

# 辽宁省粳稻品种稻瘟病抗性基因分析

潘争艳<sup>1,2</sup> 邱福林<sup>1</sup> 吕桂兰<sup>1</sup> 马秀芳<sup>1</sup> 商文奇<sup>1</sup> 白元俊<sup>1,\*</sup> 徐正进<sup>2,\*</sup>

(<sup>1</sup> 辽宁省水稻研究所, 沈阳 110101; <sup>2</sup> 沈阳农业大学 农学院, 沈阳 110866; \*通讯联系人, E-mail: cycbyj@126.com; xuzhengjin@126.com)

## Analysis of Rice Blast Resistance Genes in *japonica* Rice Varieties in Liaoning Province

PAN Zhengyan<sup>1,2</sup>, QIU Fulin<sup>1</sup>, LÜ Guilan<sup>1</sup>, MA Xiufang<sup>1</sup>, SHANG Wenqi<sup>1</sup>, BAI Yuanjun<sup>1,\*</sup>, XU Zhengjin<sup>2,\*</sup>

(<sup>1</sup> Liaoning Rice Research Institute, Shenyang 110101, China; <sup>2</sup> Agricultural College, Shenyang Agricultural University, Shenyang 110101, China;

\*Corresponding author, E-mail: cycbyj@126.com; xuzhengjin@126.com)

**Abstract:** 【Objective】To clarify the rice blast resistance genes in 260 *japonica* rice varieties in Liaoning Province, evaluate their utilization value, and provide reference for rice breeding. 【Method】specific primers of nine rice blast resistance genes were selected to analyze the species, the quantity and the geographical distribution of resistance genes of 260 *japonica* rice varieties in Liaoning, and the cluster analysis of varieties was based on the detection bands of disease resistance genes. The disease resistance of the nine resistant mongenic rice lines was evaluated by seedling-spray inoculation, natural disease investigation during the active tillering stage and ripening stage. 【Result】The number of blast resistance genes in *japonica* rice from Liaoning varied from 0 to 7, and the frequency of *Pikh* gene ranked highest, followed by the *Pikm* and *Pil*. *Pi9* gene was not detected in all tested varieties, and *Pi40* gene was only detected in Liaojing 421 bred by the Liaoning Academy of Agricultural Sciences. There were 62 gene combinations in the rice varieties tested, and based on the clustering analysis of the results of the resistance gene detection, 260 *japonica* rice materials can be divided into 11 groups. Among the nine resistant mongenic lines, *Pi40* showed the best resistance, followed by *Pi9*, *Pigm* and *Pita*. 【Conclusion】The resistance genes *Pi9*, *Pi40*, *Pita*, and *Pigm* have important application potential in breeding in Liaoning Province. 80.38% of the tested varieties concentrate in groups V, VI, VII and IX. There is no obvious geographical difference; the types of disease resistance gene combinations of the tested varieties are relatively less abundant and the genetic relationship is relatively close.

**Key words:** *japonica* rice; rice blast; resistance gene

**摘 要:** 【目的】为明确辽宁省 260 份粳稻品种中稻瘟病抗性基因的类型, 评价抗性基因利用价值, 为辽宁省水稻抗病育种提供参考。【方法】选用 9 个稻瘟病抗性基因的特异引物分析辽宁省已审定的 260 份粳稻品种抗性基因种类、基因组类型及地域分布情况, 基于抗病基因检测条带的有无进行品种聚类分析, 苗期人工喷雾接种、分蘖盛期和蜡熟期田间自然发病调查, 评价 9 个抗性单基因系的抗病性。【结果】辽宁省粳稻品种中含有抗性基因数量从 0~7 个不等, 抗性基因 *Pikh* 检出率最高, 其次是 *Pikm* 和 *Pil*; 所有参试品种均未检测到 *Pi9* 基因, 仅在辽宁省农业科学院育成的辽粳 421 中检测到 *Pi40* 基因。参试的水稻品种中共有 62 个基因组合类型。基于抗性基因检测结果进行聚类分析, 可以将 260 份粳稻材料分为 11 个类群。9 个抗性单基因系中, *Pi40* 抗性最好; 其次是 *Pi9*、*Pigm* 和 *Pita*。【结论】抗性基因 *Pi40*、*Pi9*、*Pigm* 和 *Pita* 在辽宁省粳稻品种选育和生产上具有重要的应用潜力; 参试品种的 80.38% 集中在第 V、VI、VII 和 IX 类群, 没有明显的地域差异; 参试品种抗病基因组合类型不够丰富, 亲缘关系较近。

**关键词:** 粳稻; 稻瘟病; 抗性基因

中图分类号: S435.111.4<sup>+</sup>; S511.022

文献标识码: A

文章编号: 1001-7216(2019)03-0241-08

辽宁省水稻品种经历了7~8次的更新, 每一次品种的更新水稻产量随之提高10%左右, 为辽宁省的粮食生产提供了保障<sup>[1]</sup>。但目前辽宁粳稻品种存在一些问题, 审定的品种和骨干亲本亲缘关系较近、

遗传基础相对单一<sup>[2-3]</sup>; 抗病品种抗谱较窄、抗病基因型不明确<sup>[4-5]</sup>等。如何选择骨干亲本、延长选育品种的使用寿命、提高品质、增强品种抗性是目前辽宁省水稻品种选育中亟待解决的问题。

收稿日期: 2018-06-10; 修改稿收到日期: 2018-10-18。

基金项目: 辽宁省博士后项目(178150); 国家水稻产业技术体系沈阳综合试验站(CARS-01-50); 辽宁省农业领域青年科技创新人才项目(2014023)。

稻瘟病是阻碍水稻高产、稳产的主要因素之一,从20世纪90年代开始,全国稻瘟病发病面积年均超过4千万 $\text{hm}^2$ ,造成的损失高达10亿 $\text{kg}$ <sup>[6]</sup>。抗病品种选育是防治稻瘟病有效方法之一,稻瘟病抗性基因的多少又决定了亲本在育种中的应用范围。随着分子标记技术的发展,全世界已鉴定了100多个稻瘟病主效基因及QTL位点,在水稻第6染色体*Pi2/9*位点至少有10个不同的等位抗性基因,其中*Pi2*、*Pi9*和*Piz-t*基因有较好的利用价值而被广泛利用<sup>[7-10]</sup>。

本研究选择了*Pi9*、*Pi40*、*Pigm*、*Piz-t*、*Pita*、*Pib*、*Pikm*、*Pikh*和*Pil*共9个抗性基因特异引物对260份已审定的辽宁省粳稻品种进行稻瘟病抗性基因检测,分析抗性单基因系的苗期、分蘖盛期和蜡熟期的抗病性,并对抗性基因利用价值进行评价。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试材料

