植物遗传资源学报

Journal of Plant Genetic Resources

ISSN 1672-1810,CN 11-4996/S

《植物遗传资源学报》网络首发论文

题目：利用野生稻培育抗病水稻品种的研究进展

作者：向容，钟巧芳，肖素勤，刘丽，陈玲，姜浩，殷富有，张云，余腾琼，邢佳鑫，蒋聪，王波，程在全，李金璐

DOI：10.13430/j.cnki.jpgr.20250922001

收稿日期：2025-09-22

网络首发日期：2025-12-01

引用格式：向容，钟巧芳，肖素勤，刘丽，陈玲，姜浩，殷富有，张云，余腾琼，邢佳鑫，蒋聪，王波，程在全，李金璐．利用野生稻培育抗病水稻品种的研究进展[J/OL]．植物遗传资源学报. https://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20250922001

植物遗传资源学报
Journal of Plant Genetic Resources　DOI:10.13430/j.cnki.jpgr.20250922001

利用野生稻培育抗病水稻品种的研究进展

向容[1,2]，钟巧芳[2]，肖素勤[2]，刘丽[2]，陈玲[2]，姜浩[1,2]，殷富有[2]，张云[2]，余腾琼[2]，邢佳鑫[2]，蒋聪[2]，王波[2]，程在全[2]，李金璐[2]

（[1]云南大学农学院，昆明 650504；[2]云南省农业科学院生物技术与种质资源研究所/云南省农业生物技术重点实验室/农业农村部西南作物基因资源与种质创制重点实验室，昆明 650205）

摘　要：培育抗病水稻品种是保障水稻产量与品质最经济有效的方式，野生稻由于长期在自然环境中生存，保留了许多栽培稻不具备的原始性状，蕴含丰富的基因资源，是水稻抗病育种的重要基因库。本文聚焦于野生稻抗病研究领域，系统阐述我国普通野生稻、药用野生稻与疣粒野生稻的抗病基础特征及抗病种质资源研究进展；在此基础上，梳理野生稻中已鉴定的抗稻瘟病、抗白叶枯病等抗病基因，并重点阐述我国野生稻中鉴定的抗病基因研究进展；同时，进一步总结了远缘杂交、分子标记辅助选择（MAS）、基因工程及基因编辑等关键技术在野生稻抗病种质创新与优异基因转移中的应用实践及成效。最后，结合当前研究现状与技术瓶颈，并提出相关策略，以期为水稻抗病分子育种实践与病害绿色防控提供理论参考。

关键词：野生稻；种质资源；抗性基因；育种技术

Research Progress on Breeding Disease-Resistant Rice Varieties by Using Wild Rice

XIANG Rong[1,2], ZHONG Qiaofang[2], XIAO Suqin[2], LIU Li[2], CHEN Ling[2], JIANG Hao[1,2], YIN Fuyou[2], ZHANG Yun[2], YU Tengqiong[2], XING Jiaxin[2], JIANG Cong[2], WANG Bo[2], CHENG Zaiquan[2], LI Jinlu[2]

(*[1]Agricultural College of Yunnan University, Kunming 650504 ; [2] Institute of Biotechnology and Germplasm Resources, Yunnan Academy of Agricultural Sciences / Yunnan Provincial Key Laboratory of Agricultural Biotechnology / Southwest Key Laboratory of Crop Gene Resources and Germplasm Creation, Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Kunming 650205*)

Abstract: The development and rational use of disease-resistant varieties has been the most effective strategy for high yielding and

收稿日期：2025-9-22

第一作者研究方向为野生稻抗病种质资源创新与利用，E-mail: xr15987012564@163.com
通信作者：李金璐，研究方向为野生稻抗病种质资源创新与利用，E-mail: li_jinlu@yeah.net

基金项目：云南省种子种业联合实验室项目（202205AR070001-01）；杨庆文专家工作站项目（202305AF150161）；云南省农科院科研预研项目（2024KYZX-09）；云南省基础研究专项青年项目（202301AU070130）；西南作物基因资源发掘与利用国家重点实验室开放项目（SKL-KF202325）
Foundation projects: Yunnan Seed Laboratory Project（202205AR070001-01）; Yang Qingwen Expert Workstation Project（202305AF150161）; Yunnan Academy Agricultural Sciences Scientific Research Preliminary Project（2024KYZX-09）; Yunnan Basic Research Special Youth Project（202301AU070130）; Open Project of the State Key Laboratory for Conservation and Utilization of Southwest Crop Gene Resources（SKL-KF202325）

good quality in rice production. Wild rice with valuable genetic resource has numerous original traits, which have been lost or weakened in cultivated rice during the long-term domestication, due to its prolonged adaptation to survive and thrive in natural environments. Wild rice possesses abundant and diverse genetic variation and thus serves as a crucial gene pool for rice breeding with high disease-resistance. This review mainly focused on disease resistance of wild rice. We systematically described the basic characteristics of disease resistance and introduce the disease-resistant germplasm resources of three wild rice species in China, namely *Oryza rufipogon*, *Oryza officinalis*, and *Oryza granulata*. Furthermore, we summarized the clone and functionally validation of disease resistance genes to rice blast (*Magnaporthe oryzae*) and bacterial blight (*Xoo*，*Xanthomonas oryzae* pv. *Oryzae*) from wild rice, with an emphasis on the research advances in identifying resistance genes from wild rice. Finally, we comprehensively review the application of key technologies—distant hybridization, molecular marker-assisted selection (MAS), genetic engineering, and gene editing—in the innovation of wild rice germplasm with disease-resistance and the transfer of elite resistance genes into cultivated rice. Based on the current research status and existing technical bottlenecks, we also proposed some potential strategies. This article is expect to provide theoretical support and technologies for enhancing disease-resistant in rice molecular breeding program and for the green prevention and control of diseases in rice production.

Key words: wild rice; germplasm resources; resistance genes; breeding technology

水稻(*Oryza sativa* L.)是人类的主要粮食作物之一，在其生产过程中，常面临着各种病害威胁，严重影响着水稻的产量和品质。目前，防治病害的方法主要有田间管理、药剂防治、生物防治以及选育抗病品种。田间管理依靠大量的人力物力，药剂防治对生态破坏性强，生物防治不利于规模化推广。只有从水稻自身出发，利用抗病基因培育抗病品种，才是一种兼具安全性与经济性的根本解决方案。

野生稻是栽培稻的近缘野生种，长期生长在自然环境中，使得野生稻产生了丰富的遗传变异，拥有栽培稻没有的优良性状，如抗病虫害，耐盐、耐寒、耐冷等[1-2]。在抗病育种方面，相关研究数据表明从野生稻中挖掘抗病基因数量是栽培稻的 50 倍[3]。在抗虫育种方面，研究发现野生稻中的抗源较栽培稻多，已发现野生稻对三化螟、黑尾叶蝉、白背飞虱、褐飞虱、稻瘿蚊等主要害虫具有高效抗性[4]。在抗逆性育种中，野生稻的优势可追溯到经典案例，丁颖以野生稻为亲本开展杂交育种，成功培育出耐寒性突出的水稻品种中山 1 号，直观体现了野生稻的育种价值[5]。

