

# *Pi-ta*、*Pi-b* 基因在江苏粳稻穗颈瘟抗性育种中的价值分析

王 军 杨 杰 杨金欢 范方军 朱金燕 陈志德 仲维功

(江苏省农业科学院 粮食作物研究所 国家水稻改良中心南京分中心 江苏 南京 210014)

**摘要:** 利用稻瘟病抗性基因 *Pi-ta*、*Pi-b* 的功能标记对 2009、2010 年江苏省粳稻中间试验的部分粳稻品系进行基因型检测,结合穗颈瘟抗性结果,通过关联分析 *Pi-ta*、*Pi-b* 在江苏省粳稻穗颈瘟抗性中的价值。结果表明: *Pi-ta*、*Pi-b* 基因与江苏省粳稻穗颈瘟的抗性呈正相关, *Pi-ta* 基因 2009、2010 年的相关系数分别为 0.50、0.37; *Pi-b* 基因 2009、2010 年的相关系数分别为 0.55、0.51; *Pi-ta*、*Pi-b* 基因的联合效应与穗颈瘟抗性正相关系数分别为 0.71、0.62。因此,同时携带这 2 个抗病基因可以大大提高江苏省粳稻穗颈瘟抗性。

**关键词:** 水稻; 稻瘟病; 穗颈瘟; *Pi-ta* 基因; *Pi-b* 基因; 抗病育种

中图分类号: Q78; S435 文献标识码: A 文章编号: 1000-7091(2012)06-0141-05

## Analysis on Breeding Value of *Pi-ta* *Pi-b* Genes in Japonica Rice Breeding with Neck Resistance in Jiangsu

WANG Jun, YANG Jie, YANG Jin-huan, FAN Fang-jun, ZHU Jin-yan,  
CHEN Zhi-de, ZHONG Wei-gong

(Institute of Food Crops, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences, Nanjing Branch of Chinese  
National Center for Rice Improvement, Nanjing 210014, China)

**Abstract:** Functional Markers of blast resistance genes *Pi-ta*, *Pi-b* were used to detect part of Japonica rice lines in Jiangsu province intermediate experiment of 2009 and 2010 years. Combining with the blast resistance results, the value of *Pi-ta*, *Pi-b* in Jiangsu province Japonica rice neck blast resistance was analyzed by correlation analysis. The result indicated that *Pi-ta* and *Pi-b* were positively correlated with neck blast resistance of Japonica rice in Jiangsu province. The correlation coefficients of *Pi-ta* were 0.50 and 0.37 respectively in two years as the correlation coefficients of *Pi-b* were 0.55 and 0.51. The correlation coefficients of two genes joint effect were 0.71 and 0.62 respectively. Therefore, carrying both of this two resistance genes can greatly improve the resistance of Japonica rice in Jiangsu province.

**Key words:** Rice; Blast; Neck blast; *Pi-ta* gene; *Pi-b* gene; Disease-resistance breeding

稻瘟病是由稻瘟病菌(*Magnaporthe oryzae*; 无性态: *Pyricularia oryzae*)<sup>[1]</sup>引起的水稻上最具毁灭性的病害之一,俗称水稻的“癌症”。依据感染的部位不同可以分为:苗瘟、叶瘟、节瘟、穗颈瘟等。其中穗颈瘟的危害大于叶瘟和其他的危害,严重时会导致颗粒无收<sup>[2]</sup>。

稻瘟病在全球 85 个有水稻种植的地区和国家均有发生。据统计,在 1975-1990 年的 16 年间,由

稻瘟病引起的全球水稻产量损失高达 1.57 亿 t<sup>[3]</sup>。我国每隔 7~10 年就发生一次较大规模的稻瘟病危害,受害面积达 300 万~600 万 hm<sup>2</sup>,稻谷损失 70 万~125 万 t<sup>[4]</sup>。水稻是江苏省第一大粮食作物,单产水平居全国之首,其中粳稻面积占水稻面积的 85%<sup>[5]</sup>。稻瘟病也是江苏省水稻的主要病害,在 20 世纪 90 年代初,发病面积达 166.67 万 hm<sup>2</sup>,减产 35 万 t,苗、叶、穗颈瘟都有发生,但穗颈瘟的潜在威胁