辽宁省各地区育成审定的品种260份(由辽宁省水稻研究所保存繁育)。2017年4月20日播种,

5月25日移栽,常规管理。分蘖盛期采集叶片,进行抗性基因分析。9个抗性单基因系由辽宁省农业科学院植物保护研究所提供。

### 1.2 DNA提取及PCR扩增

利用CTAB法提取总DNA,以总DNA为模板,引物信息见表1。

PCR体系如下:DNA模板2 $\mu\text{L}$ ,正反引物各2 $\mu\text{L}$ ,*Taq*酶10 $\mu\text{L}$ ,加 $\text{ddH}_2\text{O}$ 至总体积20 $\mu\text{L}$ 。PCR程序如下:95 $^{\circ}\text{C}$ 下预变性5 min;95 $^{\circ}\text{C}$ 下变性30 s,退火,72 $^{\circ}\text{C}$ 下延伸,35个循环;72 $^{\circ}\text{C}$ 下延伸10 min。PCR产物在含有溴化乙锭的1.5%琼脂糖凝胶电泳1.5 h,在凝胶成像系统下拍照。

### 1.3 单基因系抗性鉴定

#### 1.3.1 稻瘟病菌来源

苗期人工喷雾接种单个菌株,38株具有强致病性的菌株分离自辽宁省4个生态稻区,其中辽宁中部平原稻区9株(沈阳市,辽宁省水稻研究所)、辽河平原三角洲盐碱稻区4株(辽宁省盘锦市大洼县东风镇东风农场)、辽北平原中早熟稻区6株(辽宁省铁岭市农业科学院)和辽宁东南沿海晚熟稻区19株(东港市示范农场),所有菌株均为辽宁省农

表1 引物信息

Table 1. Information of primers.

基因	引物	引物序列	片段长度	参考文献
Gene	Primer	Primer sequence (5'-3')	Length/bp	Reference
<i>Pi9</i>	<i>Pi9</i> SNP-F	CGCCGGTTGATAAGTAAAAGCT	126	[11]
	<i>Pi9</i> SNP-R	CAAGAACTAATATCTACCCATGG		
<i>Pi40</i>	P2-F	CAACAAACGGGTCGACAAAGG	100-250	[12, 13]
	P2-R	CCCCAGGTCGTGATACCTTC		
<i>Pigm</i>	ZJ58.7-F	ACTTGCTGGGAGAAGGATT	236	[14, 15]
	ZJ58.7-R	AGTTCGTACTTTTCAGGCT		
<i>Piz-t</i>	<i>Piz-t</i> PA-F	ATGTGGATGCTGTGTTAT	176	[11]
	<i>Piz-t</i> PA-R	TAGTTTGCTGCTCAATAAGTA		
<i>Pita</i>	YL155/YL87 <i>Pita</i> -F	AGCAGGTTATAAGCTAGGCC	1042	[16]
	YL155/YL87 <i>Pita</i> -R	CTACCAACAAGTTCATCAAA	1042	[16]
	YL183/YL87 <i>Npita</i> -F	AGCAGGTTATAAGCTAGCTAT		
<i>Pib</i>	YL183/YL87 <i>Npita</i> -R	CTACCAACAAGTTCATCAAA	365	[17, 18]
	<i>PibdomPib</i> -F	GAACAATGCCCAAACTTGAGA		
	<i>PibdomPib</i> -R	GGGTCCACATGTCAGTGAGC	803	[17, 18]
<i>Pil</i>	<i>Npib</i> -F	TCGGTGCCTCGGTAGTCAGT		
	<i>Npib</i> -R	GGGAAGCGGATCCTAGGTCT	234	[19]
	RM144-F	TGCCCTGGCGCAAATTTGATCC		
<i>Pikm</i>	RM144-R	GCTAGAGGAGATCAGATGGTAGTGCATG	223	[15]
	Dkm1-F	CTGGAGAGCCTTCCGTGTCGAC		
	Dkm1-R	TCTTCACGACCTCAATCCTCCC	291	[15]
<i>Pikh</i>	Dkm2-F	GTTGTTCACTCCGTATCTACTACGTC		
	Dkm2-R	TTCTCCGTGATCTCACCAACG	216/359	[20]
	<i>Pikh</i> -F	CAATCTCCAAAGTTTTCAGG		
	<i>Pikh</i> -R	GCTTCAATCACTGCTAGACC		

业科学院植物保护研究所提供。

1.3.2 稻瘟病菌活化、繁殖及产孢

菌株产孢方法参考汪文娟<sup>[21]</sup>和褚晋<sup>[22]</sup>等方法，菌株的活化培养基为PDA培养基，产孢培养基为玉米粒培养基。菌株块接种到玉米粒培养基至玉米粒表面长出大量气生菌丝，用无菌水洗去气生菌丝并进行保湿处理，待产生足够多的分生孢子后，无菌水洗下孢子，配制成浓度为 $1.5 \times 10^5$ 个/mL接种用孢子悬浮液。

1.3.3 抗性单基因系苗期抗性评价

单基因系水稻种子经浸种、催芽后每9个品种播种于一个塑料育苗盘内（育苗土为灭菌后的育苗基质），每育苗盘内设丽江新团黑谷为感病对照。待稻苗长到4~5叶期时进行喷雾接种。每育苗盘喷雾50 mL孢子悬浮液。接种后，将育苗盘放置于25℃接种室内保湿24 h，然后移至温室，25℃~28℃下保湿培育。接种7 d后，感病对照充分发病，调查所有材料的发病情况。

1.3.4 抗性单基因系田间抗性评价

分别在辽宁省农业科学院、盘锦市大洼县东风镇东风农场、铁岭市农业科学院和东港市示范农场设立田间自然诱发抗病鉴定圃，均以丽江新团黑谷为感病对照。于分蘖盛期和蜡熟期调查记载叶瘟和穗瘟发生情况。

1.3.5 抗性单基因系利用价值评价

抗性单基因系的利用价值评价采用抗性频率、发病率及抗性综合指数法<sup>[23]</sup>。

抗性频率(%)=(接种后表现抗的菌株数/接种总菌株数)×100；穗瘟或叶瘟发病率(%)=(发病穗或叶数/调查总穗或叶数)×100；综合指数=叶瘟病级×0.25+穗瘟病级×0.25+穗瘟损失率×0.5。

