

# 水稻 ‘LTH’ 單基因系與 ‘CO 39’ 近同源系 對台灣稻熱病菌之反應

廖大經<sup>1</sup> 陳隆澤<sup>2</sup> 吳志文<sup>3</sup> 鍾嘉綾<sup>4,\*</sup>

## 摘要

廖大經、陳隆澤、吳志文、鍾嘉綾。2016。水稻 ‘LTH’ 單基因系與 ‘CO 39’ 近同源系對台灣稻熱病菌之反應。台灣農業研究 65(1):8–17。

本研究探討由國際水稻研究所 (International Rice Research Institute; IRRI) 引進之 ‘LTH’ 單基因系及 ‘CO 39’ 近同源系等攜帶已知抗病基因之稻熱病判別品系，2011–2014 年共 5 個期作於行政院農業委員會農業試驗所嘉義分所進行旱田式稻熱病病圃之抗性反應。結果顯示，37.5% 之 ‘LTH’ 單基因系及 71.4% 之 ‘CO 39’ 近同源系，罹病等級中位數為 4 級或以下，即抗病性為中抗級或以上。其中，並以 ‘LTH’ 單基因系之 *Piz-5* [來自 IRBLz5-CA 與 IRBLz5-CA(R)]、*Pib* (來自 IRBLb-B)、*Pi12(t)* (來自 IRBL12-M) 及 *Pita2* (來自 IRBLta2-Pi 與 IRBLta2-Re)，以及 ‘CO 39’ 近同源系之 *Pik* [來自 IRBLk-Ka(CO)]、*Pikh* [來自 IRBLkh-K3(CO)] 及 *Pita2* [來自 IRBLta2-IR64(CO)] 等抗病基因之抗性最為穩定，表示這些抗病基因可能對病圃中大多數稻熱病菌生理小種具有抗性，抗病幅度較廣。某些貢獻親本來源相同的抗病基因，在 ‘LTH’ 及 ‘CO 39’ 兩種遺傳背景下的抗性反應不一致，例如來自 ‘Kanto 51’ 的 *Pik* 以及來自 ‘K60’ 的 *Pik-p*，在 ‘CO 39’ 背景下的罹病反應表現為中等抗病，但在 ‘LTH’ 背景表現為極感病，原因可能是 *Pik* 及 *Pik-p* 之抗性必須在具有其他抗病基因存在或私稻背景下效應較強。此外，來自親本 ‘K3’ 的 *Pik-h* 以及來自 ‘C101LAC’ 的 *Pil*，在 ‘LTH’ 背景下所貢獻之抗性幅度較高，可使極感病之 ‘LTH’ 罹病度下降 3–4 級，但在 ‘CO 39’ 背景下罹病度則只下降 1 級。已知 ‘CO 39’ 帶有 *Pia* 及 *Pi-CO39(t)* 兩個抗性基因，因此 *Pik-h* 及 *Pil* 的表現可能受 ‘CO 39’ 背景中的抗性效應所遮蔽。由試驗結果，建議在台灣使用 ‘LTH’ 背景的判別品種，可避免檢定結果受內生遺傳背景遮蔽效應之影響，對於生理小種的鑑別度可能較佳。本研究亦發現到，某些帶相同抗性基因之判別品種與其貢獻親之抗病反應不一致，除了遺傳背景之差異外，亦可能與某些貢獻親如 ‘BL1’ 及 ‘Toride 1’ 等帶有 1 個以上抗病基因，不同抗病基因之效應而使貢獻親更為抗病有關。

**關鍵詞：** *Magnaporthe oryzae*、病圃、判別品系、抗病基因。

## 前言

稻熱病是極具破壞性的水稻真菌性病害，由子囊菌 *Magnaporthe oryzae* (無性世代 *Pyricularia oryzae*) 產生的分生孢子侵染水稻而致病，通常對於稻穀產量及品質造成嚴重損失。根據前台灣省政府農林廳 1985 年 (De-

partment of Agriculture and Forestry, Taiwan Provincial Government 1985) 統計資料指出，1966–1984 年間台灣第 1 期作葉稻熱病之平均發生面積為 38,840 ha，穗稻熱病之平均發生面積為 29,433 ha，第 2 期作葉稻熱病之平均發生面積為 6,372 ha，穗稻熱病為 3,845 ha。

投稿日期：2015 年 4 月 7 日；接受日期：2015 年 5 月 26 日。

\* 通訊作者：clchung@ntu.edu.tw

<sup>1</sup> 農委會農業試驗所嘉義農業試驗分所農藝系助理研究員。台灣 嘉義市。

<sup>2</sup> 農委會農業試驗所嘉義農業試驗分所農藝系前研究員。台灣 嘉義市。

<sup>3</sup> 農委會高雄區農業改良場作物改良課研究員。台灣 屏東縣。

<sup>4</sup> 國立台灣大學植物病理與微生物學系助理教授。台灣 台北市。

Tsai (1988) 估計葉稻熱病造成水稻產量的損失，發現「台農 67 號」葉稻熱病斑面積率為 25、55 及 80%，產量損失率分別可達 21.40、54.19 及 81.91%。稻熱病菌與寄主之間的交互作用，可以用「基因對基因」(gene-for-gene) 的理論來解釋 (Flor 1956)，亦即對於寄主中的特定抗病 Resistance (R) 基因，只有在病原菌存在與其對應的非致病力 Avirulence (Avr) 基因時，才能透過 R 蛋白與 Avr 蛋白之專一性辨識，啟動細胞內的防禦機制而呈現抗病反應。根據 R-Avr 之對應關係，水稻病理及育種學者開發出一系列的「判別品種」(differential varieties)，做為鑑別稻熱病菌生理小種及監視其發生變化之用。