收稿日期: 2012-07-27

基金项目: 江苏省农业科技自主创新资金项目( cx[10]402); 国家科技支撑计划重大项目( 2011BAD16B03)

作者简介: 王 军( 1981- ),男,江苏盐城人,助理研究员,在读博士,主要从事水稻分子遗传育种研究。

通讯作者: 仲维功( 1954- ),男,江苏兴化人,研究员,主要从事水稻遗传育种研究。

最大<sup>[6]</sup>。

稻瘟病的防治主要通过化学防治和种植抗性品种来控制病害,实践证明,选育和推广抗稻瘟病品种是解决这一问题的最有效、安全和环保的方法。发掘抗源和鉴定抗性基因是培育抗病品种的基础和前提。目前,从不同抗病品种中鉴定出大约 80 个稻瘟病抗性基因,*Pi-b*、*Pi-ta*、*Pi-d2*、*Pi9*、*Pi-21* 等至少 20 个抗稻瘟病基因已经被克隆<sup>[7]</sup>。但除了 *Pb1* 外,这些稻瘟病抗性基因的研究都集中在苗瘟、叶瘟的抗性上,不能明确其对穗颈瘟的抗性<sup>[8-10]</sup>。另外,稻瘟病菌生理小种演化迅速,且不同地区稻瘟病菌的小种专化性及互补性。因此,如何选育适应不同稻区具有持久抗稻瘟病尤其是抗穗颈瘟的水稻品种已成为育种家们的一个重要课题。

本课题组在前期的研究中发现,稻瘟病抗病基因中只有 *Pi-ta*、*Pi-b* 在江苏省的粳稻品种中存在一定程度的分布,且与穗颈瘟的抗性有一定的相关性<sup>[11]</sup>。因此,本研究利用稻瘟病抗性基因 *Pi-ta*、*Pi-b* 的功能标记对 2009-2010 年江苏省粳稻中间试验的部分粳稻品系进行基因型检测,结合穗颈瘟抗性结果,通过关联分析 *Pi-ta*、*Pi-b* 在江苏省粳稻穗颈瘟抗性中的价值,旨在江苏省粳稻穗颈瘟抗性育种提供理论依据,以避免育种的盲目性,提高选择效率。

## 1 材料和方法

### 1.1 供试材料

供试水稻材料包括:携带 *Pi-ta*、*Pi-b* 的近等基因系各 1 份,编号分别为 K013、K014,由国际水稻所育成。2009 年江苏省水稻中间试验的 177 份粳稻品系,2010 年江苏省水稻中间试验的 273 份粳稻品系。

供试菌株为江苏省南京、徐州、盐城、太湖、苏州等不同生态地区分离鉴定的稻瘟病菌中选择的各个生理小种代表性菌株,2009 年鉴定小种包括:ZB<sub>10</sub>、ZC<sub>15</sub>、ZD<sub>7</sub>、(ZE<sub>3</sub>)、ZF<sub>1</sub>、ZG<sub>1</sub>;2010 年鉴定小种包括:

ZB<sub>17</sub>、ZC<sub>7</sub>、ZD<sub>7</sub>、ZE<sub>3</sub>、ZF<sub>1</sub>、ZG<sub>1</sub>。由江苏省农业科学院植物保护研究所提供。

