小粒野生稻导入系对稻飞虱的抗性鉴定与分析

郭嗣斌^{1,3}, 韦宇¹, 李孝琼^{1,3}, 黄所生², 刘开强¹, 黄凤宽², 高国庆^{1,3}

(¹ 广西农业科学院水稻研究所, 南宁 530007; ² 广西农业科学院植物保护研究所, 南宁 530007;

³ 广西农业科学院广西作物遗传改良生物技术重点开放实验室, 南宁 530007)

摘要: 稻飞虱是水稻生产最严重的害虫之一。野生稻拥有丰富的抗虫基因资源, 导入系是鉴定和利用野生稻有利基因的有效途径。本研究通过对 371 份小粒野生稻导入系进行抗褐飞虱和白背飞虱接虫鉴定, 分别筛选出了 11 份抗褐飞虱的材料和 7 份抗白背飞虱的材料, 其中有 5 份材料兼抗褐飞虱和白背飞虱, 这是从小粒野生稻中鉴定出抗白背飞虱材料的首次报道。通过对 2 份抗性导入系材料与感虫亲本杂交构建的 F₁ 和 F₂ 群体的抗虫鉴定和分析表明: K41 对褐飞虱和白背飞虱的抗性受 2 对显性抗虫基因通过互补作用所控制; P114 对褐飞虱和白背飞虱的抗性都是由 1 对主效的隐性基因控制。这些结果必将有利于小粒野生稻抗稻飞虱的基因定位和育种利用。

关键词: 小粒野生稻; 导入系; 褐飞虱; 白背飞虱; 遗传分析

Identification and Genetic Analysis of Resistance to Planthopper in Substitution Lines from *Oryza minuta*

GUO Si-bin^{1,3}, WEI Yu¹, LI Xiao-qiong^{1,3}, HUANG Suo-sheng², LIU Kai-qiang¹,

HUANG Feng-kuan², GAO Guo-qing^{1,3}

(¹Rice Research Institute, Guangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanning 530007;

²Plant Protection Research Institute, Guangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanning 530007;

³Guangxi Crop Genetic Improvement and Biotechnology Laboratory, Guangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanning 530007)

Abstract: Planthopper is one of the most destructive insect pests of rice. Wild species of rice are a valuable source of resistance genes for developing resistant cultivars. Substitution lines are effectively used in identification and utilization of favorable genes from wild rice. In the present study, a substitution line population originating from the cross of *Oryza sativa* and *O. minuta* was screened for obtaining resistant resources to two brown planthopper (BPH) and whitebacked planthopper (WBPH). Among 371 substitution lines, 11 and 7 were identified to be resistant to BPH and WBPH, respectively, 5 were resistant to both BPH and WBPH. This is the first report of WBPH resistant materials from *Oryza minuta*. For genetic analysis of the resistance, 2 resistant substitution lines, K41 and P114, were crossed with the indica rice varieties IR24, Gui 99, and 1025. It was found that the plants of F₁ from K41 were resistant to BPH and WBPH, but the plants of F₁ from P114 were susceptible. Segregation of resistant and susceptible progenies fitted a 1:3 ratio in two F₂ populations derived from P114, while segregation of resistant and susceptible progenies fitted a 9:7 ratio in two F₂ populations derived from K41. The results suggested that the resistance in P114 was controlled by one recessive gene, and the resistance in K41 was controlled by two dominant genes interacted with each other. These results will be useful to breeding and mapping of resistance to BPH and WBPH from *O. minuta*.

