

# 皖鄂地区水稻纹枯病菌致病力分化研究

王玲<sup>1</sup> 黄雯雯<sup>1,2</sup> 黄世文<sup>1,2,\*</sup> 刘联盟<sup>1</sup> 刘恩勇<sup>1,2</sup>

(<sup>1</sup>中国水稻研究所, 浙江 杭州 310006; <sup>2</sup>广西大学 农学院, 广西 南宁 530003; \* 通讯联系人, E-mail: swhuang666@sohu.com)

## Pathogenicity Differentiation of Rice Sheath Blight Pathogen *Rhizoctonia solani* AG 1 A Isolates from Anhui and Hubei Provinces, China

WANG Ling<sup>1</sup>, HUANG Wenwen<sup>1,2</sup>, HUANG Shiwen<sup>1,2,\*</sup>, LIU Lianmeng<sup>1</sup>, LIU Enyong<sup>1,2</sup>

(<sup>1</sup>China National Rice Research Institute, Hangzhou 310006, China; <sup>2</sup>Agricultural College, Guangxi University, Nanning 530003, China;

\* Corresponding author, E-mail: swhuang666@sohu.com)

WANG Ling, HUANG Wenwen, HUANG Shiwen, et al. Pathogenicity differentiation of rice sheath blight pathogen *Rhizoctonia solani* AG 1 A isolates from Anhui and Hubei Provinces, China. Chin J Rice Sci, 2010, 24(6): 623-629.

Abstract: Pathogenicity variation of 200 isolates of rice sheath blight (SB) pathogen *Rhizoctonia solani* AG 1 A from the infected samples from provinces of Anhui and Hubei, China were analyzed by using five cultivars with different resistance to SB at the seedling stage in greenhouse. There were significant differences in pathogenicity among these tested isolates of *R. solani* AG 1 A. The frequency of average disease index followed a normal school distribution. Based on their disease indices to the five cultivars, the isolates were classified into three distinct pathotype groups by dynamic cluster analysis, i.e. weak, moderate and strong pathotypes, accounting for 29.5%, 60.5% and 10.0%, respectively. The moderate pathotypes were dominant. Random distribution of pathotypes in different areas implied that *R. solani* AG 1 A population was a mixture of pathotypes naturally. The Mantel testing revealed that the pathogenicity variation was not obviously correlated with the collective location. The discriminant functions of the three pathotypes were constructed based on the Bayes method. The accurate rate for discrimination was up to 95.00%. The results indicate that dynamic cluster and discriminant analysis can be used to evaluate the pathogenicity differentiation of *R. solani* AG 1 A.

Key words: *Rhizoctonia solani*; pathogenicity differentiation; cluster analysis; Bayes discrimination

王玲, 黄雯雯, 黄世文, 等. 皖鄂地区水稻纹枯病菌致病力分化研究. 中国水稻科学, 2010, 24(6): 623-629.

摘要: 采用温室苗期接种鉴定法, 以抗感反应不同的 5 个水稻品种为材料, 对从安徽省和湖北省采集的水稻纹枯病感病标样上分离的 200 个菌株进行了致病性鉴定。结果表明, 水稻纹枯病菌不同菌株间致病力存在明显差异, 在鉴别品种上的病情指数呈正态分布。基于 5 个鉴别品种的平均病情指数的动态聚类分析, 将 200 个菌株划分为弱、中、强 3 种致病型, 分别占供试菌株的 29.5%、60.5% 和 10.0%, 其中中等致病型菌株占优势。各致病型在地区间呈随机分布, 表明自然条件下水稻纹枯病菌为混合致病群。Mantel 测验表明, 菌株致病力差异与菌株地域来源无明显相关。采用 Bayes 法建立了各致病型的判别函数, 判别准确率达 95.00%, 说明采用聚类判别分析能够对水稻纹枯病菌致病力的分化进行合理的判断。

关键词: 水稻纹枯病菌; 致病力分化; 聚类分析; 贝叶斯判别

中图分类号: S435.111.4+2

文献标识码: A

文章编号: 1001-7216(2010)06-0623-07

水稻纹枯病主要是由立枯丝核菌 (*Rhizoctonia solani*) 第一菌丝融合群 AG 1 A 亚群引起的一种土传病害<sup>[1]</sup>。近年来, 随着感病品种的大面积种植、氮肥用量的增加以及耕作制度的改变, 加之全球气候变暖的影响, 纹枯病菌大量积累, 纹枯病呈逐年加重的趋势。该病一般导致水稻减产 10% ~ 30%, 严重时可达 50%, 给水稻产量带来了巨大损失, 已成为我国南方稻区的第一大病害<sup>[2]</sup>。水稻纹枯病菌在自然条件下, 菌株混杂, 致病力严重分化<sup>[1]</sup>, 对不同致病力菌株的分析, 对于研究水稻纹枯病的发生、流行、种群动态和微生态关系具有重要意义。目前, 国内外的研究多集中在致病力测定方面, 对种群致病力分化的研究甚少。主要是由于缺乏一套有效