近年来，随着分子生物学技术的发展，我国野生稻抗病基因研究再获突破，其中以普通野生稻来源的广谱高抗白叶枯病基因 *Xa23* 较有代表性。*Xa23* 现已被全国 50 多个单位用于品种培育，共培育出 70 多个抗病品种，另有近百个新组合已进入区域试验等待审定程序，已累计推广应用超过 1 亿亩，实现经济社会效益近 150 亿元[6]。*Xa23* 的利用不仅进一步验证了野生稻作为抗病基因来源的核心价值，更是推动了我国

水稻产业绿色低碳发展的进程。

尽管野生稻在水稻抗病育种中已展现出巨大潜力，但其育种利用仍受限于核心技术瓶颈，其中以远缘杂交亲和性低的问题最为突出。这是由于栽培稻与野生稻存在生殖隔离，且隔离程度因野生稻基因组类型不同而存在显著差异，对于 AA 组野生稻而言，可以通过杂交等有性生殖方式实现有利基因的利用，而对于非 AA 组野生稻野而言，生殖隔离更加严重，通过常规杂交难以实现有利基因的有效转移，严重制约其基因资源的育种利用。

本文聚焦野生稻这一宝贵的基因资源，重点讲述野生稻抗病种质资源研究进展和抗病基因的挖掘，并深入分析远缘杂交、分子标记辅助选择、基因工程、基因编辑等常用育种技术在野生稻中的利用情况，以期能为水稻抗病品种的培育提供理论支撑与技术参考。

1 野生稻抗病种质资源研究概述

1.1 野生稻抗病基本情况

为系统阐明我国 3 种野生稻的抗病特征，并为后续种质资源的挖掘与利用提供基础数据，在 1986—2000 年间，在中国农业科学院作物品种资源研究所和中国水稻研究所的带领下，由全国水稻科技人员按统一的鉴定标准，系统地对我国野生稻的部分种质进行性状鉴定，鉴定出的一批优异野生稻资源[7]如表 1 所示。鉴定结果显示，我国野生稻对白叶枯病和稻瘟病等主要病害中存在丰富的抗性资源。

表 1 中国野生稻抗病资源

Table 1 Disease-resistant resources of wild rice in China

病害 Diseases	抗病野生稻 Resistant wild rice	免疫 Immune	高抗 Hight resistance	抗 Resistance	中抗 Intermediate resistance	合计 Total
白叶枯病 Bacterial blight	普通、药用、疣粒野生稻	13	8	188	1131	1340
稻瘟病 Blast	普通、药用、疣粒野生稻	0	16	117	545	678
纹枯病 Sheath blight	普通野生稻	0	0	10	16	26
合计 Total	—	13	24	315	1692	2044

表中数字代表抗病资源份数

The numbers in the table represent the number of disease-resistant resource copies

1.2 野生稻抗病种质资源研究进展

普通野生稻是当前野生稻中抗病研究最系统、育种利用最广泛的类群，蕴含丰富的抗稻瘟病、白叶枯病及纹枯病基因资源，其研究深度与广度显著领先于药用野生稻和疣粒野生稻。在抗病种质资源鉴定领域，科研团队筛选出大量优异材料，如颜群等[8]对 1338 份广西野生稻资源进行稻瘟病抗性鉴定，发现 1 份高抗稻瘟病的普通野生稻 GX365，并利用普通野生稻 GX365 与高感稻瘟病的籼稻品种 B40 杂交、回交及自交，获得抗性纯合稳定的抗源材料 RB221，为 *Pi-gx(t)*基因的鉴定打下基础；章琦等[9]用国内外 4 个鉴别菌系对包括 13 个野生稻种的 871 个品种的抗性进行评价，发现普通、药用和长药野生稻中 22 份高抗栽培稻均无法抵御国际广致病菌系 P6，并分析编号为 RBB16 普通野生稻的抗性遗传规律，为后续 *Xa23* 基因的发掘奠定基础。组学研究为抗病基因的挖掘提供关键支撑，Guo 等[10]构建的野生稻—栽培稻泛基因组图谱，全面覆盖野生稻与栽培稻全面遗传景观的泛基因组图谱，精准定位 1184 个野生稻中拷贝数高于栽培稻的抗病基因位点，为抗病基因挖掘与机制解析奠定核心基础；Huang 等[11]首次完成普通野生稻单倍型无间隙染色体基因组组装，同步构建两套覆盖全基因组的染色体片段置换系，建立起野生稻优异基因的高通量鉴定平台。该平台不仅为野生稻抗病基因的精准定位提供了高质量参考基因组与工具材料，还直接为水稻抗病育种提供了可利用的优异等位基因资源，显著提升了野生稻基因资源的挖掘与应用效率。

药用野生稻的抗病研究近年在纹枯病抗性领域取得突破性认知，杨雅云等[12]通过对 7 份云南药用野生稻进行纹枯病抗性鉴定，鉴定得到 4 份抗病种质与 3 份中抗病种质，打破以往仅普通野生稻含纹枯病抗性资源的局限。在稻瘟病与白叶枯病抗性筛选中，郭文龙等[13]对 81 份药用野生稻的鉴定显示，抗稻瘟病种质达 81 份，白叶枯病抗性种质仅 4 份；范伟雅等[14]通过人工接种鉴定，从 47 份药用野生稻中筛选出 5 份高抗白叶枯病的特异种质。基因挖掘层面，杨雅云等[15]将表型鉴定与转录组测序结合，筛选获得 11 个与药用野生稻白叶枯病抗性相关的候选基因，为后续基因功能验证提供重要依据。

疣粒野生稻对白叶枯病、稻瘟病具有广谱抗性，其中对白叶枯病的抗性优势尤为突出，部分种质抗性可达免疫级别[16-17]，因此疣粒野生稻近年研究热点主要聚焦于白叶枯病抗性。邢佳鑫等[18]对 36 份云南疣粒野生稻开展白叶枯病多菌系鉴定，发现 44.44%的种质对 24 个供试菌株表现出高抗至免疫水平；张正康等[19]在表型鉴定基础上整合组学技术，验证了疣粒野生稻抗性鉴定结果的育种价值，为水稻白叶枯病抗性育种提供新型基因资源。

综上所述，我国 3 种野生稻的抗病特性存在显著差异。普通野生稻研究最深入，抗病基因资源丰富；药用野生稻虽在纹枯病抗性认知上取得突破，但纹枯病抗性基因尚未克隆、组学研究碎片化，整体研究深度不足；疣粒野生稻对白叶枯病的广谱抗性突出，但全基因组解析及抗性调控网络研究尚未形成突破。