常見之稻熱病判別品種，由早期抗病基因不詳的自然品種，到目前利用遺傳學技術所育成帶有已知抗病基因的品種 (Kiyosawa 1984)。Hung *et al.* (1961) 根據人工接種及田間觀察試驗結果，選出「崑山五香粳」、「台中 65 號」、「稗稈稻」、「台中 171 號」、「嘉農 242 號」、「光復 1 號」、「嘉農育 280 號」、「台中系比 33 號」、「關東 51 號」、「農林 21 號」、「戰捷」、「Custugulcul」、「Natala」、「高腳柳州」、「高雄大粒清油」及「台中低腳烏尖」等 16 個台灣判別品種。Latterell *et al.* (1965) 強調建立一套國際共同使用之稻熱病判別品種的重要性，其後由美、日學者以世界各國所蒐集之菌株，篩選出一套包含粳、秈型稻之國際判別品種 (Atkins *et al.* 1967)，分別是 ‘Raminad Str. 3’、‘Zenith’、‘NP125’、‘Usen’、‘Dular’、‘Kanto 51’、‘Sha-tiao-tso’ 及 ‘Caloro’ 等 8 個品種。以上台灣及國際判別品種，由於未進行抗病基因的遺傳分析，因此無法根據 Flor 的學說鑑別不同的生理小種 (Kato *et al.* 2004)。Yamada *et al.* (1976) 改進了前項缺失，選出了 ‘Shin 2’、‘Aichi-asahi’、‘Ishikari-shiroke’、‘Kanto 51’、‘Tsuyuake’、‘Fukunishiki’、‘Yas-hiro-mochi’、‘Pi No. 4’、及 ‘Toride 1’ 等 9 個遺傳背景不同，但帶有已知單一抗病基因的日本判別品種。Mackill & Bonman (1992) 以回交育種法，發展出一套以 ‘CO 39’ 為遺傳背景且帶單一抗病基因的秈型近同源系 (near-iso-

genic lines) 判別品種，這套判別品種的優點在於遺傳背景接近，可降低不同遺傳背景對於鑑別度的干擾。惟其缺點在於 ‘CO 39’ 並非真正的感病品種，它帶有 *Pia* (Imbe *et al.* 1997; Tsunematsu *et al.* 2000; Telebanco-Yanoria *et al.* 2011) 與 *Pi-CO39(t)* (Smith & Leong 1994; Farman & Leong 1998; Chauhan *et al.* 2002) 等 2 個抗病基因，所以不是真正的單抗性品種。為了建構一套適合各國使用的標準判別品種，IRRI (International Rice Research Institute) 與日本合作，以中國大陸的粳型普感品種「麗江新團黑谷」(‘Lijiangxintuanheigu’，簡稱 ‘LTH’) 為輪迴親，開發出一套以 ‘LTH’ 為背景，包含 24 個抗病基因，總計 31 個單基因系品系 (Tsunematsu *et al.* 2000)。Kobayashi *et al.* (2007) 則發展出一套以 ‘CO 39’ 為背景，包含 14 個抗病基因，總計 20 個近同源系的秈型判別品系，提供熱帶或栽培秈型稻為主的國家或地區使用。至此，稻熱病判別品種已經進化至遺傳背景近似且帶已知單抗病基因，不僅對於生理小種鑑別度大幅提高，也可以做為導入或堆疊抗病基因至感病品種的育種材料。

‘LTH’ 與 ‘CO 39’ 背景的兩套判別品系自推出以來，受到各方深入探討及廣泛應用，惟其在台灣田間自然感病狀況下的抗病反應模式，尚未有系統性的研究報告。田間生理小型會隨著栽培品種的種類、面積及年度期作間的氣象條件而發生改變，進而表現當時稻熱病發生程度的大小，其變化的速度與複雜性，非室內人工接種所能模擬。本研究由抗病育種的觀點，探討這兩套判別品系在田區多年度與期作間的抗病反應模式，可以提供生理小種組成類型及變化的訊息，並可瞭解推廣或新育成品種對於生理小種類型的反應，有助於防治稻熱病流行的發生。另外，也使育種人員瞭解在當地表現抗病性強且穩定的抗病基因，以作為抗病育種的參考。

## 材料與方法

### 參試水稻品種 (系)

本研究所使用之水稻品種 (系)，包括 31 個 ‘LTH’ 單基因系 (表 1)、20 個 ‘CO 39’ 近同

源系(表 2)、對照親本 'LTH' 與 'CO 39' (以上係 2011 年透過行政院農業委員會高雄區農業改良場自 IRRI 引進), 以及貢獻親本 'Aichi Asahi' 等 11 個品種(表 3), 共計 64 個品種(系)。

表 1. 2011–2014 年 'LTH' 單基因系在嘉義稻熱病圃中的反應。

**Table 1.** Response of rice variety 'LTH' monogenic lines to leaf blast at the upland blast nursery in Chiayi during 2011–2014.