的水稻纹枯病寄主和病原菌互作的鉴别体系, 且致病力的测定易受环境因素影响<sup>[3-4]</sup>。常用于评价致病力分化的方法有牙签嵌入法<sup>[5]</sup>和离体接种法<sup>[6]</sup>, 由于牙签嵌入法工作量大、接种周期长, 而离体接种法存在重演性较差等缺陷<sup>[7]</sup>, 很难应用于大规模的接种鉴定试验。近年来出现的由苗期接种法<sup>[8]</sup>改进的苗期快速鉴定方法<sup>[9]</sup>, 大大减少了鉴定试验的工作量, 缩短了试验周期, 接种环境相对可控, 具有

收稿日期: 2009-12-04; 修改稿收到日期: 2010-05-02。

基金项目: 国家公益性行业(农业)科研专项经费资助项目(nyhyzx07049), 中央级公益性科研院所基本科研业务费专项资金资助项目(2009RG0044), 浙江省三农五方科技协作项目(SN200711)。

较好的重复性和可靠性,较适合开展大规模的水稻纹枯病菌的致病力测定及致病性的评价。

为了明确我国皖鄂地区水稻纹枯病菌的致病力分化程度,本研究采用改进的苗期快速鉴定方法,利用已建立的一套水稻纹枯病寄主-病原物互作的鉴别品种<sup>[10]</sup>,对从皖鄂地区采集分离的水稻纹枯病菌进行了致病力测定,根据其致病力的差异进行统计学意义上的动态聚类分析,确定其是否存在致病型分化类群和优势菌群,通过 Bayes 法分析了其分类方法的可行性,并明确致病力分化与菌株来源的关系,以期为水稻纹枯病菌致病力评价体系的建立和致病力分化监控提供理论依据,丰富该病害流行学的基础理论研究,并为水稻纹枯病抗性鉴定和育种工作奠定基础。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试水稻品种

选用对水稻纹枯病抗性水平不同的 5 个水稻品种作为鉴别寄主<sup>[10]</sup>,包括 Lemont、武育粳 3 号、Jasmine 85、C418 和 YSBR1,由扬州大学农学院潘学彪教授提供。其中,Lemont 是感病品种,YSBR1 为较抗病的品种,武育粳 3 号较感纹枯病,Jasmine 85 和 C418 相对抗病。

### 1.2 水稻纹枯病菌的分离与纯化

于 2007 年和 2008 年从安徽省和湖北省的 10 个县(市)的稻区分别采集水稻纹枯病感病标样。每个地区采用随机取样原则,样本间的取样距离保持在 30 m 以上,并记录各采集点的经纬度,每个地区采集的样本均取自多个不同的水稻品种的感病组织。参照水琼脂分离法<sup>[11]</sup>对病样进行组织分离,待病原物的菌丝从病组织上长出 1 cm 时,挑取单枝菌

丝尖端进行观察,通过菌丝生长、分枝、分隔及菌核产生情况,筛选分离物,对获得的水稻纹枯病菌进行纯化培养,保存备用。各菌株的采集地点和编号如表 1 所示。

### 1.3 水稻纹枯病菌菌丝融合群的判定

菌丝融合群判定所用的标准菌株由华南农业大学资源环境学院周而勋教授提供,包括分别隶属于 AG 1 A、AG 1 B、AG 1 C、AG 2 1、AG 2 B、AG 3、AG 4、AG 5、AG 6、AG 8、AG 9 S21 和 AG BI 菌丝融合群的 12 个标准菌株。采用改进的玻片配对法<sup>[12]</sup>,将鉴定的水稻纹枯病菌分别与各菌丝融合群的标准菌株配对,保湿培养,待两菌落前缘菌丝在玻片中央相遇并开始交叉重叠时,镜检菌丝间有无相互融合的现象。根据有无菌丝融合并参照陈延熙等<sup>[12]</sup>的判定标准,判定各菌株的菌丝融合群类型。

### 1.4 水稻纹枯病菌的致病力测定

参照苗期快速鉴定法<sup>[9]</sup>稍加修改后测定水稻纹枯病菌的致病力。将供试菌株接种于装有灭菌稻谷的培养皿中,于 28℃ 下暗培养 5~6 d,待谷粒表面布满菌丝后用于接种。鉴别品种浸种、催芽后播种于装有灭菌土的塑料方盘中,每盘播 5 个鉴别品种,每个品种播 10 粒种子,作为 10 次重复。待小苗长至 3.0~3.5 叶期时,将长满菌丝的稻谷紧贴水稻幼苗基部的两侧各放置 1 粒。盘上支高 70 cm 的支架,用塑料薄膜将整个支架密封起来,空调调节薄膜内温度至 25~30℃,加湿器调节相对湿度至 80%~85%,并用红外温湿度计监测薄膜内的温度和湿度。接种后 6~7 d,待感病对照 Lemont 的植株 80%死亡时进行病情调查,记录病斑高度和植株叶挺高,计算病情指数。病情指数 = (病斑高度/植株

表 1 水稻纹枯病感病样品采集的地理位置

Table 1. Geographic locations of rice sheath blight infected samples.

