

# 抗条纹叶枯病香稻新品种的分子标记辅助选育

闫影<sup>1</sup>, 张丽霞<sup>1</sup>, 李刚<sup>2</sup>, 张玉<sup>2</sup>, 吴书俊<sup>1\*</sup>

(1 上海市农业科学院 作物育种栽培研究所, 上海 201403; 2 上海市农业技术推广服务中心, 上海 201103)

**摘要:**为解决上海主栽水稻品种普遍对条纹叶枯病缺乏抗性、大多数品种成熟期偏晚且食味品质不佳的状况, 该研究以高产、广适性粳稻品种‘武运粳 7 号’为母本, 与高抗条纹叶枯病水稻品系‘武 2699’进行杂交, 获得 F<sub>1</sub> 种子, 再以早熟、香型优质品种‘太湖香粳’为父本, 与(‘武运粳 7 号’×‘武 2699’)F<sub>1</sub> 进行复交, 开展聚合育种; 并分别利用与水稻抗条纹叶枯病基因 *QSTV-11b* 紧密连锁和香味控制基因 *Badh2* 共分离的分子标记, 对分离世代进行辅助选择, 筛选到含这 2 个基因的纯合基因型单株, 结合田间抗性鉴定及香味测定, 育成具有香味、高抗水稻条纹叶枯病、高产、优质等特点的早熟晚粳新品种‘沪香粳 151’。

**关键词:** 分子标记辅助选择; 抗水稻条纹叶枯病; 香味; ‘沪香粳 151’

**中图分类号:** Q321<sup>+</sup>.6; Q789; S511.2<sup>+3</sup> **文献标志码:** A

## Breeding of a New Rice Variety with RSD-Resistance and Fragrance by Molecular Marker-Assisted Selection

YAN Ying<sup>1</sup>, ZHANG Lixia<sup>1</sup>, LI Gang<sup>2</sup>, ZHANG Yu<sup>2</sup>, WU Shujun<sup>1\*</sup>

(1 Crop Breeding and Cultivation Research Institute, Shanghai Academy of Agricultural Sciences, Shanghai 201403, China; 2 Shanghai Agro-Technology Extension and Service Center, Shanghai 201103, China)

**Abstract:** In order to solve the problem of susceptibility of rice stripe disease (RSD) long growth period and poor eating quality in the major rice cultivars in Shanghai, we crossed female parent ‘Wuyunjing 7’, a Japonica rice variety with high yield and wide adaptability, and ‘Wu 2699’, a Japonica rice strain with high RSD-resistance. Subsequently, the F<sub>1</sub> of (‘Wuyunjing 7’ × ‘Wu 2699’) was crossed with male parent ‘Taihuxiangjing’, an early-maturing and high quality Japonica rice variety. Genotypic detection of *QSTV-11b* and the fragrance gene *Badh2* was performed by using molecular markers, which linked to the RSD-resistant gene *QSTV-11b* and co-segregated with the fragrance gene *Badh2*, respectively. By associated with resistance identification and fragrance determination, a fragrant, early-maturing, high RSD-resistant, high yield and excellent eating quality Japonica rice variety named ‘Huxiangjing 151’ was obtained.

**Key words:** molecular marker-assisted selection (MAS); rice stripe disease (RSD) resistance; fragrance; ‘Huxiangjing 151’

水稻条纹叶枯病(rice stripe disease, RSD)是以灰飞虱(*Laodelphax striatellus* Fallen)为传播介体

的一种主要对粳稻危害严重的水稻病毒病。20 世纪 90 年代以来, 该病在长江中下游多年流行并对该

收稿日期: 2017-04-25; 修改稿收到日期: 2017-07-19

基金项目: 2016 年度上海市农业科学院青年人才成长计划[沪农青字(2016)第 1-2 号]; 上海市种业发展项目[沪农科种字(2016)第 1-3 号]; 上海市农业科学院卓越团队建设计划资助

