

# 江西省水稻主要品种抗瘟基因型的推导

李湘民<sup>1</sup>, 吴淑秀<sup>1,2</sup>, 兰波<sup>1</sup>, 何烈干<sup>1</sup>

(1. 江西省农业科学院 植物保护研究所, 江西 南昌 330200; 2. 江西省鹰潭市农业局, 江西 鹰潭 335000)

**摘要:** 利用 22 个稻瘟病菌鉴别菌株, 采用离体叶段接种, 测定江西省 211 个水稻品种的抗瘟基因型。根据试验结果的推导, 供试品种分别含有 1~6 个不等的抗瘟基因, 共分为 30 个类群。其中含 1 2 和 3 个基因的品种数分别为 130, 41 和 29 个, 所占比例分别为 61.61%, 19.43% 和 13.74%; 而含 4~6 个基因的品种数总共 11 个, 所占比例为 5.21%。表明江西省绝大多数水稻品种, 含 1~3 个抗瘟基因。211 个品种总共推导出 18 个抗瘟基因, 从基因出现的频率来看, 频率大于 5% 的基因有 9 个, 分别是  $Pi-sh$ 、 $Pi-k^m$ 、 $Pi-ta2$ 、 $Pi-9$ 、 $Pi-5$ 、 $Pi-z$ 、 $Pi-3$ 、 $Pi-1$ 、 $Pi-k^h$ , 其中又以  $Pi-k^h$  频率最高, 为 62.09%;  $Pi-ta$ 、 $Pi-k^p$ 、 $Pi-12$ 、 $Pi-z'$ 、 $Pi-b$ 、 $Pi-7$ 、 $Pi-20$ 、 $Pi-11$ 、 $Pi-z^5$  9 个抗瘟基因出现频率均在 5% 以下; 此外,  $Pi-a$ 、 $Pi-k$ 、 $Pi-k^s$ 、 $Pi-19$ 、 $Pi-i$ 、 $Pi-t$  6 个抗瘟基因型在供试水稻品种中均未检测到, 这些结果为江西省水稻抗瘟品种的选用及合理布局提供了依据。

**关键词:** 江西; 水稻品种; 稻瘟病; 抗瘟基因型

中图分类号: S511.032 文献标志码: A 文章编号: 1000-2286(2011)01-0032-06

## Deduction of Resistant Genotype of 211 Rice Varieties against *Magnaporthe oryzae* in Jiangxi Province

LI Xiang-min<sup>1</sup>, WU Shu-xiu<sup>1,2</sup>, LAN Bo<sup>1</sup>, HE Lie-gan<sup>1</sup>

(1. Institute of Plant Protection, Jiangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanchang 330200, China; 2. Agricultural Bureau of Yingtan City, Jiangxi Province, Yingtang 335000, China)

**Abstract:** Deduction of blast-resistant genes of 211 rice varieties collected from Jiangxi in 2009 was conducted by in vitro inoculation of rice leave segments, using 22 rice blast (*Magnaporthe oryzae*) differential isolates. 18 resistant genes were deduced in the 211 rice varieties, of 18 genes, the appearance frequencies of 9 genes i. e.  $Pi-sh$ ,  $Pi-k^m$ ,  $Pi-ta2$ ,  $Pi-9$ ,  $Pi-5$ ,  $Pi-z$ ,  $Pi-3$ ,  $Pi-1$ ,  $Pi-k^h$ , were above 5%, of them, the  $Pi-k^h$  was of the highest appearance frequency of 62.09%. those of 9 genes i. e.  $Pi-ta$ ,  $Pi-k^p$ ,  $Pi-12$ ,  $Pi-z'$ ,  $Pi-b$ ,  $Pi-7$ ,  $Pi-20$ ,  $Pi-11$ ,  $Pi-z^5$  were below 5%. Six genes i. e.  $Pi-a$ ,  $Pi-k$ ,  $Pi-k^s$ ,  $Pi-19$ ,  $Pi-i$ ,  $Pi-t$  were not detected in the tested varieties. The results provide a basis for choosing new blast-resistant varieties and their rational distribution.