群体编号 Population code	采集地点 Sampling location	纬度 Latitude(N)	经度 Longitude(E)	菌株数量 Number of isolates
AJX	安徽省绩溪县 Jixi County, Anhui Province	30°03	118°57	20
ACH	安徽省巢湖市 Chaohu City, Anhui Province	31°62	117°84	15
AXN	安徽省休宁县 Xiuning County, Anhui Province	29°78	118°21	22
ANL	安徽省南陵县 Nanning County, Anhui Province	30°90	118°34	22
AXC	安徽省宣城市 Xuancheng City, Anhui Province	31°97	118°76	21
HJZ	湖北省荆州市 Jingzhou City, Hubei Province	30°32	112°23	22
HJM	湖北省荆门市 Jingmen City, Hubei Province	31°05	112°21	19
HHG	湖北省黄冈市 Huanggang City, Hubei Province	30°49	114°86	20
HHM	湖北省黄梅县 Huangmei County, Hubei Province	30°04	115°91	19
HAL	湖北省安陆县 Anlu County, Hubei Province	31°25	113°69	20

叶挺高) × 9 级,其中病斑高度为最高病斑的上界距土表的高度,叶挺高为秧苗最高叶尖距土表的高度。

### 1.5 鉴别品种抗性鉴定的划分标准

根据水稻纹枯病菌侵染 5 个鉴别品种的平均病情指数划分水稻的抗感类型,按病害严重度分为 6 个类型:高抗或免疫(HR),病情指数为 0.00 ~ 1.50;抗病(R),病情指数为 1.51 ~ 3.00;中抗(MR),病情指数为 3.01 ~ 4.50;中感(MS),病情指数为 4.51 ~ 6.00;感(S),病情指数为 6.01 ~ 7.50;高感(HS),病情指数为 7.51 ~ 9.00。

### 1.6 数据分析

根据 5 个鉴别品种的平均病情指数,采用动态聚类分析(dynamic cluster analysis)将参试水稻纹枯病菌的致病力划分为 3 类:强致病型、中等致病型和弱致病型,确定每类致病型最终的聚类中心。选择 CANDISC 典型判别过程,以第 1 典型变量(First canonical variable, Can1)为横坐标,第 2 典型变量(Second canonical variable, Can2)为纵坐标,按相似性阈值和最小距离原则得到样本的动态聚类特征图。利用贝叶斯线性判别分析(Bayesian discriminant analysis, Bayes),建立各致病型的判别模型(判别函数),Bayes 判别函数如下: $Y_j(X) = C_{0j} + C_{1j}X_1 + C_{2j}X_2 + \dots + C_{mj}X_m$  ( $j = 1, 2, \dots, k$ )。其中  $C_{0j}$  表示固定值,  $Y_j$  表示第  $j$  类的判别函数,  $k$  是致病型的数目;  $X_1, X_2, \dots, X_m$  表示鉴别品种的平均病情指数,  $m$  为鉴别品种的数目;  $C_{1j}, C_{2j}, \dots, C_{mj}$  为各变量系数,即判别系数。将待分类菌株的观察值分别代入  $k$  个判别函数,将菌株的致病型判为函数值最大的那一类,判别准确率 = 判别正确的菌株数/实测菌株数 × 100%。

根据致病力的分级结果,计算各地区致病型频率 = (该地区某致病型的总菌株数/该地区的总菌株数) × 100%。采用系统聚类分析(Hierarchical cluster analysis)中的最短距离法计算各地区水稻纹枯病菌群体间致病力的欧氏距离(Euclidean distance)。根据病样采集点的地理坐标计算不同地区群体间的地理距离,以 Mantel 测验对各地区水稻纹枯病菌群体间致病力的欧氏距离与地理距离间的相关性进行分析。

所有的统计分析在 SAS 8.1 软件上进行。

## 2 结果与分析

### 2.1 水稻纹枯病菌的分离和菌丝融合群的判定

10 个县(市)采集的水稻纹枯病样品经分离、纯

化得到 200 个水稻纹枯病菌株。所有的菌株与隶属于融合群 *R. solani* AG 1 A 的标准菌株接触后,均表现为完全融合,且接触点附近的菌丝细胞无任何异常反应,菌丝的细胞壁和质膜在接触点完全溶解,原生质相互交流。说明 200 个水稻纹枯病菌均属于 *R. solani* AG 1 A 融合群类型, *R. solani* AG 1 A 是采集地区水稻纹枯病致病菌的优势类群。

### 2.2 水稻纹枯病菌的致病力差异

将水稻纹枯病菌接种到 5 个抗感水平不同的水稻品种上,发现所有菌株对鉴别品种都产生致病反应。方差分析表明,不同菌株的致病力存在极显著差异,鉴别品种间抗感差异明显,菌种和品种之间交互效应显著。说明菌株的致病力取决于菌株、品种以及两者的交互作用,其中水稻品种的抗性占主导作用。将同一菌株在 5 个鉴别品种上的平均病情指数进行正态分布检测,发现水稻纹枯病菌群体的致病力呈连续分布。分布频率服从正态分布  $N(3.67, 0.49^2)$ , 变化幅度为 1.51 ~ 5.47, 平均值为 3.67, 极差 3.96, 变异系数为 19.01。在 95% 置信区间内,平均病情指数为 3.59 ~ 3.76(图 1)。