收稿日期: 2012-02-04 修回日期: 2012-03-28

基金项目: 国家自然科学基金项目 (31160277); 广西科学研究与科技开发计划项目 (桂科攻 10100005-8); 广西自然科学基金项目 (2012GXNSFAA053056); 广西农业科学院科技发展基金项目 (201102Z、201102); 广西农业科学院基本科研业务专项 (桂农科 2012YT01、桂农科 2012YZ02)

作者简介: 郭嗣斌, 博士, 副研究员, 主要从事水稻分子育种。E-mail: guosibin@gxaas.net

通讯作者: 高国庆, 研究员, 主要从事作物种质资源的研究与利用。E-mail: gqgao@gxaas.net

Key words: *Oryza minuta*; Substitution lines; Brown planthopper; Whitebacked planthopper; Genetic analysis

水稻的高产、稳产对保障我国粮食安全具有重要意义。虫害是造成水稻减产的主要原因之一。《中国农业百科全书》(1990)记载的稻作害虫有 83 种,其中普遍发生且危害严重的有褐飞虱(*Nilaparvata lugens* Stål)、白背飞虱(*Sogatella furcifera* Horvath)、三化螟(*Tryporyza incertulas* Walker)、二化螟(*Chilo suppressalis* Walker)和稻纵卷叶螟(*Cnaphalocrocis medinalis* Guenee)等 5 种^[1]。其中,就发生面积和造成的产量损失而言,褐飞虱(Brown planthopper, BPH)和白背飞虱(Whitebacked planthopper, WBPH)已经成为水稻的头号害虫,在 1987、1991、2005、2006 和 2007 年这 5 年中全国性稻飞虱特大爆发,其发生面积达到水稻种植总面积的 50% 以上,对我国的水稻生产安全造成严重的威胁^[2]。一直以来,褐飞虱的防治主要是依靠施用化学杀虫剂。然而,杀虫剂的大量使用,使稻飞虱抗药性成倍增加,还造成对天敌的毒杀,出现生态环境和粮食污染等问题。

科学研究和生产实践证明,培育和推广具有抗虫能力的水稻新品种是解决上述问题的有效途径。自 20 世纪 60 年代,国内外科学家开始筛选和鉴定抗稻飞虱材料,在栽培稻和野生稻材料中已陆续发现了一大批抗虫资源,并从中鉴定出至少 26 个抗褐飞虱主效基因和 8 个抗白背飞虱主效基因^[3]。野生稻中存在大量的抗病虫基因资源。野生稻有利基因的发掘与利用是栽培稻品种改良中重要的基因来源和拓宽栽培稻遗传多样性的主要途径,意义重大。

小粒野生稻(*Oryza minuta*)具有抗褐飞虱、白背飞虱、稻瘟病、白叶枯病和纹枯病的特性,是一种优异的种质资源^[4]。从 60 年代开始,国际水稻研究所就有人利用栽培稻与不同的小粒野生稻杂交,并将小粒野生稻中的抗白叶枯病基因、抗稻瘟病基因和抗褐飞虱的基因导入到栽培品种中^[5]。本研究利用一套小粒野生稻导入系,通过接虫鉴定,评价它们对褐飞虱和白背飞虱的抗性表现,筛选出具有抗性的导入系进行抗稻飞虱新品种培育;同时对抗性表现最好的 2 个的导入系进行遗传群体的构建和抗性基因遗传分析,为进一步的基因定位和育种利用奠定基础。

1 材料与方法

1.1 材料

供试材料是一套小粒野生稻导入系,是以小

粒野生稻(国际水稻研究所种质资源库编号 Acc. No. 101133)为供体亲本、IR24 为受体亲本,通过杂交、回交、连续自交,结合胚拯救和分子标记辅助育种获得了一套包含 371 份材料的含有小粒野生稻染色体片段的导入系(BC₄F₆)^[6]。另外,利用抗性鉴定表现最好的 2 个导入系 K41 和 P114 作为抗虫亲本,IR24、桂 99 和 1025 作为感虫亲本。2010 年夏在南宁按照感病/抗病配制杂交组合,收获 F₁ 种子, F₁ 种子于 2010 年秋在南宁自交得到 F₂。小粒野生稻导入系材料于 2010 年 5 月上旬进行抗虫鉴定, F₁ 和 F₂ 于 2011 年 5 月上旬进行抗虫鉴定,所有抗虫鉴定都在广西农业科学院植物保护研究所进行。抗虫鉴定以 Ptb33 为抗虫对照, TN1 为感虫对照。