### 1.2 穗颈瘟的接种鉴定

采用江苏省水稻品种中间试验的接种方法,将参试材料用抗菌素 402 浸种 3 d 后,用清水冲洗催芽 1~2 d,播于育秧盘内,每品系播 15~20 粒。将供试菌株移植到 RCA (玉米粉 40 g、稻秆粉 50 g、琼脂 20 g) 培养基上,在 25℃ 下培养 7 d,用黑光灯照射 72 h 后,待稻瘟病菌产生孢子后,再用无菌水洗下,将各稻瘟病菌株孢子混合,配成 10×10 倍显微镜下每视野 30~40 个孢子的悬浮液。在水稻孕穗初期注射接种,每株注射 1 mL,于水稻成熟后按调查标准调查结果。穗颈瘟鉴定标准如下,0 级:无病,免疫;1 级:1/4 以下枝梗发病或穗颈有斑点,抗病;2 级:1/4 以上枝梗发病或主轴中部发病,或颈部有病,但对产量影响不大,中抗;3 级:主轴中部或颈部发病,对产量有显著影响,感病;4 级:穗颈发病造成白穗,高感<sup>[12]</sup>。

### 1.3 抗病基因标记的设计

利用抗病基因 *Pi-ta* 和感病等位基因 *pi-ta* 在 DNA 序列上的单核苷酸长度多态性设计的等位基因特异性 PCR 引物<sup>[13]</sup>,用于对 *Pi-ta* 基因进行基因型选择。同样用抗病基因 *Pi-b* 和感病等位基因 *pi-b* 在 DNA 序列上的多态性设计特异性 PCR 引物<sup>[14]</sup>,用于对 *Pi-b* 基因进行基因型选择。引物名称、序列、位置及其扩增片段预期大小见表 1,引物由上海英潍捷基公司合成。

### 1.4 DNA 提取

在水稻分蘖盛期采取新鲜幼嫩叶片,采用 SDS 法提取水稻基因组 DNA<sup>[15]</sup>。

### 1.5 PCR 扩增和电泳

20 μL 的反应体系包括:模板 DNA (约 15 ng/μL) 2 μL,引物 (4 pmol/μL) 2 μL,10×缓冲液 (25 mmol/L) 2 μL,MgCl<sub>2</sub> (25 mmol/L) 1.2 μL,dNTP (2.5 mmol/L) 0.4 μL,Taq DNA 聚合酶 (5 U/μL)

表 1 用于 PCR 反应的引物名称、序列及预期片段长度

Tab. 1 Name sequences expected fragment size of specific primers used for PCR

目标基因 Target genes	引物名称 Primer name	序列 Sequence	片段长度/bp Expected size	注 Note
<i>Pi-ta</i>	Pita-F	AGCAGGTTATAAGCTAGGCC	1 042	抗病
	Pita-R	CTACCAACAAGTTCATCAAA		
<i>pi-ta</i>	Npita-F	AGCAGGTTATAAGCTAGCTAT	1 042	感病
	Npita-R	CTACCAACAAGTTCATCAAA		
<i>Pi-b</i>	Pib-F	GAACAATGCCCAAACCTTGAGA	365	抗病
	Pib-R	GGGTCCACATGTCAGTGAGC		
<i>pi-b</i>	Npib-F	TCGGTGCCTCGGTAGTCACT	803	感病

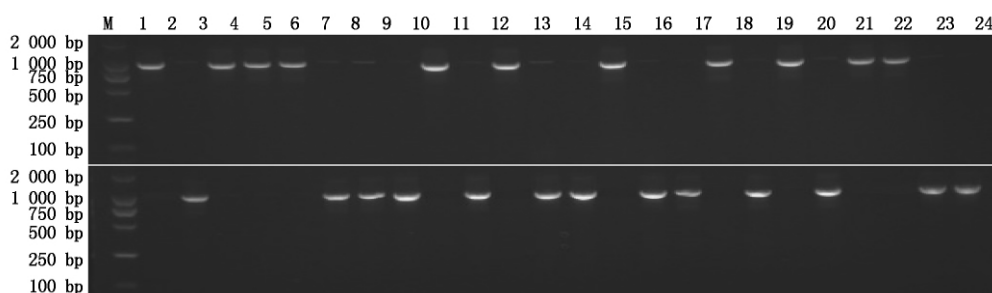
0.2  $\mu$ L, 灭菌双蒸水 12.2  $\mu$ L。在 Eppendorf PCR 仪上进行扩增, 反应条件为: 94 $^{\circ}$ C 预变性 5 min; 94 $^{\circ}$ C, 30 s, 58 $^{\circ}$ C, 30 s, 72 $^{\circ}$ C, 1 min, 共 35 个循环; 72 $^{\circ}$ C 再延伸 10 min。反应产物在 1% 的琼脂糖上进行分离电泳, 溴化乙锭染色, 然后在紫外凝胶成像仪上观察并照相。

