

台灣地區水稻稻熱病菌生理型之研究 (2011)

陳繹年¹ 陳純葳² 林宗俊^{1*}

摘要

陳繹年、陳純葳、林宗俊。2013。台灣地區水稻稻熱病菌生理型之研究 (2011)。台灣農業研究 62(1):40-56。

本研究於 2011 年自苗栗、台中、彰化、南投、雲林、嘉義、台南、高雄及屏東等 9 縣市共 22 鄉鎮市，採集分離得到稻熱病菌 (*Magnaporthe oryzae* B. Couch) 單孢菌株共 114 株。利用噴霧接種法檢測 114 株菌株對台灣稻熱病菌生理小種 16 種水稻判別品種之致病性，接種 7 d 後依據各水稻品種表現之感受性反應比對國內已發表之七個生理群、共 78 個生理小種，結果發現有 89 菌株分屬於六個生理群 (I、J、T、K、N 與 A)，僅其中 12 菌株可比對出前人已發表之 3 個生理小種 (包括 race 1、race 2 與 race 17)；其餘 25 菌株均屬新的生理群，占受測菌株的 21.9%；唯本研究的測試結果未發現有屬於 P 生理群的菌株存在。在已檢出的六個生理群菌株中，以 K 生理群的 35 菌株為最多，占 30.7%，其次為 I 生理群的 29 菌株 (25.4%)，至於 J 生理群僅檢出 1 菌株。分析在不同栽培地區採集之稻熱病菌菌株生理型的分布情形，結果以苗栗地區檢出的六個生理群為最多，其次為彰化南投及雲林的五個生理群，台中、台南及屏東地區的四個生理群次之，顯示各水稻栽培地區之稻熱病菌菌株生理型呈現多樣性。此外，分析 2011 年一、二期稻作稻熱病菌菌株生理群間的變化，發現台中、彰化南投及雲林地區主要的生理群並無太大改變，唯苗栗地區兩期作之稻熱病菌菌株間屬於完全不同的生理群。在水稻判別品種中，本土育成之 稻品種光復 1 號僅對 2 株檢測菌株 (HL2g2 與 ct1e3) 呈現感病反應，而對其餘 112 株檢測菌株則呈現明顯之抗病性，或可作為稻熱病抗病育種之材料。

關鍵詞：水稻、稻熱病、生理小種、生理群、判別品種。

前言

稻熱病 (rice blast disease) 為全球各水稻栽培區域最主要的流行病之一。病害發生嚴重時，可造成 50–90% 的產量損失 (Hajano *et al.* 2011)。每年在南亞及東南亞地區因稻熱病引起的經濟損失估計達 5,500 萬美元 (Herdt 1991)。在台灣，水稻栽培採兩期作制度，其中第一期作水稻發生稻熱病較第二期作水稻普遍且嚴重 (Chien 1974)。根據台灣省政府農林廳 1966–1988 年計 23 年間的統計報告，第一期作水稻的葉稻熱病平均發病面積為 34,269 ha，穗稻熱病發生面積為 26,400 ha，

約占 1/10 以上的水稻栽培面積，稻穀損失估計達 1.5–5.0% 年產量 (Tsai 2009)。

稻熱病由稻熱病菌 *Magnaporthe oryzae* B. Couch (Couch & Kohn 2002) 所引起，其無性世代為 *Pyricularia oryzae* Cavara (Ou 1985)。水稻稻熱病菌可侵染各個生育期的水稻植株，危害包括根系、稻桿、葉耳、葉及穗等部位 (Sesma & Osbourn 2004; Tsai 2007)。有關稻熱病菌的生理分化，早在 1922 年日本學者佐佐木氏在水稻抗稻熱病的育種研究中，就已發現本病原菌有 A、B 兩種不同病原性的菌系存在 (Ou 1971; Chien 1974)，從此，世界各國便展開對稻熱病菌菌株致病性的相關研究。

投稿日期：2012 年 8 月 6 日；接受日期：2013 年 1 月 3 日。

* 通訊作者：tclin@tari.gov.tw

¹ 農委會農業試驗所植物病理組助理研究員。台灣 台中市。

² 農委會農業試驗所植物病理組聘用助理研究員。台灣 台中市。

1960年代爲了研究稻熱病菌生理型的問題，日本、美國、台灣、菲律賓、印度及韓國等國家各自建立了一套水稻判別品種，但因各套系統間使用的水稻品種不盡相同，使得彼此間的研究結果無法比較。爲此，日本與美國合作從美、日、台等3套判別系統共39個水稻品種中，挑選出8個具鑑別代表性的品種作爲國際判別品種以供研究使用 (Atkins *et al.* 1967)，然上述各套判別品種當時均缺乏抗病基因組成分析 (Tsunematsu *et al.* 2000; Telebanco-Yanoria *et al.* 2008)。Flor (1971) 於研究亞麻銹病菌生理小種時，認爲採用含有單一、獨立且抗病基因各異的品種組成之判別品種進行檢測，才能提供病原菌基因型研究上有效且充足的訊息。爲了能更深入瞭解生理小種與抗病基因間的互作關係，日本學者於1976年重新選育了一套由9個單一抗病基因組成的梗稻判別品種，並採用八進制計數法 (octal notation) 簡化生理小種命名上可能遇到生理小種數量龐大的問題 (Yamada *et al.* 1976)。國際稻米研究所 (International Rice Research Institute; IRRI) 也與日本合作，自1994年起開始嘗試發展僅含單一抗稻熱病基因的單基因系 (monogenic lines) 及近同源系 (near isogenic lines; NILs) 作爲判別品種 (Fukuta *et al.* 2004)。至目前爲止，已建立了一套以大陸普感梗稻品種麗江新團黑穀 (Lijianxintuanheigu; LTH) 爲背景的單基因系；及三套分別以 LTH、CO39 (秈稻) 及 US2 (秈梗雜交稻) 品種爲背景的近同源系 (Kobayashi *et al.* 2007)。值得注意的是，CO39 品種對稻熱病雖然極爲感病，但已被檢測出帶有抗稻熱病基因 *Pia* (Imbe *et al.* 1997)。

而台灣在橋岡氏 (Hashioka 1952) 指出台灣水稻稻熱病菌可能存在有生理小種後，當時的台灣省農業試驗所 (現農委會農業試驗所) 就開始積極針對稻熱病菌生理小種問題進行深入的研究。首先 Chien *et al.* (1963) 於1955–1957年間篩選國內外1,000餘種的水稻品種，依據各品種對稻熱病菌所表現之抗感病性，選定11種梗稻品種 (包括1種中國品

種、7種本土育成品種及3種日本稻) 及5種秈稻品種 (2種國內山地秈稻及3種國內平地秈稻)，共16個水稻品種作爲台灣稻熱病菌生理小種的判別品種。爾後 Chien (1974, 1990b) 自1960年起，陸續於16年間 (至1987年) 測定國內1,871株菌株，並將當時所測定台灣水稻稻熱病菌的生理型歸類成七個生理群 (P、I、J、T、K、N及A)，共78個生理小種。於上述測試年間，各個稻熱病菌生理小種出現的頻度年年不同，但主要仍以I及T生理群的生理小種占大多數；而K與N兩生理群自開始測定稻熱病菌生理小種之後，即年年皆有出現，至於屬於J生理群的稻熱病菌生理小種則自1964年以後即不會再出現 (Chien 1971)。在此之後，除1988–1991年、1993–1994年間農業試驗所年報仍有相關水稻稻熱病菌生理小種之監測資料外，於1995年後即無相關研究之報導。