1.2 虫源

褐飞虱和白背飞虱虫源取自广西农业科学院水稻研究所的稻田间。虫源饲养于广西农业科学院植物保护研究所网室内,在 TN1 稻株上繁殖。

1.3 鉴定方法

标准苗期集团法(Standard Seedbox Screening Technique, SSST)是国际水稻所提出并广泛被采用的苗期鉴定方法,用于考察群体中各个株系的抗性表现^[7]。取鉴定材料每个株系种子播种 1 行,按行距 3cm、株距 1cm,播于 50cm × 35cm 的秧盘中,每盘随机播感虫和抗虫亲本各 1 行。幼苗长到 2 叶 1 心至 3 叶期时,每行留 10 株,按平均每苗约 10 头接入 2~3 龄褐飞虱或白背飞虱若虫。当 TN1 死亡 90% 以上时,开始考察各株系幼苗的受害情况,参照国际上使用的统一标准逐株进行定级,最后计算各品种的平均受害级别。试验重复 2~4 次。水稻对褐飞虱或白背飞虱抗性的定级标准:0 级,无明显受害状;1 级,第 1 片叶部分黄化;3 级,第 1~2 叶变黄;5 级,第 1~3 叶变黄或植株呈现矮化;7 级,植株开始凋萎;9 级,植株死亡。

1.4 统计分析方法

应用 SAS 软件进行株系平均抗级的统计分析和抗感植株比值的卡方检验。

2 结果与分析

2.1 导入系对褐飞虱的抗性表现

对 371 份小粒野生稻导入系进行苗期初筛和复筛鉴定,筛选到 11 份抗褐飞虱的材料(抗级 ≤ 3),

编号分别是:41、46、71、78、107、114、125、136、137、171 和 172(表 1);另外还筛选到 72 份中抗材料,其余为感虫材料。371 份小粒野生稻导入系对褐飞虱的抗级变化幅度为 2.3~9.0,平均抗级为 7.62。

表 1 11 份抗性导入系对褐飞虱的抗性反应

Table 1 Resistant reaction of 11 resistant lines to brown planthopper

导入系代号 No. of lines	总苗数 Total of plants	抗级 Grade					平均抗级 Mean of grade	
		0	1	3	5	7		9
TN1	19	0	0	0	0	0	19	9.0
Ptb33	18	0	6	12	0	0	0	2.3
41	17	0	6	11	0	0	0	2.3
46	18	0	5	10	2	1	0	2.9
71	16	0	3	12	1	0	0	2.8
78	16	0	4	11	0	1	0	2.8
107	17	0	4	11	2	0	0	2.8
114	18	0	5	13	0	0	0	2.4
125	16	0	4	11	1	0	0	2.6
136	17	0	5	11	1	0	0	2.5
137	17	0	5	10	1	1	0	2.8
171	18	0	5	12	0	1	0	2.7
172	19	0	5	13	0	1	0	2.7

2.2 导入系对白背飞虱的抗性表现

对 371 份小粒野生稻导入系进行苗期初筛和复筛鉴定,筛选到 7 份抗白背飞虱的材料(抗级 ≤ 3),编号分别是:21、41、71、114、117、171、172,它们对白背飞虱抗性反应见表 2,另外还筛选到 45 份中抗材料,其余为感虫材料。371 份小粒野生稻导入系对白背飞虱的抗级变化幅度为 2.4~9.0,平均抗级为 8.12。

表 2 7 份抗性导入系对白背飞虱的抗性反应

Table 2 Resistant reaction of 7 resistant lines to the white-backed planthopper

导入系代号 No. of lines	总苗数 Total of plants	抗级 Grade					平均抗级 Mean of grade	
		0	1	3	5	7		9
TN1	19	0	0	0	0	0	19	9.0
Ptb33	18	0	3	9	4	2	0	3.6
21	18	0	5	11	2	0	0	2.7
41	18	0	6	11	1	0	0	2.4
71	16	0	4	11	1	0	0	2.6
114	17	0	4	11	1	0	0	2.5
117	17	0	5	10	1	1	0	2.8
171	18	0	5	11	2	0	0	2.7
172	19	0	5	12	2	0	0	2.7