**Key words:** Jiangxi; rice varieties; blast; blast-resistant gene

由真菌 (*Magnaporthe oryzae*) 引起的稻瘟病是水稻生产上潜在威胁最严重的病害, 现全球 85 个有水稻种植的国家地区均有发生, 每年水稻由于稻瘟病导致的损失, 约占总产量的 10%~15%, 损失达数十亿美元<sup>[1]</sup>。我国南北稻区均有发生, 病害流行地区, 重的损失可达 40%~50%, 特别重的田块甚至颗粒无收<sup>[2]</sup>。

收稿日期: 2010-06-30 修回日期: 2010-12-07

基金项目: 农业部公益性行业科技专项(200803008)、江西省自然科学基金项目(2010GZN0102)和江西省农业科学院科技创新基金项目(2008-2010)

作者简介: 李湘民(1963—)男, 研究员, 博士, 主要从事水稻病害研究, E-mail: xmli1025@yahoo.com.cn。

通过对稻瘟病菌系统的研究表明,水稻与稻瘟病菌之间的特异互作,符合 Flor “基因对基因”假说<sup>[3-4]</sup>。也就是说,水稻有一抗病基因,稻瘟菌中就会有相对应的无毒基因,这种特异互作使水稻表现为抗病反应。目前已经定位了至少 73 个抗性基因,已经克隆了 9 个稻瘟病抗性基因<sup>[5]</sup>,已克隆并研究得比较详细的无毒基因有 *PWLI-2*<sup>[6-7]</sup>、*AVR-Pita*<sup>[8]</sup>、*AVRI-CO39*<sup>[9-10]</sup>、*ACE1*<sup>[11]</sup>。

根据这一假说,要做到抗瘟品种的合理布局,一是要了解稻瘟病菌的无毒基因,二是要了解水稻品种所含的相对应的抗瘟基因。在掌握了江西省稻瘟病菌无毒基因的基础上<sup>[12]</sup>,我们开展了利用 22 个稻瘟病菌鉴别菌株<sup>[13]</sup>,采用叶片离体接种的方法推导 211 份供试水稻品种抗瘟基因型的研究,旨在为江西省水稻抗瘟品种的选用和合理布局提供科学依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

收集 2009 年江西省栽培水稻品种及材料共 211 份,其中品种 202 份,中间材料 9 份。感病对照为丽江新团黑谷(LTH)。

供试的 22 个鉴别菌株及其与 24 个具有不同抗瘟基因型水稻的抗感反应型(表 1),由中国农业大学分子植物病理室提供。

### 1.2 方法

1.2.1 稻瘟病菌株培养 22 个菌株活化培养基均为 PDA 培养基,产孢培养基为燕麦片番茄汁培养基<sup>[13]</sup>或玉米粉稻秆汁培养基<sup>[14]</sup>,在产孢培养基上生长 7 d 后,在黑光灯下光照 3 d 产孢备用。

1.2.2 水稻育苗 育苗土壤为肥沃稻田土,水稻浸种、催芽后播种于 100 孔塑料育秧盘内,每孔播一个品种,7~8 粒。待水稻苗长到二叶一心时,每盘施尿素 1.5 g,待三叶一心时,每盘再施尿素 1.5 g。