有關稻熱病菌生理小種的研究，目前仍以接種判別品種、判讀致病表現爲主要檢測方式，雖然至今已有多數稻熱病菌分子遺傳學的研究成果，但遺傳譜系 (lineage) 與致病型間的關係卻隨著研究材料的不同而有差異，並未有明顯的對應關係 (Correa-Victoria & Zeigler 1993; Levy *et al.* 1993; Chen *et al.* 1995)。稻熱病問題雖經各國專家學者多年廣泛的研究探討，但其危害情形迄今仍無法完全掌控。台灣曾投入稻熱病菌生理小種及流行病學等相關研究三十餘載，並累積大量研究成果，然而自1994年後中斷十餘年，未有後續研究銜接，殊爲可惜。爲瞭解目前台灣田間稻熱病菌生理型之演變，及其與1960–1994年間稻熱病菌菌株族群之差異，本研究針對稻熱病菌生理小種族群的分布情形重新進行調查研究，透過分析稻熱病菌菌株族群的演變與地域、環境氣候及水稻生育期間之相關性，探討稻熱病菌菌株生理型變化與稻熱病發生之關聯性，期能釐清本病害流行之主要原因，並期望能將成果應用於水稻抗稻熱病育種工作，以達有效控制本病害發生之目的。

材料與方法

田間稻熱病菌菌株之收集及供試菌株之製備

本研究於 2011 年一、二期作水稻種植期間，自台灣各地水稻栽培區採集水稻稻熱病之罹病水稻組織。將罹病組織樣本以清水沖洗病斑表面並利用擦手紙巾吸乾多餘水分後，剪取單一病斑部位，以透氣膠布將稻葉組織固定於載玻片上並加以編號，隨即置於濕室中保溼並逐日觀察，將已產生孢子之樣本以滅菌之移植環勾取病原菌之分生孢子後，畫線塗布於含有 2% (w/v) 蔗糖之水瓊脂培養基 (2% w/v)。待孢子發芽後，於解剖顯微鏡下進行孢子形態鑑定並挑取已發芽之單一孢子，移植至 10% V-8 平板培養基 [10% (v/v) V-8 蔬菜汁 (Campbell Co., USA) · 0.02% (w/v) 碳酸鈣 · 1.7% (w/v) 瓊脂] (Lee *et al.* 2006) 培養 2 wk 後，切取菌落邊緣之新鮮菌絲塊，置入無菌水中於室溫下進行保存。同時以含 0.05% (v/v) Tween 80 之無菌水洗取病原菌之分生孢子，製成孢子懸浮液 (1×10^5 spores mL⁻¹) 供接種試驗使用。

供試水稻判別品種之培育

本研究所採用之水稻品種，為農業試驗所於 1957 年建立之 16 個台灣判別品種，包括 1 個中國品種崑山五香梗；7 種本土育成梗稻品種：台中 65 號、稗桿稻、台中 171 號、嘉農 242 號、光復 1 號、嘉農育 280 號與台中系比 33 號；3 種日本稻：關東 51 號、農林 21 號與 Sensho；2 種國內山地秈稻：Cutsugulcul 與 Natala；及 3 種國內平地秈稻：高腳柳州、高雄大粒清油與台中低腳烏尖。將各水稻品種之種子以流水方式浸種 3 d，再於 28°C 定溫箱中催芽 24 h 後，以顆粒土 (赤玉土) 為介質，播種於 20 孔塑膠育苗盤 (孔穴大小為 5.8 cm × 5.8 cm × 5.2 cm) 中，每一孔穴播種 10 粒水稻種子，每個育苗盤內播種 16 個水稻判別品種。播種後覆蓋顆粒土於稻種表面並充分澆水，隨即移入溫室之濕室中保溫及保溼，待

所有品種之水稻種子冒芽超出土面 0.5–1 cm (約 2–3 d)，即移出濕室。每 10 d 於每一育苗盤施用花寶 5 號 (30–10–10) 1 g，在病原菌接種試驗前共施用 2 次，待秧苗生長達 3–4 片葉時供接種試驗使用。

供試菌株之病原性測定

將製備之孢子懸浮液 (1×10^5 spores mL⁻¹)，以噴霧接種法均勻噴灑於各判別品種之秧苗葉片上，每一病原菌菌株之接種量為 30 mL/盤。接種完畢後先於溫室之濕室中保溼 3 d，移出後再經 4 d 即可觀察各病原菌菌株對判別品種之致病反應。隨後將各判別品種呈現之病斑型依據歐世璜博士 1965 年訂定之罹病等級加以記錄 (Bonman *et al.* 1986)。水稻稻熱病之病斑型及罹病等級如表 1，罹病等級可分為 0 到 5 級，0–3 級為抗病性反應 (resistant)，4–5 級為感病性反應 (susceptible)。試驗結果再依簡錦忠博士建立之台灣稻熱病菌生理型類別進行生理型之區分 (Chien 1990b)。

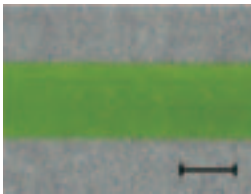
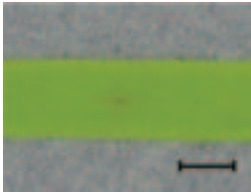
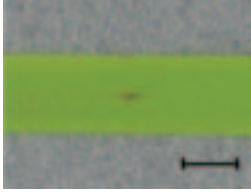
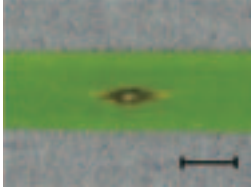
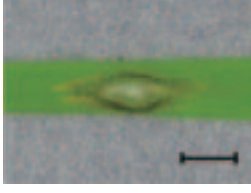
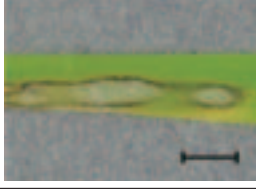
結果與分析

田間稻熱病菌菌株之收集

2011 年間，於台灣地區 9 縣市共 22 個鄉鎮市採集罹病之水稻植株，經單孢分離，得到 114 株水稻稻熱病菌之單孢菌株。北部苗栗地區一期稻作分得 18 株、二期稻作分得 3 株；中部四縣市 (台中、彰化、南投及雲林) 一期稻作分得 44 株、二期稻作分得 29 株；南部四縣市 (嘉義、台南、高雄及屏東) 一期稻作分得 20 株。一期稻作共計分得 82 株稻熱病菌菌株、二期稻作共計分得 32 株稻熱病菌菌株 (詳如表 2)。菌株編碼方式如下，菌株代號前二 (三) 碼英文字母為採集地點之漢語拼音簡寫；同一地區 (鄉鎮) 不同採集田區以阿拉伯數字依序於英文地點簡寫後表示，同一田區之數字代碼不因採集時間不同而異；倒數第二位之小寫英文字母表同一田區不同採集時間之樣本；末位數字代表同一田區不同單斑之單孢菌株。菌株採集時間以四碼阿拉伯數字 (西元年月) 表示。

表 1. 稻熱病罹病等級之判別基準。

Table 1. Category of lesions on rice leaves caused by *Magnaporthe oryzae*^z.

Designation	Score	Infection type	Symptom ^y
R	0	No evidence of infection	
	1	Brown specks smaller than 0.5 mm in diameter, no sporulation	
	2	Brown specks about 0.5–1 mm in diameter, no sporulation	
	3	Roundish to elliptical lesions about 1–3 mm in diameter with gray center surrounded by brown margins, lesions capable of sporulation	
S	4	Typical spindle-shaped blast lesion capable of sporulation, 3 mm or longer with necrotic gray centers and water-soaked or reddish brown margins, little or no coalescence of lesions	
	5	Lesions as in 4 but about half of one or two leaf blades killed by coalescence of lesions	

^z R: resistant reaction; S: susceptible reaction. Score 0 to score 3 were resistant reactions; score 4 and score 5 were susceptible reactions (Bonman *et al.* 1986).

^y Bar = 3 mm.

表 2. 2011 年稻熱病菌菌株採集地點與株數。

Table 2. Location (region, county and township) and number of *Magnaporthe oryzae* isolates collected in Taiwan in 2011.

