</i> (C)	3.85
<i>Avr-k</i>	78.21	<i>Avr-ta2</i>	17.95
<i>Avr-kp</i>	67.95	<i>Avr-kp</i> (C)	8.97
<i>Avr-kh</i>	65.38	<i>Avr-b</i> (C)	14.10
<i>Avr-z</i>	19.23	<i>Avr-1</i> (1)	64.10
<i>Avr-z5</i>	58.97	<i>Avr-3</i> (1)	47.43
<i>Avr-zt</i>	92.31	<i>Avr-5</i> (t)	20.51
<i>Avr-ta</i> (2)	14.10	<i>Avr-7</i> (t)	60.26
<i>Avr-ta</i>	12.85	<i>Avr-9</i> (t)	57.69
<i>Avr-b</i>	3.85	<i>Avr-12</i> (t)	52.56
<i>Avr-t</i>	6.41	<i>Avr-19</i> (t)	15.38

3 讨论

稻瘟病的普遍发生, 给水稻生产造成极大危害。为了减少稻瘟病造成的损失, 越来越多的研究者不断采用不同的鉴别品种进行生理小种的研究和监测。了解生理小种的类型分布和变异规律, 尤其是优势生理小种的动态变化和致病性变异趋势, 掌握当地生理小种对单基因品种的致病性, 对抗病品种的合理利用和抗性基因的有效挖掘有重要意义^[15]。本试验选用不含已知抗瘟基因的水稻品种丽江新团黑谷(LTH)作为稻瘟病寄主品种分离稻瘟病菌进行生理小种测定, 分离到的 100 个稻瘟病单孢菌株可划为 ZA、ZB、ZC 3 个种群, 出现频率分别为 85.00%、13.00%、2.00%, 优势小种分别为 ZA1(69%)、ZA5(8%)、ZB13(7%), 对 30 个抗瘟单基因系的平均致病频率为 83.03%; 同时在同一地区种植的其他 20 个水稻品种标本分离的 200 个稻瘟病单孢菌株可划分为 ZA、ZB、ZC、ZD 4 个种群, 优

势小种为 ZA1(32.69%)、ZB13(15.38%)、ZB15(7.69%), 对 30 个抗瘟单基因系的平均致病频率为 78.01%。试验结果表明, 从 LTH 分离的稻瘟病菌种群与当地总体稻瘟病菌的种群构成和致病力十分相近, 因此, 可以在某一地区 LTH 稻瘟病菌标本上分离单孢菌株来测定该地区的稻瘟病菌生理小种。了解这一地区的稻瘟病菌生理小种类型分布和变异规律, 可以减少从众多寄主品种上分离稻瘟病菌来测定这一地区的稻瘟病菌小种类型, 从而节省大量人力物力。今后将继续在多点多年份采集稻瘟病菌标本, 以进一步验证此结果。

掌握一个地区稻瘟病菌的种群动态和优势小种, 获得有价值的抗病基因信息和材料, 有利于育种专家采用分子标记等方法选育抗病品种, 因此, 生理小种的研究热点将会从鉴定小种型向生理小种包含的无毒基因转变, 对生理小种的分布研究也将转化为无毒基因的分布研究^[16]。本试验在 30 个抗瘟单基因品系上, 接种来自 LTH 的稻瘟病菌, 通过抗感反应结果, 依据 Flor 的基因对基因学说, 推导接种稻瘟病菌所含的无毒基因。结果显示: 在 100 个稻瘟病菌株中共出现 29 个与供试抗瘟单基因品系所对应的无毒基因, 其中 *Avr-k*、*Avr-zt*、*Avr-z5*、*Avr-1*(1)、*Avr-k* 与 *Avr-k*(C) 等 6 个无毒基因出现频率都高于 50%, 说明与之相对应的抗瘟基因在该地区的抗病育种中有重要的应用价值; *Avr-a*(2) 没有在所接种的菌株出现, 因此, 所含与之对应的抗瘟基因品种应当在该地区慎用。

LTH 是一种不含已知抗瘟基因的水稻品种, 在理论上可以侵染它的稻瘟病菌很多, 因此, 从 LTH 稻瘟病菌标本上分离单孢菌株来测定某一地区的稻瘟病菌生理小种构成与动态变化具有一定的代表性和可信性, 这在本试验结果中已得到初步验证。利用 30 个抗瘟单基因品系接种从 LTH 上分离到的稻瘟病菌, 可以了解该地区稻瘟病菌的致病力强弱和所含无毒基因等信息, 故加强从 LTH 分离稻瘟病菌的致病性分化研究, 对当地稻瘟病的防控具有重要意义。

参 考 文 献

- [1] 沈瑛, ADREI T H, 朱旭东, 等. 中国部分杂交稻和常规早籼、晚粳品种(系)的抗瘟性[J]. 中国农业科学, 2004, 37(3): 362-369.

