

8 个水稻抗条纹叶枯病分子标记 有效性的验证及评价

姚 姝 张亚东 朱 镇 陈 涛 赵庆勇 周丽慧 于 新 王才林

(江苏省农业科学院 粮食作物研究所 江苏省优质水稻工程技术研究中心 国家水稻改良中心南京分中心 江苏 南京 210014)

摘要: 利用已报道的 8 个与水稻条纹叶枯病抗性基因 *Stv-bⁱ* 连锁的标记,即 SCAR 标记 ST-10; STS 标记 H11-8、H11-12; InDel 标记 M68.4 和 M79.1 以及 SSR 标记 RM21-8、RM21-15、H21 结合田间抗性鉴定,对 24 份水稻品种(系)(包括 2 份抗、感对照)以及 2 个抗感组合的 F₂ 分离世代进行抗病性分析、筛选和评价,旨在有效利用抗病资源选育抗病新品种,并对这 8 个分子标记的有效性和选择效率进行验证比较,筛选出高效的辅助选择分子标记。结果表明,仅有 SCAR 标记 ST-10 和 STS 标记 H11-8 的分子检测与田间表型鉴定的吻合率超过或接近 90%,其余分子标记均低于 80%,其中 3 对 SSR 标记在抗感材料中几乎没有多态性。比较而言,SCAR 标记 ST-10 更能有效地用于条纹叶枯病抗性材料的筛选,结合使用 STS 标记 H11-8 更能准确有效地检测 *Stv-bⁱ* 基因的存在,进一步提高选择效率。

关键词: 水稻; 条纹叶枯病; 抗性基因; 分子检测; SCAR; InDel; STS; SSR

中图分类号: S435 文献标识码: A 文章编号: 1000-7091(2012)06-0146-06

Evaluation and Validation of Eight Molecular Markers Associated with Rice Stripe Resistance in Rice (*Oryza sativa*)

YAO Shu ZHANG Ya-dong ZHU Zhen CHEN Tao ZHAO Qing-yong ,
ZHOU Li-hui ,YU Xin ,WANG Cai-lin

(Institute of Food Crops ,Jiangsu Academy of Agricultural Sciences ,Nanjing Branch of China National
Center for Rice Improvement ,Jiangsu High Quality Rice R&D Center ,Nanjing 210014 ,China)

Abstract: In this study ,we developed eight resistance-associated markers ST-10 ,H11-8 ,H11-12 ,M68.4 ,M79.1 ,RM21-8 ,RM21-15 and H21 ,as reported previously ,to evaluate the resistance of RSD in 24 rice varieties (including two anti- and sense-varieties) and two F₂ populations obtained from a cross between different anti- and sense-varieties. To breed new RSD-resistant rice varieties ,we also compared the effectiveness and selection efficiency of these eight markers and screened the most efficient markers to assist breeding. Our results showed that: only the consistency rate of markers ST-10 and H11-8 between molecular detection and field phenotypic identification was greater than or close to 90%; The rest of the molecular markers were lower than 80%; Of these ,three SSR markers were almost no polymorphism. Compared to STS marker H11-8 ,SCAR marker ST-10 was more effective for screening RSD resistant varieties. The combined use of these two markers was more accurate and efficient to detect the *Stv-bⁱ* gene and to further improve the selection efficiency.

Key words: Rice; Rice stripe disease; Resistance gene; Molecular detection; SCAR; InDel; STS; SSR

水稻条纹叶枯病是由灰飞虱(*Laodelphax striatellus* Fallen ,SBPH) 传播的水稻条纹病毒(Rice stripe virus ,RSV) 所致^[1]。1963 年我国在苏南地区发生,20 世纪 90 年代在江苏再次发生并暴发成灾,

2000 年以来相继蔓延至整个长江中下游粳稻区,该病全国的发病面积一度达到 2.67×10^6 hm² 以上,病区发病率一般为 10% ~ 20%,重病区发病率达 50% ~ 80%,给农民带来重大经济损失^[2-3]。选育抗病品

收稿日期: 2012-09-12

基金项目: 转基因生物新品种培育重点项目(2009ZX08001-019B); 江苏省农业科技自主创新基金(CX(11)1022)