Designation	Resistance gene	Donor variety	Disease severity <sup>z</sup>					Median <sup>y</sup>
			A	B	C	D	E	
IRBLa-A	<i>Pia</i>	Aichi Asahi	9	9	7	7	9	9
IRBLa-C	<i>Pia</i>	CO 39	- <sup>x</sup>	9	9	9	9	9
IRBLi-F5	<i>Pii</i>	Fujisaka 5	-	9	9	9	9	9
IRBLks-F5	<i>Pik-s</i>	Fujisaka 5	7	9	9	9	9	9
IRBLks-S	<i>Pik-s</i>	Shin 2	9	6	7	7	9	7
IRBLk-Ka	<i>Pik</i>	Kanto 51	7	9	7	9	9	9
IRBLkp-K60	<i>Pik-p</i>	K60	7	9	9	9	9	9
IRBLkh-K3	<i>Pik-h</i>	K3	5	7	6	7	4	6
IRBLz-Fu	<i>Piz</i>	Fukunishiki	7	9	6	7	4	7
IRBLz5-CA	<i>Piz-5</i>	C101A51	2	2	4	4	4	4
IRBLz5-CA (R)	<i>Piz-5</i>	C101A51	4	2	4	2	4	4
IRBLzt-T	<i>Piz-t</i>	Toride 1	9	9	9	9	9	9
IRBLta-K1	<i>Pita</i>	K1	4	2	5	4	9	4
IRBLta-CT2	<i>Pita</i>	C105TTP2L9	6	7	7	5	4	6
IRBLta-CP1	<i>Pita</i>	C101PKT	5	7	6	4	7	6
IRBLb-B	<i>Pib</i>	BL1	2	4	4	4	4	4
IRBLt-K59	<i>Pit</i>	K59	8	9	9	8	9	9
IRBLsh-S	<i>Pish</i>	Shin 2	4	6	9	4	9	6
IRBLsh-B	<i>Pish</i>	BL1	4	6	9	4	9	6
IRBL1-CL	<i>Pil</i>	C101LAC	4	4	6	7	9	6
IRBL3-CP4	<i>Pi3</i>	C104PKT	8	9	9	6	9	9
IRBL5-M	<i>Pi5(t)</i>	RIL249 (Moroberekan)	4	4	8	4	9	4
IRBL7-M	<i>Pi7(t)</i>	RIL29 (Moroberekan)	4	4	6	4	9	4
IRBL9-W	<i>Pi9(t)</i>	WHD-IS-75-1-127	5	4	4	4	4	4
IRBL12-M	<i>Pi12(t)</i>	RIL10 (Moroberekan)	4	4	4	4	4	4
IRBL19-A	<i>Pi19(t)</i>	Aichi Asahi	9	9	9	8	9	9
IRBLkm-Ts	<i>Pik-m</i>	Tsuyake	6	4	5	4	4	4
IRBL20-IR24	<i>Pi20</i>	ARL24	4	3	5	4	4	4
IRBLta2-Pi	<i>Pita2</i>	Pi No. 4	4	4	4	2	4	4
IRBLta2-Re	<i>Pita2</i>	Reiho	2	4	4	4	4	4
IRBL11-Zh	<i>Pi11(t)</i>	Zhaiyeqing 8	4	2	4	4	7	4
LTH	-	-	9	8	9	9	9	9

<sup>z</sup> The severity score was evaluated based on a 0–9 scale developed by IRRI. Each data point is the maximum score from two replicates. A: 2nd crop season in 2011; B: 1st crop season in 2013; C: 2nd crop season in 2013; D: 1st crop season in 2014; and E: 2nd crop season in 2014.

<sup>y</sup> Median of the disease scores from all the trials (A–E).

<sup>x</sup> Missing data.

表 2. 2011–2014 年 ‘CO 39’ 近同源系在嘉義稻熱病圃中的反應。

**Table 2.** Response of rice variety ‘CO 39’ near-isogenic lines to leaf blast at the upland blast nursery in Chiayi during 2011–2014.

Designation	Resistance gene	Donor variety	Disease severity <sup>z</sup>					Median <sup>y</sup>
			A	B	C	D	E	
IRBLsh-Ku[CO]	<i>Pish</i>	Kusabue	3	4	5	4	4	4
IRBLsh-S[CO]	<i>Pish</i>	Shin 2	3	5	5	4	5	5
IRBLsh-B[CO]	<i>Pish</i>	BL1	3	- <sup>x</sup>	5	4	5	5
IRBLb-IT13[CO]	<i>Pib</i>	IRAT 13	2	2	5	2	-	2
IRBLz5-CA[CO]	<i>Piz-5</i>	C101A51	-	-	-	-	-	-
IRBLzt-IR56[CO]	<i>Piz-t</i>	IR56	3	2	5	4	4	4
IRBL5-M[CO]	<i>Pi5(t)</i>	RIL249 (Moroberekan)	5	6	5	5	5	5
IRBLks-CO[CO]	<i>Pik-s</i>	Caloro	5	7	5	5	6	5
IRBLk-Ku[CO]	<i>Pik</i>	Kusabue	3	4	5	4	5	4
IRBLk-Ka[CO]	<i>Pik</i>	Kanto 51	4	4	4	4	4	4
IRBLkh-K3[CO]	<i>Pik-h</i>	K3	3	3	4	4	4	4
IRBLkm-Ts[CO]	<i>Pik-m</i>	Tsuyuake	-	-	-	-	-	-
IRBLkp-K60[CO]	<i>Pik-p</i>	K60	4	5	5	4	4	4
IRBL1-CL[CO]	<i>Pi1</i>	C101LAC	3	4	5	4	4	4
IRBL7-M[CO]	<i>Pi7(t)</i>	RIL29 (Moroberekan)	3	5	5	4	4	4
IRBLta-Ya[CO]	<i>Pita</i>	Yashiromochi	3	4	5	4	3	4
IRBLta-Me[CO]	<i>Pita</i>	Metica 1	3	5	5	4	4	4
IRBLta2-Pi[CO]	<i>Pita-2</i>	Pi No. 4	-	-	-	-	-	-
IRBLta2-Re[CO]	<i>Pita-2</i>	Reiho	2	5	4	4	4	4
IRBLta2-IR64[CO]	<i>Pita-2</i>	IR64	2	2	4	4	4	4
CO 39	-	-	4	6	6	5	5	5

<sup>z</sup> The severity score was evaluated based on a 0–9 scale developed by IRRI. Each data point is the maximum score from two replicates. A: 2nd crop season in 2011; B: 1st crop season in 2013; C: 2nd crop season in 2013; D: 1st crop season in 2014; and E: 2nd crop season in 2014.

