

籼粳交新种质康丰 A 对稻瘟病抗性的遗传

韦新宇¹, 许旭明¹, 张锐¹, 陈美莲², 马彬林¹, 邹文广¹, 杨旺兴¹, 卓伟¹, 王宗华², 梁康迺³

(¹三明市农业科学研究院, 福建 三明 365509; ²福建农林大学植物保护学院, 福州 350002;

³福建农林大学作物遗传育种与综合利用教育部重点实验室, 福州 350002)

摘要:康丰 A 是利用带有广亲和基因的籼粳亚种间杂交育成恢复系 97gk419 与恢复系明恢 70 杂交(恢复系 × 恢复系), 所形成的胞质正常、雄性可育, 而无恢复性的特殊变异新种质, 再与野败胞质不育系连续回交转育成的具有特殊核遗传背景的新型水稻三系不育系。本研究通过接种不同地区的 53 个稻瘟病菌系, 发现康丰 A 对华南稻区尤其是福建稻区的稻瘟病菌系具有广谱抗性。以康丰 A(同型保持系康丰 B)与普感品种丽江新团黑谷(LTH)杂交, 获得杂交 F₁ 和 F₂, 分别接种稻瘟病菌系 81278、Guy11、FJ2009-66 和 98013A。接种鉴定和遗传分析表明, 康丰 A 对 4 个菌系的抗性均由 1 对显性抗病基因控制。等位性测定表明, 康丰 A 抗菌系 81278 的基因与已知抗病基因 *Pi-1*、*Pi-2*、*Pi-ta* 和 *Pi-3* 呈非等位关系, 与 *Pi-ta*(*Pi-?*) 呈现连锁遗传, 暂命名为 *Pi-klf1(t)*。

关键词:籼粳交; 新种质; 康丰 A; 稻瘟病抗性; 遗传

Inheritance of Blast Resistance in New Germplasm Kangfeng A from *Indica-Japonica* Crosses

WEI Xin-yu¹, XU Xu-ming¹, ZHANG Rui¹, CHEN Mei-lian², MA Bin-lin¹, ZOU Wen-guang¹, YANG Wang-xing¹,
ZHUO Wei¹, WANG Zong-hua², LIANG Kang-jing³

(¹Sanming Academy of Agricultural Science, Sanming Fujian 365509; ²College of Plant Protection,
Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002;

³Key Laboratory of Crop Genetics and Breeding and Comprehensive Utilization,
Ministry of Education/Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002)

Abstract: Kangfeng A was a new CMS line with special nuclear genetic background, which was from a new variant germplasm successive backcross with a CMS-wild abortive(WA). The new variant germplasm, was with normal cytoplasm, fertile male, and no restoring ability, which was from a cross between an indica-japonica restorer line 97gk419 with wide compatible gene and an indica restorer line Minghui 70(Restorer line × Restorer line). In this study, the evaluation of Kangfeng A for its resistance against 53 *Magnaporthe grisea* strains collected from different rice cultivated regions showed that Kangfeng A had the broad-spectrum performance for blast resistance in South China rice regions, especially in Fujian. The genetic analysis of Kangfeng A showed that the blast resistance was controlled by one dominant gene, which was evaluated by inoculating F₁ and F₂ populations derived from a cross of Kangfeng A(B) × LTH with four *Magnaporthe grisea* strains, 81278, Guy11, FJ2009-66, and 98013A. The allelic test indicated that the resistance gene in Kangfeng A to strain 81278 was non-allelic to known loci (*Pi-1*, *Pi-2*, *Pi-ta* and *Pi-3*), and was genetic linkage to *Pi-ta*(*Pi-?*), then tentatively designated *Pi-klf1(t)*.

Key words: *Indica-Japonica* crosses; new germplasm; Kangfeng A; blast resistance; inheritance

收稿日期: 2013-12-10 修回日期: 2013-12-26 网络出版日期: 2014-08-07

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20140807.1114.031.html>

基金项目: 国家水稻产业技术体系(CARS-01); 福建省科技重大专项(2012NZ0003); 福建省自然科学基金项目(2009J01327)