2.3 供试亲本及 F₁ 对稻飞虱的抗性表现及分析

通过对 371 份导入系的接虫鉴定,筛选出了 5 份兼抗褐飞虱和白背飞虱的材料,由于其中 2 份材料(编号为 41 和 114,分别定名为 K41 和 P114)的农艺

性状已稳定,所以利用它们与感虫的材料(IR24、桂 99 和 1025)杂交构建遗传群体进行抗虫基因的遗传分析与定位研究。供试亲本及 F₁ 对褐飞虱和白背飞虱的抗性反应见表 3,结果表明:K41 和 P114 对褐飞虱和白背飞虱都表现抗,抗级为 2.3~2.6,感虫亲本 IR24、桂 99 和 1025 对褐飞虱和白背飞虱都表现高感,抗级为 8.4~9.0;IR24/P114 和桂 99/K114 的杂种 F₁ 分别对褐飞虱和白背飞虱都表现感,而 IR24/K41 和 1025/K41 的杂种 F₁ 分别对褐飞虱和白背飞虱都表现抗,由此进一步推断 P114 中含有隐性抗虫基因,而 K41 中含有显性抗虫基因。

表 3 供试亲本及 F₁ 对褐飞虱和白背飞虱的抗性反应

Table 3 Reactions of the parental lines and their F₁ plants to the BPH and WBPH

稻飞虱类型 Type of planthopper	材料名称 Name of materials	总苗数 Total of plants	抗级 Grade					平均抗级 Mean of grade	
			0	1	3	5	7		9
褐飞虱 BPH	TN1	39	0	0	0	0	0	39	9.0
	Ptb33	36	0	12	24	0	0	0	2.3
	P114	32	0	11	19	1	1	0	2.5
	K41	38	0	16	20	1	1	0	2.3
	IR24	37	0	0	0	0	0	37	9.0
	桂 99	36	0	0	0	1	9	26	8.4
	1025	38	0	0	0	0	0	38	9.0
	IR24/P114(F ₁)	35	0	0	1	412	18		7.7
	IR24/K41(F ₁)	37	0	4	25	3	2	1	3.2
	白背飞虱 WBPH	TN1	35	0	0	0	0	0	35
Ptb33		38	0	2	28	5	2	1	3.5
P114		39	0	13	21	4	1	0	2.6
K41		35	0	12	20	2	1	0	2.5
IR24		39	0	0	0	0	0	39	9.0
桂 99		37	0	0	0	110	26		8.4
1025		38	0	0	0	0	0	38	9.0
桂 99/P114(F ₁)		37	0	0	1	515	16		7.5
1025/K41(F ₁)		36	0	2	26	5	2	1	3.6

2.4 F₂ 群体对稻飞虱的抗性表现及分析

为了明确 K41 和 P114 中抗虫基因的遗传规律,进一步对 4 份 F₂ 群体进行了抗虫鉴定与分析,它们对褐飞虱和白背飞虱的抗性反应都发生了分离表现(表 4),其中,IR24/P114 和桂 99/P114 的 F₂ 群体对褐飞虱和白背飞虱都表现抗感分离,且抗虫植株数与感虫植株数的比值都符合 1:3;而 IR24/K41 和 1025/K41 的杂种 F₂ 群体对褐飞虱和白背飞虱也都表现抗感分离,抗虫植株数多于感虫植株数,且抗虫植株数与感虫植株数的比值符合 9:7。由此推断 P114 对褐飞虱和白背飞虱的抗性由 1 对隐性基因控制,而 K41 对褐飞虱和白背飞虱的抗性由 2 对显性抗虫基因通过互补作用进行控制。

表 4 4 个 F₂ 群体对褐飞虱和白背飞虱的抗性反应Table 4 Reactions of 4 F₂ populations to the BPH and WBPH

稻飞虱种类 Type of planthopper	群体名称 Population	总苗数 Total of plants	抗虫苗数 Resistant plants	感虫苗数 Susceptible plants	χ^2 (1:3)/(9:7)	<i>P</i>
褐飞虱 BPH	IR24/K41	245	145	100	0.885	0.25 ~ 0.50
	IR24/P114	278	62	216	1.079	0.30 ~ 0.50
白背飞虱 WBPH	1025/K41	273	153	120	0.005	0.90 ~ 0.99
	桂 99/P114	320	91	229	2.017	0.10 ~ 0.30