表 1 22 个鉴别菌株对不同抗瘟型基因型水稻的抗感反应

Tab. 1 Reaction pattern of 24 resistance genes to 22 isolates of *M. oryzae*

抗瘟基因 Gene	菌株对不同抗性基因的反应型 Reaction of blast strain to different genes																							
	RB1	RB2	RB3	RB4	RB5	RB6	RB7	RB8	RB9	RB10	RB11	RB12	RB13	RB14	RB15	RB16	RB17	RB18	RB19	RB20	RB21	RB22		
<i>Pi-a</i>	R	S	R	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	R	S	S	R	S	S	S		
<i>Pi-k</i>	R	S	R	S	S	S	S	R	S	R	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S		
<i>Pi-k<sup>s</sup></i>	R	R	R	S	R	R	S	S	S	R	S	R	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S		
<i>Pi-19</i>	R	R	R	S	S	S	S	S	S	R	R	R	R	S	S	S	S	R	S	S	S	S		
<i>Pi-ta</i>	R	S	S	S	S	S	S	R	R	S	S	R	R	S	R	S	R	R	R	S	S	S		
<i>Pi-i</i>	R	S	R	S	S	S	R	S	R	R	R	S	S	S	R	S	R	R	R	R	S	R		
<i>Pi-k<sup>p</sup></i>	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	S	S	S	S	S	R	S	R	R	S	S	S		
<i>Pi-t</i>	R	S	R	R	R	S	S	R	S	S	R	R	S	S	R	R	S	R	R	S	S	S		
<i>Pi-z<sup>t</sup></i>	R	R	R	R	R	R	S	S	S	R	R	R	R	S	R	S	R	S	R	R	S	S		
<i>Pi-12</i>	R	R	R	R	S	S	S	S	S	S	R	R	R	R	S	S	S	R	S	R	R	S		
<i>Pi-b</i>	R	R	S	R	S	S	S	S	S	S	R	R	R	R	S	S	S	R	S	R	R	S		
<i>Pi-sh</i>	R	R	R	R	S	R	S	S	S	R	S	R	R	S	R	S	S	S	R	S	R	S		
<i>Pi-7</i>	R	R	R	S	S	S	R	R	R	R	R	R	S	S	S	S	R	S	S	S	R	S		
<i>Pi-20</i>	R	R	S	R	R	S	S	R	S	R	R	R	S	R	S	S	S	S	R	R	R	S		
<i>Pi-11</i>	R	R	R	R	S	S	S	R	S	S	R	R	R	S	S	S	R	R	R	S	R	R		
<i>Pi-z</i>	R	S	R	R	S	R	S	S	R	R	R	R	R	R	R	R	S	R	R	R	S	R		
<i>Pi-z<sup>5</sup></i>	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S	S	R	R	R	S	R	R	S	S		
<i>Pi-3</i>	R	S	R	S	S	S	R	R	R	R	R	R	R	R	S	S	R	S	R	R	S	R		
<i>Pi-1</i>	R	R	R	S	R	R	R	R	S	R	R	S	R	R	R	R	R	S	R	S	S	S		
<i>Pi-5</i>	R	S	R	S	S	S	S	S	R	R	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R		
<i>Pi-k<sup>m</sup></i>	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	S	S	S	R	R	R	R	R	R	R	S	R		
<i>Pi-k<sup>h</sup></i>	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S	R		
<i>Pi-ta2</i>	R	S	R	R	R	S	R	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S		
<i>Pi-9</i>	R	R	R	R	S	S	R	R	R	S	R	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R		

1.2.3 接种 取尚未完全展开的水稻第 5 叶中部 5 cm 左右的叶段,于保湿的培养皿内,每皿放 3 个叶段。用 0.25 g/L Tween-20 水溶液从培养基上洗下孢子,调节至  $2 \times 10^5$  个/mL。将 4  $\mu$ L 孢子悬浮液

点接于叶段上,每叶段点接3滴。然后将培养皿置于26℃、完全黑暗、相对湿度100%条件下保湿24h,随后在12h光暗交替循环中培养。

1.2.4 病害调查 培养6d后进行病害调查。如无病斑或病斑很小,为黑褐色坏死斑,中心无产孢区,记为R;病斑较大,中心灰色(能产孢),边缘褐色或有黄色晕圈,记为S。试验重复2次。

## 2 结果与分析

### 2.1 江西省211个水稻品种的抗瘟基因型推导

将22个鉴别菌株分别接种211个参试品种后的抗感反应型与表1的模式反应型进行比较,结果可分为30类(表2),测得所有供试品种中含有 $Pi-ta$ 、 $Pi-k^p$ 、 $Pi-12$ 、 $Pi-b$ 、 $Pi-sh$ 、 $Pi-7$ 、 $Pi-20$ 、 $Pi-11$ 、 $Pi-z^1$ 、 $Pi-z$ 、 $Pi-z^5$ 、 $Pi-3$ 、 $Pi-1$ 、 $Pi-5$ 、 $Pi-k^m$ 、 $Pi-k^h$ 、 $Pi-ta2$ 、 $Pi-9$ 等18个抗瘟基因。

从表2可知,在供试的水稻品种中,出现的抗瘟基因个数有很大差异,其中最少的只含一个抗瘟基因,而最多的含6个抗瘟基因,如荣优317( $Pi-ta$ 、 $Pi-z^5$ 、 $Pi-5$ 、 $Pi-k^m$ 、 $Pi-k^h$ 、 $Pi-ta2$ )。