1.4 数据处理与统计分析

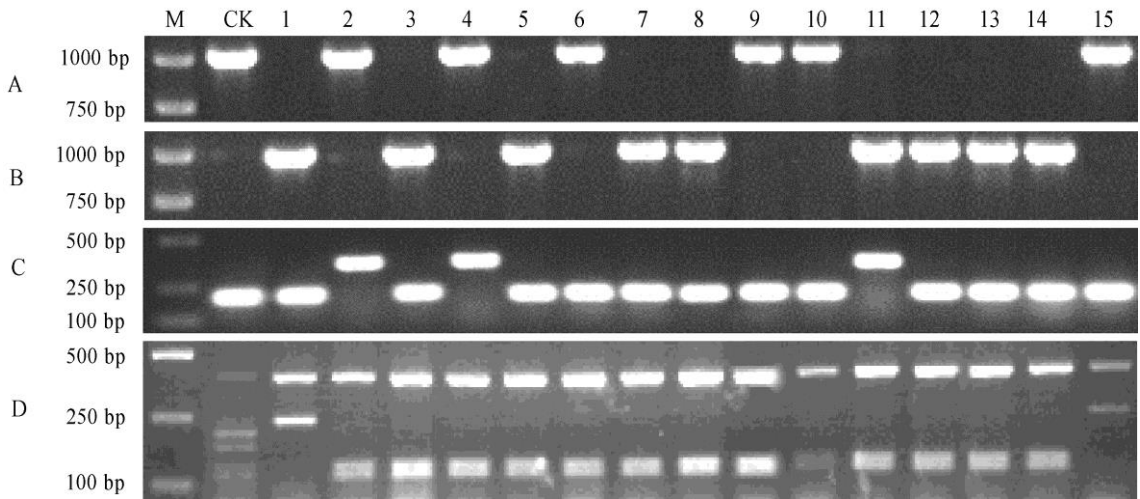
采用Excel 2013进行数据处理，用SPSS 20.0数据分析软件进行统计分析。

2 结果与分析

2.1 辽宁省粳稻品种携带抗性基因类型及地域分布情况

利用12对稻瘟病特异引物检测了辽宁省260个粳稻品种中携带的抗性基因类型，未检测到*Pi9*基因，其余8个抗性基因在辽宁省粳稻品种中均有分布。抗性基因*Pikh*检出率最高，为84.23%，其次是*Pil*和*Pikm*。在*Pi2/9*基因簇的4个基因中，抗性基因*Piz-t*的检出率最高，为37.69%，其次是*Pigm*，*Pi40*检出率为0.38%，仅在辽宁省农业科学院育成的辽粳421中检测到(表2和图1)。

辽宁省各地域粳稻品种抗病基因种类和优势基因也存在差异。在辽宁农业科学院育成的粳稻品种中，8个稻瘟病抗性基因*Pi40*、*Pigm*、*Piz-t*、*Pita*、*Pib*、*Pil*、*Pikm*和*Pikh*均有分布，优势抗性基因为*Pikh*。盘锦地区及盐碱地研究所、沈阳农业大学、丹东地区、抚顺地区、东亚种业和营口地区育成的粳稻品种含有除*Pi40*外的其余7个稻瘟病抗性基因。



M-DL2000. A-YL155/YL87*Pita*; B-YL183/YL87*Npita*; C-*Pikh*; D-*Pi40*.泳道 1~15 分别为辽星 1 号~辽星 8 号、辽星 10~辽星 16；从上到下对照分别为 *Pita*、*Pita*、*Pikh* 和 *Pi40* 单基因系。

M, DL2000; A, YL155/YL87*Pita*; B, YL183/YL87*Npita*; C, *Pikh*; D, *Pi40*. Lanes 1 to 15, Liaoxing 1-Liaoxing 8, Liaoxing 10- Liaoxing 16. CK, Monogenic lines carrying *Pita*, *Pita*, *Pikh* or *Pi40*, respectively.

图 1 部分辽宁省水稻品种 *Pita*、*Pikh*、*Pi40* 检测结果

Fig. 1. Detection results of *Pita*, *Pikh* and *Pi40* of some rice varieties in Liaoning.

表 2 9 个稻瘟病抗性基因地域及品种分布频率

Table 2. Distribution of the nine selected resistance genes in assayed rice varieties and lines.

育种单位 Breeding unit	项目 Item	<i>Pi9</i>	<i>Pi40</i>	<i>Pigm</i>	<i>Piz-t</i>	<i>Pita</i>	<i>Pib</i>	<i>Pil</i>	<i>Pikm</i>	<i>Pikh</i>	总数 Total
辽宁省水稻研究所 LNRRI	数目 Number	0	1	4	17	18	26	38	35	50	65
	比率 Ratio/%	0.00	1.54	6.15	26.15	27.69	40.00	58.46	53.85	76.92	
盘锦地区及盐碱地研 究所 PY	数目 Number	0	0	6	15	14	17	22	29	41	46
	比率 Ratio/%	0.00	0.00	13.04	32.61	30.43	36.96	47.83	63.04	89.13	
沈阳农业大学 SN	数目 Number	0	0	2	8	3	4	28	18	33	45
	比率 Ratio/%	0.00	0.00	4.44	17.78	6.67	8.89	62.22	40.00	73.33	
丹东地区 Dandong	数目 Number	0	0	2	19	7	16	12	19	30	30
	比率 Ratio/%	0.00	0.00	6.67	63.33	23.33	53.33	40.00	63.33	100.00	
抚顺地区 Fushun	数目 Number	0	0	2	9	2	1	7	12	12	15
	比率 Ratio/%	0.00	0.00	13.33	60.00	13.33	6.67	46.67	80.00	80.00	
东亚种业 Dongya	数目 Number	0	0	1	5	6	5	10	4	12	13
	比率 Ratio/%	0.00	0.00	7.69	38.46	46.15	38.46	76.92	30.77	92.31	
营口地区 Yingkou	数目 Number	0	0	1	3	1	4	5	6	11	12
	比率 Ratio/%	0.00	0.00	8.33	25.00	8.33	33.33	41.67	50.00	91.67	
铁岭地区 Tieling	数目 Number	0	0	0	5	2	3	7	6	7	10
	比率 Ratio/%	0.00	0.00	0.00	50.00	20.00	30.00	70.00	60.00	70.00	
庄河地区 Zhuanghe	数目 Number	0	0	1	4	0	0	5	2	6	6
	比率 Ratio/%	0.00	0.00	16.67	66.67	0.00	0.00	83.33	33.33	100.00	
开原地区 Kaiyuan	数目 Number	0	0	0	2	2	2	1	1	4	4
	比率 Ratio/%	0.00	0.00	0.00	50.00	50.00	50.00	25.00	25.00	100.00	
辽宁其他地区 Others	数目 Number	0	0	5	11	3	7	10	7	13	14
	比率 Ratio/%	0.00	0.00	35.71	78.57	21.43	50.00	71.43	50.00	92.86	
总数 Total		0	1	23	97	57	84	144	139	219	260
	比率 Ratio/%	0.00	0.38	8.85	37.31	21.92	32.31	55.38	53.46	84.23	

LNRRI, Liaoning Rice Research Institute; PY, Panjin area and Liaoning Provincial Saline-Alkali Land Utilization and Research Institute; SN, Shenyang Agricultural University.