3 讨论

野生稻蕴藏着无数特异优良性状和遗传多样性,是栽培稻育种的宝贵种质资源,也是研究稻种起源和演化必不可少的材料。野生稻的抗病虫性强、抗谱广,它们是丰富的稻作病虫害抗源。到目前为止,已经从 6 种不同野生稻中鉴定出了 17 个抗褐飞虱的主效基因^[8-9]和 2 个抗白背飞虱主效基因^[10]。它们分别是:*Bph10*、*Bph18* 来自于澳洲野生稻 (*O. australiensis*)^[11-12], *bph11*、*bph12*、*Bph13*、*Bph14* 和 *Bph15* 来自于药用野生稻 (*O. officinalis*)^[10,13-15], *Bph11(t)* 来自于紧穗野生稻 (*O. eichingeri*)^[16], 而 *Bph12* 来自于宽叶野生稻 (*O. latifolia*)^[17], *bph18(t)*、*bph19(t)*、*bph22(t)*、*bph23(t)* 和 *bph24(t)* 来自于普通野生稻 (*O. rufipogon*)^[18-20], *Bph20(t)*、*Bph21(t)* 和 *Bph23(t)* 来自于小粒野生稻^[8,21], 而 *Wbph7(t)* 和 *Wbph8(t)* 来自于药用野生稻^[10], 这些基因都已用分子标记进行了定位。

小粒野生稻具有抗褐飞虱、白背飞虱、稻瘟病、白叶枯病和纹枯病的特性,是一种优良的种质资源^[4]。发掘和利用小粒野生稻的抗病虫基因,对提高水稻的抗虫性具有重要意义^[22]。为了利用小粒野生稻中的有利基因,国际水稻所从 20 世纪 60 年代开始,就利用栽培稻与不同的小粒野生稻杂交,并将小粒野生稻中的抗白叶枯病基因、抗稻瘟病基因、抗褐飞虱基因导入到栽培品种中^[5,23-25]。目前,利用相同的小粒野生稻 (Acc. No. 101141) 为供体,已鉴定出了 4 个抗病虫基因,包括抗白叶枯病基因 *Xa27*^[26]、抗稻瘟病基因 *Pi9*^[27]、抗褐飞虱基因 *Bph20(t)*、*Bph21(t)* 和 *Bph23(t)*^[8,21], 但还没有从小粒野生稻中鉴定出抗白背飞虱基因的报道。

本研究在前期工作中,以小粒野生稻 (Acc. No. 101133) 为供体,构建了一套包含 371 份材料的含有小粒野生稻染色体片段的导入系^[6]。通过对 371 份小粒野生稻导入系进行抗褐飞虱和白背飞虱抗虫鉴

定,分别筛选出了 11 份抗、72 份中抗褐飞虱的材料和 7 份抗、45 份中抗白背飞虱的材料,其中有 5 份材料兼抗褐飞虱和白背飞虱。这是从小粒野生稻中鉴定出抗白背飞虱材料的首次报道。

为了对抗虫基因进行基因定位和育种利用,选取对褐飞虱和白背飞虱表现兼抗的、农艺性状稳定的 2 个导入系 (K41 和 P114) 进行了抗性基因遗传分析。通过对小粒野生稻导入系材料与感虫亲本杂交构建的 F₁ 和 F₂ 群体的抗虫性分析,推断:K41 对褐飞虱和白背飞虱的抗性由 2 对显性抗虫基因通过互补作用进行控制;P114 对褐飞虱和白背飞虱的抗性是由 1 对主效的隐性基因控制。由于前人从小粒野生稻已鉴定的 3 个抗褐飞虱基因 *Bph20(t)*、*Bph21(t)* 和 *Bph23(t)* 都是显性的^[8,21], 而且对白背飞虱可能没有抗性,因此推测来自于导入系 K41 和 P114 对褐飞虱和白背飞虱表现兼抗的基因很可能是新的抗源,下一步将利用已构建的遗传群体,对它们进行深度鉴定和基因定位,为克隆这些新基因做准备。