<sup>y</sup> Median of the disease scores from all the trials (A–E).

<sup>x</sup> Missing data.

## 稻熱病圃設置方法

‘LTH’ 單基因系、‘CO 39’ 近同源系、對照親本及貢獻親本於 2011 年第 2 期作、2013 年第 1、2 期作及 2014 年第 1、2 期作種植於嘉義農業試驗分所旱田式病圃 (經度 120°28’03”E，緯度 23°29’05”N)，試驗田採順序排列，重複 2 次。各參試品種 (系) 條播種植 1 行，每行播種 5 g 種子，行長 50 cm，行距 10 cm，每隔 10 行種植 2 行感病品種 ‘Lomello’，同時中間夾播 1 行抗病品種「台農 70 號」作為對照品種，周圍邊行則全數播種 ‘Lomello’ 作為感染源。肥料施用量每公頃施用台灣肥料

公司之硫酸銨 240 kg，過磷酸鈣 36 kg，氯化鉀 48 kg。稻種發芽後，每日早晨與黃昏於葉面上各噴灑水霧數次，以維持葉面適當濕度促進發病。

## 稻熱病調查方法與標準

依據 IRRI 所訂定之葉稻熱病罹病度評估方法及標準 (International Rice Research Institute 2002)，分別於播種後 30 d 及 40 d 各調查 1 次，每行給予一個罹病等級，最後以兩次調查、各兩重複之評估結果中最嚴重之等級，作為該品種 (系) 當年度罹病程度之代表。罹病等級分 0–9 級記載，罹病等級對應於罹病反應，

表 3. 2011–2014 年貢獻品種對病原菌的反應。

Table 3. Response of rice donor varieties to leaf blast at the upland blast nursery in Chiayi during 2011–2014.

Donor variety	Resistance gene	Disease severity <sup>z</sup>					Median <sup>y</sup>
		A	B	C	D	E	
Aichi Asahi	<i>Pia, Pi19(t)</i>	9	9	9	9	9	9
Shin 2	<i>Pik-s, Pish</i>	9	7	8	7	6	7
Kanto 51	<i>Pik</i>	7	6	9	7	5	7
Fukunishiki	<i>Piz</i>	9	7	9	7	6	7
Toride 1	<i>Piz-t, Pish</i>	2	4	4	4	5	4
BL1	<i>Pib, Pish</i>	2	4	4	4	3	4
K59	<i>Pit</i>	8	8	8	7	9	8
Tsuyuake	<i>Pik-m</i>	9	7	9	7	6	7
Pi No. 4	<i>Pita2</i>	6	6	6	6	5	6
Caloro	<i>Pik-s</i>	2	4	4	4	5	4
Yashiromochi	<i>Pita</i>	6	6	5	5	5	5

<sup>z</sup> The severity score was evaluated based on a 0–9 scale developed by IRRI. Each data point is the maximum score from two replicates. A: 2nd crop season in 2011; B: 1st crop season in 2013; C: 2nd crop season in 2013; D: 1st crop season in 2014; and E: 2nd crop season in 2014.

<sup>y</sup> Median of the disease scores from all the trials (A–E).

可分為 0 級：極抗 (HR)；1–3 級：抗 (R)；4 級：中抗 (MR)；5–6 級：中感 (MS)；7–8 級：感 (S)；9 級：極感 (HS)。

## 結果

### ‘LTH’ 單基因系與 ‘CO 39’ 近同源系判別品系對病原菌之罹病反應

‘LTH’ 單基因系與 ‘CO 39’ 近同源系之判別品系，在 2011–2014 年不同期作共 5 次檢定的罹病反應，如表 1 與表 2 所示。其中，IRBLz5-CA[CO]、IRBLkm-Ts[CO] 與 IRBLta2-Pi[CO] 等 3 個判別品系由於引種後繁殖失敗，因此無法得知其罹病反應。對照親本 ‘LTH’ 在 5 次檢定之罹病等級均為 8–9 級，中位數為 9 級，呈極感病級反應；‘CO 39’ 除 2011 年第二期作之罹病等級為 4 級外，其餘 4 次檢定的罹病等級均為 5–6 級，中位數為 5 級，呈中等感病級反應。‘LTH’ 單基因系與 ‘CO 39’ 近同源系之在各年度期作間之罹病等級，中位數分布由 2 級至 9 級。比較 ‘LTH’ 單基因系與其對照親本 ‘LTH’ 之罹病反應，可發現罹病度中位數 8–9 級，可視為與 ‘LTH’ 同樣感病者包括 IRBLa-A 與 IRBLa-C (帶 *Pia* 基因)、IRBLi-F5 (帶

*Pii* 基因)、IRBLks-F5 與 IRBLks-S (帶 *Pik-s* 基因)、IRBLk-Ka (帶 *Pik* 基因)、IRBLkp-K60 (帶 *Pik-p* 基因)、IRBLzt-T (帶 *Piz-t* 基因)、IRBLt-K59 (帶 *Pit* 基因)、IRBL3-CP4 (帶 *Pi3* 基因) 及 IRBL19-A [帶 *Pi19(t)* 基因] 等 10 個品系共 9 個抗病基因。罹病度中位數為 5–7 級，與 ‘LTH’ 較具有輕度抗性者包括 IRBLks-S (帶 *Pik-s* 基因)、IRBLkh-K3 (帶 *Pik-h* 基因)、IRBLz-Fu (帶 *Piz* 基因)、IRBLta-CT2 與 IRBLta-CP1 (帶 *Pita* 基因)、IRBLsh-S 與 IRBLsh-B (帶 *Pish* 基因) 及 IRBL1-CL (帶 *Pil* 基因) 等 8 個品系共 6 個抗病基因。罹病等級中位數為 4 級，表現為中等抗性者包括 IRBLz5-CA 與 IRBLz5-CA(R) (帶 *Piz-5* 基因)、IRBLta-K1 (帶 *Pita* 基因)、IRBLb-B (帶 *Pib* 基因)、IRBL7-M [帶 *Pi7(t)* 基因]、IRBL9-W [帶 *Pi9(t)* 基因]、IRBL12-M [帶 *Pi12(t)* 基因]、IRBL20-IR24 (帶 *Pi20* 基因)、IRBLta2-Pi 與 IRBLta2-Re (帶 *Pita2* 基因) 及 IRBL11-Zh [帶 *Pi11(t)* 基因] 等 11 個品系，共 9 個抗病基因，占 ‘LTH’ 單基因系所帶 24 個抗病基因數量之 37.5%。