Region	City/County	District/Township	No. of isolates		
			1st crop season	2nd crop season	Total
Northern Taiwan	Miaoli	Tongxiao, Yuanli, Tongluo, Sanyi	18	3	21
Central Taiwan	Taichung	Houli, Fengyuan, Wufeng	9	11	20
	Nantou	Caotun	3		3
	Changhua	Changhua, Shetou, Tianzhong, Xizhou, Pitou, Ershui	25	6	31
	Yunlin	Erlun, Xiluo, Citong, Dounan	7	12	19
Southern Taiwan	Chiayi	Xikou	3		3
	Tainan	Houbi	5		5
	Kaohsiung	Meinong	6		6
	Pingtung	Wandan	6		6
Total (no.)	9	22	82	32	114

菌株之病原性測定與分析

2011 年進行 114 株菌株之接種試驗，包含 82 株一期稻作菌株 (採集時間為 4–6 月份)、32 株二期稻作菌株 (採集時間為 8–11 月份) (表 3)。依據各菌株對水稻判別品種呈現之致病性比對其生理型，結果發現有 89 株測試菌株可歸入簡錦忠博士建立之 I、J、T、K、N 及 A 等六個生理群，其中 I 生理群有 29 菌株、J 生理群有 1 菌株、T 生理群有 11 菌株、K 生理群有 35 菌株 (一株為 race 2、一株為 race 17)、N 生理群有 3 菌株與 A 生理群有 10 菌株 (均為 race 1)；其餘 25 菌株之生理型並無法歸類為已知的七個生理群 (表 4)。此 25 菌株主要對中國梗稻品種崑山五香梗與本土育成梗稻品種光復 1 號、國內山地秈稻品種 Natala 及國內平地秈稻品種台中低腳烏尖不具有致病性。

分析 2011 年一、二期稻作其稻熱病菌菌株生理型之分布，一期稻作採集之 82 株菌株中，其中 60 菌株可歸入 I、J、T、K、N 及 A 等六個生理群，分別為 I 生理群 18 菌株、J 生理群 1 菌株、T 生理群 4 菌株、N 生理群 3 菌株、K 生理群 25 菌株 (1 菌株為 race 2) 與 A 生理群 9 菌株 (均為 race 1)；其餘 22 菌株無法歸入已知的七個生理群中。二期稻作採集之 32 菌株，其中 29 菌株可歸入四個生理群，分別為 I 生理群 11 菌株、T 生理群 7 菌株、K

生理群 10 菌株 (1 菌株為 race 17) 與 A 生理群 1 菌株 (race 1)；其餘 3 菌株無法歸入已知的七個生理群中 (圖 1)。由稻熱病菌生理型的出現頻度，發現一期稻作稻熱病菌的主要生理群為 K 生理群 (30.5%)、I 生理群 (22.0%) 及未分群 (26.8%)，二期稻作稻熱病菌的主要生理群為 I 生理群 (34.3%)、K 生理群 (31.3%) 及 T 生理群 (21.9%)。顯示 I 生理群與 K 生理群之稻熱病菌菌株為本年度一、二期稻作主要的病原菌族群，此與簡氏之調查結果 (Chien 1974) 略有差異，當時以 I 生理群、P 生理群與 T 生理群為主要的病原菌族群，因此推測田間稻熱病菌族群組成可能已發生改變。而 J 生理群與 N 生理群之菌株則僅於一期稻作出現，且菌株數分別只有 1 及 3 個菌株，出現頻度極低，此與簡氏調查結果大致相符，當時 J 生理群與 N 生理群的病原菌，其出現頻度亦低 (Chien 1974)。

觀察水稻不同生長階段與稻熱病菌菌株生理型之分布，以月分簡單區分期稻作營養生長期 (2011/04) 與生殖生長期 (2011/05–06)，結果發現一期稻作不同生育期採集之稻熱病菌菌株均以 I 生理群、K 生理群與未分群等三群為主要的生理型 (圖 2)。於二期稻作營養生長期間 (2011/08–09) 採集之稻熱病菌菌株，以 I 生理群、K 生理群與未分群等三群為主要的生理型；至於生殖生長期間 (2011/10–

表 3. 2011 年接種之稻熱病菌菌株來源地區及採樣時間。

Table 3. Region and sampling date of *Magnaporthe oryzae* isolates used in the inoculation tests.

City/County	District/Township	Sampling date	Isolates ($n = 114$)
Miaoli	Tongxiao	Jun., 2011	TX1d1, TX1d2, TX1d3, TX2e1, TX2e2, TX2e3
	Yuanli	Jun., 2011	YL1e1, YL1e2, YL1e3, YL2f1, YL2f2, YL2f3
	Sanyi	Apr., 2011	SY1d1, SY1d2, SY1d3
		Jun., 2011	SY2e1, SY2e2, SY2e3
		Sep., 2011	SY1f1, SY1f2, SY1f3
Taichung	Houli	Apr., 2011	HL1a1, HL1a2, HL1a3, HL2b1, HL2b2, HL2b3
		Sep., 2011	HL1f1, HL1f2, HL1f3, HL2g1, HL2g2, HL2g3
		Oct., 2011	HL1h1, HL1h3
	Fengyuan	Sep., 2011	fyu1a1, fyu1a2, fyu1a3
	Wufeng	Apr., 2011	WF1g1, WF1g2, WF1g3
Nantou Changhua	Caotun	Apr., 2011	ct1e1, ct1e2, ct1e3
	Changhua	Apr., 2011	KGa1, KGa2, KGa3
	Pitou	May, 2011	PT1e1, PT1e2, PT1e3, PT2f1, PT2f2, PT2f3
	Shetou	May, 2011	ST1e1, ST1e2, ST1e3
	Tianzhong	Apr., 2011	TZ1d1, TZ1d2, TZ1d3
	Xizhou	Apr., 2011	XZ1b1, XZ1b2, XZ1b3, XZ2c1, XZ2c2, XZ2c3
		Nov., 2011	XZ1e1, XZ1e2, XZ1e3
Yunlin	Xiluo	Apr., 2011	ES1a2, ES1a3, ES2b1, ES2b3
		Aug., 2011	ES1c1, ES1c2, ES1c3
	Citong	Aug., 2011	XL1d1, XL1d2, XL1d3
		Sep., 2011	XL1e1, XL1e2, XL1e3, XL2f1, XL2f2, XL2f3
		Apr., 2011	CT1b3, CT2c1, CT2c2, CT2c3
Erlun	Aug., 2011	EL1a1, EL1a2, EL1a3	
Dounan	May, 2011	DNa1, DNa2, DNa3	
Chiayi	Xikou	Apr., 2011	XKb1, XKb2, XKb3
Tainan	Houbi	Apr., 2011	HB1f1, HB1f2, HB1f3, HB2g2, HB2g3
Kaohsiung	Meinong	Apr., 2011	MN1d1, MN1d2, MN1d3, MN2e1, MN2e2, MN2e3
Pingtung	Wandan	Apr., 2011	WD1b1, WD1b2, WD1b3, WD2c1, WD2c2, WD2c3

11) 採集之稻熱病菌菌株，則以 I 生理群為主 (圖 3)。由上述結果可知，於 2011 年水稻不同生育期間所採集之稻熱病菌株的生理型雖有些許差異，但主要的生理群並無太大變動。

稻熱病菌菌株其各生理群分布的情形如圖 4 所示，I 生理群菌株普遍存在已調查的 8 個地區，其次為 K 生理群存在已調查的 7 個地區；另外，除最南邊高雄與屏東外的 6 個地區均採集到未分群的菌株。而苗栗地區採集到唯一 1 株 J 生理群的菌株；N 生理群的 3 株菌株則分別出現在台中、台南及高雄地區。

若以地域分布檢視，發現苗栗、台中、彰化南投、雲林、台南及屏東地區的稻熱病菌菌株均至少有四個生理群以上的生理型，顯示各地區稻熱病菌菌株生理型的多樣性；而嘉義與高雄地區稻熱病菌的生理型較少，則可能因取樣的樣本數少的關係，而無法完整呈現該地區稻熱病菌的生理型分布 (圖 4)。各地區主要稻熱病菌的生理群亦有差異，如 K 生理群為苗栗、彰化南投及雲林地區之主要的病原菌族群；台中地區則以 I 生理群為主。而未分群的菌株，在苗栗、台中、彰化南投

表 4. 2011 年台灣各地區分離單孢菌株生理型。

Table 4. Physiological types of single-spore isolates of *Magnaporthe oryzae* collected in Taiwan in 2011^z.