表 3 辽宁省粳稻品种所含目标基因数目及其所占比率

Table 3. Number of target genes and its ratio of each japonica rice varieties in Liaoning Province.

所含目标基因数 Number of target genes	品种数量 No. of varieties	比率 Ratio/%	所含目标基因数 Number of target genes	品种数量 No. of varieties	比率 Ratio/%
0	4	1.54	4	46	17.69
1	20	7.69	5	16	6.15
2	72	27.69	6	10	3.85
3	90	34.62	7	2	0.77

盘锦地区及盐碱地研究所选育的品种中的优势抗性基因为*Pikm*和*Pikh*；沈阳农业大学、东亚种业和营口地区选育的品种中的优势抗性基因为*Pil*和*Pikh*；丹东地区和抚顺地区优势抗性基因为*Piz-t*、*Pikm*和*Pikh*。铁岭地区和开原地区育成的品种含有除*Pi40*和*Pigm*之外的其余6个抗性基因，铁岭地区优势抗性基因为*Pil*、*Pikm*和*Pikh*；开原地区优势抗性基因为*Pikh*。庄河地区育成的品种共含有5个抗性基因，优势抗性基因为*Piz-t*、*Pil*和*Pikh*。

2.2 辽宁省粳稻品种含有抗性基因数量及基因组合类型分析

260 份水稻品种含有的基因数量从 0~7 个不等

(表 3)。盐粳 933 和富友 33 含有除 *Pi9* 和 *Pi40* 之外的 7 个抗性基因。辽粳 390 等 10 个品种含有 6 个抗性基因和 6 个基因类型，分别是辽粳 390 不含 *Piz-t*；丹旱稻 4 号不含 *Pil*；美锋 9 号、福粳 8 号、民喜 9 号、富粳 357 和桥科 951 不含 *Pikm*；晨宏 36 不含 *Pita*；辽粳 212 不含 *Pigm*；盐粳 377 不含 *Pikh*。港稻 1 号等 16 个品种含有 5 个抗性基因和 10 个基因组合类型。丰民 2102 等 46 个品种含有 4 个抗性基因和 13 个基因组合类型。中丹 4 号等 90 个品种含有 3 个抗性基因和 17 个基因组合类型。盐粳 68 等 72 个品种含有 2 个抗性基因和 10 个基因组合类型。沈农 265 等 20 个品种含有 1 个抗性

基因和 4 个基因组合类型, 其中, 丰民 2102、丹粳 10 号、辽盐 282、沈农 611、营 8433、富禾 5 号、沈稻 5 号、沈稻 6 号、沈农 8801、沈稻 4 号、辽盐糯 10 号和沈农 91 只含有 *Pikh*, 沈农 159、盐丰 47、抚粳 2 号、清选 1 号和盐粳 22 只含有 *Pikm*; 沈香糯 1 号和沈农 265 只含有 *Piz-t*; 早 9710 只含有 *Pil*。旱糯 303、辽粳 27、沈农 702 和沈农 87-913 不含有检测的 9 个抗性基因。

参试的水稻品种中共检测到 62 个抗性基因组合类型, 无明显的地区差异。其中含有 7 个基因组合类型的品种超过 10 个, 占总数的 45.77%。东选 2 号等 28 个品种基因组合类型为 *Pikh* 和 *Pil*; 庄育 3 号等 11 个品种基因组合类型为 *Pikh*、*Piz-t* 和 *Pil*; 沈稻 81 等 19 个品种基因组合类型为 *Pikh*、*Pikm* 和 *Pil*; 辽粳 534 等 13 个品种基因组合类型为 *Pikh*、*Pikm*、*Piz-t* 和 *Pil*; 丰民 2102 等 13 个品种基含有基因 *Pikh*; 辽丰 4 号等 24 个品种基因组合类型为 *Pikh* 和 *Pikm*; 辽粳 6 号等 11 个品种基因组合类型

为 *Pikh*、*Pikm* 和 *Piz-t*。参试水稻品种平均 4.19 个品种抗性基因类型是一样, 抗病基因组合类型不够丰富。

参试品种中糯稻和旱稻携带的抗性基因相对较少, 260 个品种中有糯稻品种 12 个, 其中含有 2 个及以下抗性基因的品种有 8 个, 占糯稻总数的 66.67%。旱稻品种 11 个, 含有 2 个及以下抗性基因的品种有 6 个, 占旱稻品种的 54.55%。

**2.3 辽宁省粳稻品种基于稻瘟病抗性基因检测聚类分析**

对 260 份辽宁省粳稻品种进行聚类分析(表 4), 抗病基因检测有条带的为 1, 无条带的 0, 以欧氏距离 15 为阈值, 可以将 260 份水稻品种分成 11 个类群。第 I 类群包括港稻 1 号等 11 个品种, 含有抗性基因 *Pita*、*Pib* 和 *Pil*, 不含有 *Pikm*、*Pigm*、*Pi9* 和 *Pi40*。第 II 类群包括辽粳 390 等 10 个品种, 含有 *Pita*、*Pib*、*Pikh* 和 *Pigm*, 不含有 *Pi9* 和 *Pi40*。第 III 类群包括盐粳 377 等 6 个品种, 含有 *Pib*、*Pikm*、