第一作者主要从事水稻遗传育种研究。E-mail: wxy1209@163.com

通信作者: 许旭明, 主要从事水稻遗传育种研究。E-mail: fj63xxm@sina.com

由稻瘟病菌 *Magnaporthe grisea* (Hebert) Barr 引起的稻瘟病,是水稻的主要病害之一,每年由稻瘟病造成的产量损失占到总产量的 10% ~ 30%^[1],已成为水稻高产稳产的主要障碍因素之一。实践证明,种植抗病品种是防治稻瘟病流行经济有效的方法,也符合人类对绿色和优质食品的需求。然而,由于稻瘟病菌具有高度的异质性,其致病性极易发生变异产生新的致病小种,一个抗病品种往往推广应用 3 ~ 5 年就丧失抗性,给水稻生产造成新的损失^[2-4]。因此,不断发掘和利用新的广谱抗源和抗性基因,开展稻瘟病抗性遗传和育种研究具有十分重要的意义。近年来,一大批国内外学者相继开展了稻瘟病抗性品种的抗病基因分析研究。梁斌等^[5]对多个水稻品种进行抗性遗传分析,发现水稻品种对某些特定的稻瘟病菌株的抗性大多数由 1 ~ 2 对显性基因控制,少数由 3 对以上显性基因或 1 对隐性基因控制,抗病基因之间还存在着互补、重叠、抑制和上位性等作用。时克等^[6]利用源于 *Pita* 和 *Pib* 基因本身的特异性分子标记,检测和分析了我国 58 份水稻主栽品种的 *Pita* 和 *Pib* 抗性基因型。结果表明,有 9 个品种携带 *Pita* 基因;7 个品种携带 *Pib* 基因;另外,有 4 个品种同时携带 *Pita* 和 *Pib* 2 个基因。王建飞等^[7]对太湖流域粳稻地方品种黑壳子粳进行遗传分析表明,黑壳子粳的稻瘟病抗性由 1 对显性基因控制,且推断是 1 个新基因。王久林等^[8]从粳稻品种浙辐 802 中鉴定、分离出 2 个抗稻瘟病基因 *Pi-ZF1(t)* 和 *Pi-ZF2(t)*。李培富等^[9]对 4 个太湖流域粳稻地方品种抗稻瘟病性分析表明,薄稻、铁杆青及缺儿糯可能含有 1 对显性抗瘟基因,江南晚可能受 2 对抗病抑制基因互作控制。张丽等^[10]分析表明,沈农 606 的抗瘟性受 1 对显性基因控制,且该基因与标记 m5e1-500 的遗传距离为 2.8 cM。张锦文等^[11]分析认为云南地方粳稻品种子预 44 的抗瘟性受显性单基因控制。孟秋成等^[12]分析认为水稻光温敏核不育系龙 S 的稻瘟病抗性是受 1 对核基因控制的显性遗传。

不育系作为杂交水稻的重要亲本,对杂交水稻新组合的培育起着十分关键的作用。然而,生产上广泛应用的三系不育系其细胞质类型和核基因型都较为单一,细胞质以野败型为主,细胞核以矮仔占亲缘为主。这样单一的遗传背景不仅会限制杂交水稻的发展,而且可能潜在着不育胞质与某一病虫害遗传相联的危险性,加之育种上对不育系抗病性的改良也较恢复系滞后^[13-15]。因此,培育具有不同遗传背景的细胞质和细胞核类型的新不育系对于改良和

提高杂交水稻的整体抗病性水平具有十分重要的意义。康丰 A 即是利用带有广亲和基因的粳粳亚种间杂交育成新恢复系 97gk419 与恢复系明恢 70 杂交(恢复系 × 恢复系),所形成的胞质正常、雄性可育,而无恢复性的特殊变异新种质,再与野败胞质不育系杂交,并连续回交转育成的具有特殊核遗传背景的新型水稻三系不育系。该不育系携带有粳粳亚种间血缘,配合力强,杂交配组后能够有效提高杂种优势和抗性水平。本研究借助于以 CO39 为轮回亲本的 5 个近等基因系和 1 个感病品种丽江新团黑谷(LTH)组成的基因分析体系,研究水稻不育系康丰 A 抗稻瘟病基因的遗传,为进一步定位与克隆该抗稻瘟病基因以及进行抗稻瘟病育种提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 供试材料及配制组合