作者简介: 姚 姝(1982-),女,江苏镇江人,研究实习员,硕士,主要从事水稻遗传育种研究。

通讯作者: 王才林(1959-),男,江苏无锡人,研究员,博士生导师,主要从事水稻遗传育种研究。

种是控制水稻条纹叶枯病危害最经济有效的方法^[4]。

分子标记辅助选择(MAS)是通过分子标记技术与常规基因鉴定方法相结合,利用与抗病基因紧密连锁的分子标记追踪抗性基因。前人研究证实,水稻条纹叶枯病的抗性是由 1 对不完全显性基因 *Stw-bⁱ* 控制^[5]。Hayano-Saito 等^[6-7]对 *Stw-bⁱ* 抗性基因进行了定位研究,并构建了精细的物理图谱,将其最终限定在第 11 染色体 2 个 BAC 重叠的约 286 kb 的区域内,因条纹叶枯病抗性基因 *Stw-bⁱ* 的染色体区间已经确定,其双侧分子标记已经可以用来进行分子标记辅助的抗性选择^[8]。陈峰等^[9]利用与 *Stw-bⁱ* 紧密连锁的分子标记 H11-8、H11-42 和 H21 进行辅助选择,改良圣稻 13、圣稻 14 的条纹叶枯病抗性,培育抗条纹叶枯病的粳稻新品种;潘学彪等^[10]通过 Indel 标记辅助“前景”和“背景”选择技术及回交育种策略,育成水稻新品种武陵粳 1 号;李余生等^[11]采用 SSR 标记对 Achill06 × 武育粳 3 号的 F_{2:3} 家系和 7 个抗、感组合的高世代稳定株系进行分子标记辅助选择。尽管已有许多关于条纹叶枯病抗性标记辅助选择的报道,但是目前尚未有研究者对这些标记的选择效率进行评价。

本研究根据已报道的 8 个水稻抗条纹叶枯病基因 *Stw-bⁱ* 的 SCAR、STS、Indel 及 SSR 标记^[9-11],并结合条纹叶枯病田间抗性鉴定,分析比较这些分子标记在抗条纹叶枯病分子标记辅助育种中的有效性和选择效率,以期获得分子标记辅助育种的高效分子标记。

1 材料和方法

1.1 供试材料

供试水稻品种多数为江苏省生产上主栽品种(系),共计 24 份,包括:南粳 46、南粳 5055、宁 9108、徐稻 3 号、徐稻 4 号、徐稻 5 号、镇稻 88、镇稻 99、镇稻 10 号、镇稻 11 号、镇稻 14 号、镇稻 15 号、扬粳 9538、淮稻 9 号、苏香粳 1 号、苏香粳 2 号、广陵香粳、华粳 3 号、华粳 4 号、武运粳 7 号、新稻 6 号、津源 45,以感病粳稻品种武育粳 3 号以及含条纹叶枯病抗性基因 *Stw-bⁱ* 的粳稻品种关东 194 分别为感病和抗病对照^[12]。抗病品种南粳 5055 和南粳 46 分别与感病品种新稻 6 号和津源 45 杂交产生的 F₂ 群体。

1.2 材料种植

供试材料于 2011 年正季种植在江苏省农业科学院粮食作物研究所试验田 5 月 15 日播种,6 月

15 日移栽,24 份水稻品种(系)种植成小区,每小区 5 行,每行 20 株,重复 2 次,随机区组排列。2 个 F₂ 群体各种植 250 个单株,株行距 16.7 cm × 26.7 cm。肥水管理同一般大田。为了保证自然发病的良好条件,秧田靠近虫源丰富的小麦田。全生育期不喷洒任何杀虫剂,以保证充足的虫量迁入。

1.3 抗病调查及抗性评价

参照 Washio 等^[13]病级调查标准,并稍加改进^[12],在 7 月 10 日水稻生长进入分蘖盛期时进行条纹叶枯病发病情况调查。按照 0~4 级记录数据,1 级在 7 d 后再次调查确认,并按周彤等^[14]的方法进行抗性评价,计算平均发病率,并根据平均发病率进行抗性评价:免疫(Immunity I),发病率为 0;高抗(High-resistance,HR),发病率低于 5%;抗病(Resistance R),发病率介于 5.1%~15%;中感(Moderate-susceptible,MS),发病率介于 15.1%~30%;感病(Susceptible S),发病率介于 30.1%~50%;高感(High-susceptible,HS),发病率高于 50.1%。