**表 4 基于抗病基因检测的聚类分析结果**  
**Table 4. Cluster analysis based on resistance gene detection.**

类别 Category	品种 Variety
I	港稻 1 号、盐粳 16 号、福星 90、富禾 99、富禾 70、盐粳糯 66、辽星 6 号、辽粳 135、沈稻 47、富禾 66、铁粳 8 号
II	辽粳 390、秋誉 2 号、盐粳 933、富友 33、富粳 357、桥科 951、美锋 9 号、福粳 8 号、民喜 9 号、丹早稻 4 号
III	盐粳 377、保发 1 号、港育 13、辽粳 212、晨宏 36、盐粳 237
IV	祥丰 00-93、新育 4 号、华单 998、沈糯 1 号、辽粳 30
V	营 9207、沈元 1 号、沈农 9816、辽粳 101、辽农 968、东选 2 号、沈稻 81、富禾 88、中丹 4 号、沈农 604、辽粳 152、沈农 016、沈农 2100、沈稻 8 号、锦稻 105、营盐 3 号、铁粳 10 号、沈农 514、沈农 454、旱 58、沈农 129、辽星 3 号、辽盐 16、丹糯 2 号、辽优 7 号、辽农 979、辽星 13 号、辽星 14 号、辽星 16 号、辽盐 283、辽盐糯、辽粳 9 号、辽粳 294、辽粳 326、辽粳 371、辽粳 421、辽粳 454、辽粳 534、沈农 8718、铁粳 4 号、铁粳 5 号、美锋 1158、港育 6 号、港育 10 号、港育 2 号、抚粳 3 号、盐粳 34、祥育 3 号、抚粳 4 号、抚 218、辽星 1 号、辽粳 931、庄育 3 号、沈农 315、沈农 606、沈稻 1 号、沈稻 3 号、沈稻 9 号、富禾 90、沈农 9741、美锋 1 号、辽星 17 号、辽星 18 号、辽星 19 号、辽星 5 号、抚 105、辽粳 40、庄研 7 号、千重浪 2 号、沈稻 11、沈稻 18、沈农 9903、庄研 5 号、沈稻 29、富禾 77、桥育 8、辽粳 29、锦稻 201、盐粳 98、富田 2100、沈粳 4311、中丹 1 号、营丰 1 号、辽盐 9 号、丹粳 3 号、辽盐 188、铁粳 2 号、抚粳 5 号、抚粳 9、辽丰 3 号、沈东 1 号、辽盐 2 号、锦稻 103、盐粳 50、盐粳 927
VI	辽星 10 号、丹粳 668、盐粳 228、东示 19、富禾 80、盐粳 1 号、盐粳 218、辽星 4 号、花粳 8 号、辽星 11、港源 8 号、辽星 7 号、辽粳 346、千重浪 1 号、辽星 15、铁粳 9 号、辽开 79、东壮 086、港育 131、丹粳 11、旱 72、旱 152、辽河 5 号、辰禾 1 号、开粳 2 号、辽星 20
VII	花粳 45、盐粳 939、辽粳 288、沈稻 2 号、开粳 3 号、辽粳 27、沈农 87-913、沈农 702、旱糯 303、清选 1 号、盐粳 22、辽星 12 号、盐丰 47、抚粳 2 号、沈农 159、丰民 2102、丹粳 10 号、辽盐 282、沈农 611、营 8433、富禾 5 号、沈稻 5 号、沈稻 6 号、沈农 8801、沈稻 4 号、辽盐糯 10 号、沈农 91、辽丰 4 号、沈农 1033、辽选 180、新宾 1 号、清杂 1 号、抚粳 1 号、铁粳 1 号、辽早 109、盐粳 48、辰禾 168、锦丰 1 号、辽河 1 号、富禾 998、锦稻 104、庄研 6 号、桥粳 818、港育 129、富禾 6 号、东壮 1018、浑糯 3 号、盐粳 68、辽盐 241、辽粳 10 号
VIII	丹粳 12、辽星 21 号、美锋 518
IX	营稻 1 号、丹 922、丹早稻 1 号、辽农 938、辽粳 28、丹粳 4、丹粳 9 号、辽粳 6 号、港辐 14、兴粳 2 号、锦稻 106、丹粳 1 号、沈稻 7 号、黄海 6 号、铁粳 6 号、抚粳 8 号、抗盐 100、花粳 15、新育 3 号、元丰 6 号、迎春 2 号、开粳 1 号、沈农 265、沈农香糯 1 号、辽星 8 号、辽河糯、福粳 2103、丰民 2102、铁粳 11、辽粳 132、辽粳 237、中辽 9052、辽盐 166、丹早稻 2 号、丹粳 8、辽盐 12 号、丹 137、辽早 403
X	沈稻 10 号、公字 1 号
XI	辽粳 92-34、辽糯 1 号、辽粳 244、辽星 2 号、铁粳 7 号、辽农 9911、辽粳 207、沈 191、盐粳 456、沈农 014、辽粳 912、沈 988、早 9710、沈农 9017

*Piz-t* 和 *Pi1*, 不含有 *Pi9* 和 *Pi40*。第Ⅳ类群包括祥丰 00-93 等 5 个品种, 含有 *Pikh*、*Pi1* 和 *Pigm*, 不含 *Pita*、*Pi9* 和 *Pi40*。第Ⅴ类群包括营 9207 等 95 个品种, 含有 *Pi1*, 不含有 *Pigm* 和 *Pi9*。第Ⅵ类群包括辽星 10 号等 26 个品种, 含有 *Pib*, 不含有 *Piz-t*、*Pi1*、*Pigm*、*Pi9* 和 *Pi40*。第Ⅶ类群包括花粳 45 等 50 个品种, 不含 *Piz-t*、*Pi1*、*Pi9* 和 *Pi40*。第Ⅷ类群仅包括丹粳 12、辽星 21 和美锋 518, 含 *Pita*、*Pikh* 和 *Piz-t*, 不含 *Pigm*、*Pi9* 和 *Pi40*。第Ⅸ类群包括营稻 1 号等 38 个品种, 含 *Piz-t*, 不含 *Pita*、*Pigm*、*Pi9* 和 *Pi40*。第Ⅹ类群包括沈稻 10 号和公字 1 号, 含 *Pikm* 和 *Pigm*, 不含 *Pita*、*Pib*、*Pikh*、*Pi1*、*Pi9* 和 *Pi40*。第Ⅺ类群包括辽粳 92-34 等 14 个品种, 含 *Pi1*, 不含 *Pikh*、*Piz-t*、*Pi9* 和 *Pi40*。

参试的 260 份水稻品种 80.38%集中在第Ⅴ、Ⅵ、Ⅶ和Ⅸ类群。其中, 第Ⅵ类群中沈阳农业科学院育成的品种仅千重浪 1 号; 丹东地区育成的品种在第Ⅶ类群有 2 个品种, 在第Ⅸ类群有 10 个品种; 盘锦地区及盐碱地研究所育成的品种在第Ⅶ类群有 13 个品种。类群中品种数量地域分布不均, 没有明显的地域差异。

2.4 抗性单基因系抗病性评价

采用辽宁省 4 个生态稻区分离的 38 株强致病力稻瘟病菌对 *Pi9* 等 9 个抗性单基因系进行苗期接种鉴定。结果表明, 9 个抗性单基因系抗性频率均高于丽江新团黑谷的抗性频率 (13.16%)。抗性频率大小依次为 *Pi40*、*Pi9*、*Pita*、*Pigm*、*Piz-t*、*Pi1*、*Pikm*、*Pib* 和 *Pikh* (表 5)。