Physiological group	Taiwan race	Isolate	Differential varieties														Sampling date (month)	
			Kung-shan-wu-shen-ken	Taichung 65	Pai-kan-tao	Taichung 171	Chiannung 242	Kwang-tu 1	Chiannung-yu 280	Taichung-line 33	Kanto 51	Norin 21	Sensho	Cutsugulei	Natala	Kao-chio-liu-chou		Kaoshung-ta-li-chen-yu
I		TX1d1	S ^y	S	S	S	R	R	S	S	S	S	S	R	S	S	S	Jun.
		TX1d2	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	R	S	S	S	Jun.
		TX2e1	S	S	R	R	R	R	R	R	S	S	R	S	S	S	S	Jun.
		TX2e2	S	R	R	S	S	R	R	R	R	S	R	R	S	S	S	Jun.
		HL1f1	S	S	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	S	S	S	Sep.
		HL1f2	S	S	S	S	R	R	R	R	R	S	R	S	S	S	S	Sep.
		HL1h1	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	R	S	S	S	Oct.
		HL1h3	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	Oct.
		HL2g1	S	S	S	R	S	R	S	S	S	R	R	S	R	S	S	Sep.
		HL2g2	S	S	R	S	S	S	S	R	S	S	S	R	S	S	S	Sep.
		HL2g3	S	S	S	S	S	R	S	R	R	S	S	R	R	S	S	Sep.
		fyu1a2	S	S	R	R	R	R	S	R	R	S	S	R	R	S	S	Sep.
		WF1g1	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	R	R	S	S	Apr.
		WF1g2	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	Apr.
		WF1g3	S	S	S	S	S	R	S	R	S	S	S	R	S	S	S	Apr.
		PT2f3	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	R	S	R	S	S	May
		PT1e3	S	S	R	S	S	R	S	R	S	R	S	R	S	S	S	May
		XZ1e3	S	S	S	R	S	R	S	S	S	S	S	R	S	S	S	Nov.
		ES1e1	S	R	S	S	R	R	S	S	S	S	S	R	S	S	S	Aug.
		XL1e1	S	S	S	S	S	R	S	R	S	S	S	S	S	S	S	Sep.
		XKb1	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	R	S	S	S	Apr.
		XKb3	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	Apr.
		HB1f3	S	S	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	S	S	Apr.
		MN1d1	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S	S	S	S	Apr.
		MN1d2	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	R	S	S	S	Apr.
		MN1d3	S	S	S	S	R	R	S	R	S	S	S	R	R	S	S	Apr.
		MN2e1	S	S	S	S	S	R	S	R	S	S	S	R	S	S	S	Apr.
		WD2c1	S	S	R	S	S	R	S	S	S	S	R	S	S	S	S	Apr.
		WD2c2	S	S	S	S	S	R	S	S	S	R	R	R	S	S	S	Apr.
	J		TX1d3	S	S	S	S	R	R	S	S	S	S	S	R	R	R	Jun.
	T		SY1f1	S	S	S	S	S	R	S	S	S	R	S	S	R	R	Sep.
			SY1f2	S	S	S	S	S	R	S	S	S	R	S	S	R	R	Sep.

表 4. 2011 年台灣各地區分離單孢菌株生理型 (續)。

Table 4. Physiological types of single-spore isolates of *Magnaporthe oryzae* collected in Taiwan in 2011^z. (continued)

Physiological group	Taiwan race	Isolate	Differential varieties														Sampling date (month)		
			Kung-shan-wu-shen-ken	Taichung 65	Pai-kan-tao	Taichung 171	Chiannung 242	Kwang-fu 1	Chiannung-yu 280	Taichung-line 33	Kanto 51	Norin 21	Sensho	Cutsugulcul	Natala	Kao-chio-liu-chou		Kaoshiung-ta-li-chen-yu	Taichung-ti-chio-wu0chien
K	2	SY1f3	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S	S	R	R	Sep.	
		KGa3	S	S	S	S	S	R	S	S	S	R	R	S	S	R	R	Apr.	
		ct1e2	S	S	S	R	R	R	R	S	S	R	S	S	S	R	S	R	Apr.
		XZ1e1	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S	S	R	S	S	Nov.
		ES1c2	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	R	S	S	S	S	R	Aug.
		XL1e2	S	S	S	R	R	R	S	S	S	S	R	S	S	S	S	R	Sep.
		CT2c3	S	S	S	S	S	R	S	R	S	S	R	R	S	S	S	R	Apr.
		EL1a1	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	R	S	S	S	R	R	Aug.
		WD2c3	S	S	S	S	S	R	S	R	S	S	R	R	S	S	S	R	Apr.
		YL1e1	S	S	R	R	R	R	S	R	R	R	S	R	R	S	S	R	Jun.
		YL1e2	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S	R	R	S	R	S	Jun.
		YL1e3	S	R	R	R	S	R	S	R	R	R	R	R	R	R	S	R	Apr.
		TX2e3	S	R	R	S	R	R	S	R	S	R	S	R	R	S	S	R	Jun.
		SY2e1	S	R	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	S	R	S	Jun.
		SY2e2	S	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	Jun.
		SY2e3	S	R	R	R	R	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	Jun.
		HL1a2	S	S	R	S	S	R	S	R	S	R	R	R	R	S	R	R	Apr.
		fyu1a1	S	S	S	S	R	R	S	R	S	S	S	R	R	S	S	R	Sep.
		fyu1a3	S	S	S	S	R	R	S	S	R	S	S	S	R	S	S	R	Sep.
		KGa2	S	S	S	S	S	R	R	R	R	R	R	S	R	R	R	S	Apr.
		ST1e2	S	R	R	R	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	May
		ST1e3	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	May
		TZ1d2	S	R	R	S	S	R	S	S	S	R	R	S	R	S	R	S	Apr.
		TZ1d3	S	R	S	S	S	R	S	S	R	R	R	S	S	S	R	R	Apr.
		PT2f2	S	S	S	R	S	R	R	R	S	R	S	S	R	S	S	R	May
		XZ1e2	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	S	S	R	S	S	R	Nov.
		XZ1b1	S	S	S	S	S	R	S	S	S	S	R	R	R	R	R	R	Apr.
		XZ2c1	S	S	R	S	R	R	R	S	R	R	R	S	R	R	R	R	Apr.
		XZ2c3	S	R	S	R	R	R	S	S	S	S	S	S	R	R	R	R	Apr.
		ES1c3	S	S	R	S	S	R	S	S	S	S	S	S	R	S	S	R	Aug.
		ES2b3	S	S	S	S	S	R	S	R	R	S	R	S	R	R	S	R	Apr.
		XL1d1	S	S	S	R	R	R	S	S	S	S	S	S	R	S	S	R	Aug.

表 4. 2011 年台灣各地區分離單孢菌株生理型 (續)。

Table 4. Physiological types of single-spore isolates of *Magnaporthe oryzae* collected in Taiwan in 2011^z. (continued)

Physiological group	Taiwan race	Isolate	Differential varieties														Sampling date (month)		
			Kung-shan-wu-shen-ken	Taichung 65	Pai-kan-tao	Taichung 171	Chianung 242	Kwang-fu 1	Chianung-yu 280	Taichung-line 33	Kanto 51	Norin 21	Sensho	Cutsugulcul	Natala	Kao-chio-liu-chou		Kaoshiung-ta-li-chen-yu	Taichung-ti-chio-wu0chien
Others		YL2f2	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S	R	R	R	R	Jun.	
		YL2f3	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	S	R	Jun.	
		SY1d1	R	S	R	R	R	R	S	R	R	R	R	S	R	R	R	S	Apr.
		SY1d2	R	S	R	R	R	R	S	R	S	R	R	R	R	R	R	R	Apr.
		SY1d3	R	R	R	S	S	R	S	S	S	S	R	S	R	R	R	R	Apr.
		HL1a1	R	R	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	Apr.
		HL1a3	R	R	R	R	R	R	S	R	S	R	R	R	R	R	S	R	Apr.
		HL1f3	R	R	S	S	S	R	S	S	S	R	S	R	R	S	R	R	Sep.
		HL2b1	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	Apr.
		HL2b2	R	R	R	S	S	R	S	R	R	R	R	R	R	S	R	R	Apr.
		KGa1	R	R	S	S	S	R	R	R	S	R	R	S	R	S	R	R	Apr.
		ct1e1	R	R	R	R	R	R	S	R	S	S	S	R	R	R	R	R	Apr.
		ct1e3	R	S	S	S	R	S	R	R	R	R	S	R	R	S	S	R	Apr.
		PT1e1	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	May
		PT1e2	R	S	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	May
		PT2f1	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	May
		ES1a2	R	S	R	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	Apr.
		ES1a3	R	R	R	R	R	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	Apr.
		XL1e3	R	S	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	Sep.
		XL2f2	R	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	S	R	R	S	R	Sep.
		CT1b3	R	R	R	R	R	R	R	S	R	R	R	S	R	R	R	R	Apr.
		DNa1	R	R	R	S	R	R	R	S	S	R	R	S	R	R	R	R	May
		DNa3	R	S	S	R	S	R	R	R	R	R	R	S	R	R	R	R	May
		XKb2	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	R	Jun.
		HB2g2	R	R	R	S	R	R	S	R	R	R	R	R	R	R	R	R	Apr.