抗病品种三系不育系康丰 A(同型保持系康丰 B)由三明市农业科学研究院提供;普感品种丽江新团黑谷(以下简称 LTH)由中国科学院遗传与发育生物学研究所提供;含有已知抗病单基因的 5 个以 CO39 为遗传背景的近等基因系 C101LAC(*Pi-1*)、C101A51(*Pi-2*)、C101PKT(*Pi-ta*)、C104PKT(*Pi-3*)、C105TTP-4L23(*Pi-ta*, *Pi-?*)由福建农林大学生物农药与化学生物学教育部重点实验室提供。2011 年晚季以康丰 B 为母本,以 LTH 和包括 CO39 在内的 5 个近等基因系为父本分别配制杂交组合(F_1),同年冬季在海南藤桥基地加代获得 F_2 种子,用作抗病性鉴定。

1.2 供试菌系

采用 53 个源自不同地区的稻瘟病菌系(表 1)。其中,30 个菌系(菌系 A)由福建农林大学植物保护学院提供,23 个菌系(菌系 B)由福建省农科院植物保护所提供,将用于康丰 A 的抗谱测定。再从中筛选出致病性稳定、产孢好的 81278、Guy11、FJ2009-66 和 98013A 等 4 个菌系用作鉴别菌系,对康丰 A 进行抗性遗传分析。

1.3 试验方法

2012 年晚季统一播种 P、 F_1 和 F_2 ,按照官华忠等^[16]的方法进行育苗,秧苗 3 ~ 4 叶期时进行接种。参照林晶^[17]的方法,将保存的稻瘟病菌株转管到活化培养基上活化,扩大培养后置于 25 ~ 28 °C 光照培养箱中产孢,然后将分生孢子用无菌水冲洗后,配制成浓度为 100 倍显微镜下每视野 20 ~ 30 个孢子的菌液。将 3 ~ 4 叶期秧苗移至隔离接种箱内,每盘喷雾接种约 20 mL 孢子悬浮液,接种后于 24 ~ 26 °C 恒温

保湿 24 h, 然后移入 25 ℃ 的温室内促进发病。接种后 8 ~ 10 d 待感病亲本出现典型病斑时, 采用目测法调查记载各亲本(组合)每株叶片上的病斑反应类型及数目, 记载标准参照 J. M. Bonman 等^[18]的标准。

表 1 康丰 A 苗期对不同地区稻瘟病菌系的抗性反应

Table 1 Resistance reaction of Kangfeng A to *Magnaporthe grisea* strains from different regions in the seedling stage

菌系 A	康丰 A	LTH	菌系 A	康丰 A	LTH	菌系 B	康丰 A	LTH	菌系 B	康丰 A	LTH
Strain A	Kangfeng A (CK)		Strain A	Kangfeng A (CK)		Strain B	Kangfeng A (CK)		Strain B	Kangfeng A (CK)	
96022	HR	HS	2005226 A ₁	HR	MS	04024	HR	HS	ZC13	HR	MS
96063	HR	S	2005283 A	HR	HS	04027	R	MS	ZC15	HR	HS
96064	HR	HS	2005345 A	HR	S	04063	HR	HS	ZB11	HR	HS
96065	R	HS	2005387 A ₁	HR	HS	04060	HR	HS	ZB13	HR	S
96066	HR	HS	2005451 B	HR	HS	03023	HR	HS	ZB15	HR	HS
98099	HR	S	200581 B	HR	HS	03056	HR	HS	ZB23	HR	MS
2004008 B ₁	HR	HS	2006040 A ₁	HR	S	04064	HR	S	AZB31	HR	HS
2004011 A ₁	HR	HS	2006058 A ₂	R	HS	03026	HR	HS	抗菌株率(%) RSR	100	0
2004035 B	HR	MS	2006106 A ₃	HR	S	04074	HR	MS	抗谱综评 RSE	R	S
2004065 A	HR	HS	2006189 A ₁	HR	HS	04082	HR	HS			
2004071 A ₁	HR	HS	98013 A	HR	HS	04082 A	HR	S			
2004072 A ₁	HR	S	FJ2009-66	HR	HS	03014	R	HS			
2004085 A ₁	HR	HS	Guy11	R	HS	04001	HR	S			
2005076 A	HR	MS	81278	HR	HS	04002	HR	HS			
2005081 B	HR	HS	抗菌株率(%) RSR	100	0	04022	HR	S			
2005116 A ₁	HR	HS	抗谱综评 RSE	R	S	ZC7	HR	HS			