分蘖盛期和蜡熟期对 4 个田间自然诱发抗病圃的单基因系叶瘟和穗瘟进行调查, 9 个抗性单基因系抗性均优于 LTH 的抗性。其中, 抗性单基因系 *Pi40*、*Pi9*、*Pigm*、*Piz-t* 和 *Pita* 抗性较好, 综合指数均小于 2, 达到抗 (R) 及以上级别。抗性单基因

系 *Pikh* 抗性最差的, 最高发病级别为 7 级, 出现在 DG 穗期, 综合指数为 6.5, 达到感病 (S) 级别。抗病单基因系 *Pi40*、*Pi9*、*Pigm*、*Piz-t* 和 *Pita* 在辽宁省有很好的利用价值, 尤其更适合盘锦和铁岭两个生态稻区推广利用。

3 讨论

近 20 年来, 稻瘟病平均每 4~6 年大发生一次, 造成了严重的经济损失, 利用抗性基因培育抗性品种是解决这一问题的主要办法。为了明确辽宁省粳稻品种稻瘟病抗性基因类型, 本研究选用了 9 个稻瘟病抗性基因的特异引物对 260 个已审定品种进行检测, 并分析了 9 个抗性单基因的抗病性。研究表明, 辽宁省粳稻品种含有的基因数量从 0~7 个不等, 抗性基因 *Pikh* 分布频率最高, 其次是 *Pikm* 和 *Pi1*。*Pi2/9* 基因簇的抗性基因分布频率均较低, 仅辽粳 421 检测到 *Pi40*, 未检测到任何品种中含有 *Pi9* 基因。Tian 等<sup>[24]</sup>认为抗病基因 *Pi9* 尚未在中国粳稻品种中广泛应用。汪文娟等<sup>[21]</sup>认为华南 328 个杂交稻组合中不携带抗病基因 *Pi9*。本研究结果与两者的结论相符。*Pi2/9* 基因簇的 4 个抗性基因对分离自辽宁省 4 个生态稻区的病原菌表现较强的抗性, 抗性频率为 57.89%~89.47%, 田间自然抗性情况表现为抗 (R) 及以上级别, 与刘士平等<sup>[25]</sup>、吴宪等<sup>[26]</sup>、褚晋等<sup>[22]</sup>研究发现抗性基因 *Pi9* 对菲律宾、吉林、云南等地的病原菌均表现高抗性的结果一致。由此可以推断 *Pi2/9* 基因簇的 4 个抗性基因在辽宁省水稻抗病育种中利用价值较高。

对于新品种而言, 其产量、品质和抗性的突破主要依赖其亲本材料遗传多样性的丰富程度。翟荣荣等<sup>[27]</sup>利用均匀分布于水稻 12 条染色体上的 48 对 SSR 引物可将浙江省主要推广种植的 10 个常规晚

表 5 抗性单基因系田间自然抗病性评价

Table 5. Evaluation of disease resistance of the monogenic lines.

单基因系 Monogenic line	抗性频率 Frequency of resistance/%	综合指数 Comprehensive index			
		东港地区 Donggang	盘锦地区 Panjin	辽宁省水稻研究所 LNRRRI	铁岭地区 Tieling
<i>Pi9</i>	78.95	2	0	1.5	0
<i>Pi40</i>	89.47	0.75	0	0	0
<i>Pigm</i>	76.32	1.5	0	0.75	0.75
<i>Piz-t</i>	57.89	1.5	0	1.5	0.75
<i>Pita</i>	73.68	1	0.75	1.5	0.25
<i>Pib</i>	28.95	5	3.5	5	3.5
<i>Pi1</i>	47.37	3.5	2	1	2.5
<i>Pikm</i>	36.84	4.5	2.5	3	3
<i>Pikh</i>	23.68	6.5	4.5	3.5	4.5
丽江新团黑谷 Lijiangxintuanheigu	13.16	8	7.5	6.5	7.5

粳稻品种划分为两类。张云等<sup>[28]</sup>用 SSR 标记分析中国水稻两用核不育系现有骨干亲本材料的遗传多样性。本研究基于抗性基因检测结果进行聚类分析, 将辽宁省已通过审定的 260 份粳稻材料分为 11 个类群, 80.38% 集中在第 V、VI、VII 和 IX 类群, 参试品种共有 62 个基因组合类型, 其中辽丰 4 号等 24 个品种, 辽盐 9 号等 28 个品种以及沈稻 81 等 19 个品种的抗稻瘟病基因型完全相同, 说明参试的 260 份水稻品种抗病基因组合类型不丰富, 亲缘关系较近, 差异较小。

利用分子标记辅助选择技术开展稻瘟病抗性育种取得较大进展。聂元元等<sup>[29]</sup>将稻瘟病抗性基因 *Pi1*、*Pi2* 和 *Pi9* 导入到三系杂交稻恢复系 R225, 稻瘟病抗性显著高于各自的轮回亲本。张晓慧<sup>[30]</sup>将 MP 水稻材料中的 *Pb1* 广谱抗稻瘟病基因片段导入空育 131 染色体组中, 提高空育了 131 对稻瘟病的抗性。在本研究选定的 9 个抗病基因基础上分析, 辽宁省粳稻品种尤其是糯稻和旱稻品种抗性选育上应选择遗传关系较远的材料或者引入携带 *Pi9*、*Pi40*、*Pita* 和 *Pigm* 基因的品种作为亲本材料。

