

# 国际水稻白叶枯病圃种质资源在 华南的抗性评价和利用

曾列先, 陈 深, 杨健源, 伍圣远, 汪聪颖, 朱小源

(广东省农业科学院植物保护研究所/广东省植物保护新技术重点实验室, 广州 510640)

**摘要:** 在华南生态稻区鉴定评价 2270 份国际水稻种质资源对白叶枯病的抗性, 结果表明, 参试材料对华南优势致病菌系 IV 型菌的抗性为高抗(1 级)500 份占 22.03%, 抗(3 级)617 份占 27.18%, 中感(5 级)355 份占 15.64%, 感(7 级)373 份占 16.43%, 高感(9 级)425 份占 18.72%; 对华南强毒菌系 V 型菌的抗性为高抗(1 级)131 份占 8.23%, 抗(3 级)322 份占 20.23%, 中感(5 级)292 份占 18.34%, 感(7 级)422 份占 26.50%, 高感(9 级)425 份占 26.70%; 对 IV 和 V 型菌双抗的有 411 份, 占 25.82%。筛选出 BG1222、IRBB5、IRBB7、IRBB203 等一批抗病兼有较好农艺性状的种质资源, 抗性遗传分析发现 BG1222 携带抗病新基因, 并定位于第 1 染色体上; 在抗源创新利用方面, 育成了一批优质抗病新品系, 其中利用 IRBB5(*xa5*) 育成华南首个抗白叶枯病强毒菌系 V 型菌优质水稻新品种白香占。

**关键词:** 国际水稻白叶枯病圃; 种质资源; 抗病性鉴定; 育种

## The Resistance Evaluation and their Utilization of the Germplasm Resources from International Rice Bacterial Blight Nursery (IRBBN) in South China

ZENG Lie-xian, CHEN Shen, YANG Jian-yuan, WU Sheng-yuan, WANG Cong-ying, ZHU Xiao-yuan

(<sup>1</sup>Plant Protection Research Institute, Guangdong Academy of Agricultural Sciences/Guangdong Provincial Key Laboratory of High Technology for Plant Protection, Guangzhou 510640)

**Abstract:** The 2270 of rice germplasm resources from International Rice Bacterial Blight Nursery (IRBBN) were evaluated against rice bacterial blight disease in South China. The identified results against the pathotype IV which was the most predominant indicated that 500 varieties (22.03%) were highly resistant (scale 1), 617 varieties (27.18%) resistant (scale 3), 355 varieties (15.64%) moderately susceptible (scale 5), 373 varieties (16.43%) susceptible (scale 7) and 425 varieties (18.72%) highly susceptible (scale 9) among the 2270 of rice germplasm resources. Against the pathotype V which was the most highly virulent in South China, 131 varieties (8.23%) were highly resistant, 322 varieties (20.23%) resistant, 292 varieties (18.34%) moderately susceptible, 422 varieties (26.50%) susceptible and 425 varieties (26.70%) highly susceptible, respectively. Among which, 411 varieties (25.82%) showed resistance to both of the pathotype IV and V. Some germplasm resources, such as BG1222, IRBB5, IRBB7 and IRBB203 with excellent agronomic characters and high resistance were screened out. A new bacterial blight resistance gene from BG1222 was identified according to genetic analysis, and the resistance gene was mapped on chromosome 1. Some resistant germplasm resources were selected for rice resistance breeding program, and numbers of lines with high yield and good quality were bred successfully. Thereinto, the

收稿日期: 2013-03-25 修回日期: 2013-04-12 网络出版日期: 2013-08-09

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20130809.1447.027.html>

**基金项目:** 公益性行业(农业)科研专项(201303015); 现代农业产业技术体系建设专项(粤财教[2009]356号; CARS-01-24); 广东省科技计划项目(粤财教[2011]511号); 国家自然科学基金(31101403); 广州市科技计划项目(2010Z1-E041); 穗科信字[2012]149号; 穗科信字[2012]167号)

第一作者研究方向为水稻抗病性。E-mail: zengliexian@tom.com; 陈深为共同第一作者

cultivar Baixiangzhan originated from IRBB5 (*xa5*) was the first released rice cultivar against virulent pathotype V in South China.