1.4 SCAR、STS、Indel 及 SSR 标记分析

在水稻分蘖盛期采取新鲜幼嫩叶片,并按 Delaportia 等^[15]报道的方法提取 DNA。根据已报道的水稻抗条纹叶枯病基因 *Stw-bⁱ* 的 SCAR、Indel、STS 及 SSR 标记^[9-11],合成引物,引物信息详见表 1。PCR 反应参照 Chen 等^[16]的方法,略作改动:20 μL PCR 反应体系包括 DNA(10 ng/μL) 1 μL,Primer(4 pmol/μL) 0.2 μL,10 × Buffer(free MgCl₂) 2 μL,dNTP(2.5 mmol/L) 0.4 μL,MgCl₂(25 mmol/L) 0.6 μL,Taq(5 U/μL) 0.2 μL 和 ddH₂O 15.6 μL。PCR 反应在 MJ Research PTC-200 热循环仪上进行,反应程序为:94℃ 预变性 5 min;每个循环 94℃ 变性 30 s,63℃ 退火 30 s,72℃ 延伸 1 min,共 35 个循环;最后 72℃ 延伸 10 min,4℃ 下保存待用。取 10 μL PCR 产物在 4% 的琼脂糖凝胶电泳分离,经溴化乙锭(EB)染色并于凝胶成像系统下观察分析。

2 结果与分析

2.1 24 份粳稻品种的田间抗性鉴定

试验所在的秧田和大田虫源充足,研究所选用的抗、感对照品种关东 194 和武育粳 3 号的自然发病率为 2.5% 和 51.5%,差异相当明显,说明本试验条纹叶枯病发病充分,能较好地地区别供试材料在田间的抗、感 2 种类型。鉴定结果表明,除对照以外的 22 份粳稻材料中,发病率低于 15%,属于抗病的品种有 14 个;而发病率高于 15%,属于感病的品种有 8 个,具体发病情况详见表 2。

表 1 用于检测水稻抗条纹叶枯病基因 *Stv-b¹* 的分子标记及其引物序列

Tab. 1 Molecular markers for rice stripe disease resistance genes primer and sequence for the markers

标记 Marker	正向序列(5'-3') Forward sequences	反向序列(5'-3') Reverse sequences	所在克隆 BAC /PAC	退火温度/℃ Anneal temperature	片段大小/bp Size of amplified fragment
ST-10	CGAAAGATGTTTCTCCACC	GACCAAGCAACTAATGACGC	OSJNBa0038B22	63	727
H11-8	GAACGTATGTCCCTCACTAC	CTCTACCAAACGGTCTAACT	AC124151	55	225
H11-12	AGACTGAGGGTCTGCTTGGT	TTAATAGGTGGCCGACGGTT	AC150202	58	175
M68.4	GGCACGAAAAACACTTAAT	CATCTCTCCTGCTACAAACG	AC12415	55	305
M79.1	ATTATCGGCTATTGGCTA	ATTATCGGCTATTGGCTA	AC13429	55	266
H21	GAGGTAGTATATTGGCAGG	AGGGATGTAAGTGTGGAG	AC150702	56	218
M21-8	GCTCACCGTTGTAGGGTTCA	GCGAGCAGAGAAGAGAAGGA	OSJNBa0038B22	60	227
RM21-15	CCCCTCTCTCTCTCCCTCTC	TCACGAAGCTCTGTGTGTCC	OSJNBa0018K14	59	198

表 2 供试材料的田间抗性调查结果

Tab. 2 The results of rice resistance investigation in the field

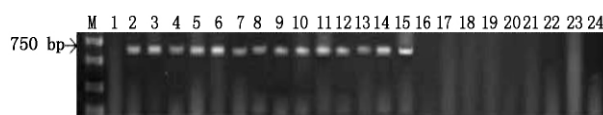
编号 No.	材料名称 Material name	感病株数 No. of susceptible plants		平均发病率/% Average incidence	抗性水平 Resistance level
		I	II		
1	武育粳 3 号(CK)	51	52	51.5	HS
2	关东 194(CK)	3	2	2.5	HR
3	南粳 46	6	3	4.5	HR
4	南粳 5055	7	11	9.0	R
5	宁 9108	13	6	9.5	R
6	徐稻 3 号	8	6	7.0	R
7	徐稻 4 号	10	7	8.5	R
8	徐稻 5 号	9	3	6.0	R
9	镇稻 88	14	8	11.0	R
10	镇稻 99	5	3	4.0	HR
11	镇稻 10 号	11	1	6.0	R
12	镇稻 11 号	11	9	10.0	R
13	镇稻 14 号	8	11	9.5	R
14	镇稻 15 号	8	9	8.5	R
15	扬粳 9538	9	14	11.5	R
16	淮稻 9 号	12	14	13.0	R
17	苏香粳 1 号	61	69	65.0	HS
18	苏香粳 2 号	63	57	60.0	HS
19	广陵香粳	53	48	50.5	HS
20	华粳 3 号	47	42	44.5	S
21	华粳 4 号	23	31	27.0	MS
22	武运粳 7 号	54	61	57.5	HS
23	新稻 6 号	38	43	40.5	S
24	津源 45	53	48	50.5	HS