表2 供试品种的抗瘟基因型分类

Tab.2 Classification of blast resistance genotype of rice varieties

类别 Type	水稻品种 Rice varieties	推断基因型 Deduced genotype
1	威优623、95A/916 II 优航1号、株1s/美香粘	$Pi-1$ 、 $Pi-k^h$
2	T 优463、金优16、株两优039	$Pi-sh$ 、 $Pi-k^h$
3	优I 706、跃新1号	$Pi-b$ 、 $Pi-sh$
4	优I 402、优I 66、金优974、香两优68、株两优99、T 优535 八两优136、准两优527、y 两优1号、金优207、汕优644 协优432、雅农1600、T 优968、隆平601、金优77、隆平305 T 优111、湘丰70A/873、粤香优823、T 优259、T 优180、先农25 欣荣优023、II 优1308、ek 优4号、田两优402、II 优3301、奥优28 赣晚粳30号、汇早丰2号、汇早丰1号、ZA/R105、两优金典6号 威优644、II 优7599、中优2596、江杂1号、籼杂优0403、陆两优996 先农37、金优71、9771S/宜恢3号、株1S/R619、翔S-1/RD1、T 优898 株两优317、株两优606、协优洲156、中早36、陵两优32、陆两优136 株两优758、陆两优中早壹号、优I 313、金泰优563、成丰3号 中2 优280、优I 536、优I 1号、两优39、瑞丰优8106、e 优8116 陆两优578、优I 651、威优众01、兴e 优8127、元丰A/R71 赣早A/R7186、赣早优66、田两优227	$Pi-k^h$
5	金优402、深优9576、瑞丰优104、乐科A/R66	$Pi-k^m$
6	隆平001、99 优155	$Pi-5$ 、 $Pi-k^m$
7	优I A/R7302-1、H959A/R8086、五优308、株两优02 株两优005、陆两优4024、天优156、株两优2008	$Pi-k^h$ 、 $Pi-ta2$
8	丰源优299、99A/R7186、99A/700339、赣早A/402	$Pi-k^h$ 、 $Pi-9$
9	汕优46、汕优82、岳优6135、湘丰70A/R3929、六两优3327 金优458、翔两优T774、393s/早116、赣早A/700339、株两优洲481	$Pi-9$
10	隆平006、陆两优819、威优644、G4 优916	$Pi-k^h$ 、 $Pi-ta2$ 、 $Pi-9$
11	佳优615、T 优15、岳优105、金典30号、荣优463	$Pi-5$
12	T 优6135、中优66、仁两优26、株1S/R152	$Pi-z^5$ 、 $Pi-k^m$ 、 $Pi-k^h$ 、 $Pi-ta2$

续表 2 供试品种的抗瘟基因型分类

Tab. 2 Classification of blast resistance genotype of rice varieties

13	II 优 107、T 优 297、湘丰优 402	$Pi - z$
14	优 I 458、欣荣优 2067、两优 2138 瑞丰优 189、陆两优 20、欣荣 3 号	$Pi - k^m、Pi - k^h、Pi - ta2$
15	田两优 4 号、金优 3801、瑞丰优 106	$Pi - 1、Pi - k^m、Pi - k^h$
16	威优 418、五优 156、株两优洲 206、株两优洲 418	
16	先农 29、e 优 2 号、浙 733、393s/早 116	$Pi - z、Pi - k^m$
17	II 优 838、丰优 191、田两优 66、II 优航 1 号	$Pi - sh、Pi - 20、Pi - 5、Pi - k^h、Pi - ta2$
18	汇早丰 3 号、金优 463、钰香优 436、威优 156	$Pi - k^m、Pi - k^h$
19	金优 816、江四优 99、鄱优 364	$Pi - 7、Pi - 3$
20	T 优 5128	$Pi - 12、Pi - sh、Pi - 11、Pi - 9$
21	中 259 安、优 I 512	$Pi - z、Pi - k^h、Pi - ta2、Pi - 9$
22	金典 008、II 优 838、中优 1 号、陵两优 611、宜 S 优 53	$Pi - ta、Pi - 5、Pi - 9$
23	湘丰优 9 号、谷丰 A/2900、天优 116、金优 125	$Pi - 3$
24	淦鑫 203	$Pi - sh、Pi - 5、Pi - 9$
25	陆两优 563、中早 35、03 优 998、株两优 321	$Pi - z^5、Pi - k^h$
26	汕优 416、两优 9959	$Pi - k^p、Pi - 3、Pi - k^m、Pi - k^h、Pi - ta2$
27	荣优 317	$Pi - ta、Pi - z^5、Pi - 5、Pi - k^m、Pi - k^h、Pi - ta2$
28	金优 213、优 I A/R7302 - 2、荣优 916、II 优 416 两优 0293、隆平 208、II 优 1733、隆平 207、金优 968 先农 3 号、江科 736、荣优 1506、株两优 711、II 优辐 819 优 I 1 号、金优 992、春光一号、株两优 09、中组 7 号 金优 145、株两优 711、翔两优 T711、株两优洲 136、金优 3382 H750S/H676、欣荣 2045、金优 313、威优 916、五优 623 洪崖优 3 号、金优洲 142、五优 313、荣优 301	$Pi - sh$
29	岳两优 224、优 I A/R2058、赣早 A/700155	$Pi - 20、Pi - 3$
30	II 优明 86、金优 706、金优 898	$Pi - z^t、Pi - sh、Pi - k^h$