**Key words:** International Rice Bacterial Blight Nursery (IRBBN); germplasm resources; disease resistance evaluation; breeding

由 *Xanthomonas oryzae pv. oryzae* (*Xoo*) 引起的白叶枯病,是国内外危害水稻生产最主要的细菌性病害。应用抗性品种是防治该病最有效、经济的措施。但由于白叶枯病菌存在区域性致病性分化,有些品种抗性在不同地区表现不一,因此通过异地鉴定评价品种抗性,针对区域性病原菌致病类型,选择相对应的抗性基因是抗病品种应用成功的关键。

国际水稻白叶枯病圃 (IRBBN) 是国际水稻遗传评价试验网 (INGER) 的组成部分<sup>[1]</sup>,由国际水稻研究所 (IRRI) 组织,世界主要稻米生产国参与。其主要试验内容和目的是在不同国家不同水稻生态区,鉴定评价来自全球水稻种质资源对白叶枯病的抗性,监测不同地区病原菌的致病性,筛选抗病种质资源及新品种(系)用于水稻抗性改良,促进水稻生产发展。国际水稻白叶枯病圃长期设分圃于中国广州,在华南生态稻区鉴定评价世界水稻种质资源抗性。已从国际水稻白叶枯病圃鉴定和筛选了大量抗病种质,丰富了我国水稻种质并遗传育成抗病品种应用于生产,对控制我国尤其是华南沿海稻区白叶枯病的为害发挥了重要作用<sup>[2-6]</sup>,特别是将国际水稻种质成功地应用于我国杂交水稻的抗性改良,已利用分子标记辅助选择技术成功地将 IRBBN 材料 IBB21、IRBB60 中的 *Xa21* 基因转入强恢系,育成了系列杂交水稻品种,有效地提高了杂交水稻的抗病性<sup>[7-8]</sup>。本研究报道了国际水稻白叶枯病圃种质资源在华南的抗性评价结果和利用情况,以促进水稻白叶枯抗病种质的国内外交流,将优良抗病国际水稻种质更好地应用于我国的抗病育种。

## 1 材料与方法

### 1.1 材料

参试材料为由国际水稻遗传评价试验网 (INGER) 提供的来自全球水稻种质资源,2003-2011 年鉴定评价 2270 份。抗性鉴定接种菌株为华南稻区水稻白叶枯病优势致病菌系 IV 型菌代表菌株 (GD5120) 和强毒菌系 V 型菌代表菌株 (GD1358)<sup>[9]</sup>。

### 1.2 方法

**1.2.1 种质资源的抗性鉴定** 病圃位于广东省农

业科学院大丰试验基地 (23°08'N, 113°19'E, 海拔 14 m)。每份参试材料种植 1 行,每行 5 穴,株行距 17 cm × 20 cm, 2 次重复,随机排列。在马铃薯半合成培养基上接种白叶枯病菌株,28 °C 培养 72 h 后,分别用无菌水洗下菌苔,用麦法兰氏分度计比浊法将细菌悬浮液稀释至  $6 \times 10^8$  CUF/mL。在水稻孕穗期人工剪叶接菌,每一致病型代表菌株在每一重复种质上各接种 5 穴稻株,约 20 片叶。接种 21 d 后,参照 INGER<sup>[10]</sup> 的方法调查评价种质抗性。

### 1.2.2 重点抗源抗性遗传分析及基因标记定位

对重点抗源抗性遗传分析及基因标记定位,选择对华南稻区稻白叶枯病优势致病菌系 IV 型菌和强毒菌系 V 型菌的代表菌株的抗 ~ 高抗材料 BG1222、IRBB5、IRBB203、IRBB7 作为抗性遗传研究对象,与高度敏感的材料 IR24 杂交配组,获得 F<sub>1</sub>、F<sub>2</sub> 种子。同时种植测定抗、感病亲本及 F<sub>1</sub>、F<sub>2</sub>。根据 F<sub>1</sub> 的抗感表现判断抗源携带的基因显隐性,根据 F<sub>2</sub> 植株抗感分离比推断抗源携带的基因数;对未知抗性基因抗源分别与已知抗性基因抗源等位性测定,根据 F<sub>1</sub>、F<sub>2</sub> 的抗性反应及其抗感分离比,确定其所携带基因的等位关系。