注: HR. 高抗; R. 抗病; MS. 中感; S. 感病; HS. 高感。

Note: HR. High-resistance; R. Resistance; MS. Moderate-susceptible; S. Susceptible; HS. High-susceptible.

2.2 4 种不同类型抗性标记的有效性验证

2.2.1 SCAR 标记的分子检测 利用 SCAR 标记对 22 份供试粳稻品种和 2 份对照品种进行分子检测,结果表明,在发病率低于 15% 的 15 个抗性品种中,除淮稻 9 号以外的 14 个品种,均能稳定检测出一条约 727 bp 的扩增片段,而表现抗病的淮稻 9 号和发病率高于 15% 的 9 份感病品种都不能扩增到相应的目的条带(图 1),分子检测与田间表型鉴定的吻合率达 95.8% (表 3)。



M. DNA 分子量标准; 1. 感病对照武育粳 3 号; 2. 抗病对照关东 194; 3~24. 依次为表 2 中所列的 22 个品种。图 2~7 同。
M. DNA Ladder; 1. Wuyujing No. 3; 2. Kantou 194; 3~24. represent the varieties listed in Tab. 2. The same as Fig. 2~7.

图 1 引物 ST-10 对参试品种的分子检测

Fig. 1 The PCR fragments amplified with marker ST-10

2.2.2 STS 标记的分子检测 利用 STS 标记 H11-8、H11-12 分别对 22 份供试粳稻品种和 2 份对照品种进行分子检测,都扩增出 2 种片段类型。H11-8

的检测结果显示,在发病率低于 15% 的 15 个抗性品种中,有 13 个品种能稳定检测出一条约 225 bp 的扩增片段,而发病率高于 15% 的 9 份感病品种和 2 份表现抗病的品种淮稻 9 号和扬粳 9538 都扩增出 178 bp 的目的条带(图 2),分子检测与田间表型鉴定的吻合率达 91.7% (表 3)。H11-12 的检测结果显示,在发病率低于 15% 的 15 个抗性品种中,有 11 个品种能稳定检测出一条约 175 bp 的扩增片段,而发病率高于 15% 的 9 份感病品种也有 1 份武运粳 7 号扩增出了 175 bp 的目的片段,其余 8 份感病品种都扩增出 195 bp 的目的片段(图 3),分子检测与田间表型鉴定的吻合率为 79.2% (表 3)。

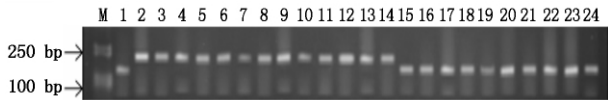


图 2 引物 H11-8 对参试品种的 PCR 检测结果

Fig. 2 The PCR fragments amplified with marker H11-8

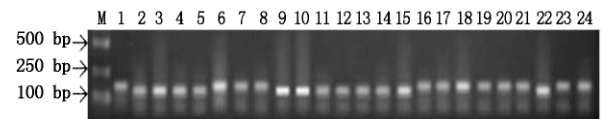


图 3 引物 H11-12 对参试品种的 PCR 检测结果

Fig. 3 The PCR fragments amplified with marker H11-12

2.2.3 InDel 标记的分子检测 利用 InDel 标记 M68.4、M79.1 分别对 22 份供试粳稻品种和 2 份对照品种进行分子检测,都扩增出 2 种片段类型。M68.4 的检测结果显示,在发病率低于 15% 的 15 个抗性品种中,有 11 个品种能稳定检测出一条约