## 2 结果与分析

### 2.1 *Pi-ta* 和 *Pi-b* 功能标记的检测与验证

利用 *Pi-ta* 和 *Pi-b* 的 4 对等位基因特异性 PCR 引物对包括 *Pi-ta* 和 *Pi-b* 近等基因系在内的 24 份水稻品系进行基因型检测。图 1 为 *Pi-ta* 基因的检测结果, 其中 1 泳道为携带 *Pi-ta* 基因的近等基因系, 作为正对照, 2 泳道是不携带 *Pi-ta* 基因的近等基因系, 作为副对照。图 1 上图为 Pita 引物扩增结

果, 下图为 Npita 引物扩增结果, 可以看出, 携带 *Pi-ta* 基因的近等基因系利用 Pita 引物能扩增出 1 024 bp 的片段, 利用 Npita 引物不能扩增出产物; 不携带 *Pi-ta* 基因的近等基因系利用 Pita 引物不能扩增出产物, 利用 Npita 引物能扩增出产物 1 024 bp 的片段。图 2 为 *Pi-b* 基因的检测结果, 其中 2 泳道为携带 *Pi-b* 基因的近等基因系, 作为正对照, 1 泳道为不携带 *Pi-b* 基因的近等基因系, 作为副对照。图 2 上图为 Pib 引物的扩增结果, 下图为 Npib 引物的扩增结果, 可以看出携带 *Pi-b* 基因的近等基因系利用 Pib 引物能扩增出 365 bp 的片段, 利用 Npib 引物不能扩增出产物; 不携带 *Pi-b* 基因的近等基因系材料利用 Pib 引物不能扩增出产物, 利用 Npib 引物能扩增出 803 bp 的片段。



M. DL2000; 1. K013( *Pi-ta* ); 2. K014( *Pi-b* ); 3 ~ 24. 部分待检测品系。图 2 同。

M. Marker DL2000; 1. K013( *Pi-ta* ); 2. K014( *Pi-b* ); 3 ~ 24. Parts of tested rice lines. The same as Fig. 2.

图 1 *Pi-ta* 基因功能标记对 24 份材料扩增结果

Fig. 1 The results of PCR using functional markers of *Pi-ta* with 24 materials

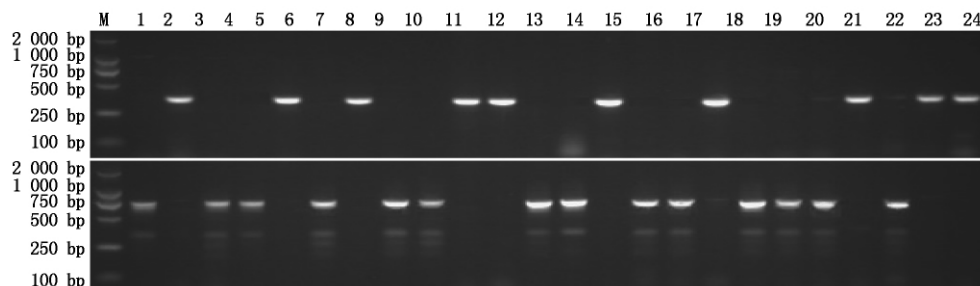


图 2 *Pi-b* 基因功能标记对 24 份材料扩增结果

Fig. 2 The results of PCR using functional markers of *Pi-b* with 24 materials

### 2.2 2009 年 177 份粳稻品系基因型与抗性分析

利用 *Pi-ta* 和 *Pi-b* 基因的功能标记对 2009 年 177 份粳稻品系进行基因型检测, 结合稻瘟病穗颈瘟的接种数据。结果显示, 同时携带 *Pi-ta* 和 *Pi-b* 基因的粳稻材料 47 份, 占总材料的 26.6%, 其中抗病(穗颈瘟接种为 1 级和 2 级)的品系 44 份, 感病(穗颈瘟接种为 3 级)的品系 3 份, 无高感(穗颈瘟接种为 4 级)的品系; 只携带 *Pi-ta* 基因的粳稻材料 32 份, 占总材料的 18.1%, 其中抗病的品系 15 份, 感病的品系 11 份, 高感的品系 6 份; 只携带 *Pi-b* 基因的粳稻材料 43 份, 占总材料的 24.3%, 其中抗病