2. 2 抗瘟基因在江西水稻品种出现的频率

供试水稻品种测得的 18 个抗瘟基因出现的次数和频率均不相同, 出现范围为 1 ~ 131 次( 表 3) 。

表 3 抗瘟基因出现的次数与频率

Tab. 3 The appearance times and frequency of the resistance gene

基因 Gene	出现次数 Times	出现频率/% Frequency	基因 Gene	出现次数 Times	出现频率/% Frequency
$Pi - ta$	6	2. 84	$Pi - z$	13	6. 16
$Pi - k^p$	2	0. 95	$Pi - z^5$	9	4. 27
$Pi - 12$	1	0. 47	$Pi - 3$	12	5. 69
$Pi - b$	2	0. 95	$Pi - 1$	11	5. 21
$Pi - sh$	44	20. 85	$Pi - 5$	18	8. 53
$Pi - 7$	3	1. 42	$Pi - k^m$	34	16. 11
$Pi - 20$	7	3. 32	$Pi - k^h$	131	62. 09
$Pi - 11$	1	0. 47	$Pi - ta2$	31	14. 69
$Pi - z^t$	3	1. 42	$Pi - 9$	27	12. 80

从表3可知,在211份供试品种中出现次数、频率最高的抗瘟基因是  $Pi-k^h$ ,共出现131次,出现频率为62.09%;然后依次为  $Pi-sh$ (44次,20.85%)、 $Pi-k^m$ (34次,16.11%)、 $Pi-ta2$ (31次,14.69%)、 $Pi-9$ (27次,12.80%)、 $Pi-5$ (18次,8.53%)、 $Pi-z$ (13次,6.16%)、 $Pi-3$ (12次,5.69%)、 $Pi-1$ (11次,6.64%); $Pi-ta$ 、 $Pi-k^p$ 、 $Pi-12$ 、 $Pi-b$ 、 $Pi-7$ 、 $Pi-20$ 、 $Pi-11$ 、 $Pi-z'$ 、 $Pi-z^5$ 等9个抗瘟基因在本次试验中测得的次数较少,出现频率都在5%以下;在本次试验中, $Pi-a$ 、 $Pi-k$ 、 $Pi-k^s$ 、 $Pi-19$ 、 $Pi-i$ 、 $Pi-t$ 等6个基因型在供试水稻品种中均未检测到。

### 3 讨论

稻瘟病菌是致病性高度分化的群体,小种类群随着寄主抗瘟基因组成的变化而改变,致使品种的抗瘟性下降,并最终导致抗病品种抗瘟性丧失。了解品种本身的抗瘟基因型,挖掘新的抗瘟资源,是抗瘟育种及抗瘟品种合理布局的基础。本试验发现不少水稻品种含多个抗瘟基因,如荣优317,含6个抗瘟基因( $Pi-ta$ 、 $Pi-z^5$ 、 $Pi-5$ 、 $Pi-k^m$ 、 $Pi-k^h$ 、 $Pi-ta2$ )。然而,江西省水稻品种抗瘟基因型存在明显的不足,根据李湘民等的研究结果<sup>[15]</sup>发现,在已知的30个水稻抗瘟基因中, $Pi-z'$ 、 $Pi-1$ 、 $Pi-z^5$ 和 $Pi-k$ 等4个抗瘟基因对江西省稻瘟病菌群体表现出较高的抗性频率,分别为82.05%、73.33%、72.54%和70.77%。然而,这4种基因在本次试验出现的频率极低,分别是1.42%、5.21%、4.27%和0。这揭示,在今后江西省的抗瘟育种中,应单个或聚合地使用这些广谱性的抗源,以提高品种的抗瘟性。通过比较还发现,虽然 $Pi-k^h$ 在本次试验中出现的次数及频率最高,但该基因对江西省稻瘟病菌群体表现出低的抗性频率(39.90%)<sup>[15]</sup>,这表明这些品种的抗瘟水平仍然不高。