品种的抗性反应: HR, 无病斑或有褐点型病斑; R, 发病率低于 5%; MR, 发病率 5% ~ 10%; MS, 发病率 11% ~ 25%; S, 发病率 26% ~ 50%; HS, 发病率 51% ~ 100%。抗谱综评: R, 抗菌株率 80% 以上; MR, 抗菌株率 60% ~ 79%; MS, 抗菌株率 40% ~ 59%; S, 抗菌株率 40% 以下
RSE: Resistance spectrum evaluated, HR: There is no disease spots and there are dark brown disease spots, R: Disease incidence(<5%), MR: Disease incidence(5% ~ 10%), MS: Disease incidence(11% ~ 25%), S: Disease incidence(26% ~ 50%), HS: Disease incidence(51% ~ 100%), Resistance spectrum evaluated, R: Resistance strain rate(>80%), MR: Resistance strain rate(60% ~ 79%), MS: Resistance strain rate(40% ~ 59%), S: Resistance strain rate(<40%)

2 结果与分析

2.1 康丰 A 抗谱鉴定

利用源自不同地区的 53 个稻瘟病菌系对康丰 A 进行接种鉴定, 发现康丰 A 除对 04027、03014、96065、2006058 A₂ 和 Guy11 表现为抗(R)外, 对其余 48 个菌系均表现高抗(HR), 抗菌株率达 100%, 抗谱综合评价为抗(R), 表明康丰 A 对稻瘟病菌表现抗性强且具有广谱抗性(表 1)。

2.2 抗病性分析

供试抗、感亲本和包括 CO39 在内的 5 个近等基因系 C101LAC (*Pi-1*)、C101A51 (*Pi-2*)、C101PKT (*Pi-ta*)、C104PKT (*Pi-3*)、C105TTP-4L23 (*Pi-ta*, *Pi-?*), 在苗期用致病性稳定、产孢好的 81278、Guy11、FJ2009-66 和 98013A 等 4 个菌系进行抗病性鉴定(表 2), 抗病亲本康丰 A 对 4 个供试稻瘟病菌系均表现抗性反应, 感病亲本丽江新团黑谷(LTH)和 CO39 对 4 个供试菌系均表现感病反应。含有已知抗病单基因的 5 个近等基因系对菌系 81278 和 FJ2009-66 均表现抗性反应。其中, 除

表 2 供试材料苗期对 4 个稻瘟病菌系的抗性反应

Table 2 Resistance reaction of various tested materials to four *M. grisea* strains in the seedling stage

材料 Material	抗病基因 Resistance gene	菌系 Strain			
		81278	Guy11	FJ2009-66	98013A
康丰 A Kangfeng A	?	R	R	R	R
LTH	—	S	S	S	S
CO39	—	S	S	S	S
C101LAC	<i>Pi-1</i>	R	S	R	S
C101A51	<i>Pi-2</i>	R	S	R	S
C104PKT	<i>Pi-3</i>	R	S	R	S
C101PKT	<i>Pi-ta</i>	R	S	R	S
C105TTP-4L23	<i>Pi-ta</i> , <i>Pi-?</i>	R	R	R	S

C105TTP-4L23 (*Pi-ta*, *Pi-?*) 对菌系 Guy11 表现抗性反应外, 其余对菌系 Guy11 和 98013A 均表现感病反应。表明供试材料可以用于康丰 A 抗稻瘟病遗传分析及抗病基因等位性测定。

2.3 康丰 A 对稻瘟病抗性的遗传分析

利用 81278、Guy11、FJ2009-66 和 98013A 等

4 个稻瘟病菌系对康丰 B × LTH 后代 F₁、F₂ 群体进行接种鉴定, 鉴定及分析结果列于表 3。从表 3 可以看出, 康丰 B × LTH 的 F₁ 对供试的 4 个稻瘟病菌系均表现抗病反应, 表明康丰 A 的抗病性

由显性抗病基因控制。该组合的 F₂ 群体对 4 个稻瘟病菌系的抗感反应均表现 3:1 的分离比例, 这说明康丰 A 对菌系 81278、Guy11、FJ2009-66 和 98013A 的抗性均由 1 对显性抗病基因控制。

表 3 康丰 A(B) × LTH F₁、F₂ 群体对稻瘟病菌系的抗性反应

Table 3 Resistance reaction of F₁ and F₂ populations from cross Kangfeng A(B) × LTH to four *M. grisea* strains