利用水稻全基因组序列信息及相关数据库,选用或设计 SSR 等分子标记,应用于抗病基因的标记定位,参照模式水稻 Nipponbare 基因组序列,对优异基因进行精细定位。

### 1.2.3 抗源创新利用培育抗病、质优、高产、遗传多样性的抗病新种质(品种)

选用广谱高抗兼有较好农艺性状的重点抗源材料与华南推广种植的优质高产感病品种或优质稻核心种质,通过杂交、回交、多系复交和系选、系谱法等,从低代至高代抗性与丰产性及品质同步定向选择,创建抗病、质优、高产、遗传多样性的抗病新种质、育种新材料、新品种。

## 2 结果与分析

### 2.1 国际水稻种质资源对华南稻白叶枯病菌主要菌系的抗性

**2.1.1 对华南优势菌系 IV 型菌的抗性** 参试种质资源 2270 份,对广东优势致病菌系 IV 型菌的抗性结果(表 1)为:高抗(1 级)500 份占 22.03%,抗(3 级)

617 份占 27.18%, 中感(5 级)355 份占 15.64%, 感(7 级)373 份占 16.43%, 高感(9 级)425 份占 18.72%。

**2.1.2 对华南强毒菌系 V 型菌的抗性** 1592 份种质资源对华南强毒菌系 V 型菌的抗性的鉴定结果(表 1)为:高抗(1 级)131 份占 8.23%, 抗(3 级)322 份占

20.23%, 中感(5 级)292 份占 18.34%, 感(7 级)422 份占 26.50%, 高感(9 级)425 份占 26.70%。

**2.1.3 对 IV 和 V 型菌双抗的种质资源** 对 IV 和 V 型菌双抗的种质资源有 411 份, 占鉴定品种 1592 份的 25.82%(表 1)。

表 1 抗华南水稻白叶枯病菌主要致病型的部分国际水稻种质资源

Table 1 Rice germplasm resources from IRBBN which were resistant to preponderant pathotype of bacterial blight from South China

种质资源 Germplasm resources	来源 Origin	IV 型菌 Pathotype IV		V 型菌 Pathotype V	
		病级 Disease scale	抗性 Resistance scale	病级 Disease scale	抗性 Resistance scale
BG1222	斯里兰卡	1	HR	1	HR
IR20	国际水稻所	3	R	7	S
DV85	孟加拉	1	HR	1	HR
ZENITH	美国	3	R	7	S
JAVA14	印度尼西亚	5	MS	3	R
BJ1	印度	1	HR	1	HR
MILYANG42	韩国	3	R	3	R
ECIA193-J5-1-2-3	古巴	1	HR	5	MS
NR15015-41-6-1	尼泊尔	3	R	5	MS
CHUGOKU45	日本	3	R	5	MS
PROGO	印度尼西亚	5	MS	1	HR
C2764-10-2	菲律宾	1	HR	1	HR
IRBB203	IRRI	5	MS	3	R
TOX3118-4-E2	IITA	1	HR	3	R
IR1545339-2-2	IRRI	1	HR	1	HR
IRBB205	IRRI	1	HR	1	HR
IRBB5	IRRI	1	HR	1	HR
IRBB7	IRRI	1	HR	1	HR
TAINUNG72	中国台湾	3	R	3	R
SHUI XIU 11	中国	3	R	1	HR
IR72870-19-2	IRRI	1	HR	1	HR
D3	越南	1	HR	3	R
GIZA178	埃及	3	R	5	MS
ENNANO	菲律宾	1	HR	1	HR
DWCT82-19-2	泰国	1	HR	3	R
OMFI-1	IRRI	1	HR	1	HR
TOX3226-5-2	IITA	3	R	3	R
WAT311-WAS-B-23-7-1-4-5	WARDA	1	HR	1	HR
IN79-2-1-3-3-N	厄瓜多尔	3	R	5	MS
IRBB61	IRRI	1	HR	1	HR
IRBB66	IRRI	1	HR	1	HR
IR72889-69-2	IRRI	1	HR	1	HR