### 2.3 鉴别品种对水稻纹枯病菌的抗感反应

Duncan 氏多重比较分析表明,不同鉴别品种对水稻纹枯病菌的抗性存在明显差异。其中 Lemont 对 42.5% 的菌株表现中感,武育粳 3 号对 61% 的菌株表现中抗;Jasmine 85 对 53.5% 的菌株表现中抗,对 42% 的菌株表现抗病;C418 对 46.5% 的菌株表现中抗,对 48.5% 的菌株表现抗病;YSBR1 对 73% 的菌株表现抗病(表 2)。说明 5 个鉴别品种对水稻纹枯病菌的抗性分布均匀,能够对水稻纹枯病菌菌株的致病力进行合理区分。

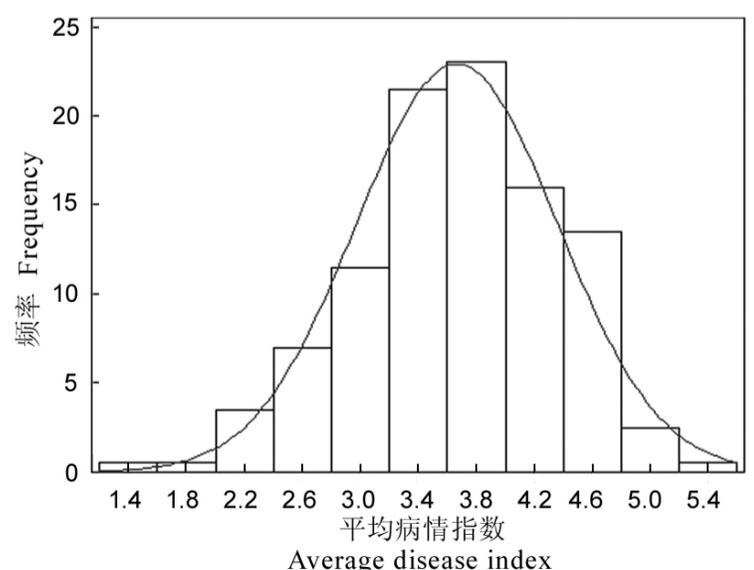


图 1 鉴别品种的平均病情指数的频率分布

Fig. 1 Frequency distribution of average disease index on differential cultivars.

表 2 鉴别品种对水稻纹枯病菌的抗感反应

Table 2 . Resistant and susceptible reaction of differential cultivars to *R. solani* AG 1 A .

品种 Cultivar	平均病情指数 Average disease index	菌株个数 Number of isolates					
		高抗 HR	抗 R	中抗 MR	中感 MS	感 S	高感 HS
Lemont	5.49 ± 0.09 aA	0	7	38	85	56	14
武育粳 3 号 Wuyujing 3	4.17 ± 0.07 bB	1	14	122	51	10	2
Jasmine 85	3.29 ± 0.05 cC	3	84	107	5	1	0
C418	2.95 ± 0.03 dD	7	97	93	3	0	0
YSBR1	2.63 ± 0.04 eE	5	146	48	1	0	0

病情指数数据后跟相同小写字母和大写字母者分别表示在 0.05 和 0.01 水平上差异不显著。表 3 同。

Disease indices followed by the common lowercase and uppercase letters are not significantly different at 0.05 and 0.01 levels, respectively. The same as in Table 3. HR, Highly resistant; R, Resistant; MR, Moderately resistant; MS, Moderately susceptible; S, Susceptible; HS, Highly susceptible.

## 2.4 水稻纹枯病菌致病力的聚类判别分析

以 5 个鉴别品种的平均病情指数为指标,用动态聚类法将水稻纹枯病菌的致病力分为 3 类,即 I 型,弱致病力; II 型,中等致病力; III 型,强致病力。由动态聚类图可以看出, I 型、II 型和 III 型菌群可较为明显区分开来。其中 I 型菌株有 59 个,占菌株总数的 29.5%; II 型菌株有 121 个,占 60.5%; III 型菌株有 20 个,占 10.0% (图 2)。由此可见,水稻纹枯病菌的主要致病型为中等致病型。按最小距离原则得到各致病型的聚类中心的病情指数, I 型菌株在鉴别品种 Lemont、武育粳 3 号、Jasmine 85、C418 和 YSBR1 上的病情指数分别为 3.88、3.29、2.48、2.26 和 2.17,平均值为 2.84; II 型菌株在 5 个品种上的病情指数分别为 5.59、4.00、3.08、2.99 和 2.68,平均值为 3.91; III 型菌株在 5 个品种上的病

情指数分别为 6.82、5.20、3.68、3.54 和 2.97,平均值为 4.64。

利用水稻纹枯病菌在鉴别品种 Lemont ( $X_1$ )、武育粳 3 号 ( $X_2$ )、Jasmine 85 ( $X_3$ )、C418 ( $X_4$ ) 和 YSBR1 ( $X_5$ ) 上的病情指数,建立了弱致病力 I 型、中等致病力 II 型和强致病力 III 型的 Bayes 线性判别函数,判别函数公式如下:

$$\text{I 型: } Y = -27.99 + 3.78 X_1 + 6.32 X_2 + 3.32 X_3 + 0.67 X_4 + 4.75 X_5;$$

$$\text{II 型: } Y = -51.94 + 6.14 X_1 + 7.61 X_2 + 4.10 X_3 + 1.74 X_4 + 5.58 X_5;$$

$$\text{III 型: } Y = -80.40 + 6.55 X_1 + 12.62 X_2 + 5.48 X_3 + 0.34 X_4 + 5.36 X_5.$$