305 bp 的扩增片段,但在发病率高于 15% 的 9 份感病品种也有 2 份材料华粳 3 号和华粳 4 号扩增出了 305 bp 的目的片段,其余 7 份感病品种都扩增出 345 bp 的目的片段(图 4),分子检测与田间表型鉴定的吻合率为 75.0% (表 3)。M79.1 的检测结果显示,在发病率低于 15% 的 15 个抗性品种中,只有 8 个品种能稳定检测出一条约 266 bp 的扩增片段,其余 7 份抗病品种和发病率高于 15% 的 9 份感病品种都扩增出 295 bp 的目的片段(图 5),分子检测与田间表型鉴定的吻合率达 70.8% (表 3)。

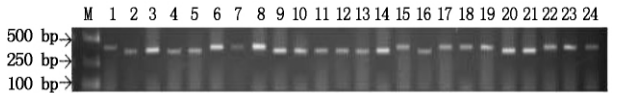


图 4 引物 M68.4 对参试品种的 PCR 检测结果

Fig. 4 The PCR fragments amplified with marker M68.4

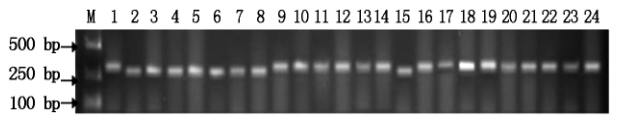


图 5 引物 M79.1 对参试品种的 PCR 检测结果

Fig. 5 The PCR fragments amplified with marker M79.1

2.2.4 SSR 标记的分子检测 利用 3 对 SSR 标记 RM21-8、RM21-15、H21 分别对 22 份供试粳稻品种和 2 份对照品种进行分子检测,结果显示,这 3 对已报道的可用于水稻条纹叶枯病分子标记辅助选择的标记无 1 对在此次供试的抗病材料和感病材料间呈现多态性,这可能是因为供试材料均为粳稻、遗传差异较小的缘故。

表 3 5 个标记对 24 个品种的检测结果

Tab. 3 The results of twenty-four varieties detected by five markers

标记 Marker	15 个抗病品种		9 个感病品种		吻合率 / % Consistency
	Fifteen disease-resistant varieties		Nine susceptible varieties		
	扩增出抗病条带品种数 No. of amplified resistant band varieties	未扩增出抗病条带品种数 No. of unable amplified resistant band varieties	扩增出感病条带品种数 No. of amplified susceptible band varieties	未扩增出感病条带 或扩增出抗病条带品种数 No. of unable amplified susceptible band or amplified resistant band varieties	
ST-10	14	1	9	0	95.8
H11-8	13	2	9	0	91.7
H11-12	11	4	8	1	79.2
M68.4	11	4	7	2	75.0
M79.1	8	7	9	0	70.8

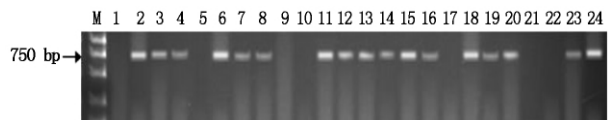


图 6 引物 ST-10 对部分 F₂ 群体的 PCR 检测结果

Fig. 6 The PCR fragments amplified of some individuals in F₂ generation with marker ST-10

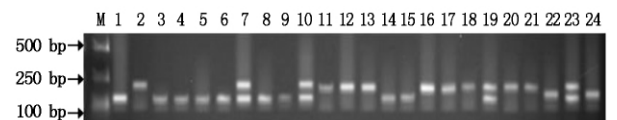


图 7 引物 H11-8 对部分 F₂ 群体的 PCR 检测结果

Fig. 7 The PCR fragments amplified of some individuals in F₂ generation with marker H11-8

2.3 SCAR、STS 标记的有效性比较

通过以上不同类型标记有效性的验证,结果显示,只有 SCAR 标记 ST-40 和 STS 标记 H11-8 的分子检测和田间表型鉴定的吻合率超过 90%。因此,笔者利用这 2 个标记分别对 2 个抗感分离的 F_2 群

体进行抗病性分析和评价。结果表明,SCAR 标记 ST-40 分子检测和田间表型鉴定的吻合率明显高于 STS 标记 H11-8,说明 ST-40 更能准确、有效地用于筛选抗条纹叶枯病的水稻品种,具体检测结果详见表 4。部分分子检测效果见图 6、7。