的品系 22 份, 感病的品系 17 份, 高感的品系 4 份; 同时不携带 *Pi-ta* 和 *Pi-b* 基因的粳稻材料 55 份, 占总材料的 31.1%, 其中抗病的品系 7 份, 感病的品系 19 份, 高感的品系 29 份(表 2)。相关性分析表明 *Pi-ta*、*Pi-b* 基因与江苏省穗颈瘟抗性呈正相关, 相关系数分别为 0.50、0.55, *Pi-ta* 和 *Pi-b* 联合效应与江苏省穗颈瘟抗性正相关系数为 0.71(表 3)。

### 2.3 2010 年 273 份粳稻品系基因型与抗性分析

利用 *Pi-ta* 和 *Pi-b* 基因的功能标记对 2010 年 273 份粳稻品系进行基因型检测, 结合稻瘟病穗颈瘟的接种数据。结果显示, 同时携带 *Pi-ta* 和 *Pi-b*

表 2 2009 年 177 个粳稻品系的稻瘟病抗性位点分析

Tab. 2 Rice blast resistance loci analysis of  
177 Japonica rice lines in 2009

穗颈瘟 Neck blast	<i>Pi-ta</i> + / <i>Pi-b</i> +	<i>Pi-ta</i> + / <i>Pi-b</i> -	<i>Pi-ta</i> - / <i>Pi-b</i> +	<i>Pi-ta</i> - / <i>Pi-b</i> -
1 级 Level 1	31	5	8	3
2 级 Level 2	13	10	14	4
3 级 Level 3	3	11	17	19
4 级 Level 4	0	6	4	29
总数 Total	47	32	43	55

表 3 2009 年 *Pi-ta*、*Pi-b* 与穗颈瘟抗性相关性分析Tab. 3 Correlation analysis of *Pi-ta* *Pi-b* genes  
and neck blast resistance in 2009

抗性基因 Resistance genes	穗颈瘟 Neck blast <i>r</i>	<i>P</i>
<i>Pi-ta</i>	0.50	<0.01
<i>Pi-b</i>	0.55	<0.01
<i>Pi-ta/Pi-b</i>	0.71	<0.01

表 4 2010 年 273 个粳稻品系的稻瘟病抗性位点分析

Tab. 4 Rice blast resistance loci analysis of  
273 Japonica rice lines in 2010

穗颈瘟 Neck blast	<i>Pi-ta</i> + / <i>Pi-b</i> +	<i>Pi-ta</i> + / <i>Pi-b</i> -	<i>Pi-ta</i> - / <i>Pi-b</i> +	<i>Pi-ta</i> - / <i>Pi-b</i> -
1 级 Level 1	29	4	16	5
2 级 Level 2	30	16	34	6
3 级 Level 3	3	22	26	17
4 级 Level 4	1	6	9	49
总数 Total	63	48	85	77

表 5 2010 年 *Pi-ta*、*Pi-b* 与穗颈瘟抗性相关性分析Tab. 5 Correlation analysis of *Pi-ta* *Pi-b* genes  
and neck blast resistance in 2010

抗性基因 Resistance genes	穗颈瘟 Neck blast <i>R</i>	<i>P</i>
<i>Pi-ta</i>	0.37	<0.01
<i>Pi-b</i>	0.51	<0.01
<i>Pi-ta/Pi-b</i>	0.62	<0.01