比較 ‘CO 39’ 近同源系與其對照親 ‘CO 39’ 之罹病反應，罹病度中位數為 5 級，與 ‘CO 39’ 同樣具中等感病性者為 IRBLsh-S[CO] 與

IRBLsh-B[CO] (帶 *Pish* 基因)、IRBL5-M[CO] [帶 *Pi5(t)* 基因] 及 IRBLks-CO[CO] (帶 *Pik-s* 基因) 等 4 個品系共 3 個抗病基因。罹病等級中位數為 4 級，較 ‘CO 39’ 稍具抗性者包括 IRBLsh-Ku[CO] (帶 *Pish* 基因)、IRBLz5-CA[CO] (帶 *Piz-5* 基因)、IRBLzt-IR56[CO] (帶 *Piz-t* 基因)、IRBLk-Ku[CO] 與 IRBLk-Ka[CO] (帶 *Pik* 基因)、IRBLkh-K3[CO] (帶 *Pik-h* 基因)、IRBLkp-K60[CO] (帶 *Pik-p* 基因)、IRBL1-CL[CO] (帶 *Pil* 基因)、IRBL7-M[CO] [帶 *Pi7(t)* 基因]、IRBLta-Ya[CO] 與 IRBLta-Me[CO] (帶 *Pita* 基因) 及 IRBLta2-Pi[CO]、IRBLta2-Re[CO] 與 IRBLta2-IR64[CO] (帶 *Pita2* 基因) 等 14 個品系共 9 個抗病基因。罹病等級中位數為 2 級，表現呈抗性者僅有 IRBLb-IT13[CO] (帶 *Pib* 基因)。以上，總計有 15 個品系共 10 個抗病基因表現出中抗以上的反應，占 ‘CO 39’ 近同源系所有抗病基因數量之 71.4%。

### 貢獻親之罹病反應

單基因系與近同源系之判別品系，其貢獻親的罹病反應如表 3 所示。貢獻親本在各年度期作間罹病等級中位數之分布由 4 級至 9 級，其中罹病等級中位數為 6 級以上，表現中等感病以上反應者，有 ‘Aichi Asahi’ [帶 *Pia* 與 *Pi19(t)* 基因]、‘Shin 2’ (帶 *Pik-s* 與 *Pish* 基因)、‘Kanto 51’ (帶 *Pik* 基因)、‘Fukunishiki’ (帶 *Piz* 基因)、‘K59’ (帶 *Pit* 基因)、‘Tsuyuke’ (帶 *Pik-m* 基因)、‘Pi No. 4’ (帶 *Pita2* 基因) 及 ‘Yashimochi’ (帶 *Pita* 基因) 等 8 個品種。罹病等級中位數為 4 級，表現中等抗病反應者，有 ‘Toride 1’ (帶 *Piz-t* 基因)、‘BL1’ (帶 *Pib* 與 *Pish* 基因) 及 ‘Caloro’ (帶 *Pik-s* 基因) 等 3 個品種。

## 討論

IRRI 所開發之 ‘LTH’ 單基因系與 ‘CO 39’ 近同源系稻熱病判別品系，目前已普遍使用於稻熱病菌族群或單一菌株生理小種之判斷，及作為探討水稻抗性基因表現時之對照。相關研究多於秧苗期以人工接種方式進行，而在病圃以自然發病的研究方式相對較少。人工接種能

明確瞭解各判別品種對於特定菌株之抗感性，但所選用菌株之代表性、致病能力的穩定度，以及秧苗期接種後通常僅有一次感染循環，均可能影響最後的罹病表現。病圃通常設置在易於發生稻熱病的地方，病圃內種植的檢定品種(系)種類繁多且定期更換，因此病原菌生理小種的種類與數量也隨著時間不斷發生變化(Ou 1985)。在病圃中進行稻熱病檢定，可使檢定品種(系)受到當地各類生理小種的侵染，藉此瞭解病原菌族群組成，且在病圃多次感染循環之下，其檢定結果可視為秧苗至成株之整體表現，相對而言更加趨近田間實際發病情況。但病圃檢定對於檢定品種與已知生理小種之間抗感性的對應關係，以及檢定品種對於不同生理小種之抗幅大小，則無從得知。本研究使用的病圃已經有 40 年的歷史，主要作為檢定台灣各農業試驗改良場(所)提供之新育成品種(系)稻熱病抗性的場所，每年檢定約 2,000 個品種(系)，包含稈型稻、秈型稻及糯稻等。在 2011–2014 年試驗期間，對照親本 ‘LTH’ 在病圃中完全表現極感病級，另一對照親本 ‘CO 39’ 除 2011 年第 2 期作表現中等抗級外，其他期作均為中感病級，顯示本病圃的發病情況穩定，其檢定結果有相當的可靠度。