2 我国野生稻抗病基因的鉴定与克隆

我国在野生稻抗病基因研究领域已取得一系列重要突破，尤其在白叶枯病和稻瘟病抗性基因的鉴定与克隆方面进展显著。在稻瘟病抗性基因研究方面，我国科学家从野生稻中鉴出 *Pi-gx(t)*[8]和 *Pid3-A4*[20]等基因。针对白叶枯病，研究人员已从野生稻中成功鉴定出 *Xa23*[9]、*Xa-29(t)*[21]、*Xa(30)t*[22]、*Xa43(t)*[23]、*Xa47(t)a*[24]和 *xa32(t)*[25]等抗性基因。其中 *Xa23* 基因的研究最为系统深入，其广谱抗性特征与分子调控机制已基本明确。由该基因育成的品种包括博优 1652、广恢 1055、广恢 466、富 5S、新黄占等已进行了品种授权和部分品种的相关推广（数据来源于国家水稻数据中心，http://www.ricedata.cn/）。而 *Pi-gx(t)*、*Pid3-A4*、*Xa-29(t)*、*Xa(30)t*、*Xa43(t)*、*Xa47(t)a* 和 *xa32(t)*等基因由于受到早期技术限制的原因，基因克隆和分子机制解析尚未完成。

2.1 抗稻瘟病基因

截至目前已鉴定到 140 多个抗性基因，其中 38 个被克隆，大部分已克隆的抗性基因编码核苷酸结合富亮氨酸重复结构域受体蛋白(NLR，nucleotide-binding and leucine-rich repeat receptor)[26]。在这些已鉴定到的抗性基因中，来源于野生稻的抗性基因详细信息如表 2 所示。其中由我国野生稻鉴定获得的有 *Pi-gx(t)*和 *Pid3-A4* 等。颜群等[8]用广西普通野生稻 GX365 与高感稻瘟病的籼稻品种 B40 杂交培育出中间材料 RB221，随后通过等位性分析、经典遗传分析及分子标记定位将 *Pi-gx(t)*初步定位在 2 号染色体的的 SSR 标记 RM240 与 RM1092 之间，但该研究仅聚焦于基因的遗传分析与初步定位，未进行更深入的研究。Lyu 等[20]采用等位基因挖掘的方法从东乡普通野生稻 A4 中鉴定得到的功能性稻瘟病 *R* 基因 *Pid3-A4*，经测序发现 *Pid3-A4* 可能拥有比 *Pid3* 基因更广的抗谱。黄卫衡等[27]开发了 *Pid3-A4* 的 InDel 分子标记 A4-C，能够准确快速的从水稻材料中鉴定并筛选出含有 *Pid3-A4* 功能基因的水稻材料，提高了该基因在育种中使用的便捷程度。

表 2 野生稻中发现的稻瘟病抗性基因

Table 2 Rice blast resistance genes found in wild rice

基因 Gene	染色体 Chromosome	供体品种 Donor variety	克隆情况 Cloning status	参考文献 References
Pigx(t)	2	普通野生稻	未克隆	[8]
Pid3-A4	6	A4（普通野生稻）	未克隆	[20]
Pi9	6	小粒野生稻/75-1-127	已克隆	[28]
Pi40(t)	6	澳洲野生稻	未克隆	[29]
Pid3-11/W3/W4	6	Kasalath/普通野生稻	未克隆	[30]

Pi1	11	LAC（根茎野生稻）	已克隆	[31]
Pikg	11	普通野生稻 accessionG9	未克隆	[32]
Pi54rh	11	根茎野生稻	未克隆	[33]
Pijx	12	普通野生稻	未克隆	[34]
Pi57(t)	12	长花药野生稻	未克隆	[35]

2.2 抗白叶枯病基因

截止目前，已有 49 个水稻白叶枯病抗性基因被鉴定，其中 42 个抗性基因被定位，17 个抗性基因被克隆[36]。在上述 49 个水稻白叶枯病抗性基因中，源于野生稻的抗性基因信息如表 3 所示。其中由我国鉴定获得的基因有 *Xa23*[9]、*Xa-29(t)*[21]和 *Xa(30)t*[22]等。在这些基因中，仅有 *Xa23* 是唯一被克隆且研究较为深入的基因。该基因由章琦等[9]将普通野生稻材料 RBB16 与 JG30 杂交、花药培养、回交选育出近等基因系 WBB1，再经抗谱比较、抗性遗传分析等多方法确认 WBB1 含新抗病基因 *Xa-23(t)*；Wang 等[37]、王春连[38]通过分子标记将 *Xa23* 定位在标记 LJ138 和 A83B4 之间 0.4 cM 的区域内，并通过图位克隆技术成功克隆出 *Xa23* 全长序列。*Xa23* 是国际公认抗谱最广、抗性最强的显性抗病基因。这是因为 *Xa23* 的转录是由效应子 *AvrXa23* 特异激活的，而大多数的水稻白叶枯病菌（*Xoo*，*Xanthomonas oryzae* pv. *Oryzae*）含有 *AvrXa23*，最终使得 *Xa23* 基因可通过触发过敏性坏死反应（HR 反应）对不同生理小种的 *Xoo* 菌株产生广谱抗性[39]。截止目前，*Xa23* 基因在基因进化、转录组学、抗性机制等方面已取得优异进展，并且成功运用到水稻的育种产业中，成为水稻抗病育种产业的重要组成部分。与 *Xa23* 基因相反的是，*Xa-29(t)*等基因虽然已由我国育种工作者从野生稻中鉴定得到，但是至今仍未克隆成功。后续 *Xa-29(t)*等基因克隆工作的推进将会是今后的一个重要研究方向。

表 3 野生稻中发现的白叶枯病抗性基因

Table 3 Bacterial blight resistance genes found in wild rice

基因 Gene	染色体 Chromosome	供体品种 Donor variety	克隆情况 Cloning status	参考文献 References
Xa23	11	普通野生稻	已克隆	[9]
Xa-29(t)	1	药用野生稻	未克隆	[21]
Xa(30)t	11	普通野生稻 Y238	未克隆	[22]
Xa43(t)	11	漳浦普通野生稻	未克隆	[23]

Xa47(t)a	11	元江普通野生稻	未克隆	[24]
xa32(t)	12	疣粒野生稻	未克隆	[25]
Xa38	4	尼瓦拉野生稻、IRGC81825	未克隆	[40]
Xa27	6	小粒野生稻	已克隆	[41-42]
Xa33	7	尼瓦拉野生稻、IRGC105710	未克隆	[43]
Xa21	11	长花药野生稻	已克隆	[44-45]
Xa32(t)	11	澳洲野生稻	未克隆	[46]
Xa35(t)	11	小粒野生稻	未克隆	[47]
Xa36(t)	11	澳洲野生稻、栽培稻	未克隆	[48]
Xa41(t)	11	短叶舌野生稻、非洲栽培稻	已克隆	[49]
Xa49(t)	11	普通野生稻、籼稻 IR24	未克隆	[50]