菌系 Strain	P1	P2	F ₁	F ₂		总株数 Total	期望比 Expected ratios R: S	χ ²	P
				抗病株数 No. of resistant plants	感病株数 No. of susceptible plants				
81278	R	S	R	273	77	350	3: 1	1. 5238	0. 10 ~ 0. 25
Guy11	R	S	R	233	59	292	3: 1	3. 3288	0. 05 ~ 0. 10
FJ2009-66	R	S	R	208	60	268	3: 1	0. 8408	0. 25 ~ 0. 50
98013A	R	S	R	235	65	300	3: 1	1. 6044	0. 10 ~ 0. 25

P1: 康丰 B Kangfeng B; P2: LTH

2.4 康丰 A 抗病基因的等位性测定

包括 CO39 在内的 5 个近等基因系 C101LAC (*Pi-1*)、C101A51 (*Pi-2*)、C101PKT (*Pi-ta*)、C104PKT (*Pi-3*)、C105TTP-4L23 (*Pi-ta*, *Pi-?*) 分别与康丰 B 杂交, 获得的 F₁ 和 F₂ 群体用菌系 81278 接种, 测定康丰 A 抗病基因的等位性(表 4)。CO39 对菌系 81278 表现感病, 与康丰 B 杂交的 F₁ 表现抗病, F₂ 呈 3:1 的抗感分离比, 验证了康丰 A 对菌系 81278 的抗性是由 1 对显性抗病基因控制。含有已知抗病单基因的 C101LAC(*Pi-1*)、C101A51(*Pi-2*)、C101PKT (*Pi-ta*) 和 C104PKT (*Pi-3*) 对菌系 81278

均表现抗病反应, 与康丰 B 杂交的 F₁ 表现抗病, F₂ 群体表现 15:1 的抗感分离比, 表明康丰 A 对菌系 81278 的抗病基因与已知抗病基因 *Pi-1*、*Pi-2*、*Pi-ta* 和 *Pi-3* 呈非等位关系。C105TTP-4L23 (*Pi-ta*, *Pi-?*) 对菌系 81278 表现抗病反应, 与康丰 B 杂交的 F₁ 也表现抗病, 其 F₂ 群体呈现 6:1 的抗感分离比例, 这表明康丰 A 对菌系 81278 的抗病基因与已知的 *Pi-ta* (*Pi-?*) 呈现连锁遗传, 位于水稻第 12 染色体上。由以上分析可知, 康丰 A 对菌系 81278 的抗病基因与已知的 *Pi-1*、*Pi-2*、*Pi-ta*、*Pi-3* 和 *Pi-ta* (*Pi-?*) 等抗病基因不同, 暂命名为 *Pi-klf1* (*t*)。

表 4 康丰 A(B) 与 CO39 近等基因系杂交后代对菌系 81278 的抗性反应

Table 4 Resistance reaction of progenies from Kangfeng A(B) × CO39(including five near-isogenic lines) to strain 81278

杂交组合 Crosses	F ₁	F ₂		总株数 Total	期望比 Expected ratios	χ ²	P
		抗病株数 No. of resistant plants	感病株数 No. of susceptible plants				
康丰 A(B) × CO39	R	270	81	351	3: 1	0. 5935	0. 25 ~ 0. 50
康丰 A(B) × C101LAC	R	270	26	296	15: 1	2. 8252	0. 05 ~ 0. 10
康丰 A(B) × C101A51	R	310	27	337	15: 1	1. 4973	0. 10 ~ 0. 25
康丰 A(B) × C101PKT	R	296	21	317	15: 1	0. 0254	0. 75 ~ 0. 90
康丰 A(B) × C104PKT	R	492	43	535	15: 1	2. 6199	0. 10 ~ 0. 25
康丰 A(B) × C105TTP-4L23	R	504	66	570	6: 1	3. 1931	0. 05 ~ 0. 10

3 讨论

由于稻瘟病原菌生理小种居多, 且易于发生变异, 生产上对稻瘟病没有特效的田间防治措施, 更多的还是依赖于选育抗瘟性水稻新品种来抵御病害的发生。长期的育种实践表明, 广谱持久抗病品种的选育需要不断发掘和利用新的广谱抗源和抗性基