为检验判别函数的可靠性,将 200 个供试菌株在鉴别品种上的病情指数分别代入判别函数进行判别,  $F$  检验表明判别函数的判别能力较好 ( $P < 0.01$ )。其中 190 个菌株的判别结果与动态聚类结果完全一致,只有 6 个弱致病力菌株判入了中等致病型,4 个中等致病力菌株判入了强致病型,整体的判别准确率为 95.00%。

## 2.5 水稻纹枯病菌致病力分化与地理区域的关系

比较不同地理来源的菌株致病力差异,发现来自同一地区的水稻纹枯病菌群体内有致病力分化现象,而不同地区的纹枯病菌群体间致病力没有显著差异(表 3)。说明水稻纹枯病菌的致病力与采集地关系不密切,各致病型在地区间呈随机分布状态。其中中等致病型是安徽和湖北各采集点的流行致病型。

10 个县(市)水稻纹枯病菌群体间的致病力欧氏距离在 0.00 ~ 0.63 (表 4)。对致病力的欧氏距离矩阵与相对应的地理距离矩阵进行 Mantel 测验,可

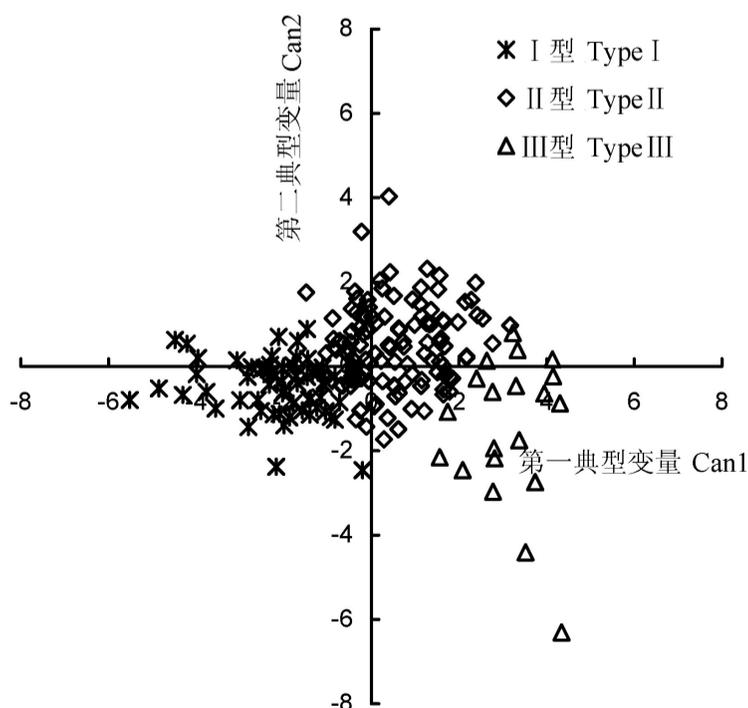


图 2 基于动态聚类法划分水稻纹枯病菌群体的致病型

Fig. 2 Classification of pathogenicity in populations of *R. solani* AG 1 A dynamic cluster analysis.

表 3 各采集地区水稻纹枯病菌群体致病型的分布

Table 3 Pathotype distribution of *R. solani* AG 1 A population from each collective location .

群体 Population	病情指数 Disease index	致病型频率 Pathotype frequency/%		
		型 Type	型 Type	型 Type
AJX	3.41 ± 0.18 bA	45.00	55.00	0.00
ACH	3.63 ± 0.17 abA	33.33	60.00	6.67
AXN	3.84 ± 0.11 abA	9.09	86.36	4.55
ANL	3.82 ± 0.15 abA	22.73	54.55	22.73
AXC	3.43 ± 0.17 abA	61.90	23.81	14.29
HJZ	3.56 ± 0.13 abA	27.27	63.64	9.09
HJM	3.56 ± 0.13 abA	36.84	52.63	10.53
HHG	3.60 ± 0.12 abA	25.00	75.00	0.00
HHM	4.04 ± 0.16 aA	10.53	78.95	10.53
HAL	3.75 ± 0.19 abA	25.00	55.00	20.00

表 4 水稻纹枯病菌群体间致病力的欧氏距离(对角线以下)与地理距离(km,对角线以上)

Table 4 Euclidean distance of pathogenicity (below diagonal) and geographical distance (in kilometers , above diagonal) between populations of *R. solani* AG 1 A .