3 常用的育种技术及取得的成果

3.1 杂交育种

水稻远缘杂交（Distant hybridization）是指选择亲缘关系较远的两种水稻品种进行杂交的技术，该方法利用遗传背景差异，通过激发杂种优势，显著提高水稻的育种潜力[51]。在野生稻优异资源的利用中，以野生稻与栽培稻的远缘有性杂交为核心，结合以栽培稻为轮回亲本的连续回交克服生殖隔离，实现野生稻抗病基因与栽培稻高产、优质等优良性状的重组。这一技术在实践中已取得诸多成果，如国际水稻所从 1969 年利用栽培稻与尼瓦拉野生稻杂交，将草状矮缩病的基因转入到栽培稻中，连续育成抗草状矮缩病的 IR28、IR29、IR30、IR32、IR34、IR38、IR40 等系列品种[52]；广东省增城县农业局宋东海[53]利用栽培稻和普通野生稻杂交选育了一批表现优质、高产、高抗稻瘟病、中抗细菌性条斑病的桂野占系列水稻品种。随后又利用桂野占系列水稻品种与国内外优异水稻种质资源杂交，先后育成野澳丝苗、紧粒桂野占、青桂野等新品种，并在南方 8 个省份进行了推广[53]。传统杂交技术与生物技术结合，可以使得培育抗病品种更加事半功倍，相应的胚拯救技术可以弥补杂交育种的杂交不亲和及育种周期长等问题。例如，Amante-Bordeos 等[54]利用胚拯救技术突破小粒野生稻与栽培稻种间杂交障碍，将小粒野生稻中的抗病基因 *Xa27* 导入到栽培稻 IR319-45-3-2 中，育成抗菲律宾小种 2、3、5、6 的 BC2F4 株系 78-15；查中萍等[55]对长雄野生稻和栽培稻杂交后代的 450 枚幼胚进行离体培养，获得发育良好健壮的绿苗 438 株，胚拯救效率为 97.3%，实现了长雄野生稻与栽培稻的种间杂交。

3.2 分子标记辅助选择

分子标记辅助选择（MAS，marker assisted selection）是利用分子标记与决定目标性状的基因紧密连锁的特点，通过检测分子标记，即可检测目的基因的存在，达到选择目标性状的目的，具有快速、准确、不受环境条件干扰的优点。MAS 可以通过基因定位找到与野生稻抗病基因紧密连锁的 SSR、SNP 等分子标记，再以 SSR、SNP 等分子标记作为遗传探针去快速鉴定含有目标基因的野生稻资源。该技术不仅可以在杂交育种的后代选择中加速育种进程，更能突破传统杂交育种的局限，将不同野生稻来源的多个抗病基因定向聚合到同一栽培稻品种，解决多基因精准整合难题。目前，已有研究充分证实了该技术对于利用野生稻抗性资源的有效性。如朱永生等[56]以携带抗病基因 *Pi9* 的金恢 1059 为供体亲本，以福恢 667 为轮回亲本，利用连续自交和 MAX 育成金恢 1059，金恢 1059 再与福恢 667 进行组配进而育成野香优 699。据统计 2021—2023 年，野香优 699 在福建年均推广面积约 3513.3 hm^2[56]。张婷[57]利用携带 *Pi9* 基因的 75-1-127 为供体亲本，结合 *Pi9* 共显性功能标记 CoInDF1R1 开展 MAS 回交育种实践，成功将 *Pi9* 基因导入到三香 B 和三香 A，育成了高抗苗瘟、不育性稳定、异交习性好、农艺性状优良、丰产性更好的新不育系三香 A-Pi9 及配套保持系三香 B-Pi9，其中三香 A-Pi9 已授权给隆平高科等种业企业进行产业化开发。彭应财等[58]利用 MAX 技术将 *Xa21* 导入强优恢复系辐恢 838 中，选育出抗白叶枯病恢复系中恢 218，并用中恢 218 与协青早 A 杂交育成协优 218。该品种于 2002 年通过江西省审定，适合全省种植[58]。分子标记辅助选择技术通过精准定位与追踪野生稻中的优异抗病基因，显著加速了这些基因的挖掘、鉴定与利用进程，不仅为水稻抗病育种提供了高质量的备选基因资源，更成为当前水稻抗病育种领域提升育种效率、突破传统选育瓶颈的强有力技术工具。

3.3 基因工程

基因工程（Genetic engineering）是在分子水平对基因进行修饰的技术，通过将重组外源基因导入受体细胞并实现表达，达到定向改造生物性状的目的。随着分子生物技术的飞速发展，基因工程在野生稻抗病种质资源利用领域取得显著成效，为水稻抗病育种注入新活力。如张正康等[19]从疣粒野生稻中克隆得到白叶枯病抗性基因 *OsXa13* 的同源基因 *OgXa13*，利用农杆菌介导的方法将基因导入到栽培稻 TP309 植株中进行功能验证，证实 *OgXa13* 可赋予栽培稻对白叶枯病菌株的抗性。Xu 等[59]则将基因工程运用于基因功能机制解析，对 *Pi9* 转基因植株进行转录组分析，在转录水平上解析 *Pi9* 基因介导的稻瘟病抗性调控机理，为 *Pi9* 基因在不同遗传背景栽培稻中的精准应用提供了理论支撑。尽管基因工程在水稻抗病育种中展现出定向性强、效率高等显著优势，但受相关政策限制，目前野生稻中其育种成果仍停留在实验室研究与中间实验阶段，尚未进入商业化生产应用环节。

3.4 基因编辑

基因编辑(Gene editing)能够精准改造基因，可使目的基因发生定向突变，从而获得具有目标性状的突变材料。基因编辑技术的出现，从根本上打破传统育种的遗传限制，实现了基因的主动改造。基因编辑技术主要包括锌指核酸酶(ZFN，zinc finger nuclease)、类转录激活因子效应物核酸酶(TALEN，transcription activator-like effector nuclease)、CRISPR/Cas 系统(CRISPR/Cas，clustered regularly interspaced short palindromicrepeats/CRISPR-associated protein)、单碱基编辑系统(BE，base editing)和引导编辑系统(PE，prime editing)[60]。其中 CRISPR/Cas 系统是最具代表性的，常用于基因敲除、插入、替换等，以快速验证基因功能。在野生稻研究中，育种工作者主要以 CRISPR/Cas 系统为核心工具，辅以锌指核酸酶（ZFN）等技术，开展对野生稻中挖掘基因的功能解析与应用研究。如 Xiao 等[34]通过 CRISPR/Cas 技术对野生稻中发掘的 *Pijx* 进行基因敲除研究，明确 *Pijx* 为稻瘟病抗性基因，并通过对 *ATP β* 基因敲除植株的研究得出 *Pijx* 通过 Pijx-ATPβ-OsRbohC-ROS 通路调控水稻广谱抗稻瘟病的分子机制，为水稻抗稻瘟病分子育种提供了新的基因资源与理论依据。针对从元江普通野生稻渗入系材料中鉴定的候选基因 *Xa47(t)a*，卢源达等[61]使用 CRISPR-Cas9 系统对水稻材料 L214 中的 *Xa47(t)a* 基因进行敲除，通过对比野生型与敲除植株的白叶枯病抗性差异，证实 *Xa47(t)a* 基因可赋予 L214 材料对水稻白叶枯病菌的良好抗性，明确了该基因的抗病功能。

4 展望

野生稻作为水稻抗病基因的重要储备库，在抗病水稻品种培育中起着关键作用。当前通过远缘杂交育种、分子标记辅助选择（MAS）、基因工程及基因编辑等技术手段，已成功将野生稻来源的抗白叶枯病基因 *Xa23*、抗稻瘟病基因 *Pi9* 等优异抗性基因导入栽培稻，培育出系列抗病性显著提升的水稻新材料与改良品种，为水稻病害绿色防控提供了重要支撑。然而，野生稻在抗病基因挖掘的系统性、种质筛选的标准化及育种技术的融合深度方面仍存在提升空间，需从多维度提升优化。

