



作物與病原菌的戰爭 以臺東地區水稻栽培品種與稻熱病菌無毒基因突變為例

文、圖/ 王誌偉、陳志佳、農業部農業試驗所陳繹年

前言

美國學者Flor早在1942年就提出了著名的「基因對基因假說」，用單一基因的角度闡釋了作物(寄主植物)與病原菌之間抗病與感病的交互作用機制。根據此假說，當病原菌的無毒基因(Avirulence gene, *Avr*)產物蛋白能夠與寄主植物所帶有的抗病基因(Resistance gene, *R*)產物蛋白相對應辨識時，植物就會啟動有效的免疫反應，引發局部的細胞凋亡，從而限制病原菌的生長擴張，達到抗病效果；相反的，如果病原菌缺乏相對應的*Avr*基因，或*Avr*基因突變失去功能時，病原菌便能逃避寄主的辨識，進一步侵染造成病害。本文以臺東地區主要栽培的水稻品種，以及當地稻熱病菌中發現的*Avr-Piz-t*無毒基因突變為例，說明水稻品種的選擇可能影響田間稻熱病菌*Avr*基因突變的族群，提供水稻抗病育種與農友種植抗病品種時的參考資訊。

水稻品種抗稻熱病基因

國際水稻研究所(International Rice Research Institute, IRRI)以中國粳稻品種「麗江新團黑穀」(Lijiangxintuanheigu, LTH)為背景，開發了31個單基因抗病品系(IRBL)，這些品系常用來研究稻熱病菌所帶有的*Avr*基因種類。舉例來說，帶有*Piz-t*抗病基因的水稻單基因抗病品系

(IRBLzt-T)，可抵抗帶有*Avr-Piz-t*無毒基因稻熱病菌的感染；但如果病原菌*Avr-Piz-t*基因功能喪失或缺乏，則會感染IRBLzt-T水稻品系，造成病害發生。

雖然目前已發現超過100個水稻抗稻熱病基因，但臺灣經常栽培的商業品種所帶的抗病基因種類大多尚未完全釐清。陳等(2023)收集2014至2022年間全臺灣共1,749株稻熱病菌株，將這些菌株分別接種在上述31個單基因抗病品系與20個水稻商業品種，根據這51個水稻品系/品種的抗感病反應，將菌株歸類為5個病原型集群(L1-L5)，並建立各品系/品種間對稻熱病菌抗感病性的親緣關係(圖1)，可用來推測商業品種可能帶有的抗病基因種類。根據陳(2023)的報告，L5為臺灣地區主要的稻熱病菌病原型集群，且大多對IRBLzt-T水稻具有致病性，東部地區所分離的菌株亦大多屬於此類群(>68%)。此外，臺東地區常種的品種「臺稈2號」，對該研究之1,749株稻熱病菌的抗感病性，與水稻單基因品系IRBLzt-T最接近(圖1，紅色線框)，因此推測臺稈2號至少帶有*Piz-t*抗稻熱病基因。進一步合理推論：分離自臺稈2號的稻熱病菌株，其*Avr-Piz-t*無毒基因功能可能已經喪失，所以才能感染臺稈2號。

臺東地區稻熱病菌*Avr-Piz-t*無毒基因研究

本研究分析了農業部農業試驗所陳

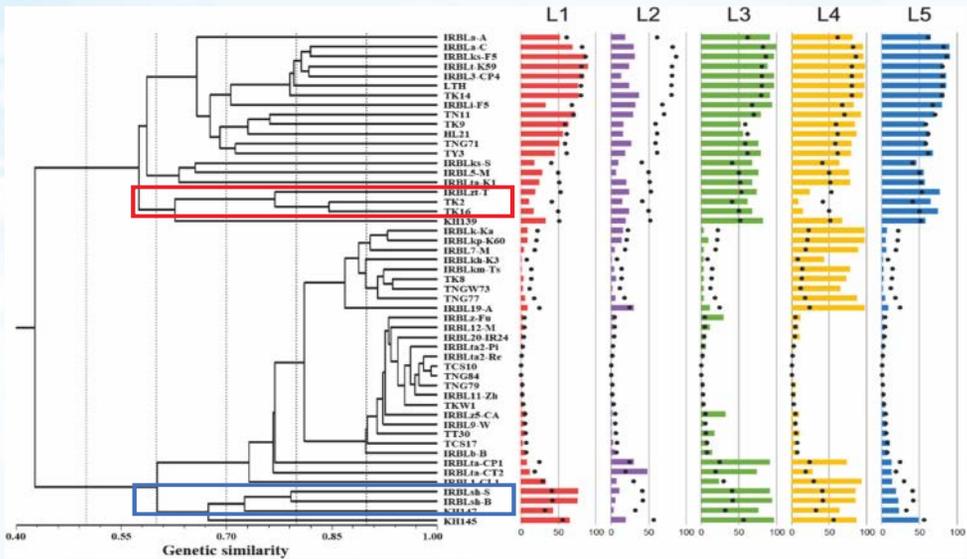


圖1. 水稻臺梗2號(TK2)與臺梗16號(TK16)對1,749株稻熱病菌的抗感病性與水稻單基因抗病品系(IRBLzt-T)最接近(紅色框線標示處)(引用自陳等2023年發表之文獻)

繹年博士於2014至2024年間，從臺東地區的「臺梗2號」、「高雄139號」、「臺東30號」與「高雄147號」品種分離的143株稻熱病菌，加上本場於2023至2024年自上述品種分離之65株菌株，共208株。將各稻熱病菌株DNA以AVRPiz-t_F(5'-GTT GCG ATT ATG ATC CGT CG-3')與AVRPiz-t_R(5'- GTA CTC TAG CAA ACG ACC GG-3')引子對進行增幅，預期原*Avr-Piz-t*基因會擴增出1,144 bp長度之片段(圖2A，藍色箭頭、圖2B)，但本實驗卻觀察到許多菌株之擴增產物為近3,000 bp DNA片段(圖2A，紅色箭頭)，經過定序與比對後，證實此3,000 bp DNA增幅片段為轉座子(Pot2)插入*Avr-Piz-t*基因所造成(圖2C)，文獻