虽然目前已鉴定出大量的抗稻飞虱基因或主效的数量性状基因座 (Quantitative trait loci, QTL), 但实际利用的很少。究其原因,主要是:当前鉴定的抗源多为野生稻和原始材料,与目前推广品种存在较大的差异;只有极少数的抗褐飞虱基因/主效 QTL 完成了精细定位,在分子标记辅助育种中可利用的资源还是较少;大多基础研究往往不能与当前育种实践保持高度同步等等。此外,不同研究的材料之间往往缺乏交流,好的抗性资源不能及时共享,降低了这些资源的利用率,也延长了从理论认识到实际应用的周期。所以分子技术结合田间实践是解决以上问题的首要办法^[9]。本文筛选出的抗稻飞虱材料来自于小粒野生稻的导入系 (BC₄F₆), 由于大部分导入系的农艺性状已稳定,如 K41 和 P114, 利用农艺性状优良的抗性导入系开展稻飞虱抗性育种事半功倍。

参考文献

- [1] 祝莉莉,祝彩磊,翁清妹,等.水稻抗褐飞虱基因的研究[J].湖北农业科学,2004(1):19-24
- [2] 翟保平.稻飞虱:国际视野下的中国问题[J].应用昆虫学报,2011,48(5):1184-1193
- [3] Yara A,Phi C,Matsumura M,et al. Development of near-isogenic lines for *BPH25(t)* and *BPH26(t)*, which confer resistance to the brown planthopper, *Nilaparvata lugens* (Stål) in indica rice 'ADR52' [J]. Breed Sci,2010,60(5):639-647
- [4] Khush G. Origin, dispersal, cultivation and variation of rice[J]. Plant Mol Bio,1997,35:25-34
- [5] Amante-Bordeas A,Sitch L,Nelson R,et al. Transfer of bacterial blight and blast resistance from the tetraploid wild rice *Oryza minuta* to cultivated rice, *Oryza sativa* [J]. Theor Appl Genet,1992,84:345-354
- [6] Guo S,Qin F,Zhang D,et al. Characterization of interspecific hybrids and backcross progenies from a cross between *O. minuta* and *O. sativa* [J]. Sci China Ser C-Life Sci,2009,52:1148-1155
- [7] Jena K, Kim S. Current status of brown planthopper(BPH) resistance and genetics[J]. Rice,2010,3:161-171
- [8] Rahman M, Jiang W, Chu S, et al. High-resolution mapping of two rice brown planthopper resistance genes, *Bph20(t)* and *Bph21(t)*, originating from *Oryza minuta* [J]. Theor Appl Genet,2009,119:1237-1246
- [9] 曾生元,龚红兵,刁立平,等.水稻抗褐飞虱基因及其在分子育种中的应用[J].分子植物育种:网络版,2011,9:1749-1758
- [10] Tan G, Weng Q, Ren X, et al. Two whitebacked planthopper resistance genes in rice share the same loci with those for brown planthopper resistance [J]. Heredity,2004,92:212-217
- [11] Nguyen T, Bui C. Genetic and physical maps of gene *Bph10* controlling brown planthopper resistance in rice (*Oryza sativa* L.) [J]. Omonrice,2003,11:35-41
- [12] Jena K, Jeung J, Lee J, et al. High-resolution mapping of a new brown planthopper(BPH) resistance gene, *Bph18(t)*, and marker-assisted selection for BPH resistance in rice (*Oryza sativa* L.) [J]. Theor Appl Genet,2006,112(2):288-297
- [13] Hirabayashi H, Angeles E, Kaji R, et al. Identification of brown planthopper resistance gene derived from *O. officinalis* using molecular markers in rice [J]. Breed Sci,1998,48(S1):82
- [14] Hirabayashi H, Kaji R, Angeles E, et al. RFLP analysis of a new gene for resistance to brown planthopper derived from *O. officinalis* on rice chromosome 4 [J]. Breed Res,1999,41(S1):71-74