在野生稻抗病种质资源筛选领域，为夯实野生稻抗病种质资源利用基础，需构建全维度标准化筛选体系以提升鉴定精准度。该体系应覆盖我国普通野生稻、药用野生稻和疣粒野生稻，针对稻瘟病、白叶枯病、纹枯病、细菌性条斑病、稻曲病等水稻生产中主要病害及区域性特色病害，开展病害全覆盖的抗病性鉴定；同时实现从病原菌选择、接种方法到抗性评价的全流程系统化，提升野生稻抗病种质资源筛选效率与精准度。做到精准明确各野生稻种质对不同病害的抗性谱，为后续定向筛选优异种质与靶向挖掘特异性抗病基因提供标准化材料储备。

在基因挖掘领域，需聚焦当前研究短板，从多维度打破当前研究限制。一方面针对稻瘟病 *Pi2-1*、*Pi51(t)*

及白叶枯病 *Xa29(t)*、*Xa30(t)*等未克隆基因，结合第三代测序技术与泛基因组分析，解析基因全长序列及调控区域特征，加速基因克隆与功能验证进程，明确它们在抗性通路中的作用机制。另一方面，扩大抗性基因挖掘范围，将纹枯病、细菌性条斑病等纳入核心研究病害，通过高通量表型鉴定与全基因组关联分析（GWAS，genome-wide association study），从不同野生稻中挖掘新型抗性基因，填补纹枯病等抗性基因研究空白。此外，还需深化已克隆基因的分子机制研究，从基因功能表达调控、蛋白功能解析、病原菌互作和调控网络关联等多维度研究体系出发，明确抗性基因与高产、优质性状的协同遗传机制，为培育优质、高产、抗病品种提供理论支撑。

在育种技术创新层面，需推动多技术深度融合以提升优异基因利用效率。针对野生稻与栽培稻远缘杂交不亲和问题，优化胚拯救技术，结合流式细胞术快速鉴定杂交后代倍性，提升优异基因转移效率；利用 MAS 技术实现 *Xa23*、*Pi9* 等多抗病基因的精准聚合，同时通过 CRISPR/Cas 系统定向改造基因调控区域，增强抗性基因的广谱性与表达稳定性。在严格遵守生物安全政策的前提下，推进基因工程技术的产业化进程，优化农杆菌介导的转基因体系，推动稻瘟病抗性基因 *Pi54rh* 等已验证优异基因从实验室研究向田间应用转化。

参考文献:

[1] 彭绍裘，魏子生，毛昌祥，黄河清，肖放华，罗宽. 云南省疣粒野生稻、药用野生稻和普通野生稻多抗性鉴定. 植物病理学报，1982, (4): 60-62, 74

Peng S Q, Wei Z S, Mao C X, Huang H Q, Xiao F H, Luo K. Multi-resistance identification of *Oryza meyeriana*, *Oryza officinalis* and *Oryza rufipogon* in Yunnan province. Acta Phytopathologica Sinica, 1982(4): 60-62, 74

[2] 何光存. 细胞工程与分子生物学相结合——野生稻优异种质资源利用的有效途径. 生物工程进展，1998, (2): 41-45, 40

He G C. Combining cell engineering and molecular biology: An effective way to utilize excellent germplasm resources of wild rice. Progress in Biotechnology, 1998, (2): 41-45, 40

[3] 陈成斌，曾华忠，梁云涛，梁世春，徐志健，张烨，黄娟. 广西野生稻抗白叶枯病多菌系鉴定. 广西农学报，2012, 27 (3): 1-4, 15

Chen C B, Zeng H Z, Liang Y T, Liang S C, Xu Z J, Zhang Y, Huang J. Identification of multi-strain resistance to bacterial blight in wild rice in Guangxi. Journal of Guangxi Agriculture, 2012, 27 (3): 1-4, 15

[4] 冯国忠，万树青，潘大建. 中国野生稻资源及其抗虫性. 中国野生植物资源，2002(5): 14-16

Feng G Z, Wan S Q, Pan D J. Resources of wild rice and their insect resistance in China. Chinese Wild Plant Resources, 2002(5): 14-16

[5] 李金泉，杨秀青，卢永根. 水稻中山 1 号及其衍生品种选育和推广的回顾与启示. 植物遗传资源学报，2009，10 (2)：317-323

Li J Q, Yang X Q, Lu Y G. Review and enlightenment on the breeding and promotion of rice variety Zhongshan 1 and its derivatives. Journal of Plant Genetic Resources, 2009, 10 (2): 317-323

[6] 中国农业科学院作物科学研究所. 2021 年神农中华农业科技奖一等奖——水稻广谱抗白叶枯病基因 *Xa23* 的发掘与应用.（2022-04-20）[2025-08-30]. https://ics.caas.cn/kycg/hj/sbjcgylb/index.htm

Chinese Academy of Agricultural Sciences Institute of Crop Sciences. 2021 Shennong china agricultural science and technology award first prize—

Discovery and application of rice broad-spectrum bacterial blight resistance gene *Xa23*. （2022-04-20）[2025-08-30]. https://ics.caas.cn/kycg/hj/sbjcgylb/index.htm

[7] 张万霞，杨庆文. 中国野生稻收集、鉴定和保存现状. 植物遗传资源学报，2003, 4 (4): 369-373

Zhang W X, Yang Q W. Current status of collection, identification and conservation of wild rice in China. Journal of Plant Genetic Resources, 2003, 4(4): 369-373

[8] 颜群，潘英华，秦学毅，高汉亮，李道远，冯锐，朱汝财. 普通野生稻稻瘟病广谱抗性基因 *Pi-gx(t)*的遗传分析和定位. 南方农业学报，2012，43 (10): 1433-1437

Yan Q, Pan Y H, Qin X Y, Gao H L, Li D Y, Feng R, Zhu R C. Genetic analysis and mapping of broad-spectrum blast resistance gene *Pi-gx(t)* from common wild rice. Journal of Southern Agriculture, 2012, 43(10): 1433-1437

[9] 章琦，赵炳宇，赵开军，王春连，杨文才，林世成，阙更生，周永力，李道远，陈成斌，朱立煌. 普通野生稻的抗水稻白叶枯病（*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*）新基因 *Xa-23 (t)*的鉴定和分子标记定位. 作物学报，2000, 26 (5): 536-542

Zhang Q, Zhao B Y, Zhao K J, Wang C L, Yang W C, Lin S C, Que G S, Zhou Y L, Li D Y, Chen C B, Zhu L H. Identification and molecular mapping of a new gene *Xa-23(t)* for resistance to bacterial blight (*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*) from common wild rice. Acta Agronomica Sinica, 2000, 26(5): 536-542