群体 Population	AJX	ACH	AXN	ANL	AXC	HJZ	HJM	HHG	HHM	HAL
AJX		190.04	44.46	99.22	216.48	610.22	619.47	359.96	256.06	486.13
ACH	0.22		207.63	93.01	95.26	553.98	538.40	310.42	254.60	395.85
AXN	0.43	0.21		125.16	249.11	578.62	592.34	331.67	223.56	462.76
ANL	0.41	0.19	0.02		125.47	588.20	584.58	335.84	251.75	444.53
AXC	0.02	0.20	0.41	0.39		647.83	629.20	405.66	346.15	486.70
HJZ	0.15	0.07	0.28	0.26	0.13		81.19	252.92	355.08	355.08
HJM	0.15	0.07	0.28	0.26	0.13	0.00		260.72	371.68	371.68
HHG	0.19	0.03	0.24	0.22	0.17	0.04	0.04		112.57	140.04
HHM	0.63	0.41	0.20	0.22	0.61	0.48	0.48	0.44		251.40
HAL	0.34	0.12	0.09	0.07	0.32	0.19	0.19	0.15	0.29	

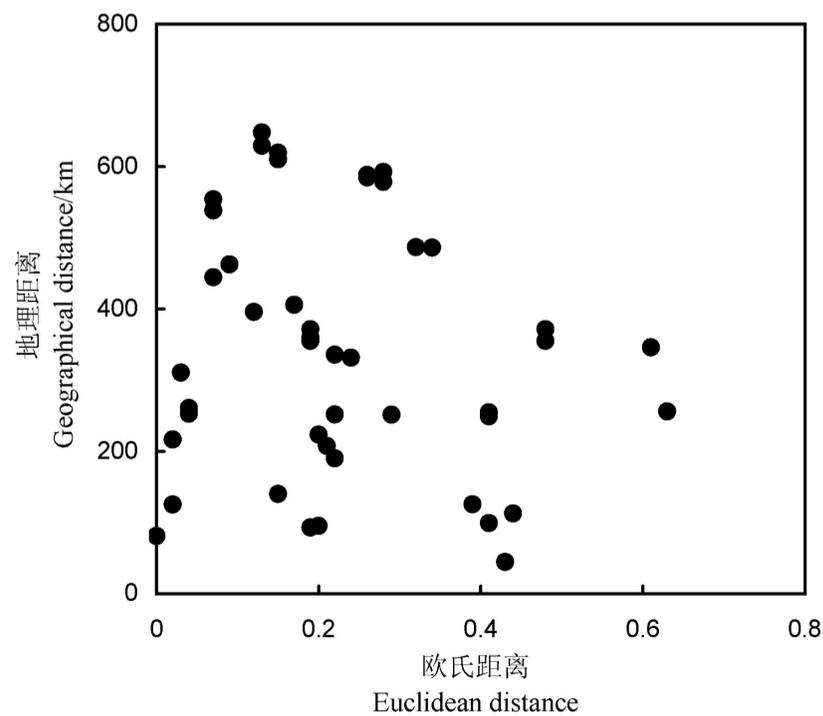


图 3 水稻纹枯病菌群体的致病力欧氏距离与地理距离间的相关性

Fig. 3 Relationship between Euclidean distance of pathogenicity and geographical distance in populations of *R. solani* AG 1 A .

可以看出,数据点比较分散,没有明显的规律性,相关系数  $r = -0.147 (P > 0.05)$  (图 3)。说明了菌株间的致病力分化与地理距离相关不显著,有 2.16% 的致病力变异可以由地理距离解释,即 97.84% 的致病力变异是由其他因素决定的。

### 3 讨论

#### 3.1 皖鄂地区水稻纹枯病菌存在一定程度的致病力分化

病原菌和寄主在长期共进化的过程中,病原菌的致病力也在不断变异。关于病原菌的致病性分化有不少报道,如稻瘟病菌、稻白叶枯病菌和小麦锈菌等<sup>[13]</sup>。本研究采用苗期接种法分析了分离自皖鄂 10 个县(市)的 200 个水稻纹枯病菌在一套抗性不同的水稻品种上的致病力。结果表明,皖鄂地区水稻纹枯病菌自然群体在所构建的鉴别品种上存在显著的致病力分化现象,是一个由弱到强连续变异的混合致病力群体,所测的大多数菌株为中等致病型。

水稻纹枯病菌的致病型在地区间呈随机分布状态,在不同地区间和同一地区内均存在不同致病型的菌株,致病型的分布与菌株地区来源无明显相关。这与 Neeraja 等<sup>[14]</sup>对印度地区水稻纹枯病菌致病力分化的研究结果一致。关于水稻纹枯病菌致病力分化的原因可能是多方面的。Singh 等<sup>[15]</sup>认为由菌丝融合产生的异核现象可引起水稻纹枯病菌致病力的分化,但异核现象与致病力分化的关系尚不清楚。Liu 等<sup>[16]</sup>认为水稻纹枯病菌致病力的差异与纹枯病菌中存在的 dsRNA 因子有关,dsRNA 的存在减弱了菌株的致病力。Linde 等<sup>[17]</sup>认为水稻纹枯病菌经有性繁殖产生的担孢子能提高菌株间基因重组的频率,易产生菌株的致病力变异。Dorrance 等<sup>[18]</sup>认为水稻纹枯病菌致病性的强弱除了受自身的遗传分化影响外,还与病菌生存的生态环境和营养环境有关。本研究认为,由于水稻纹枯病菌具有十分广泛的地理分布和宽寄主范围,极易发生致病力变异。水稻纹枯病菌群体内个体本身具有不同的基因型,是一个很大变异的混合基因型群体。因此,皖鄂地区水稻纹枯病菌致病力差异是病菌自身基因变异和环境因子相互作用的结果。