基因的粳稻材料 63 份, 占总材料的 23.1%, 其中, 抗病的品系 59 份, 感病的品系 3 份, 高感的品系 1 份; 只携带 *Pi-ta* 基因的粳稻材料 48 份, 占总材料的 17.6%, 其中, 抗病的品系 20 份, 感病的品系 22 份, 高感的品系 6 份; 只携带 *Pi-b* 基因的粳稻材料 85 份, 占总材料的 31.1%, 其中, 抗病的品系 50 份, 感病的品系 26 份, 高感的品系 9 份; 同时不携带 *Pi-ta* 和 *Pi-b* 基因的粳稻材料 77 份, 占总材料的 28.2%, 其中, 抗病的品系 11 份, 感病的品系 17 份, 高感的品系 49 份(表 4)。相关性分析表明: *Pi-ta*、*Pi-b* 基因与江苏省穗颈瘟抗性呈正相关, 相关系数分别为 0.37、0.51, *Pi-ta* 和 *Pi-b* 联合效应与江苏省穗颈瘟抗性正相关系数为 0.62(表 5)。2 年的结果表明, 同时携带有 *Pi-ta* 和 *Pi-b* 基因的品系具有较强的穗

颈瘟抗性; 同时不携带有 *Pi-ta* 和 *Pi-b* 基因的品系的穗颈瘟抗性较差; 而携带 *Pi-ta* 或者 *Pi-b* 基因的品系抗性要好于不携带抗病基因的品系。

### 3 讨论

稻瘟病又称稻热病, 是世界性水稻病害, 几乎每个栽培水稻的国家和地区都有此病的发生, 是影响水稻高产稳产最为严重的病害之一。稻瘟病在水稻不同生育期都会发生, 根据受害的时期不同和部位不同, 可以分为苗瘟、叶瘟、叶枕瘟、节瘟、穗颈瘟、枝梗瘟和谷粒瘟等, 其中, 穗颈瘟对产量影响最大, 而叶瘟表型最为明显。水稻对叶瘟和对穗瘟的抗性之间存在一定的正相关, 但其相关性程度因水稻品种、病菌生理小种组成、不同生态区和年份而异<sup>[16-17]</sup>。王倩等<sup>[18]</sup>通过在辽宁稻瘟病重发区对 212 份分子育种亲本进行田间抗性鉴定, 发现分别有 117 个和 39 个品种对叶瘟和穗颈瘟表现抗性, 只有 19 个品种对叶瘟和穗颈瘟均表现中抗以上抗性。杜宜新等<sup>[19]</sup>采用室内接种和田间自然诱发的方法分别鉴定了福建省 18 个水稻主栽品种对水稻稻瘟病的抗性, 结果发现 18 个品种中对苗瘟表现抗病的有 11 个品种, 对穗颈瘟表现为抗病的只有 3 个品种。因此, 在稻瘟病抗病育种过程中有必要对叶瘟和穗瘟都进行抗性鉴定。

对稻瘟病的防治, 实践证明, 种植抗病品种是最经济有效环保的方法。传统的抗病品种的选育依赖于抗性鉴定和表型选择, 不仅周期长而且受许多条件的限制, 再加上病原菌小种遗传的复杂性和致病性的多样性, 使得抗病新品种在推广几年内很快丧失抗性。近年来, 随着分子生物学的发展, 越来越多的稻瘟病抗病基因被定位和克隆, 利用与稻瘟病抗病基因紧密连锁的分子标记甚至基因本身的功能标记进行辅助选择已经成为稻瘟病抗病育种的主要手段, 该方法所面临的最大挑战在于抗病基因的正确选择。在稻瘟病抗病基因选择利用方面, 前人通过对单基因鉴别品种的稻瘟病抗性基因进行了抗性分析和利用评价, 认为 *Pi-ta*<sup>2</sup>、*Pi-z*、*Pi-z'* 等在云南有较强稻瘟病抗性, 可以在育种上加以利用<sup>[20-22]</sup>。李洪亮等<sup>[23]</sup>研究发现, *Pi1* 和 *Pi2* 基因对北方寒地水稻稻瘟病确实有一定的抗性作用, 但效果不是很理想。杨健源等<sup>[24]</sup>对来自不同抗源的 30 个抗稻瘟病单基因系在广东省进行了小种专化抗性及田间抗性的分析和评价, 发现 *Pik<sup>h</sup>* 和 *Pi1(t)* 的单基因系表现出广谱抗性, 抗谱分别为 89.6% 和 82.2%, 在病区表现出较好的田间抗性, 同时指出 *Pik<sup>h</sup>* (或 *Pi1(t)*)、*Pi9*