表 4 条纹叶枯病株系鉴定结果(实际值)与分子标记检测(理论值)的吻合率

Tab. 4 The consistency between resistant/susceptible to rice stripe virus performance and the molecular marker genotypes

群体 Population	标记 Marker	理论抗病株数/田间抗病株数 Number of resistant plants detected by marker /Number of resistant plants in field	理论感病株数/田间感病株数 Number of susceptible plants detected by marker/Number of susceptible plants in field	吻合率/% Consistency
南粳 5055/新稻 6 号	ST-40	179/182	60/63	97.55
Nanjing 5055/Xindao No. 6	H11-8	165/179	56/66	90.20
南粳 46/津源 45	ST-40	177/182	61/63	97.14
Nanjing 46/ Jinyuan 45	H11-8	163/179	52/66	87.76

3 讨论

3.1 SCAR、STS、Indel 及 SSR 标记鉴定结果的准确率

大量理论和实践研究表明,影响 MAS 选择效率的因素非常复杂,分子标记连锁程度、性状遗传力大小、分子标记数目、性状差异(质量性状或数量性状)及选择目的不同,其选择效率不尽相同,最好的选择效果应为 100%^[17]。本研究选用已报道的 8 个与条纹叶枯病抗性基因 *Stv-bⁱ* 连锁的标记,即 SCAR 标记 ST-40; STS 标记 H11-8、H11-42; InDel 标记 M68.4、M79.1 以及 SSR 标记 RM21-8、RM21-45、H21,结合田间抗性鉴定,首先对 24 份水稻品种(系)(包括 2 份抗感对照材料)进行抗病性分析、评价,结果表明,仅有 SCAR 标记 ST-40 和 STS 标记 H11-8 的分子检测与田间表型鉴定的吻合率超过或接近 90%,其余分子标记均低于 80%,其中,3 对 SSR 标记在抗感材料中几乎没有多态性。可能因为这些供试材料均为粳稻,追踪分析其系谱,有较多相同的遗传背景,亲缘关系较近。标记与目的基因的遗传距离也是影响辅助选择效率的一个重要因素,郑康乐^[18]等认为,用于 MAS 的分子标记与目标基因的遗传距离最好小于 5.0 cM。而本研究中选择效率较高的 5 个标记分布在抗病基因 *Stv-bⁱ* 附近的 4 个 BAC/PAC 克隆上,根据 Hayano-Saito 等^[6-7]及 Wu 等^[19]的定位结果和 PCR 检测结果与田间鉴定结果的吻合程度来看,吻合率最高的标记 ST-40 离抗性基因 *Stv-bⁱ* 最近,重组值为 0。由此看来,利用单个分子标记进行辅助选择时,分子标记离目标基因的遗传距离越近,连锁程度越好,用于分子标记辅助选择的可靠性越高。

3.2 PCR-SCAR 及 PCR-STS 标记的有效性分析

本研究利用筛选出的选择效率较高的标记 ST-40 和 H11-8 对 2 个 F_2 群体共 500 个单株进行 PCR 验证分析,进一步证实了这 2 个标记用于辅助选择是可行的。同时发现,2 个或多个标记共同选择的效果明显好于单个标记的选择,与前人试验结论一致^[20]。通过比较 2 对标记的分子检测与田间表型鉴定的吻合率,发现 SCAR 标记 ST-40 选择效率更高,但是 ST-40 本身是一个显性标记,在标记辅助选择中有一定的局限性。而 STS 标记 H11-8 是共显性标记,稳定性好,且使用方便。联合应用 2 对标记,则更能有效地进行 *Stv-bⁱ* 基因的分子检测,提高选择效率。

3.3 分子检测与田间鉴定结果的差异性

本研究中的品种(系)分子标记检测结果与田间抗性鉴定结果不一致,导致这一情况的可能因素:田间表型鉴定是在自然发病条件下进行的,各品种对其传毒媒介(灰飞虱)的抗性以及侵染不充分等都可导致鉴定结果的偏差;DNA 提取的质量、PCR 扩增条件、电泳检测过程等也会影响到试验结果的准确程度;可能是标记与目标基因之间并非完全连锁,标记与目标基因发生重组致使田间鉴定与分子检测结果不一致。