因。J. M. Bonman 等^[19] 发现西非粳稻 Moroberekan 具有稻瘟病持久抗性。彭绍裘等^[20] 通过水稻品种在不同纬度下持久抗瘟性的研究鉴定出 Tetep、三黄占 2 号、谷梅 2 号和魔王谷等为持久抗瘟性水稻资源。沈瑛等^[21] 对中国部分杂交稻和常规早籼、晚粳品种(系) 进行抗瘟性鉴定, 筛选出春江 25、春江 68、品 969 和源珍 116 等 4 个品系具有广谱抗瘟性。

唐清杰等^[22]从海南普通野生稻 80 个居群 2461 份材料中鉴定出 21 份高抗和 117 份抗病的稻瘟病抗性资源。本研究对供试品种康丰 A 的抗谱鉴定表明, 康丰 A 对供试的 53 个稻瘟病菌系均表现抗性, 抗菌株率达 100%, 为广谱抗性品种, 可以直接配组或作为稻瘟病抗源加以间接利用。然而, 由于供试菌系多数源自福建省不同地区, 相对于稻瘟病菌生理小种的变异复杂性, 其广谱抗性还有待于选取来自全国各地、不同稻区的稻瘟病菌优势种群作进一步接种鉴定。

稻瘟病抗性的遗传是一个复杂体系, 诸多研究表明, 水稻品种对某些特定的稻瘟病菌株的抗性大多数由 1~2 对显性基因控制, 少数由 3 对以上显性基因或 1 对隐性基因控制, 抗病基因之间还存在着互补、重叠、抑制和上位性等作用^[23-27]。有些抗病基因还存在连锁遗传, 有些还受修饰基因的影响^[28]。本研究对供试品种康丰 A 稻瘟病抗性的遗传分析表明, 康丰 A 对菌系 81278、Guy11、FJ2009-66 和 98013A 的抗性均由 1 对显性基因控制。根据 Flor 的基因对基因学说, 寄主的抗病基因与病原菌的非致病基因间存在着专化性。当寄主的某一抗病基因与病原菌中对应的非致病基因间发生相互作用时, 寄主表现抗病反应, 病原菌则表现非致病性反应; 其他情况下寄主均表现感病反应。由此可知, 准确地鉴定出抗病品种所含有的抗病基因数, 选择不同类型且致病性稳定的病原菌至关重要。今后, 笔者将进一步选用不同的优势小种接种其 F_3 株系或重组自交系来验证本研究结果, 并研究分析康丰 A 对不同优势小种的抗病性是由同一基因控制的、还是由不同基因控制的。本研究进一步所做的等位性测定表明, 康丰 A 抗菌系 81278 的基因 *Pi-kf1(t)* 与已知抗病基因 *Pi-1*、*Pi-2*、*Pi-ta* 和 *Pi-3* 呈非等位关系, 与 *Pi-ta* (*Pi-?*) 呈现连锁遗传。其是否为新的抗稻瘟病基因, 还需与不同的鉴别品种和已报道的其他抗稻瘟病基因进行等位性测定, 或者结合分子标记、同源克隆等分子生物学手段加以验证。

本研究通过系统的抗谱分析和抗性遗传研究, 探明了康丰 A 稻瘟病抗性的遗传基础, 为进一步定位和克隆其抗病基因以及利用分子育种手段培育广谱持久抗性新品种奠定基础。