### 3.2 水稻纹枯病菌致病力分化的划分方法

在以往的研究中,提出了水稻纹枯病菌的融合群、同工酶、可溶性蛋白质、菌体脂肪酸和基因型等<sup>[19-20]</sup>,试图从生物学角度解释致病力分化的本质。但研究表明,各种生物性状的分化均无法与其致病性建立内在的相应联系<sup>[21]</sup>。根据聚类判别统计分析进行病原菌致病型划分,评价过程以数理统计作为基础,能极大地降低人为主观因素对评价结果的影响。如智海剑等<sup>[22]</sup>采用聚类判别分析将 68 个大豆品种对大豆花叶病毒的数量抗性分为 6 种不同抗性类型,回判符合率达到 95.60%。刘波等<sup>[23]</sup>通过聚类分析建立了青枯雷尔氏菌不同致病性菌株脂肪酸模式类型,判别准确率达 90.00%。本研究引入聚类判别分析法,构建水稻纹枯病菌致病力分化分级的数学模型和能被检测的判别算法,判别准确率为 95.00%。说明该建模方法合理,判别函数能较为有效地鉴别不同的致病型,这为水稻纹枯病菌致病型的划分提供了一种新的思路。如果此算法被最终实现,可大大提高检测菌株致病力强弱的工作效率,实现初选过程的自动化,对于水稻纹枯病菌致病力分化的研究具有重要的意义。然而,本研究建立的判别模型只是针对具体的采样地区而言,我国生态类型差异较大,水稻纹枯病菌的致病力分化

十分复杂。今后还需要进一步扩大采样范围和样本数量,结合采样的地理位置、气候环境、水稻品种和种植历史等多方面因素,研究不同生态环境中水稻纹枯病菌的致病力分化,加强研究的系统性和深入性,不断调整和完善模型,提高聚类判别分析的准确度,建立的判别模型将会适应范围更广、实用价值更高,更能说明水稻纹枯病菌的致病力变异规律。这对水稻纹枯病的抗病育种和病害防治有积极意义。

### 参考文献:

- [1] Guleria S, Aggarwal R, Thind T S, et al. Morphological and pathological variability in rice isolates of *Rhizoctonia solani* and molecular analysis of their genetic variability. *J Phytopathol*, 2007, 155: 654-661.
- [2] 张楷正, 李平, 李娜, 等. 水稻抗纹枯病种质资源、抗性遗传和育种研究进展. *分子植物育种*, 2006, 4(5): 713-720.
- [3] Park D S, Sayler R J, Hong Y G, et al. A method for inoculation and evaluation of rice sheath blight disease. *Plant Dis*, 2008, 92(1): 25-29.
- [4] Singh A, Rohilla R, Singh U S, et al. An improved inoculation technique for sheath blight of rice caused by *Rhizoctonia solani*. *Can J Plant Pathol*, 2002, 24: 65-68.
- [5] Zou J H, Pan X B, Chen Z X, et al. Mapping quantitative trait loci controlling sheath blight resistance in two rice cultivars (*Oryza sativa* L.). *Theor Appl Genet*, 2000, 101: 569-573.
- [6] Eizenga G C, Lee F N, Rutger J N. Screening *Oryza* species plants for rice sheath blight resistance. *Plant Dis*, 2002, 86: 808-812.
- [7] 潘学彪, 陈宗祥, 徐敬友, 等. 不同接种调查方法对抗水稻纹枯病遗传研究的影响. *江苏农学院学报*, 1997, 18(3): 27-32.
- [8] Jia Y, Correa V F, McClung A, et al. Rapid determination of rice cultivar responses to the sheath blight pathogen *Rhizoctonia solani* using a micro chamber screening method. *Plant Dis*, 2007, 91(5): 485-489.
- [9] 王子斌, 左示敏, 李刚, 等. 水稻抗纹枯病苗期快速鉴定技术研究. *植物病理学报*, 2009, 39(2): 174-182.
- [10] 陈夕军, 王玲, 左示敏, 等. 水稻纹枯病寄主病原物互作鉴别品种与菌株的筛选. *植物病理学报*, 2009, 39(5): 514-520.
- [11] Pascual C B, Toda T, Raymondo A D, et al. Characterization by conventional techniques and PCR of *Rhizoctonia solani* isolates causing banded leaf sheath blight in maize. *Plant Pathol*, 2000, 49: 108-118.
- [12] 陈延熙, 张敦华, 段霞渝, 等. 关于 *Rhizoctonia solani* 菌丝融合分类和有性世代的研究. *植物病理学报*, 1985, 15(3): 139-143.
- [13] 许志刚, 孙启明, 刘凤权, 等. 水稻白叶枯病菌小种分化的监测. *中国水稻科学*, 2004, 18(5): 469-472.
- [14] Neeraja C N, Shenoy V V, Reddy C S, et al. Isozyme polymorphism and virulence of Indian isolates of the rice sheath blight fungus. *Mycopathologia*, 2002, 156: 101-108.
- [15] Singh V, Singh U S, Singh K P, et al. Genetic diversity of *Rhizoctonia solani* isolates from rice: Differentiation by morphological characteristics, pathogenicity, anastomosis behavior and RAPD fingerprinting. *J Mycol Plant Pathol*, 2002, 32:

332-344.