#### 参考文献:

- [1] 李跃东, 邱福林, 王彦荣, 王之旭. 辽宁省水稻育种研究现状及发展思路. 北方水稻, 2009, 39(2): 69-73.  
Li Y D, Qiu F L, Wang Y R, Wang Z X. Current situation of Liaoning rice breeding research and development approach. *North Rice*, 2009, 39(2): 69-73. (in Chinese)
- [2] 赵一洲, 李正茂, 路洪彪, 倪善君, 张战, 李鑫, 毛艇, 张丽丽, 刘研. 辽宁省水稻骨干亲本演变及遗传多样性分析. 河南农业科学, 2014, 43(12): 28-33.  
Zhao Y Z, Li Z M, Lu H B, Ni S J, Zhang Z, Li X, Mao T, Zhang L L. Evolution and genetic diversity of rice founder parents in Liaoning province. *J Henan Agric Sci*, 2014, 43(12): 28-33. (in Chinese)
- [3] 马慧, 李丽丽, 祝红艳, 郭志富, 陈丽静, 张丽, 钟鸣, 邵国军. 辽宁稻区主要粳稻骨干亲本的遗传多样性分析. 沈阳农业大学学报, 2012, 43(4): 478-481.  
Ma H, Li L L, Zhu H Y, Guo Z F, Chen L J, Zhang L, Zhong M, Shao G J. Japonica rice backbone parental genetic diversity in Liaoning Province. *J Shenyang Agric Univ*, 2012, 43(4): 478-481. (in Chinese with English abstract)
- [4] 马军韬, 张国民, 辛爱华, 肖佳雷, 刘迎雪, 宫秀杰, 雷财林, 高玉凤. 黑龙江省水稻品种对稻瘟病的抗性分析及评价利用. 中国农学通报, 2008, 24(2): 332-334.  
Ma J T, Zhang G M, Xin A H, Xiao J L, Liu Y X, Gong X J, Lei C L, Gao Y F. Identification and evaluation of resistance of rice to *Magnaporthe grisea* in Heilongjiang Province. *Chin Agric Sci Bull*, 2008, 24(2): 332-334. (in Chinese with English abstract)
- [5] 王妍, 郑文静, 王辉, 张丽霞, 王世维, 赵家铭, 刘志恒. 辽宁省主栽水稻品种抗稻瘟病基因的鉴定及分析. 植物遗传资源学报, 2015, 16(3): 640-648.  
Wang Y, Zheng W J, Wang H, Zhang L X, Wang S W, Zhao J M, Liu Z H. Identification and analysis of rice blast resistance gene alleles in 24 rice cultivars from Liaoning Province. *J Plant Genet Resour*, 2015, 16(3): 640-648. (in Chinese with English abstract)
- [6] 程式华, 李建. 现代中国水稻. 北京: 金盾出版社, 2007.  
Cheng S H, Li J. *Modern Chinese Rice*. Beijing: Jindun Publishing House, 2007
- [7] 王倩, 周永力, 王疏, 黎志康. 我国东北稻曲稻瘟病的研究进展. 植物遗传资源学报, 2012, 13(1): 143-147.  
Wang Q, Zhou Y L, Wang S, Li Z K. Research advances on the rice blast in the northeast China. *J Plant Genet Resour*, 2012, 13(1): 143-147. (in Chinese with English abstract)
- [8] 王生轩, 李俊周, 谢瑛, 李勇, 李梦琪, 曹炳武, 赵全志. 河南粳稻抗稻瘟病基因 *Pi9*、*Pita* 和 *Piz-t* 的分子检测. 分子植物育种, 2017, 15(3): 951-955.  
Wang S X, Li J Z, Xie Y, Li Y, Li M Q, Cao B W, Zhao Q Z. Molecular detection of rice blast resistance gene *Pi9*, *Pita* and *Piz-t* in Henan japonica rice. *Mol Plant Breed*, 2017, 15(3): 951-955. (in Chinese with English abstract)
- [9] 张荟, 周鹏, 涂诗航, 郑家团, 张建福, 谢华安. 利用分子标记辅助选择技术创制抗稻瘟病水稻新恢复系. 分子植物育种, 2015, 13(9): 1918-1922.  
Zhang H, Zhou P, Xu S H, Zheng J T, Zhang J F, Xie H A. Developing new restorer lines with blast-resistance gene *Pi9* for hybrid rice by marker assistance selection(MAS). *Mol Plant Breed*, 2015(9): 1918-1922. (in Chinese with English abstract)
- [10] 杨立明, 纪剑辉, 周颖君, 方继朝, 刘永峰, 罗玉明. 水稻稻瘟病抗性基因 *Pi2-InDel* 标记的开发与评价. 分子植物育种, 2017, 15(2): 594-598.  
Yang L M, Ji J H, Zhou Y J, Fang J C, Liu Y F, Luo Y M. The development of the rice blast resistance genes *Pi2-InDel* markers and its evaluation in application. *Mol Plant Breed*, 2017, 15(2): 594-598. (in Chinese with English abstract)
- [11] 华丽霞, 汪文娟, 陈深, 汪聪颖, 曾烈先, 杨健源, 朱小源, 苏菁. 抗稻瘟病 *Pi2/9/z-t* 基因特异性分子标记的开发. 中国水稻科学, 2015, 29(3): 305-310.  
Hua L X, Wang W J, Chen S, Wang C Y, Zeng L X, Yang J Y, Zhu X Y, Su Q. Development of specific DNA markers for detecting the rice blast resistance gene alleles *Pi2/9/z-t*. *Chin J Rice Sci*, 2015, 29(3): 305-310. (in Chinese with English abstract)
- [12] Jeung J U, Kim B R, Cho Y C, Han S S. A novel gene, *Pi40(t)*, linked to the DNA markers derived from NBS-LRR motifs confers broad spectrum of blast resistance in rice. *Theor Appl Genet*, 2007, 115: 1163-1177.
- [13] 王金明, 林秀云, 刘晓梅, 孙强, 李鹏志, 张三元. 分子标记选择水稻抗稻瘟病基因 *Pi40* 和 *Pib* 聚合体. 华北农学报, 2012, 27(2): 218-221.  
Wang J M, Lin X Y, Liu X M, Sun Q, Li P Z, Zhang S Y. Selecting the pyramids of blast resistance gene *Pi40* and *Pib* in rice assisted by molecular marker. *Acta Agric Bor-Sin*, 2012, 27(2): 218-221. (in Chinese with English abstract)



abstract)