[10] Guo D L, Li Y, Lu H Y, Zhao Y, Kurata N, Wei X H, Wang A H, Wang Y C, Zhan Q L, Fan D L, Zhou C C, Lu Y Q, Tian Q L, Weng Q J, Feng Q, Huang T, Zhang L, Gu Z L, Wang C S, Wang Z Q, Wang Z X, Huang X H, Zhao Q, Han B. A pangenome reference of wild and cultivated rice. Nature, 2025, https://doi.org/10.1038/S41586-025-08883-6

[11]Huang J F, Zhang Y L, Li Y P, Xing M, Lei C L, Wang S Z, Nie Y M, Wang Y Y, Zhao M C, Han Z Y, Sun X J, Zhou H, Wang Y, Zheng X M, Xiao X R, Fan W Y, Liu Z R, Guo W L, Zhang L F, Cheng Y L, Qian Q, He H, Yang Q W, Qiao W H. Haplotype-resolved gapless genome and chromosome segment substitution lines facilitate gene identification in wild rice. Nature Communications, 2024, 15(1): 4573

[12] 杨雅云，张敦宇，陈玲，陈越，殷富有，蒋春苗，肖素勤，柯学，余腾琼，王波，付坚，钟巧芳，陈功友，程在全. 云南药用野生稻对四种水稻主要病害的抗性鉴定. 植物病理学报，2019，49 (1)：101-112

Yang Y Y, Zhang D Y, Chen L, Chen Y, Yin F Y, Jiang C M, Xiao S Q, Ke X, Yu T Q, Wang B, Fu J, Zhong Q F, Chen G Y, Cheng Z Q. Resistance identification of *Oryza officinalis* from Yunnan to four major rice diseases. Acta Phytopathologica Sinica, 2019, 49 (1): 101-112

[13] 郭文龙，梁云涛，罗翠婷，乔卫华，吴宇翔，程云连，杨庆文. 广西野生稻种质资源的抢救性调查收集及其抗病性初步鉴定. 植物遗传资源学报，2024, 25 (9): 1441-1453

Guo W L, Liang Y T, Luo C T, Qiao W H, Wu Y X, Cheng Y L, Yang Q W. Emergency investigation and collection of wild rice germplasm resources in Guangxi and preliminary identification of their disease resistance. Journal of Plant Genetic Resources, 2024, 25(9): 1441-1453

[14] 范伟雅，刘自然，云勇，唐清杰，周世圳，肖晓蓉，杨庆文. 海南野生稻白叶枯病抗性种质资源的收集与初步鉴定. 植物遗传资源学报，2023, 24 (1): 117-125

Fan W Y, Liu Z R, Yun Y, Tang Q J, Zhou S Z, Xiao X R, Yang Q W. Collection and preliminary identification of wild rice germplasm resources resistant to bacterial blight in Hainan. Journal of Plant Genetic Resources, 2023, 24(1): 117-125

[15] 杨雅云，张斐斐，张发美，阿新祥，董超，汤翠凤，杨春云，戴陆园. 利用 RNA-seq 技术筛选药用野生稻抗白叶枯病相关基因. 广东农业科学，

2024，51 (11)：1-14

Yang Y Y, Zhang F F, Zhang F M, A X X, Dong C, Tang C F, Yang C Y, Dai L Y. Screening of genes related to bacterial blight resistance in *Oryza officinalis* using RNA-seq technology. Guangdong Agricultural Sciences, 2024, 51 (11): 1-14

[16] 匡洁. 水稻小热激蛋白 sHSP17.5 和热激因子抗白叶枯病的功能研究. 金华：浙江师范大学，2013

Kuang J. Functional study of rice small heat shock protein sHSP17.5 and heat shock factor in bacterial blight resistance. Jinhua: Zhejiang Normal University, 2013

[17] 宁茜，张维林，黄佳男，阎轶峰，严成其，杨玲. 来源于疣粒野生稻的白叶枯病新抗源的鉴定. 植物遗传资源学报，2014，15 (3)：620-624

Ning Q, Zhang W L, Huang J N, Yan Y F, Yan C Q, Yang L. Identification of a new bacterial blight resistance source from *Oryza meyeriana*. Journal of Plant Genetic Resources, 2014, 15 (3): 620-624

[18] 邢佳鑫，陈玲，柯学，钟巧芳，张敦宇，付坚，程在全. 云南疣粒野生稻抗白叶枯病多菌系鉴定分析. 中国稻米，2020, 26 (3): 34-42

Xing J X, Chen L, Ke X, Zhong Q F, Zhang D Y, Fu J, Cheng Z Q. Identification and analysis of multi-strain resistance to bacterial blight in *Oryza meyeriana* in Yunnan. China Rice, 2020, 26(3): 34-42

[19] 张正康，苏延红，阮孙美，张敏，张攀，张慧，曾千春，罗琼. 疣粒野生稻中 *OgXa13* 的克隆和功能研究. 作物学报，2025，51 (2)：334-346

Zhang Z K, Su Y H, Ruan S M, Zhang M, Zhang P, Zhang H, Zeng Q C, Luo Q. Cloning and functional study of *OgXa13* in *Oryza meyeriana*. Acta Agronomica Sinica, 2025, 51 (2): 334-346

[20] Lyu Q M, Xu X, Shang J J, Jiang G H, Pang Z Q, Zhou Z Z, Wang J, Liu Y, Li T, Li X B, Xu J C, Cheng Z K, Zhao X F, Li S G, Zhu L H. Functional analysis of *Pid3-A4*, an ortholog of rice blast resistance gene *Pid3* revealed by allele mining in common wild rice. Phytopathology, 2013, 103(6): 594-599

[21] 谭光轩，任翔，翁清妹，时振英，祝莉莉，何光存. 药用野生稻转育后代一个抗白叶枯病新基因的定位. 遗传学报，2004, 31 (7): 724-729

Tan G X, Ren X, Weng Q M, Shi Z Y, Zhu L L, He G C. Mapping of a new gene for resistance to bacterial blight from the derivative of *Oryza officinalis*. Acta Genetica Sinica, 2004, 31(7): 724-729

[22] 王春连，赵炳宇，章琦，赵开军，邢全党. 水稻白叶枯病新抗源 Y238 的鉴定及其近等基因系培育. 植物遗传资源学报，2004, 5 (1): 26-30

Wang C L, Zhao B Y, Zhang Q, Zhao K J, Xing Q D. Identification of new resistance source Y238 to bacterial blight and breeding of its near-isogenic line in rice. Journal of Plant Genetic Resources, 2004, 5(1): 26-30

[23] Huang F, He N, Yu M X, Li D, Yang D W. Identification and fine mapping of a new bacterial blight resistance gene, *Xa43(t)*, in Zhangpu wild rice (*Oryza rufipogon*). Plant Biology, 2023, 25(3): 433-439

[24] Xing J X, Zhang D Y, Yin F Y, Zhong Q F, Wang B, Xiao S Q, Xue K, Wang L X, Zhang Y, Zhao C M, Lu Y D, Chen L, Cheng Z Q, Chen L J. Identification and fine-mapping of a new bacterial blight resistance gene, *Xa47(t)*, in G252, an introgression line of yuanjiang common wild rice (*Oryza rufipogon*). Plant Disease, 2021, 105(12): 4106-4112