HR:高抗;R:抗;MS:中感;S:感

HR: highly resistance, R: resistance, MS: moderately susceptible, S: susceptible

## 2.2 重点抗源抗性遗传分析及基因标记定位

### 2.2.1 抗性遗传分析及新抗源抗病基因标记定位

选择抗至高抗兼有较好经济性状的重点抗源 BG1222、IRBB5、IRBB7 和 IRBB203 共 4 个品种, 分别对 V 型菌高感品种 IR24 杂交配组, 测定各组合  $F_1$ 、 $F_2$  抗性。结果表明, IRBB5、BG1222 与 IR24 的  $F_1$  感病,  $F_2$  抗感分离比符合 1:3, 说明这 2 个品种对

V 型菌抗性均由 1 对隐性基因支配(表 2)。IRBB7 和 IRBB203 与 IR24 组合  $F_1$  均表现抗病,  $F_2$  抗感分离比符合 3:1, 表明 IRBB7 和 IRBB203 对 V 型菌抗性均由 1 对显性基因控制。IRBB5、IRBB203 和 IRBB7 为近等基因系, 已知其抗性基因分别为 *xa5*、*Xa7* 和 *Xa3*, 其中 *xa5* 为隐性基因, *Xa7* 和 *Xa3* 为显性基因, 本试验结果与其一致。BG1222 对 V 型菌抗

性由 1 对隐性基因支配,但尚不清楚是何基因,在已知基因中,对 V 型菌抗病的隐性基因只有 *xa5*, BG1222 与携带有 *xa5* 抗性基因品种 IR1545-339-2-2、IRBB5 的抗性基因等位性测定结果(表 3)表明,

BG1222 与携带有 *xa5* 抗性基因品种 IRBB5 和 IR1545-339-2-2 杂交组合的 F<sub>1</sub> 表现感病, F<sub>2</sub> 出现抗感分离(7:9),说明 BG1222 携带的抗性基因与 *xa5* 不等位,并独立遗传。

表 2 4 个抗源与感病品种 IR24 杂交后代对 V 型菌的抗性反应

Table 2 Resistance reaction of progenies from the crosses of 4 resistant donors and susceptible variety IR24 against the bacterial blight pathotype V

杂交组合 Cross	亲本 Parents		F <sub>1</sub>	F <sub>2</sub>					
	P1	P2		抗病株数 No. of resistance	感病株数 No. of susceptible	总株数 Total	期望分离比 Expected segregation ratio	$\chi^2$	P
IR24/ BG1222	S	R	S	85	248	333	1:3	0.0244	0.8760
IR24/IRBB7	S	R	R	287	97	384	3:1	0.0069	0.9337
IR24/IRBB203	S	R	R	241	87	328	3:1	0.1993	0.6553
IR24/IRBB5	S	R	S	65	190	255	1:3	0.0162	0.8986

表 3 BG1222、IR1545-339-2-2 和 IRBB5 的抗性基因等位性测定

Table 3 Allele tests of resistance genes from BG1222, IR1545-339-2-2 and IRBB5

杂交组合 Cross	亲本 Parents		F <sub>1</sub>	F <sub>2</sub>					
	P1	P2		抗病株数 No. of resistance	感病株数 No. of susceptible	总株数 Total	期望分离比 Expected segregation ratio	$\chi^2$	P
BG1222/ IRBB5	R	R	S	139	175	314	7:9	0.01710	0.8961
BG1222/ IR1545-339-2-2	R	R	S	101	130	231	7:9	0.00003	0.9953