本研究中表現抗性之 ‘LTH’ 單基因系與 ‘CO 39’ 近同源系判別品系大多數為中抗級，無高強度抗病的品種。顯示在台灣這兩套判別品系所帶之有效 R 基因，在田間對於不同生理小種的抗病強度為中等。其中，來自 ‘LTH’ 單基因系 IRBLz5-CA 與 IRBLz5-CA(R) 的抗病基因 *Piz-5*、IRBLb-B 的 *Pib*、IRBL12-M 的 *Pi12(t)* 及 IRBLta2-Pi 的 *Pita2*，‘CO 39’ 近同源系 IRBLk-Ka[CO] 的 *Pik*、IRBLkh-K3[CO] 的 *Pik-h* 及 IRBLta2-IR64[CO] 的 *Pita2*，在不同生長年度與期作間 5 次檢定的抗病表現一致穩定，表示對於病圃中大多數的生理小種都具有抗病性。關於 ‘LTH’ 基因系抗病基因 *Piz-5*、*Pib*、*Pi12(t)* 與 *Pita2* 之抗幅大小，Tsunematsu *et al.* (2000) 以 12 個菲律賓菌株對 ‘LTH’ 單基因系及其貢獻親本進行人工接種，其抗幅分別為 91.7、41.7、33.3 及 75.0%。Cho *et al.* (2005) 於韓

國分別自稈稻與秈稻蒐集共計 30 個菌株進行人工接種，其抗幅分別為 93.3、23.3、40.0 及 26.7%。

Telebanco-Yanoria *et al.* (2008) 以 20 個菲律賓菌株進行人工接種，其抗幅分別為 95.0、30.0、35.0 及 80.0%。Wang *et al.* (2013) 於中國大陸吉林省蒐集 44 個當地菌株進行人工接種，其抗幅分別為 81.8、54.5、72.7 及 29.5%。在 'CO 39' 近同源系判別品種之抗幅大小方面，Telebanco-Yanoria *et al.* (2011) 以 20 個菲律賓菌株對進行人工接種，*Pik*、*Pik-h* 及 *Pita2* 的抗幅分別為 70、70 及 85%。綜合上述文獻有關人工接種之檢定結果顯示，'LTH' 單基因系所帶之 *Piz-5* 在菲律賓、韓國及中國大陸的抗幅較廣，*Pib* 則一致表現較低的抗幅；*Pita2* 在菲律賓，與 *Pi12(t)* 在中國大陸有較廣的抗幅。'CO 39' 近同源系所帶之 *Pik*、*Pik-h* 與 *Pita2*，在菲律賓則均有廣幅抗性。對照本研究病圃自然發病反應結果，*Piz-5* 在台灣、菲律賓、韓國及中國大陸有普遍的抗性，*Pik*、*Pik-h* 與 *Pita2* 在台灣與菲律賓的抗病表現似乎較穩定且抗幅較廣。*Pib* 與 *Pi12(t)* 雖在大部分文獻中的抗幅較低，但是在本研究中其抗病穩定度仍有不錯的表現。其他如 'LTH' 單基因系之 IRBL9-W [帶 *Pi9(t)* 基因] 與 IRBL20-IR24 (帶 *Pi20* 基因)，'CO 39' 近同源系之 IRBL1-CL[CO] (帶 *Pil* 基因) 與 IRBLta2-Re[CO] (帶 *Pita2* 基因) 等判別品種，在 5 次檢定中均僅有 1 次表現為中等感病反應，其餘均為中等抗病反應。以上 'LTH' 單基因系之 *Piz-5*、*Pib*、*Pi12(t)*、*Pita2*、*Pi9(t)* 與 *Pi20* 基因，以及 'CO 39' 近同源系之 *Pik*、*Pik-h*、*Pita2* 與 *Pil* 基因可作為導入抗病育種的材料。目前國內有台灣大學植物病理與微生物學系沈偉強教授及農業試驗所陳繹年助理研究員，廣泛收集各地稻熱病菌菌株，並使用 IRBL 判別品種進行接種測試。未來若能整合判別品種接種台灣菌株的抗幅資料，並配合病圃檢定結果，將可更客觀且完整反映不同 R genes 在台灣的抗病強度與幅度。

某些來自相同貢獻親本的抗病基因，在 'LTH' 及 'CO 39' 兩種背景下其抗感病反應不

一致。例如同樣來自貢獻親 'Kanto 51' 的抗病基因 *Pik*，在 'LTH' 背景下其罹病度中位數為 8 級，但是 'CO 39' 背景下罹病等級中位數為 4 級；來自 'K60' 的 *Pik-p*，在 'LTH' 背景罹病等級中位數為 9 級，'CO 39' 背景罹病等級中位數為 4 級。由於 'CO 39' 已知具有抗病基因 *Pia* 與 *Pi-CO39(t)*，因此 *Pik* 及 *Pik-p* 之抗性，可能須在具有其他抗病基因存在或秈稻背景下效應較強。本研究亦觀察到，有些抗病基因的表現會受 'CO 39' 背景中的抗性效應所遮蔽，例如同樣來自親本 'K3' 的 *Pik-h*，在 'LTH' 背景下罹病等級中位數為 6 級，'CO 39' 背景下罹病等級中位數為 4 級；來自 'C101LAC' 的 *Pil*，在 'LTH' 背景下罹病等級中位數為 5 級，'CO 39' 背景下罹病等級中位數為 4 級 (*Pik-h* 及 *Pil* 在 'LTH' 背景下所貢獻之抗性幅度較高，使極感病之 'LTH' 罹病度下降 3-4 級，在 'CO 39' 背景下則只讓罹病度下降 1 級)。「CO 39」在本研究中的罹病反應為 5 級，其抗性除了來自 *Pia* 與 *Pi-CO39(t)*，亦可能是因台灣水稻栽培長期以來以稈稻為主，因此田間生理小種對於秈稻背景的致病性較弱所致。本研究結果顯示，為避免遺傳背景之遮蔽效應影響檢定結果，在台灣使用具 'LTH' 背景的判別品系，對於生理小種的鑑別度可能優於使用 'CO 39' 背景之判別品系。

