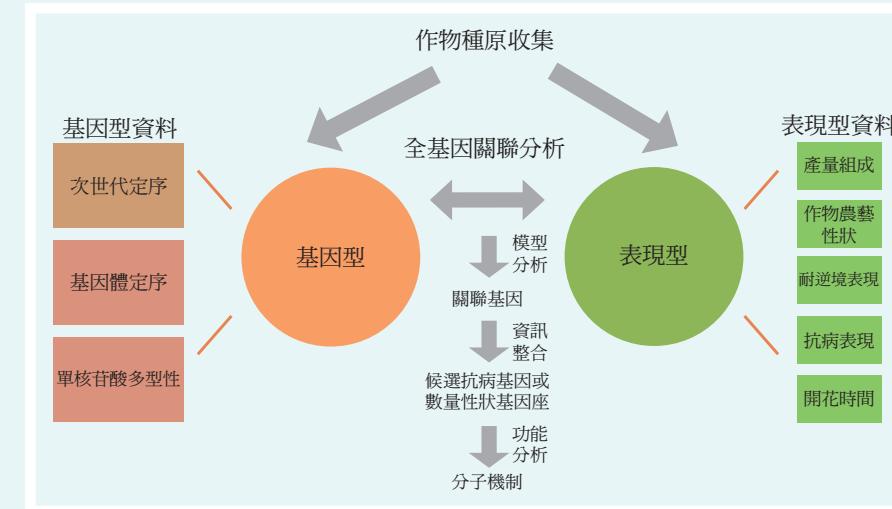


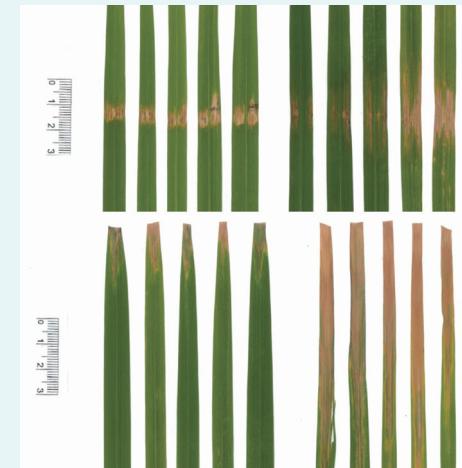
應用全基因體關聯分析找尋水稻抗病基因之研究

文圖 / 郭建志

抗病育種為作物防治病害的策略之一，首要目標為找尋作物抗病基因 (R gene) 或與抗病相關的數量性狀基因座 (Quantitative trait loci, QTLs)。傳統抗病育種模式主要依表現型 (phenotype) 進行抗病篩選，容易受病原菌毒力強弱、接種方式、發病條件、環境因子及病害檢定等條件影響，往往造成選拔不精確，過程費時耗力。全基因體關聯分析 (Genome wide associated study, GWAS) 為近年來探勘作物抗病基因常用的技術之一，應用於探勘作物種原內抗病基因的頻度差異，尋找對特定病害之抗病基因，作為分子輔助育種之抗病種原材料，藉以加速作物抗病育種的時程與效率。以水稻為例，國內學者應用自美國引進之 Rice Diversity Panel 1(RDP1) 水稻種原 (來自 82 國家的 413 歧異品種) 中之 314 個水稻品種，分別利用 2 株遺傳具有差異性之稻熱病菌株與水稻徒長病菌株，接種於 RDP1 水稻種原，取得稻熱病與徒長病之表現型資料，分別應用 44,100 個高通量 SNP 資料，利用 GWAS 與單套體 (haplotype) 方式將表現型資料與基因型資料進行關聯分析，結果確認有 100 個候選基因與稻熱病抗性具高度相關。徒長病分析結果共獲得 14 個 QTLs、206 個與抗病相關之候選基因。近年本場研究發現水稻細菌性條斑病，此病原菌與水稻白葉枯病為同屬同種之不同病原型 (pathovar)，相較於水稻白葉枯病已發表了 30 個以上的 R gene，水稻細菌性條斑病仍未發現具有 R gene 的存在。因此，本場利用 GWAS 技術評估與篩選水稻抗細菌性條斑病之抗性基因，利用強毒力細菌性條斑病菌株，接種 258 個 RDP1 水稻種原之葉片，應用 GWAS 分析，初步篩選出數 10 個抗性種原及 6 個與細菌性條斑病抗感性高度相關之候選 QTLs，其中第 12 條染色體上的 QTL 與國外研究發表可抗水稻細菌性條斑病的 QTL 有高度重疊，顯示此區域可能存在抗病相關的 R gene 或 QTL，相關研究結果應可作為後續開發水稻抗細菌性條斑病育種分子標誌參考使用。



▲全基因關聯分析操作簡圖



▲RDP1 抗性種原 (圖左) 分別接種細菌性條斑病 (上部) 與水稻白葉枯病 (下部) 與對照感病品種 (圖右) 相比之結果