^z Physiological group and race of *M. oryzae* were determined based on the reaction of each isolate to the 16 differential varieties (Chien 1990b).

^y R: resistance, S: susceptible.

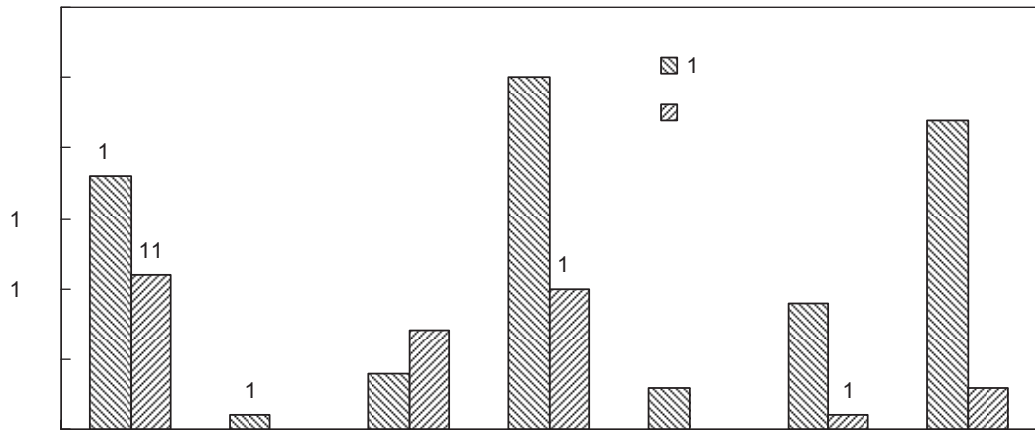


圖 1. 2011 年各別菌株生理型類群於一期作與二期作之菌株數量分析。

Fig. 1. Differences in numbers of isolates of *Magnaporthe oryzae* in each physiological groups between samples collected in Taiwan from the first crop and the second crop seasons of rice in 2011.

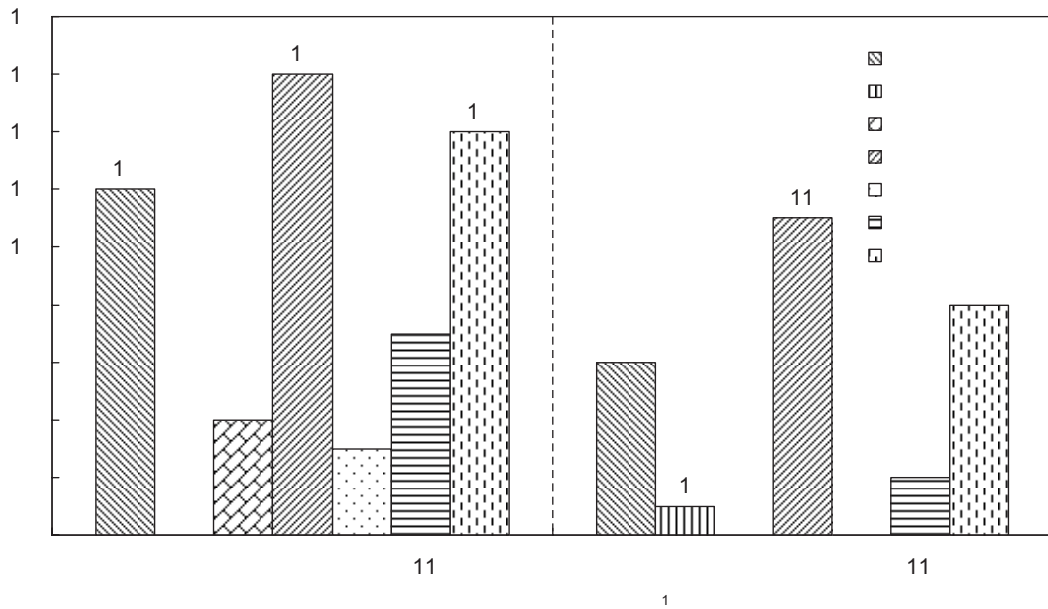


圖 2. 2011 年一期作水稻不同生育期稻熱病菌菌株生理型分布。

Fig. 2. The distribution of physiological types of *Magnaporthe oryzae* isolates collected in Taiwan at different growth stages of rice in the first crop season of 2011.

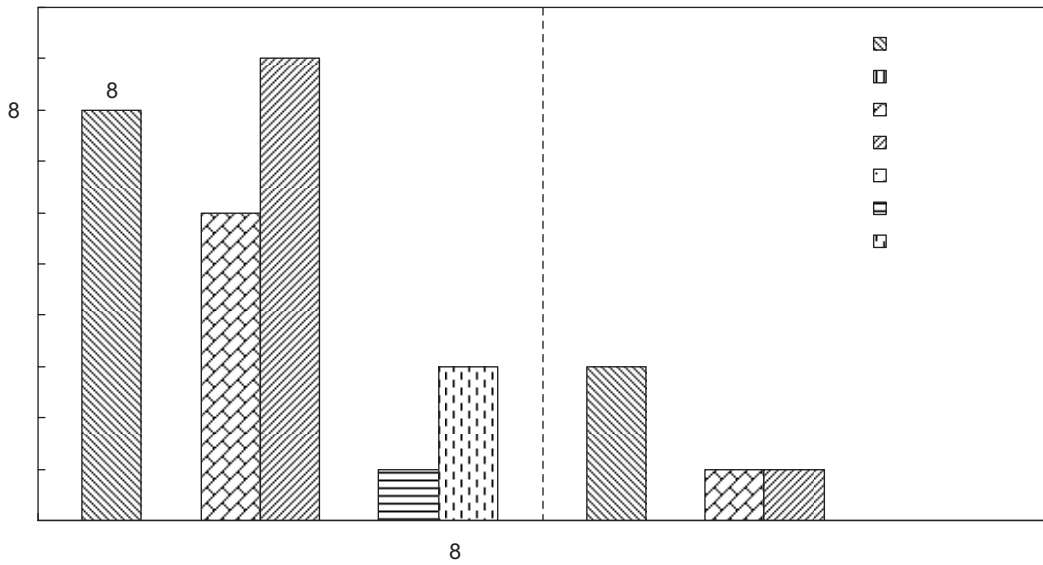


圖 3. 2011 年二期作水稻不同生育期稻熱病菌菌株生理型分布。

Fig. 3. The physiological types of *Magnaporthe oryzae* isolates collected in Taiwan at different growth stages of rice in the second crop season of 2011.