比較 'LTH' 單基因系與 'CO 39' 近同源系判別品系及其貢獻親本之抗病反應，反應一致者有 *Pia*、*Pik-s*、*Piz*、*Pib*、*Pit*、*Pi19(t)* 及 *Pik-m* 等 7 個抗病基因。反應不一致者亦有 7 個抗病基因。其中，判別品系呈抗病反應而貢獻親本呈感病反應，有 *Pik* 的 IRBLk-Ka[CO] 與 'Kanto 51'，*Pish* 的 IRBLsh-S[CO] 與 'Shin 2'，*Pita2* 的 IRBLta2-Pi 與 'Pi No. 4'，及 *Pita* 的 IRBLta-Ya[CO] 與 'Yashiromochi' 等 4 個抗病基因。其中，除了 IRBLta2-Pi 之外，其他均屬於 'CO 39' 背景的判別品系，可能還是歸因於 'CO 39' 之遺傳背景效應所致。判別品系呈感病反應而貢獻親本呈抗病反應，則有 *Piz-t* 的 IRBLzt-T 與 'Toride 1'，*Pish* 的 IRBLsh-B 與 'BL1'，以及 *Pik-s* 的 IRBLks-CO[CO] 與 'Caloro' 等 3 個抗病基因。其原因可能是貢

獻親本本身即帶有不只 1 個抗病基因，例如 ‘BL1’ 帶有 *Pib* 與 *Pish* (Tsunematsu *et al.* 2000)，‘Toride 1’ 帶有 *Piz-t* 與 *Pish* (Inukai *et al.* 1994)，不同抗病基因之效應累加而使貢獻親本更為抗病。但是，也並非帶 2 個抗病基因的親本其抗病性一定較強，仍然須視病原菌所帶 *Avr* 基因種類而定。例如 ‘K59’ 帶有 *Pit* 及 *Pik-s* 抗病基因 (Tsunematsu *et al.* 2000)，而 ‘Caloro’ 僅帶 1 個 *Pik-s*。‘K59’ 與 ‘Caloro’ 在 Kobayashi *et al.* (2007) 的人工接種試驗中，對於非致病性菌株表現相同反應。但 ‘K59’ 在本研究旱田病圃之罹病等級中位數為 8 級，呈感病反應，‘Caloro’ 罹病等級中位數則為 4 級，顯示在田間自然發病的條件下，病圃中稻熱病菌生理小種的組成與 Kobayashi *et al.* (2007) 所使用的人工接種菌株有所不同。再將貢獻親本 ‘K59’、‘Caloro’ 之抗性，對照 *Pit* 與 *Pik-s* 兩基因單獨存在於 ‘LTH’ 單基因系或 ‘CO 39’ 近同源系之表現，可發現其抗性應該也受到遺傳背景之影響。

## 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 *Piriculariaoryzae*. *Phytopathology* 57:297–301.
- Chauhan, R. S., M. L. Farman, H. B. Zhang, and S. A. Leong. 2002. Genetic and physical mapping of a rice blast resistance locus, *Pi-CO39(t)*, that corresponds to the avirulence gene *AVR1-CO39* of *Magnaporthe grisea*. *Mol. Genet. Genom.* 267:603–612.
- Cho, Y. C., J. H. Roh, B. R. Kim, I. S. Choi, M. K. Kim, S. S. Han, Y. Fukuta, H. G. Hwang, and Y. G. Kim. 2005. Reaction of resistance genes of monogenic lines to rice blast (*Magnaporthe grisea*). *Korean J. Breed.* 37:155–161.
- Department of Agriculture and Forestry, Taiwan Provincial Government. 1985. The Major Field Program in Taiwan: Forecast Service on Rice Diseases and Insect Pests 1966–1984. Department of Agriculture and Forestry. Nantou, Taiwan. 382 pp. (in Chinese)
- Farman, M. L. and S. A. Leong. 1998. Chromosome walking to the *AVR1-CO39* avirulence gene of *Magnaporthe grisea*: Discrepancy between the physical and genetic maps. *Genetics* 150:1049–1058.
- Flor, H. H. 1956. The complementary genetic systems in flax and flax rust. *Adv. Genet.* 8:29–54.
- Hung, C. H., C. C. Chien, and S. Y. Lin. 1961. Study on the physiological races of *Piricularia oryzae* Cav. *Agric. Res.* 10:27–34. (in Chinese with English abstract)
- 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.
- International Rice Research Institute. 2002. Standard Estimation System for Rice. Los Baños, Philippines. 56 pp.
- Inukai, T., R. J. Nelson, R. S. Zeigler, S. Sarkarung, I. Takamura, and T. Kinoshita. 1994. Differentiation of pathogenic races of rice blast fungus by using near-isogenic lines with *INDICA* genetic background. *J. Fac. Agric. Hokkaido Univ.* 66:27–35.
- Kato, H., T. Imbe, H. Tsunematsu, and Y. Fukuta. 2004. Developing Rice Blast Differential Lines and Evaluating Partial Resistance for the Breeding of Durable Rice Varieties in the Tropics. *Blessing from Nature and Science for the Future*. IRRI Press. Los Baños, Philippines. 122 pp.
- Kiyosawa, S. 1984. Establishment of differential varieties for pathogenicity test of rice blast fungus. *Rice Genet. Newsl.* 1:95–96.
- Kobayashi, N., M. J. Telebanco-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.). *Jpn. Agric. Res. Q.* 41:31–37.
- Latterell, F. M., M. A. Marchetti, and B. R. Grove. 1965. Co-ordination of effort to establish an international system for race identification in *Piricularia oryzae*. p.257–274. *in: The Rice Blast Disease*. (Ou, S. H., ed.) Johns Hopkins Press. Baltimore, MD. 487 pp.
- Mackill, D. J. and J. M. Bonman. 1992. Inheritance of blast resistance in near-isogenic lines of rice. *Phytopathology* 82:746–749.
- Ou, S. H. 1985. *Rice Diseases*. Commonwealth Agricultural Bureaux Press. Slough. 380 pp.
- Smith, J. R. and S. A. Leong. 1994. Mapping of a *Magnaporthe grisea* locus affecting rice (*Oryza sativa*) cultivar specificity. *Theor. Appl. Genet.* 88:901–908.
- Telebanco-Yanoria, M. J., T. Imbe, H. Kato, H. Tsunematsu, L. A. Ebron, C. M. Vera 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. *Jpn. Agric. Res. Q.* 42:23–34.
- Telebanco-Yanoria, M. J., Y. Koide, Y. Fukuta, T. Imbe, H. Tsunematsu, H. Kato, L. A. Ebron, T. M. N. Nguyen,