国内利用生物多样性防治稻瘟病进行了大量的研究和实践,并取得了良好的社会、经济和生态效益<sup>[16-17]</sup>。根据这一理论,要做到抗瘟品种的合理布局,就是要避免同一品种或含有相同抗瘟基因的不同品种大面积集中连片种植。根据表2的结果,含单基因 $Pi-k^h$ 的品种共有71个,包括早、中和晚稻,因此我们要尽可能避免含 $Pi-k^h$ 的早稻品种集中连片大面积种植。当然我们也发现试验结果存在的问题,如株两优09和春光1号是2009年江西早稻主推品种,均含有相同的基因 $Pi-sh$ (抗性频率为28.21%)<sup>[15]</sup>。然而,两品种多年的大田表现及田间试验的鉴定结果一致表明,株两优09对叶瘟和穗瘟表现为抗性,而春光1号均表现为感病<sup>[18]</sup>,这说明株两优09还含有未知的抗瘟基因。根据已有的报道,目前已经定位了至少73个抗性基因<sup>[5]</sup>,但本项试验设计仅提供了22个主效抗瘟基因的信息。只有提供更多的主效抗瘟基因信息,鉴定的结果才更客观、更可靠,这样在根据“水稻品种的抗瘟性=稻瘟病菌的无毒基因+水稻品种相应的抗瘟基因”进行品种布局时,才能真正取得好的效果。

### 参考文献:

- [1]郑钊,陈由强,张建福等.水稻稻瘟病抗性基因定位、克隆及应用[J].分子植物育种,2009,7(2):385-392.
- [2]孙国昌,杜新法,陶荣祥等.水稻稻瘟病防治策略和21世纪研究展望[J].植物病理学报,1998,28(4):289-292.
- [3]Flor H H. Current status of the gene-for-gene concept[J]. Ann Rev Phytopath, 1971, 9: 275-296.
- [4]Silue D, Tharreau D, Notteghiem J L. Evidence for a gene-gene relationship in the *Oryza sativa*—*Magnaporthe grisea* pathosystem[J]. Phytopathology, 1992, 82: 577-580.
- [5]Ballini E, Morel J B, Droc G et al. A genome-wide meta-analysis of rice blast resistance genes and quantitative trait loci provides new insights into partial and complete resistance[J]. Mol Plant Microbe Interact, 2008, 21(7): 859-868.
- [6]Sweigard J A, Carroll A M, Kang S et al. Identification, cloning and characterization of *PWL2*, a gene for host species specificity in the rice blast fungus[J]. The Plant Cell, 1995, 7: 1221-1223.
- [7]Kang S, Sweigard J A, Valent B. The *PWL* host specificity gene family in the blast fungus *Magnaporthe grisea* [J]. MPMI, 1995(8): 939-948.
- [8]Orbach M J, Farrall L, Sweigard J A et al. A telomeric avirulence gene determines efficacy for the rice blast resistance gene *Pi-ta* [J]. The Plant Cell, 2000, 12: 2019-2032.
- [9]Farman M L, Leong S A. Chromosome walking to the *AVR1-CO39* avirulence gene of *Magnaporthe grisea* discrepancy between the physical and genetics maps[J]. Genetics, 1998, 150: 1049-1058.
- [10]Farman M L, Eto Y, Nakao T et al. Analysis of the structure of the *AVR1-CO39* avirulence locus in virulent rice-infecting

isolates of *Magnaporthe grisea* [J]. M PMI 2002 ,15: 6 - 16.