参考文献

[1] Skamnioti P, Gurr S J. Against the grain: safeguarding rice from

- rice blast disease[J]. Trends Biotechnol, 2009, 27(3): 141-150
- [2] 刘占领, 雷财林, 程治军, 等. 水稻稻瘟病抗性基因定位与克隆研究进展[J]. 作物杂志, 2007(3): 16-19
- [3] Zeigler R S, Tohme J, Nelson R, et al. Lineage exclusion: a proposal for linking blast population analysis to resistance breeding [M]//Zeigler R S, Leong S A, Teng P S. Rice blast disease. Wallingford: CAB international, 1994: 267-292
- [4] 郝鲲, 马建, 程治军, 等. 水稻抗稻瘟病基因资源与分子育种策略[J]. 植物遗传资源学报, 2013, 14(3): 479-485
- [5] 梁斌, 余腾琼, 徐福荣, 等. 云南 3 个地方稻种的抗稻瘟病性遗传分析[J]. 中国农业科学, 2002, 35(3): 784-788
- [6] 时克, 雷财林, 程治军, 等. 稻瘟病抗性基因 *Pita* 和 *Pib* 在我国水稻主栽品种中的分布[J]. 植物遗传资源学报, 2009, 10(1): 21-26
- [7] 王建飞, 何新建, 张红生, 等. 太湖流域粳稻地方品种黑壳子梗对稻瘟病抗性的遗传分析[J]. 遗传学报, 2002, 29(9): 803-807
- [8] 王久林, 凌忠专, 雷财林, 等. 籼稻品种浙辐 802 抗稻瘟病基因的鉴定与分离[J]. 中国农业科学, 2004, 37(5): 670-674
- [9] 李培富, 史晓亮, 王建飞, 等. 4 个太湖流域粳稻地方品种抗稻瘟病性的遗传分析[J]. 遗传, 2007, 29(10): 1249-1255
- [10] 张丽, 姜树坤, 张喜娟, 等. 水稻沈农 606 抗稻瘟病基因遗传分析及 SRAP 标记筛选[J]. 分子植物育种, 2007, 5(1): 64-68
- [11] 张锦文, 洪汝科, 范静华, 等. 一份云南地方稻广谱持久抗稻瘟病初步分析[J]. 西南农业学报, 2011, 24(4): 1323-1326
- [12] 孟秋成, 魏涛淘, 危飞跃, 等. 水稻光温敏核不育系龙 S 的稻瘟病抗性及其遗传分析[J]. 杂交水稻, 2012, 27(2): 77-80
- [13] 黄富, 谢戎, 刘成元. 亲本抗瘟性对杂交水稻组合抗瘟性的影响[J]. 杂交水稻, 2007, 22(2): 64-68
- [14] 唐乐生, 张学博, 邱红芳. 杂交水稻抗瘟性的遗传系谱分析及优化组合[J]. 福建农业大学学报: 自然科学版, 1994, 23(3): 286-292
- [15] 潘润森, 毛大梅, 陈志伟, 等. 杂交水稻三系不育系选育的实践与思考[J]. 杂交水稻, 2005, 20(5): 6-9
- [16] 官华忠, 夏法刚, 林荔辉, 等. 利用回交和 MAS 技术改良优质两系不育系金山 S-2 的稻瘟病抗性[J]. 云南农业大学学报, 2009, 24(3): 319-324
- [17] 林晶. 水稻不育系系谱抗稻瘟病遗传及抗病基因同源序列分析[D]. 福州: 福建农林大学, 2007
- [18] Bonman J M, Khush G S, Nelson R J. Breeding rice for resistance to pests[J]. Ann Rev Phyto-pathol, 1992, 30: 507-528
- [19] Bonman J M, Mackill D J. Durable resistance to rice blast disease [J]. Oryza, 1988, 25: 103-110
- [20] 彭绍裘, 黄费元, 孙国昌, 等. 水稻品种在不同纬度下持久抗瘟性的研究[J]. 中国农业科学, 1996, 29(2): 52-58
- [21] 沈瑛, Adreit H, 朱旭东, 等. 中国部分杂交稻和常规早籼, 晚粳品种(系)的抗瘟性[J]. 中国农业科学, 2004, 37(3): 362-369
- [22] 唐清杰, 王效宁, 熊怀阳, 等. 海南普通野生稻稻瘟病抗性资源调查和鉴定[J]. 植物遗传资源学报, 2013, 14(5): 821-825
- [23] 段永嘉, 朱有勇, 刘二明. 稻瘟病抗性遗传规律研究[J]. 云南农业大学学报, 1989, 4(4): 293-301
- [24] 何祖华, 申宗坦. 籼稻品种对稻瘟病菌小种 ZB15, ZC3 和 ZC15 的抗性遗传[J]. 植物病理学报, 1989, 19(3): 140
- [25] 刘瞳, 张学博. 水稻对稻瘟病抗性的遗传研究: 福建主要籼稻抗源的基因分析[J]. 植物病理学报, 1990, 20(1): 41-46
- [26] 林金平, 陶家凤, 周开达. 水稻 8480, 密阳 46 抗稻瘟病基因分析[J]. 四川农业大学学报, 1992, 10(3): 497-503
- [27] 陈葆棠, 彭仲明, 徐运启. 水稻品种矮梅早 3 号抗稻瘟病的遗传[J]. 遗传学报, 1993, 20(4): 354-361
- [28] 张建福, 凌忠专, 王国英, 等. 籼型恢复系云恢 290 稻瘟病抗性遗传学分析[J]. 分子植物育种, 2006, 4(4): 540-544