- and N. Kobayashi. 2011. A set of near-isogenic lines of Indica-type rice variety CO 39 as differential varieties for blast resistance. *Mol. Breeding* 27:357–373.
- Tsai, W. H. 1988. Estimation of rice yield losses caused by leaf blast disease. *J. Agric. Res. China.* 37:207–210. (in Chinese with English abstract)
- 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. *Breeding Sci.* 50:229–234.
- Wang, J. C., Y. Jia, J. W. Wen, W. P. Liu, X. M. Liu, L. Li, Z. Y. Jiang, J. H. Zhang, X. L. Guo, and J. P. Ren. 2013. Identification of rice blast resistance genes using international monogenic differentials. *Crop Prot.* 45:109–116.
- Yamada, M., S. Kiyosawa, T. Yamaguchi, T. Hirano, T. Kobayashi, K. Kushibuchi, and S. Watnabe. 1976. Proposal of a new method for differentiating races of *Pyricularia oryzae* Cavara in Japan. *Ann. Phytopath. Soc. Jpn.* 42:216–219.

# Response of Rice Varieties ‘LTH’ Monogenic Lines and ‘CO 39’ Near-Isogenic Lines to Rice Blast

Dah-Jing Liao<sup>1</sup>, Lung-Che Chen<sup>2</sup>, Chih-Wen Wu<sup>3</sup>, and Chia-Lin Chung<sup>4,\*</sup>

## Abstract

Liao, D. J., L. C. Chen, C. W. Wu, and C. L. Chung. 2016. Response of rice varieties ‘LTH’ monogenic lines and ‘CO 39’ near-isogenic lines to rice blast. *J. Taiwan Agric. Res.* 65(1):8–17.

Two sets of rice blast differential lines introduced from IRRI, ‘LTH’ monogenic lines (MLs) and ‘CO 39’ near isogenic lines (NILs), were tested for response to rice leaf blast at the upland blast nursery at Chiayi Agricultural Experiment Branch, Taiwan Agricultural Research Institute for 5 cropping seasons during 2011–2014. The results showed that 37.5% of the ‘LTH’ MLs and 71.4% of the ‘CO 39’ NILs exhibited moderate to high resistance (disease severity  $\leq 4$ ). In particular, *Piz-5* [in IRBLz5-CA and IRBLz5-CA(R)], *Pib* (in IRBLb-B), *Pil2(t)* (in IRBL12-M), and *Pita2* (in IRBLta2-Pi) consistently showed high resistance, indicating that the four resistance genes might be incompatible with most of the *Magnaporthe oryzae* races in the nursery, therefore their resistance is likely to be more broad-spectrum. It was observed that some resistance genes had different reactions in the ‘LTH’ and ‘CO 39’ genetic backgrounds. For instance, *Pik* (from ‘Kanto 51’) and *Pik-p* (from ‘K60’) were moderately resistant in ‘CO 39’ background but highly susceptible in ‘LTH’ background, suggesting that their resistance may be more effective in the *Indica* background or the background containing other resistance gene(s). *Pik-h* (from ‘K3’) and *Pil* (from ‘C101LAC’) conferred stronger resistance in ‘LTH’ background (reduction of 3–4 scales on severity) than in ‘CO 39’ background (reduction of 1 scale on severity), which may be due to the mask effect contributed from the resistance of *Pia* and *Pi-CO39(t)* in ‘CO 39’. Because of the potential interference of mask effect in ‘CO 39’, the ‘LTH’ MLs can be a better differential system for the identification of effective *R* genes in Taiwan. It was also found that some differential lines and their donor parents reacted differently to blast, possibly due to the genetic background effects and/or the accumulative effects of multiple *R* genes in the genomes. ‘BL1’ and ‘Toride 1’, the donor lines carrying more than one *R* genes, showed higher resistance than their corresponding ‘LTH’ and ‘CO 39’ differential lines.

**Key words:** *Magnaporthe oryzae*, Blast nursery, Differential lines, Resistance genes.

---

Received: April 7, 2015; Accepted: May 26, 2015.

\* Corresponding author, e-mail: clchung@ntu.edu.tw

<sup>1</sup> Assistant Research Fellow, Agronomy Department, Chiayi Agricultural Experiment Station, Taiwan Agricultural Research Institute, Chiayi, Taiwan, ROC.

<sup>2</sup> Former Research Fellow, Agronomy Department, Chiayi Agricultural Experiment Station, Taiwan Agricultural Research Institute, Chiayi, Taiwan, ROC.

<sup>3</sup> Research Fellow, Crop Improvement Section, Kaohsiung District Agricultural Research and Extension Station, Pingtung, Taiwan, ROC.

<sup>4</sup> Assistant Professor, Department of Plant Pathology and Microbiology, National Taiwan University, Taipei, Taiwan, ROC.