- [15] Renganayaki K, Fritz A, Sadasivam S, et al. Mapping and progress toward Map-Based cloning of brownplanthopper biotype-4 resistance gene introgressed from *Oryza officinalis* into Cultivated Rice, *O. sativa* [J]. Crop Sci,2002,42(6):2112-2117
- [16] 刘国庆,颜辉煌,傅强,等.栽培稻的紧穗野生稻抗褐飞虱主效基因的遗传定位[J].科学通报,2001,46(9):738-742
- [17] Yang H, Ren X, Weng Q, et al. Molecular mapping and genetic analysis of a rice brown planthopper (*Nilaparvata lugens* Stål) resistance gene [J]. Hereditas,2002,136(1):39-43
- [18] 李容柏,李丽淑,韦素美,等.普通野生稻抗稻褐飞虱新基因的鉴定与利用[J].分子植物育种,2006,4(3):365-371
- [19] 侯丽媛,于萍,徐群,等.两个水稻抗褐飞虱隐性基因的遗传分析与初步定位[J].中国水稻科学,2010,24(4):367-371
- [20] Deen R, Ramesh K, Gautam S, et al. Identification of new gene for BPH resistance introgressed *O. rufipogon* [J]. Rice Genet Newsl,2010,25:70-71
- [21] Ram T, Deen R, Gautam S, et al. Identification of new genes for Brown Planthopper resistance in rice introgressed from *O. glaberrima* and *O. minuta* [J]. Rice Genet Newsl,2010,25:67-69
- [22] Ammiraju J, Song X, Luo M, et al. The *Oryza* BAC resource: a genus-wide and genome scale tool for exploring rice genome evolution and leveraging useful genetic diversity from wild relatives [J]. Breed Sci,2010,60:536-543
- [23] Nezu M, Katayama T C, Kihara H. Genetic study of the genus *Oryza*. I. Crossability and chromosomal affinity among 17 species [J]. Seiken Jiho,1960,11:1-11
- [24] Sitch L A, Dalmacio R D, Romero G O. Crossability of the wild *Oryza* species and their potential use for improvement of cultivated rice (*Oryza sativa* L.) [J]. Rice Genet Newsl,1989,6:58-60
- [25] Mariam A L, Zakri A H, Mahani M C, et al. Interspecific hybridization of cultivated rice, *Oryza sativa* L. with the wild rice, *Oryza minuta* Presl [J]. Theor Appl Genet,1996,93:664-671
- [26] Gu K, Yang B, Tian D, et al. R gene expression induced by a type-III effector triggers disease resistance in rice [J]. Nature,2005,435:1122-1125
- [27] Qu S, Liu G, Zhou B, et al. The broad-spectrum blast resistance gene *Pt9* encodes a nucleotide-binding site-leucine-rich repeat protein and is a member of a multigene family in rice [J]. Genetics,2006,172:1901-1914

欢迎订阅 2013 年《作物杂志》

《作物杂志》是中国作物学会和中国农业科学院作物科学研究所主办的农作物实用性技术类期刊,1985年创刊。刊登具有创新性、实用性强的有关农作物的文章;快速报导农业新技术、新成果。

本刊信息量大、时效性强;影响面广。曾荣获第三届/第四届全国优秀农业科技期刊奖、中国科协优秀科技期刊奖。连续入选全国中文核心期刊、中国科技核心期刊和中国农业核心期刊,2005年进入国家精品期刊库。

读者对象为农业科研人员、农业院校师生、农业技术推广工作者,种植业专业户、农业经营人员,农业示范园区、农场等有关人员。

栏目设置有专家论坛、专题综述、研究报告、种子科技与管理、栽培技术、植物保护等。

双月刊,大16开本,152页。定价15元,全年90元,全国各地邮局均可订阅。漏订者请寄款至编辑部,地址:北京中关村南大街12号中国农科院作物所内,收款人:作物杂志编辑部,邮编:100081

本刊已正式开通网上在线投稿系统,欢迎大家使用网上注册投稿,在线投稿地址:<http://zwzz.cbpt.cnki.net/>

电子信箱:zwzz304@mail.caas.net.cn

电话:(010)82108790