- [16] Liu C, Lakshman D K, Tavantzis S M. Expression of a hypovirulence causing double stranded RNA (dsRNA) is associated with up regulation of quinic acid pathway, and down regulation of shikimic acid pathway in *Rhizoctonia solani*. *Curr Genet*, 2003, 42: 284-291.
- [17] Linde C C, Zala M, Paulraj R S D, et al. Population structure of the rice sheath blight pathogen *Rhizoctonia solani* AG 1 A from India. *Eur J Plant Pathol*, 2005, 112: 113-121.
- [18] Dorrance A E, Kleinhenz M D, McClure S A, et al. Temperature, moisture, and seed treatment effects on *Rhizoctonia solani* root rot of soybean. *Plant Dis*, 2003, 87(5): 533-538.
- [19] Taheri P, Gnanamanickam S, Hfte M. Characterization, genetic structure, and pathogenicity of *Rhizoctonia* spp. associ-

ated with rice sheath diseases in India. *Phytopathology*, 2007, 97(3): 373-383.

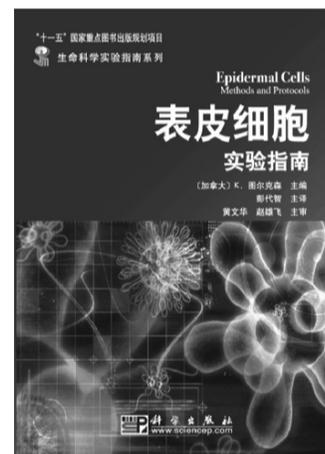
- [20] Mahmoud Y A, Gaafar R M, Mubarak H M. Genetic diversity among Nile Delta isolates of *Rhizoctonia solani* Kühn based on pathogenicity, compatibility, isozyme analysis and total protein pattern. *Turk J Bot*, 2007, 31: 19-29.
- [21] Khodayari M, Safaie N, Shamsbakhsh M. Genetic diversity of Iranian AG1-A isolates of *Rhizoctonia solani*, the cause of rice sheath blight, using morphological and molecular markers. *J Phytopathol*, 2009, 157: 708-714.
- [22] 智海剑, 盖钧镒, 何小红. 大豆对 SMV 数量(程度)抗性的综合分级方法研究. *大豆科学*, 2005, 24(1): 5-11.
- [23] 刘波, 蓝江林, 车建美, 等. 青枯雷尔氏菌脂肪酸型与致病性的关系. *中国农业科学*, 2009, 42(2): 511-522.

## 科学出版社图书介绍

### 表皮细胞实验指南

该书为加拿大 K. Turksen 主编的《Epidermal Cells: Methods and Protocols》的中文版, 是一本有关表皮细胞和表皮干细胞研究的最新且实用的实验技术指南。全书共 42 章, 涵盖了人和小鼠表皮细胞分离培养的技术方法以及表皮干细胞富集、鉴定、培养和体内标记的技术方法, 详细介绍了免疫学、细胞生物学、分子生物学和基因组学等最新技术在研究表皮组织的胚胎发生、发育、分化及皮肤疾病中的应用, 还叙述了表皮细胞和成纤维细胞的基因修饰(转染、突变和打靶)、组织工程皮肤的体外构建和体内移植及毛囊的基因和干细胞治疗等具有广泛开发和应用前景的重要技术, 对从事上皮细胞尤其是表皮细胞和表皮干细胞的教学、科研和开发人员来说是一本很有价值的工具书。

该书可作为上皮细胞尤其是表皮细胞和表皮干细胞研究、开发和应用的工具书, 也可供细胞生物学、分子生物学、发育生物学、临床医学等有关领域的教学、科研人员参考。定价 90.00 元。



### 2008 中国生物技术的发展报告

《2008 中国生物技术的发展报告》分为: 政策篇、科学篇、技术篇、生物产业篇、国际合作篇。介绍了我国生物技术及其产业化发展的现状和主要成就, 交流、总结了发展生物技术和产业的经验, 宣传了政府发展生物技术的政策方针, 收集反映了截至 2008 年底国内外生物技术研发和产业化的最新进展。

《2008 中国生物技术的发展报告》能为生物科技领域的科学家、企业家、管理人员和关心支持生物技术与产业的各界人士提供参考。定价: 148.00 元。



### 2009 中国生物技术的发展报告

《2009 中国生物技术的发展报告》分为政策篇、技术篇、产业篇和国际篇。介绍了我国生物技术及其产业发展的现状与成就, 总结了发展生物技术及产业的经验, 宣传了政府发展生物技术的政策方针, 收集了截至 2009 年年底国内外生物技术研发和产业化的最新进展。《2009 中国生物技术的发展报告》能为生物科技领域的科学家、企业家、管理人员和关心支持生物技术与产业的各界人士提供参考。定价: 148.00 元。



以上图书均由科学出版社出版, 欢迎邮购! 联系人: 科学出版社科学销售中心周文宇, 电话: 010-64031535; E-mail: zhouwenyu@mail.sciencep.com; 网上订购: <http://www.shop.sciencepress.com>。更多精彩图书请登陆网站, 欢迎致电索要书目。