- [11] Bohnert H U ,Fudal I ,Dioh W ,et al. A putative polyketide synthase/peptide synthetase from *Magnaporthe grisea* signals pathogen attack to resistant rice [J]. The Plant Cell 2004 ,16: 2499 - 2513.
- [12] 兰波,李湘民,何烈干. 江西省稻瘟病菌无毒基因的推导 [J]. 江西农业大学学报 2010 ,32(2): 271 - 275.
- [13] 徐灵超,刘二明,黄金杯,等. 湖南省 103 个水稻品种的抗瘟基因型鉴定 [J]. 湖南农业大学学报: 自然科学版 2009 ,35(1): 17 - 20.
- [14] 刘永锋,陈志谊,胡明,等. 江苏省稻瘟病菌群体分布及优势小种的毒力研究 [J]. 中国水稻科学 2004 ,18(4): 351 - 356.
- [15] 李湘民,兰波,黄凌洪,等. 江西省稻瘟病菌的致病性分化 [J]. 植物保护学报 2009 ,36(6): 497 - 503.
- [16] Zhu Y Y ,Chen H R ,Fan J H ,et al. Genetic diversity and disease control in rice [J]. Nature 2000 ,406: 718 - 722.
- [17] 朱有勇,Hei Leung,陈海如,等. 利用抗病基因多样性持续控制水稻病害 [J]. 中国农业科学 2004 ,37(6): 832 - 839.
- [18] 黄凌洪,张天才,兰波,等. 不同生态环境下 2009 年江西省主栽早稻品种稻瘟病的发生 [J]. 江西农业大学学报, 2010 ,32(3): 485 - 488.

(上接第 21 页)

#### 参考文献:

- [1] 孙吉雄. 草坪学 [M]. 北京: 中国农业大学出版社 2006: 74 - 105.
- [2] 贾艳玲,谢寅峰,张千千,等. 暖季型草坪草冬季保绿研究进展 [J]. 西南林业学院学报 2010 ,30(3): 87 - 90.
- [3] 王文恩,傅强,王鹏程. 狗牙根草坪秋季交播多年生黑麦草技术的研究 [J]. 湖北农业科学 2003(1): 81 - 83.
- [4] Dudeck A L. Overseeding warm - season turfgrasses [J]. Grounds Maintenance ,1999 ,34(10): 12 - 16.
- [5] Anderson S E ,Dudeck A E ,Trenholm L E. 2000 - 2001 winter overseed trials on fairway and putting green bermudagrass [J]. Proceedings of the Florida State Horticultural Society 2001 ,114: 209 - 216.
- [6] 张兆松,沈益新,杨志民. 草坪杂草的综合防除 [J]. 草原与草坪 2001(4): 12 - 16.
- [7] 陈培,陈忠新,庄仁财,等. 草坪杂草的综合治理 [J]. 中国园林 2000(2): 70 - 73.
- [8] 夏尊民,宋淑敏. 除草剂残留对亚麻的影响及预防措施 [J]. 中国麻业科学 2007 ,29(4): 215 - 217.
- [9] 苏少泉. 长残效除草剂对后茬作物安全性问题 [J]. 农药 ,1998 ,37(12): 4 - 7.
- [10] 李秉华,王贵启,李香菊. 长残效磺酰胺类除草剂土壤残留危害的综合治理技术研究 [J]. 云南农业大学学报 2005 ,20(6): 836 - 839.
- [11] Dernoeden ,Peter H. Tolerance of four festuca species to ethofumesate and proflaminate [J]. Hortscience 2000 ,35(6): 1170 - 1173.
- [12] 沈少君,林文雄. 草坪混播技术研究现状与展望 [J]. 中国草地 2002(4): 47 - 52.
- [13] 马进,王小德,孟瑾. 过渡地区休眠暖地型草坪草交播技术与展望 [J]. 四川草原 2003(4): 32 - 34.
- [14] 席嘉宾,张惠霞,徐吴娟,等. 狗牙根草坪冬季盖播黑麦草的可行性研究 [J]. 草业科学 2001 ,18(3): 51 - 55.
- [15] 席嘉宾,张惠霞,杨中艺. 广州地区冬季盖播草坪草的引种栽培试验 [J]. 草业科学 2000 ,17(1): 48 - 54.
- [16] 胡林,边秀举,阳新玲. 草坪科学与管理 [M]. 北京: 中国农业大学出版社 2001: 123 - 126.