- [2] 李瑞富,任斌,贾龙. 宁夏水稻主栽品种抗稻瘟病性鉴定研究[J]. 宁夏农学院学报, 2003, 24(3): 6-10.
- [3] 陈家豪,张学博,曾汗章,等. 福建早稻主栽品种(组合)抗瘟性鉴定及其影响因素[J]. 福建农业大学学报, 2000, 29(3): 346-350.
- [4] 彭绍裘,刘二明,黄费元,等. 水稻持久抗瘟性研究[J]. 植物保护学报, 1996, 23(4): 293-299.
- [5] 黄瑞荣,华菊玲,王梅和,等. 江西省稻瘟病发生流行趋势和治理对策探讨[J]. 江西农业学报, 2006, 18(5): 80-82.
- [6] 刘志恒,王经纬,杨红,等. 2005—2007年辽宁省稻瘟病菌种群动态分析[J]. 沈阳农业大学学报, 2009, 40(3): 282-285.
- [7] 郭晓莉,刘晓梅,李莉,等. 吉林省稻瘟病菌生理小种及变化规律研究[J]. 吉林农业科学, 2009, 34(3): 33-35.
- [8] 范静华,陈海如. 云南稻瘟病菌生理小种及变化规律研究[J]. 云南农业科技, 1998(5): 18-21.
- [9] 肖佳雷,张国民,辛爱华,等. 黑龙江省2006年水稻主产区稻瘟病生理小种动态分析[J]. 东北农业大学学报, 2009, 40(3): 12-15.
- [10] 李桦,邓镐燮. 黑龙江省稻瘟病菌生理小种小种动态研究[J]. 植物保护, 1985, 15(5): 2-4.
- [11] 王桂玲,宋成艳,刘乃生,等. 2007—2011年黑龙江省稻瘟病菌生理小种鉴定[J]. 黑龙江农业科学, 2012(11): 58-61.
- [12] 孙溯沅,金敏忠,张志明,等. 水稻稻瘟病及其防治[M]. 上海: 上海科学技术出版社, 1984.
- [13] 杨秀娟,阮宏椿,杜宜新,等. 福建省稻瘟病菌致病性及其无毒基因分析[J]. 植物保护学报, 2007, 34(4): 337-342.
- [14] FLOR H. Current status of the gene-for-gene concept [J]. Ann Rev Phytopath, 1971, 9: 275-296.
- [15] 刘晓梅,郭晓莉,刘明一,等. 吉林省稻瘟病菌的致病性分析[J]. 吉林农业科学, 2011, 36(5): 47-49.
- [16] 肖丹凤,张佩胜,王玲,等. 中国稻瘟病菌种群分布及优势生理小种的研究进展[J]. 中国水稻科学, 2013, 27(3): 312-320.

Pathogenicity differentiation of rice blast pathogen (*Magnaporthe grisea*) based on Lijiangxintuanheigu

LAN Bo¹ YANG Ying-qing¹ CHANG Dong-dong² XU Pei-dong² LI Xiang-min¹

1. Plant Protection Institute, Jiangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanchang 330200, China;

2. College of Bioengineering, Jiangxi Agricultural University, Nanchang 330045, China

Abstract To clarify the pathogenicity differentiation of *Magnaporthe oryzae* in the generally susceptible variety Lijiangxintuanheigu (LTH), 7 Chinese traditional differential varieties and 30 anti-blast monogenic lines were inoculated respectively with 100 single spore strains isolated from Lijiangxintuanheigu. According to the inoculation results, the composition of physiology races, the types of dominant races, virulence and avirulence genes of *Magnaporthe oryzae* were found. The above results were compared with the pathogenicity of *Magnaporthe oryzae* from other cultivars in the one region, and it showed that the pathogenicity differentiation of *Magnaporthe oryzae* from Lijiangxintuanheigu was similar to those isolated from other varieties in the area. The population composition of *Magnaporthe oryzae* from Lijiangxintuanheigu was ZA (85.00%), ZB (13.00%), ZC (2.00%), dominant races were ZA1, ZA5, ZB13; the average virulence was 83.33%. And the population composition of *Magnaporthe oryzae* from other cultivars were ZA (53.85%), ZB (38.46%), ZC (5.77%), ZD (1.92%); dominant races were ZA1, ZB15, ZB13; the average virulence was 78.01%. So the study of monitoring physiology races of *Magnaporthe oryzae* was of great reference value in the identification of resistance genes of rice cultivar and acquisition of rice blast samples.

Key words Lijiangxintuanheigu; rice blast pathogen (*Magnaporthe grisea*); pathogenicity; differentiation