(或 *Piz<sup>5</sup>*) 及 *Pish*(或 *Pita<sup>2</sup>*) 的基因聚合有利于提高广东省水稻品种对该地区稻瘟病菌的抗谱。王军等<sup>[25]</sup>研究发现,聚合稻瘟病抗病基因 *Pi-ta*、*Pi-b* 对江苏省稻瘟病尤其是穗颈瘟具有较好的抗性。

江苏自古以来就是水稻种植大省,常年水稻种植面积在 200 万  $\text{hm}^2$  以上,而粳稻面积近年来占整个水稻种植面积的 85% 以上。稻瘟病尤其是穗颈瘟是该地区粳稻潜在最大的危害。抗稻瘟病尤其是穗颈瘟是江苏省水稻品种审定的基本条件。但长期的抗穗颈瘟育种中存在较大的盲目性和偶然性,不能明确哪些稻瘟病抗病基因对江苏省粳稻稻瘟病尤其是穗颈瘟具有较好的抗性。本课题组在前期的研究中发现, *Pi-ta* 和 *Pi-b* 在江苏、浙江的栽培品种中存在一定的分布,这可能在稻瘟病抗病育种过程中自然选择的结果<sup>[11]</sup>。因此,为了进一步明确 *Pi-ta* 和 *Pi-b* 与江苏省粳稻稻瘟病尤其是穗颈瘟的抗性关系,我们对 2009、2010 年江苏省粳稻中间试验的部分粳稻品系进行 *Pi-ta*、*Pi-b* 基因型检测,结合穗颈瘟抗性结果,发现 *Pi-ta*、*Pi-b* 基因与江苏省粳稻穗颈瘟抗性呈正相关,2 对基因的联合效应与 2009、2010 年江苏省穗颈瘟抗性正相关系数分别为 0.71、0.62。因此,同时携带这 2 个抗病基因可以大大提高江苏省粳稻穗颈瘟抗性。本研究通过关联分析明确 *Pi-ta*、*Pi-b* 在江苏省粳稻穗颈瘟抗性中的价值,旨在为江苏省粳稻穗颈瘟抗性育种提供理论依据,以避免育种的盲目性,提高选择效率。