目前,针对 *Stv-bⁱ* 基因有许多标记被开发使用,但只能作为诊断标记使用,称不上是完美标记。在育种实践中,应将育种家的丰富选择经验和分子标记辅助选择相结合。可以相信,随着分子生物学研究的新成果及其发展的新技术不断出现以及基因组学、生物信息学等研究的深入,和生物工作者与育种家围绕育种目标的真正结合,MAS 将会为作物育种作出更大贡献,使作物育种工作发生革命性变化。

参考文献:

- [1] 白雪亮,王金菊,周 维,等. 水稻条纹叶枯病的研究进展[J]. 生物学通报 2007 42(8):4-6.
- [2] 王宝祥. 灰飞虱传播的水稻黑条矮缩病和条纹叶枯病抗性 QTL 定位[D]. 南京: 南京农业大学 2010.
- [3] 王才林. 江苏省水稻条纹叶枯病抗性育种研究进展[J]. 江苏农业科学, 2006(3):1-5.
- [4] 王才林,张亚东,朱 镇,等. 水稻条纹叶枯病抗性育种研究[J]. 作物学报 2008 34(3):530-533.
- [5] Washio O, Ezuka A, Toriyama K, et al. Testing method for genetics of and breeding for resistance to rice stripe disease[R]. Bull Chugoku Agr Exp Station, 1968, 16: 39-197.
- [6] Hayano-Saito Y, Tsuji T, Fujii K, et al. Localization of the rice stripe disease resistance gene *Stw-bⁱ*, by graphical genotyping and linkage analyses with molecular markers[J]. Theor Appl Genet, 1998, 96: 1044-1049.
- [7] Hayano-Saito Y, Saito K, Nakamura S, et al. Fine physical mapping of the rice stripe resistance gene locus *Stw-bi* [J]. Theor Appl Genet 2000, 101: 59-63.
- [8] Tsuji N. SCAR marker for selection of the rice stripe resistance gene *Stw-bi* [J]. Japan J Breed Res, 2000(2): 67-72.
- [9] 陈 峰,张士永,朱文银,等. 分子标记辅助选择改良圣稻 13 和圣稻 14 的条纹叶枯病抗性[J]. 中国农业科学 2010 43(16):3271-3279.
- [10] 潘学彪,陈宗祥,左示敏,等. 以分子标记辅助选择育成抗条纹叶枯病水稻新品种“武陵粳 1 号”[J]. 作物学报 2009 35(10):1851-1857.
- [11] 李余生,陈 涛,虞秋成,等. 水稻抗条纹叶枯病基因 *Stw-bⁱ* 连锁分子标记的鉴定及利用[J]. 江苏农业学报 2009 25(3):459-463.
- [12] 姚 姝,陈 涛,张亚东,等. 江苏省部分粳稻品种对条纹叶枯病的抗性鉴定及分子检测[J]. 江苏农业学报 2009 25(6):1201-1206.
- [13] Washio O, Ezuka A, Sakuragi Y, et al. Studies on the breeding of rice varieties resistant to stripe disease I. Varietal difference in resistance to rice stripe disease [J]. Japan J Breeding, 1976, 17(1):91-98.
- [14] 周 彤,周益军,程兆榜,等. 粳稻品种对水稻条纹叶枯病的抗性鉴定及抗病品种镇稻 88 的遗传分析[J]. 植物保护学报 2007 34(5):475-479.
- [15] Dellaporta S L, Wood J, Hicks J B. A plant DNA mini preparation: Version II [J]. Plant Mol Biol Rep, 1983, 1: 19-21.
- [16] Chen F, Temnykh S, Xu Y, et al. Development of a microsatellite framework map providing genome wide coverage in rice (*Oryza sativa* L.) [J]. Theor Appl Genet, 1997, 95: 553-567.
- [17] 刘志文,傅廷栋,刘雪平,等. 作物分子标记辅助选择的研究进展、影响因素及其发展策略[J]. 植物学通报 2005 22(增刊):82-90.
- [18] 郑康乐,黄 宁. 标记辅助选择在水稻改良中的应用前景[J]. 遗传, 1997, 19(2):40.
- [19] Wu S J, Zhong H, Zhou Y, et al. Identification of QTLs for the resistance to rice stripe virus in the indica rice variety Dular[J]. Euphytica 2009, 165: 557-560.
- [20] Fuentes J L, Correa-Victoria F J, Escobar F, et al. Identification of microsatellite markers linked to the blast resistance gene *Pi-t* in rice [J]. Euphytica 2008, 160: 295-304.