作者简介: 闫影(1985-), 女, 硕士研究生, 助理研究员, 主要从事优质粳稻新品种选育工作。E-mail: yanying04@163.com

\* 通信作者: 吴书俊, 副研究员, 主要从事优质粳稻新品种选育工作。E-mail: wushujun@saas.sh.cn

地区的粳稻生产造成巨大损失<sup>[1]</sup>。产生该现象的主要原因有种植制度的多样化、冬季温度连续偏高以及部分稻区全部粳稻化等<sup>[2]</sup>。培育抗病品种作为最经济有效的途径可以从根本上控制水稻条纹叶枯病的危害<sup>[3]</sup>。自 Washio 在籼稻品种‘Modan’中首次定位到一个抗条纹叶枯病基因 *Stv-b<sup>i</sup>* 以来,陆续有数个抗条纹叶枯病基因被精细定位<sup>[4-8]</sup>。但由于水稻条纹叶枯病抗性鉴定的复杂导致抗病基因克隆的困难,直到 2014 年才由万建民团队成功克隆了首个水稻抗条纹叶枯病基因 *STV11*。*STV11* 编码一个水稻磺基转运酶 *OsSOT1*,该酶可以催化水杨酸(SA)磺化生成磺基水杨酸(SSA),抑制水稻条纹病毒(RSV)的复制<sup>[9]</sup>。而同期随着携带抗条纹叶枯病基因水稻新品种的选育及推广,该病得到了有效控制。

香味作为稻米品质的一个重要指标,在优质稻米生产中占有重要地位。随着优质香米市场需求的不断增加,育种家也日益重视香稻品种的培育。研究表明,直接控制水稻香味的为其 8 号染色体上编码甜菜碱醛脱氢酶的基因 *Badh2*,该基因结构的变异导致编码产生无功能的酶,使得一种主要的挥发性物质 2-乙酰-1-吡咯啉(2-acetyl-1-pyrroline,2AP)得到积累,从而使稻米产生香味。首次报道的该种突变是由 Bradbury 等<sup>[10]</sup>发现基因 *Badh2* 第 7 外显子发生 8 bp 缺失及 3 bp 变异。目前,香味基因已有 13 个位点发生的突变被相继报道<sup>[11]</sup>。根据该基因突变位置的序列差异开发分子标记,利用分子标记辅助选择技术定向培育优良香稻品种已经成为重要的技术手段。

随着分子生物学技术的快速发展和功能基因的不断定位克隆,分子标记辅助选择技术越来越多的应用于水稻的多基因聚合育种。姚妹等<sup>[12]</sup>利用分子标记辅助选择聚合水稻暗胚乳突变基因 *Wx-mq* 和抗条纹叶枯病基因 *Stv-b<sup>i</sup>*,筛选、培育出优质、抗

病、高产且农艺性状优良的水稻新品系‘宁 9108’。蔡治君等<sup>[13]</sup>利用分子标记辅助常规育种,首次成功选育出两种黑色香型巨胚水稻新品系。本研究利用的水稻条纹叶枯病抗性基因 *QSTV-11b* 是 Wu 等<sup>[14]</sup>在籼稻品种‘Dular’中鉴定出的,抗性显著。利用与其紧密连锁的 STS 分子标记 A14<sup>[15]</sup>可以在‘武 2699’中检测到相应抗病基因位点。本研究以高产、广适性粳稻品种‘武运粳 7 号’、高抗条纹叶枯病、优质水稻品系‘武 2699’和早熟、香型优质品种‘太湖香粳’为亲本材料,利用与水稻抗条纹叶枯病基因紧密连锁及香味基因共分离的分子标记进行辅助选择,结合田间抗性鉴定及香味检测,经连续多代选育出香型、高抗条纹叶枯病、高产、优质的早熟晚粳新品种‘沪香粳 151’。