[25] 阮辉辉，严成其，安德荣，刘仁虎，陈剑平. 疣粒野生稻抗白叶枯病新基因 *xa32(t)*的鉴定及其分子标记定位(英文). 西北农业学报，2008,(6): 170-174

Ruan H H, Yan C Q, An D R, Liu R H, Chen J P. Identification and molecular mapping of a new bacterial blight resistance gene *xa32(t)* from *Oryza meyeriana* (in English). Acta Agriculturae Boreali-Occidentalis Sinica, 2008(6): 170-174

[26] 肖宁，吴云雨，王如意，赵均良，余玲，高鹏，李爱宏. 水稻抗稻瘟病基因克隆及其育种应用研究进展. 生命科学，2025, 37 (5): 558-566

Xiao N, Wu Y Y, Wang R Y, Zhao J L, Yu L, Gao P, Li A H. Research progress on cloning of rice blast resistance genes and their application in breeding. Chinese Bulletin of Life Sciences, 2025, 37(5): 558-566

[27] 黄卫衡，黄志远，唐丽，彭志荣，朱立煌，辛业芸，吕启明. 抗稻瘟病 *Pid3/Pid3-A4* 基因特异 InDel 分子标记开发与应用. 杂交水稻，2020，35 (2)：68-74

Huang W H, Huang Z Y, Tang L, Peng Z R, Zhu L H, Xin Y Y, Lyu Q M. Development and application of specific InDel molecular markers for rice blast resistance genes *Pid3*/*Pid3-A4*. Hybrid Rice, 2020, 35 (2): 68-74

[28] Qu S H, Liu G F, Zhou B, Bellizzi M, Zeng L R, Dai L Y, Han B, Wang G L. The broad-spectrum blast resistance gene *Pi9* encodes a nucleotide-binding site–leucine-rich repeat protein and is a member of a multigene family in rice. Genetics, 2006, 172(3): 1901-1914

[29]Jeung J U, Kim B R, Cho Y C, Han S S, Moon H P, Lee Y T, Jena K K. A novel gene, Pi40(t), linked to the DNA markers derived from NBS-LRR motifs confers broad spectrum of blast resistance in rice. Theoretical and Applied Genetics, 2007, 115(8): 1163-1177

[30] Xu X, Lyu Q M, Shang J J, Pang Z Q, Zhou Z Z, Wang J, Jiang G H, Tao Y, Qian X, Li X B, Zhao X F, Li S G, Xu J C, Zhu L H. Excavation of *Pid3* orthologs with differential resistance spectra to *Magnaporthe oryzae* in rice resource. PLoS One, 2014, 9(3): e93275

[31] Hua L X, Wu J Z, Chen C X, Wu W H, He X Y, Lin F, Wang L, Ashikawa I, Matsumoto T, Wang L, Pan Q H. The isolation of *Pi1*, an allele at the *Pik* locus which confers broad spectrum resistance to rice blast. Theoretical and Applied Genetics, 2012, 125(5): 1047-1055

[32]Meng F, He Y G, Chen J, Long X X, Wang H, Zhu M H, Liu S J, Cai Q, Zhang Z H. Analysis of natural variation of the rice blast resistance gene *Pike* and identification of a novel allele *Pikg*. Molecular Genetics and Genomics, 2021, 296(4): 939-952

[33] Das A, Soubam D, Singh P K, Thakur S, Singh N, Sharma T R. A novel blast resistance gene, *Pi54rh* cloned from wild species of rice, *Oryza rhizomatis* confers broad spectrum resistance to Magnaporthe oryzae. Functional & Integrative Genomics, 2012, 12(2): 215-228

[34] Xiao N, Wu Y Y, Zhang X X, Hao Z Y, Chen Z C, Yang Z F, Cai Y, Wang R Y, Yu L, Wang Z P, Lu Y, Shi W, Pan C H, Li Y H, Zhou C H, Liu J J, Huang N S, Liu G Q, Ji H J, Zhu S H, Fang S, Ning Y S, Li A H. *Pijx* confers broad-spectrum seedling and panicle blast resistance by promoting the degradation of ATP *β* subunit and OsRbohC-mediated ROS burst in rice. Molecular Plant, 2023, 16(11): 1832-1846

[35] Xu P, Dong L Y, Zhou J W, Li J, Zhang Y, Hu F Y, Liu S F, Wang Q, Deng W, Deng X N, Tharreau D, Yang Q Z, Tao D Y. Identification and mapping of a novel blast resistance gene *Pi57(t)* in *Oryza longistaminata*. Euphytica, 2015, 205(1): 95-102

[36] 陈洛，朱稳，李雯慧，赵均良，周玲艳，杨武. 水稻白叶枯病抗性基因的研究及应用进展. 作物杂志，2024,(3): 1-7

Chen L, Zhu W, Li W H, Zhao J L, Zhou L Y, Yang W. Research progress on rice bacterial blight resistance genes and their application. Crops, 2024 (3): 1-7

[37] Wang C L, Fan Y L, Zheng C K, Qin T F, Zhang X P, Zhao K J. High-resolution genetic mapping of rice bacterial blight resistance gene *Xa23*. Molecular Genetics and Genomics, 2014, 289(5): 745-753

[38] 王春连. 水稻抗白叶枯病基因 *Xa23* 的图位克隆. 北京：中国农业科学院，2006

Wang C L. Map-based cloning of rice bacterial blight resistance gene *Xa23*. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2006

[39] Wang C L, Zhang X P, Fan Y L, Gao Y, Zhu Q L, Zheng C K, Qin T F, Li Y Q, Che J Y, Zhang M W, Yang B, Liu Y G, Zhao K J. *XA23* is an executor R protein and confers broad-spectrum disease resistance in rice. Molecular Plant, 2015, 8(2): 290-302

[40] Bhasin H, Bhatia D, Raghuvanshi S, Lore J S, Sahi G K, Kaur B, Vikal Y, Singh K. New PCR-based sequence-tagged site marker for bacterial blight resistance gene *Xa38* of rice. Molecular Breeding, 2012, 30(1): 607-611

[41] Gu K Y, Tian D, Yang F, Wu L F, Chellamma S, Wang D, Wang G L, Yin Z C. High-resolution genetic mapping of *Xa27(t)*, a new bacterial blight resistance gene in rice, *Oryza sativa* L. Theoretical and Applied Genetics, 2004, 108(5): 800-807

[42] Gu K Y, Yang B, Tian D S, Wu L F, Wang D J, Chellamma S, Yang F, Chu Z Q, Wang G L, White F F, Yin Z C. R gene expression induced by a type-III

effector triggers disease resistance in rice. Nature, 2005, 435(7045): 1122-1125

[43] Kumar P N, Sujatha K, Laha G S, Rao K S, Mishra B N, Viraktamath B C, Hari Y, Reddy C S, Balachandran S M, Ram T, Madhav M S, Rani N S, Neeraja C N, Reddy G A, Shaik H, Sundaram R M. Identification and fine-mapping of *Xa33*, a novel gene for resistance to *Xanthomonas oryza*e pv. *oryzae*. Phytopathology, 2012, 102(2): 222-228