进一步对 IR24/BG1222 的 F<sub>2</sub> 121 个高感植株组成的作图群体进行分子标记,选用与 *xa5* 紧密连锁的 15 个 SSR 标记,对来自 BG1222/IR24 后代的 121 个高感植株组成的作图群体进行连锁分析,结果发现 BG1222 所携带的目的基因与 *xa5* 无任何连锁关系。随后根据分离群体分析法,利用从水稻 12 条染色体上等距离(10 cM)选出的 250 个微卫星标记对抗感对照亲本和抗感基因池进行筛选,获得了 2 个位于第 1 染色体上的候选连锁标记 RM493 和 RM446,初步把 BG1222 携带的目标隐性基因 *xa-BG(t)* 定位在第 1 染色体上。为实现目的基因的精细定位,在 GRAMENE 数据库中搜索 RM493 和 RM446 附近所有的 SSR 标记,50 对引物,进行亲本筛选,结果发现有 21 个 SSR 标记在双亲间检测到多态。从 21 对 SSR 中选出 5 对多态性明显的引物,对作图群体进行确认。把目的基因 *xa-BG(t)* 界定到 RM10927 ~ RM11011 之间 1.82 cM 的遗传区域。为进一步缩小 *xa-BG(t)* 的范围,根据 NCBI 粳稻数据库的序列信息,对 RM10927 ~ RM11011 之间的粳稻和籼稻的序列进行比对,依据序列在粳稻间的缺失,利用 FastPCR 设计 Indels 标记引物 43 对

(BGID1 ~ 43)。亲本确认结果表明有 10 对引物在双亲间获得了多态。利用这些标记对作图群体进行连锁分析,最终将 *xa-BG(t)* 界定到 RM10927 ~ BGID25 之间约 0.4 cM 的遗传区域。另外还获得了与目的基因共分离的分子标记 BGID36(图 1)。目前

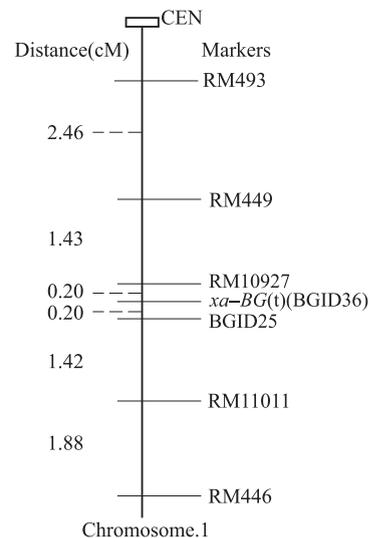


图 1 *xa-BG(t)* 基因遗传图

Fig. 1 Genetic map of the *xa-BG(t)*

在第 1 染色体上鉴定到的抗白叶枯病基因只有位于长臂的显性基因  $Xa-29(t)^{[11]}$ , 而本研究的目的基因  $xa-BG(t)$  是隐性基因, 所以  $xa-BG(t)$  代表一类新型的抗白叶枯病基因。

### 2.3 抗源创新, 育成一批优质抗病新材料

筛选出 IRBB5、BG1222、IRBB7、IRBB203 等一批抗病兼有较好农艺性状的水稻种质资源, 供抗病育种应用。抗源 IRBB7(含  $Xa7$  显性抗性基因)与 10 个优质稻配组、IRBB5(含  $xa5$  隐性抗性基因)抗源与 12 个优质稻配组、IRBB203(含  $Xa3$  显性抗性基因)抗源与 5 个优质稻配组、BG1222(隐性基因)与 7 个优质稻组

合。从上述杂交组合中精选出 IRBB5/七粳早 23-4 等 15 个抗性稳定、农艺性状明显提高, 尤其米质改良具遗传多样性的优异新种质(表 4)。

### 2.4 利用 IRBB5( $xa5$ ) 育成华南首个抗 V 型菌新品种白香占

以 IRBB5( $xa5$ ) 为抗源供体, 与华南优质感病品种七粳早 23-4、七丝早 21、九七香占等杂交、复交(IRBB5/七粳早 23-4//七丝早 21///九七香占), 系谱选育出华南首个抗白叶枯病强毒菌系 V 型菌, 并对稻瘟病表现高抗, 产量与主栽品种相当, 米质优良的水稻新品种白香占<sup>[12-14]</sup>。