報導此插入片段會使*Avr-Piz-t*基因失去功能，對帶有*Piz-t*抗病基因的水稻具有致病力。此外，段與陳(2024)的研究也發現，在他們測試的192株臺灣稻熱病菌中，約有31.8%的菌株同時兼具*Avr-Piz-t*基因及插有Pot2轉座子的突變基因。

進一步將各品種分離菌株與其*Avr-*

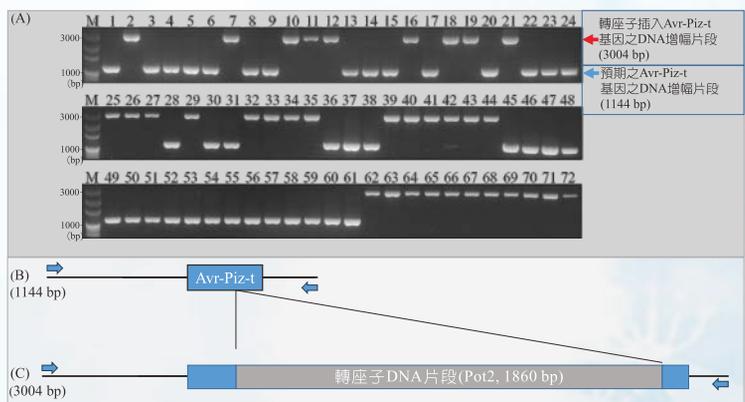


圖2. 水稻稻熱病菌株無毒基因*Avr-Piz-t*之DNA增幅結果(A)；稻熱病無毒基因*Avr-Piz-t*(B)；與轉座子插入(C)之基因結構示意圖。圖中M為DNA分子量標準品，Lanes1至72依序為本研究分析之部分稻熱病菌菌株。



表1. 自4種水稻品種分離之稻熱病菌株*Avr-Piz-t*無毒基因變異情形

| 水稻品種 | 菌株數量 ¹ | <i>Avr-Piz-t</i> 基因變異之比率(%) | |
|--------|-------------------|-----------------------------|-----------|
| | | 增幅結果為預期片段 | Pot2轉座子插入 |
| 臺稔2號 | 85 | 11.8% | 88.2% |
| 高雄139號 | 85 | 32.9% | 67.1% |
| 臺東30號 | 12 | 50.0% | 50.0% |
| 高雄147號 | 26 | 96.2% | 3.8% |

¹菌株總數=208

*Piz-t*無毒基因變異情形整理如表1，高達88.2%分離自臺稔2號的稻熱病菌株，其*Avr-Piz-t*無毒基因都有Pot2轉座子插入，導致該基因功能受損。這項發現證實了該菌株族群能感染帶有*Piz-t*抗病基因的臺稔2號之推論。然而，分離自高雄147號品種的稻熱病菌株只有3.8%的*Avr-Piz-t*基因有Pot2轉座子插入，因此推測高雄147號帶有其他的抗病基因(例如與單基因系IRBLsh-S、IRBLsh-B相同的*Pish*抗病基因，圖1藍色框線標示處)。本研究發現感染高雄147號水稻品種的大多數稻熱病菌株與感染臺稔2號的菌株因帶有的無毒基因不同，屬於不同致病類型。透過監測田間稻熱病菌株的無毒基因種類與變異情形，有助於我們篩選出合適的水稻抗稻熱病品種。

水稻抗病品種的選擇與抗病基因育種的建議

根據陳等(2023)的研究，臺農79號、臺農84號與臺中秈10號是具有穩定且高抗病性的水稻商業品種，只有1.9%的測試菌株對其具有致病性。另外，臺東30號、臺中秈17號與臺稔糯1號等品種也具有良好

抗性，但其抗病性會因各年度分離菌株的不同而有較大差異。該文獻也指出，水稻抗病基因*Piz-5*、*Pi9(t)*、*Pi12(t)*、*Pi20(t)*、*Ptr(=Pita-2)*與*Pi11(t)*等，對臺灣稻熱病菌展現高度抗性，具有致病力的菌株比例低於5.7%，是水稻抗病育種時應優先選擇的抗病基因種類；相反的，本文研究的*Piz-t*以及*Pia*、*Pik-s*、*Pit*、*Pi3*、*Pii*、*Pita*、與*Pi5(t)*等其他水稻單基因抗病品系，則有50.1%以上的菌株對其有致病力。

結語

本研究分析臺東地區共計208株稻熱病菌株的*Avr-Piz-t*無毒基因，發現多數菌株因轉座子插入而導致該基因功能被破壞，因此能夠感染帶有*Piz-t*抗病基因的水稻品種。未來必須透過持續監測病原菌致病性的動態變化(如本研究發現的*Avr-Piz-t*基因變異)，並利用相關資訊來進行抗病育種計畫與栽培品種的選擇，以維持水稻抗病基因在田間持續有效的重要基礎。

參考文獻

- 1.Chen, Y.N., D.H. Wu, M.C. Chen, M.T. Hsieh, W.S. Jwo, G.C. Lin, R.K. Chen, H.P. Chou, and P.C. Chen. 2023. Dynamics of spatial and temporal population structure of *Pyricularia oryzae* in Taiwan. *Pest Manag Sci.* 79(11):4254-4263.
- 2.段中漢、陳冠穎。2024。台灣稻熱病菌之族群結構。植物醫學。66:15-30。