[44] Singh S, Sidhu J S, Huang N, Vikal Y, Li Z Y, Brar D S, Dhaliwal H S, Khush G S. Pyramiding three bacterial blight resistance genes (*xa5*, *xa13* and *Xa21*) using marker-assisted selection into indica rice cultivar PR106. Theoretical and Applied Genetics, 2001, 102(6): 1011-1015

[45] Song W H, Wang G L, Chen L L, Kim H S, Pi L Y, Holsten T, Gardner J A, Wang B, Zhai W X, Zhu L H, Fauquet C, Ronald P C. A receptor kinase-like protein encoded by the rice disease resistance gene, *Xa21*. Science, 1995, 270(5243): 1804-1806

[46] 郑崇珂，王春连，于元杰，梁云涛，赵开军. 水稻抗白叶枯病新基因 *Xa32(t)*的鉴定和初步定位. 作物学报，2009, 35 (7): 1173-1180

Zheng C K, Wang C L, Yu Y J, Liang Y T, Zhao K J. Identification and preliminary mapping of a new bacterial blight resistance gene *Xa32(t)* in rice. Acta Agronomica Sinica, 2009, 35(7): 1173-1180

[47] 郭嗣斌，张端品，林兴华. 小粒野生稻抗白叶枯病新基因的鉴定与初步定位. 中国农业科学，2010, 43 (13): 2611-2618

Guo S B, Zhang D P, Lin X H. Identification and preliminary mapping of a new bacterial blight resistance gene from *Oryza minuta*. Scientia Agricultura Sinica, 2010, 43(13): 2611-2618

[48] 苗丽丽，王春连，郑崇珂，车晋英，高英，温义昌，李贵全，赵开军. 水稻抗白叶枯病新基因的初步定位. 中国农业科学，2010，43 (15)：3051-3058

Miao L L, Wang C L, Zheng C K, Che J Y, Gao Y, Wen Y C, Li G Q, Zhao K J. Preliminary mapping of a new bacterial blight resistance gene in rice. Scientia Agricultura Sinica, 2010, 43 (15): 3051-3058

[49] Hutin M, Sabot F, Ghesquière A, Koebnik R, Szurek B. A knowledge-based molecular screen uncovers a broad-spectrum OsSWEET14 resistance allele to bacterial blight from wild rice. The Plant Journal, 2015, 84(4): 694-703

[50] 邓欢，刘亚培，王春连，郭威，陈析丰，纪志远. 水稻抗白叶枯病新基因 *Xa49(t)*的定位分析. 中国水稻科学，2024, 1-12. https://link.cnki.net/urlid/33.1146.S.20240613.1737.010.

Deng H, Liu Y P, Wang C L, Guo W, Chen X F, Ji Z Y. Mapping analysis of a new bacterial blight resistance gene *Xa49(t)* in rice. Chinese Journal of Rice Science, 2024, 1-12. https://link.cnki.net/urlid/33.1146.S.20240613.1737.010.

[51] 黄洁. 水稻育种的途径与技术. 现代农村科技，2025(9): 149-150

Huang J. Approaches and technologies of rice breeding. Modern Rural Science and Technology, 2025(9): 149-150

[52]Khush G S. Disease and insect resistance in rice. Advances in Agronomy, 1977, 29: 265-341

[53] 宋东海. 利用含有野生稻血缘的桂野占培育水稻良种的研究. 广东农业科学，1994(5): 4-6.

Song D H. Study on breeding fine rice varieties using Guiyezhan with wild rice ancestry. Guangdong Agricultural Sciences, 1994(5): 4-6

[54] Amante-Bordeos A D, Sitch L A, Nelson R, Dalmacio R D, Oliva N, Aswidinnoor H, Leung H. Transfer of bacterial blight and blast resistance from the tetraploid wild rice *Oryza minuta* to cultivated rice, *Oryza sativa*. Theoretical and Applied Genetics, 1992, 84(3): 345-354

[55] 查中萍，郑兴飞，周黎，王红波，殷得所，胡建林，徐得泽. 长雄野生稻与栽培稻种间杂种胚拯救研究初报. 湖北农业科学，2021, 60 (21): 30-32

Zha Z P, Zheng X F, Zhou L, Wang H B, Yin D S, Hu J L, Xu D Z. Preliminary study on embryo rescue of interspecific hybrids between *Oryza longistaminata* and cultivated rice. Hubei Agricultural Sciences, 2021, 60(21): 30-32

[56] 朱永生，魏毅东，蒋家焕，李齐向，董瑞霞，郑菲艳，陈丽萍，王晓方，谢华安，张建福. 抗病优质杂交稻品种野香优 699 的选育与应用. 福建

农业学报，2023，38 (12)：1405-1413

Zhu Y S, Wei Y D, Jiang J H, Li Q X, Dong R X, Zheng F Y, Chen L P, Wang X F, Xie H A, Zhang J F. Breeding and application of bacterial blight-resistant and high-quality hybrid rice variety Yexiangyou 699. Fujian Journal of Agricultural Sciences, 2023, 38 (12): 1405-1413

[57]张婷. 分子标记辅助选择 *Pi9* 基因改良水稻不育系三香 A 稻瘟病抗性. 长沙：湖南农业大学，2022

Zhang T. Improvement of blast resistance in rice male sterile line Sanxiang A by marker-assisted selection of *Pi9* gene. Changsha: Hunan Agricultural University, 2022

[58] 彭应财，李文宏，樊叶扬，郑昀晔. 利用分子标记辅助选择技术育成抗白叶枯病杂交稻协优 218. 杂交水稻，2003(5)：8-10

Peng Y C, Li W H, Fan Y Y, Zheng Y Y. Breeding of bacterial blight-resistant hybrid rice Xieyou 218 using molecular marker-assisted selection technology. Hybrid Rice, 2003(5): 8-10

[59] Xu Z M, Li L H, Gao X Q, Yuan Z J, Li X, Tian X D, Wang L L, Qu S H. Comparative transcriptome analysis of transgenic rice line carrying the rice blast resistance gene *Pi9*. Chinese Journal of Rice Science, 2020, 34(3): 245

[60] 谭晓菁，王忠华，吴月燕，郑二松，徐如梦，陈剑平，严成其. 基因编辑技术在水稻抗病基因与育种研究中的应用进展. 浙江农业学报，2021, 33 (10): 1982-1990

Tan X J, Wang Z H, Wu Y Y, Zheng E S, Xu R M, Chen J P, Yan C Q. Research progress on application of gene editing technology in rice disease resistance genes and breeding. Acta Agriculturae Zhejiangensis, 2021, 33(10): 1982-1990

[61] 卢源达，张敦宇，王玲仙，肖素勤，杜云龙，陈玲. 水稻抗白叶枯病基因 *Xa47(t)a* 的敲除及抗性鉴定. 植物保护学报，2023, 50 (4): 883-893

Lu Y D, Zhang D Y, Wang L X, Xiao S Q, Du Y L, Chen L. Knockout and resistance identification of rice bacterial blight resistance gene *Xa47(t)a*. Journal of Plant Protection, 2023, 50(4): 883-893