表 4 利用国际水稻抗源育成的抗病新品系

Table 4 The new resistant lines bred from the rice germplasm resources of IRBBN

新品系 New lines	抗性反应 Reaction		主要农艺性状 Agronomic characters					
	IV 型菌 Pathotype IV	V 型菌 Pathotype V	全生育期 (d)GD	株高(cm) PH	单株穗数 PN	总粒数 GN	结实率 (%)SSR	千粒重(g) 1000-GW
IRBB5(CK)	HR(1)	HR(1)	126	73.6	15	162.0	81.4	23.1
IRBB5/七粳早 23-4	1HR(1)	HR(1)	125	106.0	16	245.0	88.9	17.2
IRBB5/七丝早 1	HR(1)	R(3)	128	100.0	15	265.0	92.4	20.4
万利香//IR54/IRBB5	HR(1)	R(3)	130	101.0	14	215.0	89.0	23.8
粳粳 21// IR54/RBB5	HR(1)	HR(1)	128	95.0	16	207.0	87.4	20.5
IRBB7(CK)	HR(1)	HR(1)	126	74.4	14	183.7	83.8	20.4
黄华占/IRBB7	HR(1)	HR(1)	128	107.0	16	243.0	88.3	17.5
长丝占/IRBB7	HR(1)	R(3)	130	108.0	16	257.0	87.9	19.6
IRBB7/绿珍占 8	HR(1)	HR(1)	128	107.0	16	247.0	89.2	20.5
粤香占/IRBB7	HR(1)	HR(1)	129	110.0	15	236.0	90.9	21.4
奇妙香//芦新占/IRBB7	HR(1)	R(3)	130	113.0	16	225.0	89.5	19.9
IRBB7/特粳占 13	HR(1)	HR(1)	128	104.0	15	235.0	90.3	22.5
BG1222(CK)	HR(1)	HR(1)	117	78.0	12	114.0	70.6	20.0
齐粒丝苗/BG1222//粤香占	HR(1)	R(3)	128	100.0	16	276.0	92.6	19.6
BG1222//齐粒丝苗	HR(1)	HR(1)	127	103.0	17	227.0	91.3	20.3
齐粒丝苗/BG1222//特粳 25	HR(1)	HR(1)	131	110.0	18	215.0	91.3	22.0
IRBB203(CK)	MS(5)	HR(1)	110	92.0	10	190.9	79.3	24.5
矮三芦占/IRBB203	R(3)	HR(1)	131	111.0	15	232.0	87.4	20.7
丰矮占 1/IRBB203//细丝占	R(3)	R(3)	130	100.0	17	263.0	88.7	21.8

括号内数字为病级

Dates in the bracket mean scale. GD:Growth duration, PH:Plant height, PN:Panicule number per plant, GN:Grain number per panicle, SSR:Seed setting rate, 1000-GW:1000-grain weight

## 3 讨论

本研究明确了国际水稻种质资源在华南的抗性表现, 对华南优势致病菌系 IV 型菌或强毒菌系 V 型菌表现高抗、抗、中感、感、高感等不同抗性水平, 也

有对 2 个菌系双抗的种质。抗 IV 型菌的比例高于抗 V 型菌, 但抗 IV 型菌的种质大多数不抗 V 型菌, 抗谱较窄, 而抗 V 型菌的一般都抗 IV 型菌, 具广谱抗性, 在抗源选择利用上首选双抗种质。超过 1/4 的参试种质对 IV 和 V 型菌双抗, 表明国际水稻种质资源抗

病的比例高于国内水稻品种资源,尤其是抗强毒菌系 V 型菌的材料明显多于国内种质资源,与曾列先等<sup>[15]</sup>的研究结果一致。这些抗源材料丰富了我国抗病种质资源,对水稻抗性改良有重要意义。

来自斯里兰卡的稻种 BG1222 表现高抗白叶枯病,抗白叶枯病基因的遗传分析及分子标记结果表明,其携带 1 对隐性基因与其他已知基因不等位,将该基因标记定位于第 1 染色体,目前在第 1 染色体上鉴定到的抗白叶枯病基因只有位于长臂的显性基因 *Xa-29(t)*,而本研究的目的基因 *xa-BG(t)* 是隐性基因,因此 *xa-BG(t)* 代表一类新型的抗病基因,具有重要的利用价值,且已应用于华南抗病育种。