#### 参考文献:

- [1] Ou S H. Rice diseases [M]. UK: Commonwealth Agricultural Bureaux, 1985: 109–201.
- [2] Zhuang J Y, Ma W B, Wu J L *et al.* Mapping of leaf and neck blast resistance genes with resistance gene analog RAPD and RFLP in rice [J]. *Euphytica*, 2002, 128: 363–370.
- [3] Baker B, Zambryski P, Staskawicz B *et al.* Signaling in plant-microbe interactions [J]. *Science*, 1997, 276: 726–733.
- [4] Shen M G, Lin J Y. The economic impact of rice blast disease in China [M]//Zeigler R S, Leong S A, Teng P S. Rice Blast Disease. UK: Int Rice ResInst, 1994: 321–331.
- [5] 江苏省统计局. 江苏统计年鉴 [M]. 北京: 中国统计出版社, 2011: 296.
- [6] 陆凡, 史阿宝, 陈志谊, 等. 江苏省稻瘟病菌的发生与水稻品种的关系研究 [J]. 西南农业大学学报, 1998, 20(5): 387–391.
- [7] 杨勤忠, 林菲, 冯淑杰, 等. 水稻稻瘟病抗性基因的分子定位及克隆研究进展 [J]. 中国农业科学, 2009, 42(5): 1601–1615.
- [8] Hayashi N, Inoue H, Kato T *et al.* Durable panicle blast-resistance gene *Pbl* encodes an atypical CC-NBS-LRR protein and was generated by acquiring a promoter through local genome duplication [J]. *The Plant Journal*, 2010, 64: 498–510.
- [9] 吴建利, 庄杰云, 柴荣耀, 等. 水稻抗穗瘟基因的分子定位 [J]. 植物病理学报, 2000, 30(2): 111–115.
- [10] Wu J L, Fan Y Y, Li D B *et al.* Genetic control of rice blast resistance in the durably resistant cultivar Gumei2 against multiple isolates [J]. *Theor Appl Genet*, 2005, 111: 50–56.
- [11] 杨杰, 杨金欢, 王军, 等. 稻瘟病抗病基因 *Pita* 和 *Pib* 在中国水稻地方品种中的分布 [J]. 华北农学报, 2011, 26(3): 1–6.
- [12] 罗楚平, 倪磊, 陈志谊, 等. 水稻稻瘟病接种技术及 2009 年江苏省区试品种抗性鉴定 [J]. 江苏农业科学, 2009(6): 178–179.
- [13] 王忠华, 贾育林, 吴殿星, 等. 水稻抗稻瘟病基因 *Pi-ta* 的分子标记辅助选择 [J]. 作物学报, 2004, 30(12): 1259–1265.
- [14] Concetta A, Anna M, Marco A *et al.* Development of DNA markers suitable for marker assisted selection of three *Pi* genes conferring resistance to multiple *Pyricularia grisea* pathotypes [J]. *Crop Science*, 2004, 44: 1790–1798.
- [15] 王军, 杨杰, 陈志德, 等. 水稻香米基因标记的开发与应用 [J]. 分子植物育种, 2008, 6(6): 1209–1212.
- [16] 陈福如, 阮宏椿, 杨秀娟, 等. 稻瘟病苗瘟叶瘟和穗颈瘟的相关性分析 [J]. 中国农学通报, 2006, 22(7): 440–443.
- [17] 彭洪江, 彭仕钟, 吴先丽. 水稻稻瘟病苗瘟叶瘟和穗颈瘟相关性分析 [J]. 西南农业学报, 1995, 8(1): 79–83.
- [18] 王倩, 李祥晓, 王疏, 等. 水稻分子育种亲本材料在东北地区的稻瘟病抗性评价 [J]. 分子植物育种, 2011, 9(4): 432–437.
- [19] 杜宜新, 阮宏椿, 王茂明, 等. 福建省水稻主栽品种对稻瘟病的抗性评价 [J]. 中国农学通报, 2010, 26(7): 217–221.
- [20] 张学堂, 廖新华, 朱振华, 等. *Pi-z*、*Pi-ta<sup>2</sup>* 等基因在云南粳稻稻瘟病抗性育种中的应用 [J]. 中国农业科技导报, 2010, 12(1): 100–105.
- [21] 李进斌, 李成云, 陈艳, 等. 二十二个抗稻瘟病基因在云南的利用价值评价 [J]. 植物保护学报, 2005, 3(2): 113–119.
- [22] 罗朝喜, 李进斌, 李成云, 等. 云南省稻瘟病菌生理小种演变及稻种资源垂直抗性基因的利用 [J]. 西南农业学报, 2000, 13(4): 57–61.
- [23] 李洪亮, 李荣田. 稻瘟病抗性基因 *Pil* 和 *Pi2* 的聚合及其育种价值分析 [J]. 北方水稻, 2010, 40(5): 7–12.
- [24] 杨健源, 陈深, 曾列先, 等. 稻瘟病主效抗性基因对广东省籼稻稻瘟病菌的抗性评价 [J]. 中国水稻科学, 2008, 22(2): 190–196.
- [25] 王军, 杨杰, 陈志德, 等. 利用分子标记辅助选择聚合水稻抗病基因 *Pi-ta*、*Pi-b* 和 *Stw-b<sup>1</sup>* [J]. 作物学报, 2011, 37(6): 975–981.