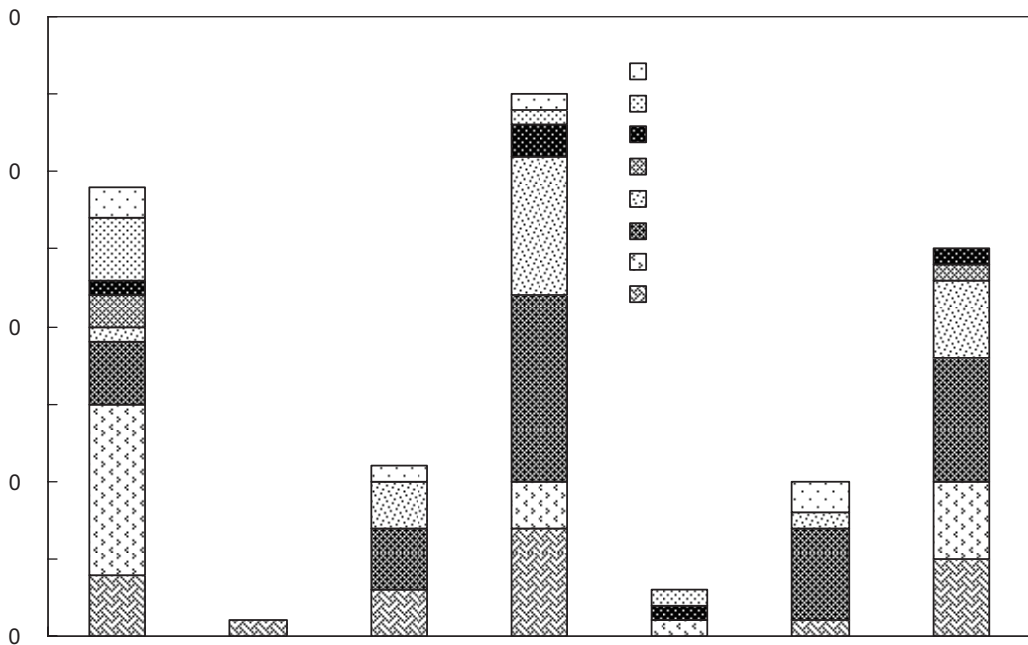


圖 4. 2011 年稻熱病菌菌株生理群區域分布情形。

Fig. 4. The geographical distribution of different physiological groups of *Magnaporthe oryzae* isolates collected in Taiwan from different rice production areas in 2011.

及雲林地區則均為第二主要的生理群，值得持續觀察其族群變化的情形。

綜合栽培區域與期作因素，觀察稻熱病菌菌株生理型的變化，於苗栗、台中、彰化南投及雲林四個有採集到兩個期稻作稻熱病菌菌株之區域，除雲林地區菌株的生理型由一期作的 T、K 及未分群等三生理群，增為二期作的 I、T、K、A 及未分群五生理群外，其餘三個栽培區域二期稻作稻熱病菌菌株的生理型均較一期作為少 (圖 5)。苗栗地區二期稻作的 3 株菌株均屬 T 生理群，與一期稻作曾出現之 I、J、K、A 及未分群等生理群完全不同。台中地區，一期稻作曾出現之 I、K、N 及未分群等生理群，僅 N 生理群未於二期稻作檢出；彰化南投地區，一期稻作檢出 I、T、K、A 及未分群等五生理群，二期稻作僅檢出 I、T 及 K 等三生理群。由上述四個栽培區域採集菌株的生理型之變化尚未能歸納出栽培區域與菌株生理型的關聯性。

討論

有關台灣稻熱病菌之生理型，於 1987 年報導 (Chien 1990b) 已有七個生理群、共 78 個

生理小種，後續於 1988–1991 年、1993–1994 年間仍陸續有監測資料 (農業試驗所年報)，然而於 1995 年以後則無相關之研究報告。其中於 1991 年的農業試驗所年報 (Tsai & Chang 1992) 中就已經指出，當時稻熱病菌之生理小種已出現明顯變化，文中敘明，1988–1990 年期間所測定的 413 株稻熱病菌菌株中，有 91 菌株異於已報告的 78 個生理小種，其所占測試菌株的比例為 22%，顯示當時田間稻熱病菌菌株的生理型已處於變動狀態，無法將所有採集到的稻熱病菌菌株歸入已發表的生理小種之中。

檢視 2011 年台灣地區水稻稻熱病菌菌株生理型的結果，於接種試驗之 114 株菌株中，僅有 12 菌株可比對出 3 種已發表的生理小種 (race 1、race 2 與 race 17)，其餘將近九成的稻熱病菌菌株皆無法歸入已報告的 78 個生理小種，且有 25 菌株無法歸入已知的七個生理群中，占受測菌株的 21.9%。而田間稻熱病菌的主要生理群也由原來的 I、P 及 T 生理群，轉變為以 K 與 I 生理群為主。K 生理群之稻熱病菌菌株 [主要對判別品種中的崑山五香梗呈感病 (S) 反應] 躍升為田間主要的族群，

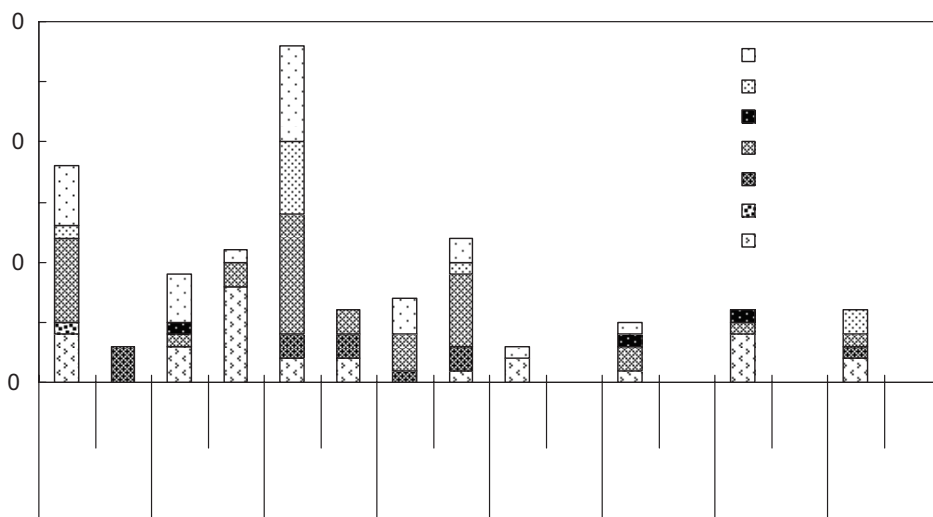


圖 5. 2011 年各地區兩期作稻熱病菌菌株生理型分布情形。

Fig. 5. The distribution of physiological types of *Magnaporthe oryzae* isolates collected in Taiwan from different production areas in the first and the second crop seasons of rice in 2011.

I 生理群則成爲第二主要的族群。分析族群變化原因，T 生理群與 K 生理群菌株間之差異，主要在於 T 生理群菌株對本土育成梗稻品種台中 65 號及國內山地秈稻品種 *Natala* 具有致病性，而 K 生理群對此二水稻品種並沒有致病性。根據農糧署 2011 年第一期作統計資料，目前台灣地區稻作品種中，秈稻僅占收穫總面積約 10.55%，較 1960 年代約占三成比例相差甚多 (Chien 1990a)，推測病原菌族群變動的可能原因爲秈稻種植面積減少，致使田間稻熱病菌菌株對秈稻品種 *Natala* 的致病性降低所致。此現象可由 114 株測試菌株中，僅檢測出 3 菌株屬於 N 生理群 [主要對台灣山地秈稻 *Natala* 呈感病 (S) 反應] 得到佐證。

至於 J 生理群的菌株在本研究中僅於苗栗地區採集到 1 菌株，其出現頻率爲 0.86%，屬於相當弱勢之族群，此結果與簡氏報告中敘述該群菌株於 1964 年後未曾再出現之低頻度大致相符。特別的是，此次接種測試中並未檢出 P 生理群的菌株 (對崑山五香梗、台中 65 號、稗桿稻、台中 171 號、嘉農 242 號、光復 1 號、嘉農育 280 號、台中系比 33 號與 *Natala* 等水稻品種皆呈感病反應)，主要原因是已測試之 114 菌株中僅 HL2g2 與 ct1e3 菌株對本土育成梗稻品種光復 1 號具致病性所致。綜觀上述結果，2011 年檢測之稻熱病菌菌株對本土梗稻品種光復 1 號與山地秈稻品種 *Natala* 呈現低致病性反應，此二水稻品種抗稻熱病能力值得觀察，唯目前並無應用此二水稻品種作爲育種之親本材料。