白香占是首次利用抗 V 型菌基因 *xa5* 选育成功的含新型抗病基因品种,是华南育成的第 1 个抗白叶枯病强毒菌系 V 型菌品种,该品种也是迄今华南育成对稻瘟病和白叶枯病双抗抗级最高的一个品种。白香占的育成是水稻抗白叶枯病强毒菌系 V 型菌育种的重大突破,对提升华南地区抗病育种水平,解决沿海白叶枯病强毒菌系 V 型菌病区及稻瘟病区生产之需有深远的影响。

#### 参考文献

[1] 汤圣祥,余汉勇. 对水稻种质的遗传评价和利用[J]. 植物遗

- 传资源科学,2001,3(2):46-50
- [2] 黄炳超,周汉钦,朱小源,等. 国际水稻遗传评价圃资源在广东的试验和评价利用[J]. 植物遗传资源学报,2006,7(2):148-152
- [3] 徐羨明,刘景梅,伍尚忠. 水稻品种资源抗白叶枯病的研究[J]. 植物保护学报,1986(4):227-233
- [4] 周汉钦,何昆明. 国外稻种资源在广东水稻育种中的利用[J]. 广东农业科学,2002(1):1-5
- [5] 袁筱萍,徐群,余汉勇,等. 国外新引进水稻品种(系)对我国水稻白叶枯病致病型的抗性反应[J]. 植物保护,2011,37(5):169-171
- [6] 余丽琴,陈大洲,黎毛毛,等. 国际水稻遗传评价网的优异种质在江西的利用[J]. 江西农业科技,2004(5):11
- [7] 曹立勇,庄杰云,占小登,等. 抗白叶枯病杂交水稻的分子标记辅助育种[J]. 中国水稻科学,2003,17(2):184-186
- [8] 彭应财,李文宏,樊叶扬,等. 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[J]. 杂交水稻,2003,18(5):5-7
- [9] 徐羨明,曾列先,林壁润,等. 广东水稻白叶枯病菌致病型研究[J]. 植物保护,1994,20(4):7-9
- [10] INGER Genetic Resources Center. IRRRI Standard Evaluation System for rice[M]. 4th edition. Philippines:IRRI,1996
- [11] 谭光轩,任翔,翁清妹,等. 药用野生稻转育后代一个抗白叶枯病新基因的定位[J]. 遗传学报,2004,31(7):724-729
- [12] 曾列先,成太辉,朱小源,等. 广东首个抗白叶枯病强毒菌系 V 型菌水稻品种白香占的选育[J]. 广东农业科学,2009(5):19,28
- [13] 陈深,杨健源,朱小源,等. 水稻新品种白香占对白叶枯病和稻瘟病的抗性研究[J]. 广东农业科学,2010(11):15-17
- [14] 陈深,钟杰,朱小源,等. 新品种绿珍 8072 和白香占的抗白叶枯病遗传分析及其基因检测[J]. 分子植物育种,2012,10(3):357-362
- [15] 曾列先,黄少华,林壁润. 水稻对白叶枯病强毒菌系 V 型菌的抗性研究[J]. 植物保护学报,1997,24(4):289-292

## 欢迎订阅 2014 年《中国野生植物资源》

《中国野生植物资源》是中华全国供销合作总社主管、南京野生植物综合利用研究院主办的综合性科技期刊。其办刊宗旨是报道野生经济植物最新科研成果,介绍野生植物资源研究与开发、综合利用、栽培技术,以普及与提高相结合的方式,加强从事野生经济植物开发利用者的相互交流,为我国经济社会建设服务。

本刊先后入选 RCCSE 中国核心学术期刊、中国学术期刊综合评价数据库来源期刊、中国核心期刊(遴选)数据库来源期刊。

主要栏目包括综述、研究报告、资源研究、应用开发、栽培技术、信息报道等。主要读者对象为农林、食品、医药、土特产、轻化工等部门科研、教学及生产人员。

双月刊,双月底出版,大 16 开。每册定价 10 元,全年 60 元,面向国内外公开发行,各地邮局均可订阅,邮发代号:28-245。

地址:(210042)南京蒋王庙街 4 号

电话:025-85472153

E-mail: yszw2009@163.com