- [14] 于苗苗, 戴正元, 潘存红, 陈夕军, 余玲, 张晓祥, 李育红, 肖宁, 龚红兵, 盛生兰, 潘学彪, 张洪熙, 李爱宏. 广谱稻瘟病抗性基因*Pigm*和*Pi2*的抗性频率差异及与*Pi1*的互作效应. 作物学报, 2013, 39(11): 1927-1934. Yu M M, Dai Z Y, Pan C J, Yu L, Zhang X X, Li Y H, Xiao N, Gong H B, Sheng S L, Pan X B, Zhang H X, Li A H. Resistance spectrum difference between two broad-spectrum blast resistance genes, *Pigm* and *Pi2*, and their interaction effect on *Pi1*. *Acta Agron Sin*, 2013, 39(11): 1927-1934. (in Chinese with English abstract)
- [15] 戴小军, 杨远柱, 周亮, 梁满中, 胡小淳, 陈良碧. 抗稻瘟病水稻资源抗性基因*Pita*、*Pib*、*Pi9*以及*Pikm*的分布研究. 生命科学研究, 2012, 16(4): 340-344, 356. Dai X J, Yang Y Z, Zhou L, Liang M Z, Hu X C, Chen L B. Distribution research of blast resistance genes *Pita*, *Pib*, *Pi9* and *Pikm* in blast-resistant rice resources. *Life Sci Res*, 2012, 16(4): 340-344, 356. (in Chinese with English abstract)
- [16] Jia Y L, Wang Z H, Singh P. Development of dominant rice blast *Pi-ta* resistance gene markers. *Crop Sci*, 2002, 42: 2145-2149.
- [17] Fjellstrom R, Conaway-Bormans C A, McClung A M. Development of DNA markers suitable for marker assisted selection of three *Pi* genes conferring resistance to multiple *Pyricularia grisea* pathotypes. *Crop Sci*, 2004, 44: 1790-1798.
- [18] 刘洋, 徐培洲, 张红宇, 徐建第, 吴发强, 吴先军. 水稻抗稻瘟病*Pib*基因的分子标记辅助选择与应用. 中国农业科学, 2008, 41(1): 9-14. Liu Y, Xu P Z, Zhang H Y, Xu J D, Wu F Q, Wu X J. Marker-assisted selection and application of blast resistant gene *Pib* in rice. *Sci Agric Sin*, 2008, 41(1): 9-14. (in Chinese with English abstract)
- [19] 李洪亮, 李荣田. 稻瘟病抗性基因*Pi1*和*Pi2*的聚合及其育种价值分析. 北方水稻, 2010, 40(5): 7-12. Li H L, Li R T. The polymerization of rice-blast resistance genes *Pi1* and *Pi2* and analysis on breeding value. *North Rice*, 2010, 40(5): 7-12. (in Chinese)
- [20] Zhai C, Lin F, Dong Z Q, He X Y, Yuan B, Zeng X S, Wang L, Pan Q H. The isolation and characterization of *Pik* a rice blast resistance gene which emerged after rice domestication. *New Phytol*, 2011, 189(1): 321-334.
- [21] 汪文娟, 周继勇, 汪聪颖, 苏菁, 封金奇, 陈炳, 冯爱卿, 杨健源, 陈深, 朱小源. 八个抗稻瘟病基因在华南籼型杂交水稻中的分布. 中国水稻科学, 2017, 31(3): 299-306. Wang W J, Zhou J Y, Wang C Y, Su Q, Feng J Q, Chen B, Feng A Q, Yang J Y, Chen S, Zhu X Y. Distribution of eight rice blast resistance genes in indica hybrid rice in China. *Chin J Rice Sci*, 2017, 31(3): 299-306. (in Chinese with English abstract)
- [22] 褚晋, 何鹏飞, 赵正龙, 吴毅歆, 何朋杰, 何月秋. 云南省罗平县与腾冲县两地稻瘟病菌致病类型分析. 中国农学通报, 2016, 32(14): 84-89. Chu J, He P F, Zhao Z L, Wu Y X, He P J, He Y Q. Pathotype analysis of *Magnaporthe oryzae* in Luoping and Tengchong of Yunnan Province. *Chin Agric Sci Bull*, 2016, 32(14): 84-89. (in Chinese with English abstract)
- [23] 李旭升, 向小娇, 申聪聪, 杨隆维, 陈凯, 王小文, 邱先进, 朱小源, 邢丹英, 徐建龙. 水稻重测序核心种质资源的稻瘟病抗性鉴定与评价. 作物学报, 2017, 43(6): 795-810. Li X S, Xiang X J, Shen C C, Yang L W, Chen K, Wang X W, Qiu X J, Zhu X Y, Xing D Y, Xu J L. Identification and evaluation of blast resistance for resequenced rice core collections. *Acta Agron Sin*, 2017, 43(6): 795-810.
- [24] Tian D G, Chen Z J, Chen Z Q, Zhou Y C, Wang Z H, Wang F, Chen S B. Allele-specific marker-based assessment revealed that the rice blast resistance genes *Pi2* and *Pi9* have not been widely deployed in Chinese indica rice cultivars. *Rice*, 2016, 9(1): 19.
- [25] 刘士平, 李信, 汪朝阳, 李香花, 何予卿. 基因聚合对水稻稻瘟病的抗性影响. 分子植物育种, 2003, 1(1): 22-26. Liu S P, Li X, Wang C Y, Li X H, He Y Q. Gene pyramiding to increase the blast resistance in rice. *Mol Plant Breed*, 2003, 1(1): 22-26.
- [26] 吴宪, Kim D R, 刘晓梅, 王继春, 王东元, 朱峰, 任金平. 水稻抗稻瘟病广谱基因型鉴定及稻瘟病菌生理小种型研究. 吉林农业大学学报, 2017, 39(4): 403-408. Wu X, Kim D R, Liu X M, Wang J C, Wang D Y, Zhu F, Ren J P. Identification of rice broad-spectrum genes resistant to rice blast and study on physiological races of rice blast fungal type. *J Jilin Agric Univ*, 2017, 39(4): 403-408. (in Chinese with English abstract)
- [27] 翟荣荣, 叶胜海, 朱国富, 余鹏, 王俊梅, 张小明. 浙江省 10 个晚粳稻品种 SSR 指纹图谱的构建及遗传差异分析. 分子植物育种, 2017, 15(3): 944-950. Zhai R R, Ye S H, Zhu G F, Yu P, Wang J M, Zhang X M. Establishment of SSR fingerprint map and analysis of genetic diversity among the 10 Zhejiang photosensitive japonica rice cultivars. *Mol Plant Breed*, 2017, 15(3): 944-950. (in Chinese with English abstract)
- [28] 张云, 龙云星, 奎丽梅, 徐高峰, 涂建, 辜琼瑶, 李华慧, 黄平, 卢义宣. 我国水稻两用核不育系 SSR 遗传多样性分析. 分子植物育种, 2017, 15(7): 2836-2846. Zhang Y, Long Y X, Kui L M, Xu G F, X J, Gu Q Y, Li H H, Huang P, Lu Y X. SSR analysis on genetic diversity of rice dual-use nuclear male sterile lines in China. *Mol Plant Breed*, 2017, 15(7): 2836-2846. (in Chinese with English abstract)
- [29] 聂元元, 李霞, 毛凌华, 颜满莲, 颜龙安, 蔡耀辉. 分子标记辅助选择改良三系杂交稻恢复系 R225 稻瘟病抗性. 中国稻米, 2016, 22(3): 60-63. Nie Y Y, Li X, Mao L H, Yan M L, Yan L A, Cai Y H. Improving blast resistance of parental restorer lines R225 by marker-assisted selection. *China Rice*, 2016, 22(3): 60-63. (in Chinese)
- [30] 张晓慧, 冯晓敏, 林少扬. 水稻主栽品种空育 131 抗稻瘟病位点的扫描及其基因组重构建. 植物学报, 2017, 52(1): 30-42. Zhang X H, Feng X M, Lin S Y. Scanning for *Pi* loci and rebuilding an improved genome of elite rice variety Kongyu 131. *Chin Bull Bot*, 2017, 52(1): 30-42. (in Chinese with English abstract)