檢測之菌株生理型在水稻葉稻熱病 (營養生長期) 及穗稻熱病 (生殖生長期) 時期雖有些許差異，但主要生理群並無太大變化。調查不同生育期病原菌菌株的生理型，易受農民之田間管理操作與環境等條件影響。舉例來說，一般田間防治工作多半於葉稻熱病普遍發生時才進行投藥，而穗稻熱病部分因爲直接影響收穫產量，所以通常於抽穗前及齊穗時連續投藥，以有效降低穗稻熱病之發生，但也因此影響稻熱病菌菌株的採集工作與菌株數量上之代表性。

簡氏認爲，台灣地區稻熱病菌菌株生理型變動快速的原因，可能與國內水稻品種多樣、變遷頻繁且混雜栽培於田間有關，推測當期作種植的水稻品種面積之多寡，會進一步影響該年度的稻熱病菌生理型之分布與密度 (Chien 1990b)。然田間水稻品種確認工作於實際執行上有其難度，除於製作或產銷專區可正確取得品種資訊外，無法與農友取得聯繫或農友無法提供明確訊息常爲田間採集工作面臨之難題，也成爲本研究無法完整提供菌株來源水稻品種之主要原因。唯病原生理小種與作物品種息息相關，缺少品種訊息將無法完整釐清兩者間之互作關係，因此品種訊息的取得也成爲本研究後續工作努力的目標。此外部分研究亦指出，異核現象 (heterokaryosis)、擬有性重組 (parasexual recombination)、非整倍體 (aneuploidy) (Kang & Lee 2000) 及染色體重排 (chromosome recombination) (Qin *et al.* 1998) 等，均可能是造成稻熱病菌變異的途徑，也因此提高了稻熱病菌之單孢菌株在繼代培養過程或田間族群演變中，出現致病性與基因組變異的可能性 (Qin *et al.* 1998)。然由筆者的觀察，認爲田間水稻稻熱病之發生與分布除受環境氣候條件 (如溫度、濕度) 的影響外，農民的田間管理操作亦大大左右病勢的發展。舉例來說，田間常可發現比鄰的兩塊田區，一塊稻熱病發病相當嚴重有如火燒，但相隔一條田埂的鄰田卻安然無恙。探究其原因，不乏肥料施用過量、栽培密度過高及錯失防治時機等因素，而與稻熱病菌菌株致病性的差異沒有全然的關係。

傳統稻熱病菌生理小種的判別方式，可能會受到多種因素影響，如鑑定時寄主植物的生理狀況、接種源的質與量、外界環境條件的變化等，且部分菌株在某些判別品種上呈現中等的致病反應，使寄主的抗感病表現難以判斷，判定結果也往往因研究者主觀認知的不同而出現差異 (Ling *et al.* 2004)。此外，台灣稻熱病菌生理小種的水稻判別品種有 16 種，爲各國判別品種數目最多者，依各品種

對稻熱病菌菌株呈現之抗感病性進行排列組合，理論值可鑑別出 2 的 16 次方共 65,536 個不同之生理小種類型。依此數值推估，若每年菌株測定皆出現若干新的生理小種，數年後稻熱病菌的生理小種數目將難以估計。目前可行之策，僅能暫時藉由生理群來檢視田間稻熱病菌菌株間致病性的變化，以減少生理小種數目逐年增長之問題。然而國內至今尚無台灣 16 種水稻判別品種所含抗稻熱病基因之相關研究報告，依此系統判讀出之生理小種資料僅能與簡氏所建立的資料進行比較，瞭解現今田間稻熱病菌生理型與過往之差異，而無法進行更深入之探討。此外，現行田間栽植的水稻品種幾無利用此套品種作為育種之親本材料，因此並無法將研究結果直接應用於田間防治工作，如提供農民有關利用對稻熱病菌抗病性較佳之水稻品種作為輪作等相關資訊。目前已有許多研究顯示，稻熱病菌的無毒力基因 (*AVR-gene*) 與水稻抗病基因 (*R-gene*) 間的交互作用，符合 Flor 氏所提出的 gene for gene 學說 (Flor 1971; Silué *et al.* 1992; Valent & Chumley 1994)，從病害研究的觀點來看，長遠之計仍需重新建立一套以台灣水稻品種為背景的單基因判別品種 (系)，透過單基因系統的檢測，建立台灣地區稻熱病菌菌株致病基因的分布架構，配合水稻品種所含抗稻熱病基因的資訊，以 gene for gene 學說的角度檢視田間病原菌致病族群的變動與田間病害發生的關聯性，應更有助於本病害發生的預測與抗病育種工作的進行。

引用文獻

- Atkins, J. G., A. L. Robert, C. R. Adair, K. Goto, T. Kozaka, R. Yanagida, M. Yamada, and S. Matsumoto. 1967. An international set of rice varieties for differentiating races of *Pyricularia oryzae*. *Phytopathology* 57:297-301.
- Bonman, J. M., T. I. V. D. Dios, and M. M. Khin. 1986. Physiologic specialization of *Pyricularia oryzae* in the Philippines. *Plant Dis.* 70:767-769.
- Chen, D. H., R. S. Zeigler, H. Leung, and R. J. Nelson. 1995. Population structure of *Pyricularia grisea* at two screening sites in the Philippines. *Phytopathology* 85:1011-1020.
- Chien, C. C. 1971. Variation of rice blast fungus, *Pyricularia oryzae* Cav. p.11-30. *in: Rice Diseases.* (Chiu, R. J., ed.) Joint Commission on Rural Reconstruction Pub. Taipei. 372 pp. (in Chinese with English abstract)
- Chien, C. C. 1974. Studies on the physiologic races of rice blast fungus, *Pyricularia oryzae* Cav. *J. Taiwan Agric. Res.* 23:16-37. (in Chinese with English abstract)
- Chien, C. C. 1990a. Relationship between the changes of rice varieties and rice blast disease. p.47-61. *in: Prediction of Rice Pests and Diseases - Rice Blast.* TARI Special Publication No. 30. Taichung. 119 pp. (in Chinese)
- Chien, C. C. 1990b. Studies on the physiologic races of rice blast fungus, *Pyricularia oryzae* Cav. p.63-74. *in: Prediction of Rice Pests and Diseases - Rice Blast.* TARI Special Publication No. 30. Taichung. (in Chinese)
- Chien, C. C., S. Y. Lin, and S. C. Jong. 1963. Studies on the physiologic races of *Pyricularia oryzae* Cav. (II). *J. Taiwan Agric. Res.* 12:29-39.
- Correa-Victoria, F. J., and R. S. Zeigler. 1993. Pathogenic variability in *Pyricularia grisea* at a rice blast "hot spot" breeding site in eastern Colombia. *Plant Dis.* 77:1029-1035.
- Couch, B. C. and L. M. Kohn. 2002. A multilocus gene genealogy concordant with host preference indicates segregation of a new species, *Magnaporthe oryzae*, from *M. grisea*. *Mycologia* 94:683-689.
- Flor, H. H. 1971. Current status of the gene-for-gene concept. *Annu. Rev. Phytopathol.* 9:275-296.
- Fukuta, Y., E. Araki, M. J. T. Yanoria, T. Imbe, H. Tsunematsu, H. Kato, L. A. Ebron, D. Mercado-Escueta, and G. S. Khush. 2004. Development of differential varieties for blast resistance in IRRI-Japan collaborative research project. p.229-233. *in: Rice Blast: Interaction with Rice and Control.* (Kawasaki, S., ed.) Kluwer Academic. Dordrecht. 302 pp.
- Hajano, J., M. A. Pathan, Q. A. Rajput, and M. A. Lodi. 2011. Rice blast-mycoflora, symptomatology and pathogenicity. *IJAVMS* 5:53-63.
- Hashioka, Y. 1952. Annual and local variation of the varietal resistance of rice to the blast disease. *J. Taiwan Agric. Res.* 3:40-55.
- Herd, R. W. 1991. Research priorities for rice biotechnology. p.19-54. *in: Rice Biotechnology.* (Khush, G. S. and G. H. Toenniessen, eds.) CAB International. Wallingford. 320 pp.

- Imbe, T., S. Oba, M. J. T. Yanoria, and H. Tsunematsu. 1997. A new gene for blast resistance in rice cultivar, IR24. *Rice Genet. Newsl.* 14:60–62.
- Kang, S. and Y. H. Lee. 2000. Population structure and race variation of the rice blast fungus. *Plant Pathol. J.* 16:1–8.
- Kobayashi, N., M. J. T. Yanoria, H. Tsunematsu, H. Kato, T. Imbe, and Y. Fukuta. 2007. Development of new sets of international standard differential varieties for blast resistance in rice (*Oryza sativa* L.). *JARQ* 41:31–37.
- Lee, K., P. Singh, W. C. Chung, J. Ash, T. S. Kim, L. Hang, and S. Park. 2006. Light regulation of asexual development in the rice blast fungus, *Magnaporthe oryzae*. *Fungal Genet. Biol.* 43:694–706.
- Levy, M., F. J. Correavictoria, R. S. Zeigler, S. Z. Xu, and J. E. Hamer. 1993. Genetic diversity of the rice blast fungus in a disease nursery in Colombia. *Phytopathology* 83:1427–1433.
- Ling, Z. Z., C. L. Lei, and J. L. Wang. 2004. Review and prospect for study of physiologic races on rice blast fungus (*Pyricularia grisea*). *Sci. Agric. Sin.* 37:1849–1859.
- Ou, S. H. 1971. A new approach to rice breeding for blast disease resistance. p.31–48. *in: Rice Diseases.* (Chiu, R. J., ed.) Joint Commission on Rural Reconstruction Pub. Taipei. 372 pp. (in Chinese with English abstract)
- Ou, S. H. 1985. Blast. p.109–201. *in: Rice Diseases.* 2nd ed. (Ou, S. H., ed.) Commonwealth Mycological Institute. Kew. 380 pp.
- Qin, M., Z. He, M. He, Y. Zhang, and Y. Wang. 1998. Studies on genetic variations of *Magnaporthe grisea* during successive asexual generations. *J. Southwest Agric. Univ., China* 20:508–511.
- Sesma, A. and A. E. Osbourn. 2004. The rice leaf blast pathogen undergoes developmental processes typical of root-infecting fungi. *Nature* 431:582–586.
- Silué, D., J. L. Nottoghem, and D. Tharreau. 1992. Evidence of a gene-for-gene relationship in the *Oryza sativa-Magnaporthe grisea* pathosystem. *Phytopathology* 82:577–580.
- Telebanco-Yanoria, M. J., T. Imbe, H. Kato, H. Tsunematsu, L. A. Ebron, C. M. V. Cruz, N. Kobayashi, and Y. Fukuta. 2008. A set of standard differential blast isolates (*Magnaporthe grisea* (Hebert) Barr.) from the Philippines for rice (*Oryza sativa* L.) resistance. *JARQ* 42:23–34.
- Tsai, W. H. 2007. Rice blast disease. p.265–272. *in: Picture Series of Plant Protection - 8. Rice Protection.* (Cheng, C. H., ed.) Bureau of Animal and Plant Health Inspection and Quarantine, COA. Taipei. 457 pp. (in Chinese)
- Tsai, W. H. 2009. The review on the studies of rice blast. p.1–12. *in: Proceedings of Symposium on Achievements and Perspectives of Rice Protection in Taiwan.* July 9, 2009. Chiayi, Taiwan. Chia-Yi Agric. Exp. Stan., TARI, Chiayi. (in Chinese)
- Tsai, W. H. and Y. C. Chang. 1992. Studies on the physiologic races change of rice blast fungus, *Magnaporthe oryzae*, in Taiwan. p.71. *in: Annual Report of Taiwan Agricultural Research Institute.* Taiwan Agric. Res. Inst. Taichung. 142 pp. (in Chinese)
- Tsunematsu, H., M. J. T. Yanoria, L. A. Ebron, N. Hayashi, I. Ando, H. Kato, T. Imbe, and G. S. Khush. 2000. Development of monogenic lines of rice for blast resistance. *Breed Sci.* 50:229–234.
- Valent, B. and F. G. Chumley. 1994. Avirulence genes and mechanisms of genetic instability in the rice blast fungus. p.111–134. *in: Rice Blast Disease.* (Zeigler, R. S., S. A. Leong, and P. S. Teng, eds.) CAB International. Wallingford. 626 pp.
- Yamada, M., S. Kiyosawa, T. Yamaguchi, T. Hirano, T. Kobayashi, K. Kashibuchi, and S. Watanabe. 1976. Proposal of a new method for differentiating races of *Pyricularia oryzae* Cavara in Japan. *Ann. Phytopathol. Soc. Jpn.* 42:216–219.

Studies on Physiological Races of *Magnaporthe oryzae*, Causal Agent of Rice Blast, in Taiwan

Yi-Nian Chen¹, Chun-Wei Chen², and Tsung-Chun Lin^{1*}

Abstract

Chen, Y. N., C. W. Chen, and T. C. Lin. 2013. Studies on physiological races of *Magnaporthe oryzae*, causal agent of rice blast, in Taiwan. *J. Taiwan Agric. Res.* 62(1):40–56.

The objective of this study was to determine races of 114 isolates of *Magnaporthe oryzae* collected from diseased leaves of rice (*Oryza sativa*) grown in Taiwan in 2011. Diseased rice leaves were collected from 22 townships, including Miaoli, Taichung, Changhua, Nantou, Yunlin, Chiayi, Tainan, Kaohsiung and Pingtung Counties and lesions of each sample were isolated and purified by the single-spore isolation method. Each of the 114 isolates of *M. oryzae* was inoculated by spray on 16 varieties of rice, which were used as differential varieties. Based on rating of susceptibility of the 16 rice varieties to the pathogen at 7 days after inoculation, the disease reaction on each variety was compared to the 7 physiological groups reported in Taiwan previously. Results showed that, among 114 isolates tested, 89 isolates (78.1%) belonged to the six physiological groups (I, J, T, K, N, and A), among them 12 isolates were corresponding to the three previously reported races (race 1, race 2 and race 17); whereas the remaining 25 isolates (21.9%) were not in any of the previously reported physiological groups. However, none of the isolates examined in this study belonged to the P physiological group. Among the 89 isolates belonging to the six previously reported physiological groups, 35 isolates (30.7%) were in the K physiological group (the predominant group of *M. oryzae*), 29 isolates (25.4%) were in the I physiological group, and one isolate was in the J physiological group. The diversity of distribution of physiological types of *M. oryzae* isolates was the highest in samples from the Miaoli County with all the six physiological groups identified, followed by samples from Changhua, Nantou and Yunlin Counties with five physiological groups identified, and samples from Taichung, Tainan, and Pingtung Counties with four physiological groups identified. These results indicate that populations of *M. oryzae* are diversified in different rice production areas in Taiwan. In addition, the major physiological groups of *M. oryzae* were largely unchanged between isolates collected from the first crop season and the second crop season in samples from Taichung, Changhua, Nantou and Yunlin Counties. However, the physiological groups of the isolates from the first crop season and the second season were completely different in samples from Miaoli County. Among the 16 differential varieties of rice, the local bred Japonica variety, Kwang-fu No.1, was susceptible only to two of *M. oryzae* isolates (isolate HL2g2 and isolate ct1e3) and it was highly resistant to the other 112 isolates examined. This result suggests that Kwang-fu No.1 has potential for use in rice breeding programs for the development of new varieties with resistance to rice blast.

Key words: Rice, Rice blast disease, Physiological race, Physiological group, Differential variety.

Received: August 6, 2012; Accepted: January 3, 2013.

* Corresponding author, e-mail: tclin@tari.gov.tw

¹ Assistant Research Fellow, Plant Pathology Division, Taiwan Agricultural Research Institute, Taichung, Taiwan, ROC.

² Contract Assistant Research Fellow, Plant Pathology Division, Taiwan Agricultural Research Institute, Taichung, Taiwan, ROC.