## 1 材料和方法

### 1.1 亲本材料

‘武运粳 7 号’是由江苏省常州市武进区农业科学研究所育成的早熟晚粳品种,具有高产稳产、熟期适中、适应性广等特点。‘武 2699’也是江苏省常州市武进区农业科学研究所育成的一个高抗条纹叶枯病、优质晚粳新品系。‘太湖香粳’是由江苏太湖地区农业科学研究所育成的优质迟熟中粳品种,其稻米具有浓郁香味。

### 1.2 方法

**1.2.1 水稻基因组 DNA 的提取** 在水稻分蘖盛期取新鲜叶片,经液氮研磨后,利用 CTAB 法<sup>[16]</sup>提取水稻全基因组 DNA。

**1.2.2 分子标记检测** 本研究所用分子标记如表 1 所示。用来检测水稻抗条纹叶枯病基因 *QSTV-11b* 的是与其紧密连锁的分子标记 A14,该标记是由吴书俊等<sup>[15]</sup>根据基因定位结果设计的 STS 共显性分子标记。用来检测水稻香味基因的是 Louis 等<sup>[17]</sup>根据基因 *Badh2* 第 7 外显子 8 bp 缺失及 3 bp

表 1 本研究所用分子标记

Table 1 Molecular markers of this experiment

基因 Gene	分子标记 Molecular marker	引物序列 Primer sequence(5'→3')
<i>QSTV-11b</i>	A14	正向 Forward: AGCACCATCATCTTACTTG 反向 Reverse: GCTGTTGATTTCCCTGCT
	ESP	TTGTTTGGAGCTTGCTGATG
	IFAP	CATAGGAGCAGCTGAAATATATACC
<i>Badh2</i>	INSP	CTGGTAAAAAGATTATGGCTTCA
	EAP	AGTGCTTACAAAGTCCCGC

突变位置,利用等位基因扩增技术设计的功能标记,该标记包括 4 条引物,分别为 ESP、IFAP、INSP 和 EAP。

反应体系为 20  $\mu\text{L}$ ,含 DNA 模板 2.0  $\mu\text{L}$ ,10 mmol/L dNTP 0.4  $\mu\text{L}$ ,25 mmol/L  $\text{MgCl}_2$  1.6  $\mu\text{L}$ ,10 $\times$  Buffer 1.6  $\mu\text{L}$ ,引物等体积混合液 1.6  $\mu\text{L}$ ,1 U/ $\mu\text{L}$  Taq 酶 0.2  $\mu\text{L}$ ,加 ddH<sub>2</sub>O 12.6  $\mu\text{L}$ 。所用试剂均购自上海生工生物工程技术有限公司。

反应程序为 94  $^{\circ}\text{C}$  预变性 5 min;94  $^{\circ}\text{C}$  变性 30 s,55  $^{\circ}\text{C}$ ~60  $^{\circ}\text{C}$  退火 30 s,72  $^{\circ}\text{C}$  复性 30 s,共 33 个循环;72  $^{\circ}\text{C}$  延伸 10 min,10  $^{\circ}\text{C}$  保存。

**1.2.3 水稻条纹叶枯病田间抗性鉴定** 对亲本及后代植株的水稻条纹叶枯病田间抗性鉴定采用自然接种法。5 月中下旬播种,利用从邻近麦田及外地迁飞的虫源对水稻幼苗进行传毒感染,每天赶虫 3 次,连续赶虫 7 d,常规水肥管理,禁用杀虫剂,使幼苗有尽可能多的机会感染到病毒。6 月中下旬,秧龄

适宜后移栽大田,7 月中下旬植株发病症状稳定后进行发病情况调查。根据发病率( $R_i$ )进行株系/品种抗性评价,评价分级标准见表 2。

**1.2.4 水稻香味鉴定** 利用氢氧化钾(KOH)法鉴定水稻叶片香味,采用咀嚼法鉴定米粒香味,具体步骤参照徐小龙等<sup>[18]</sup>的研究。

**1.2.5 品种的选育方法** 选育过程详见图 1,具体

表 2 水稻条纹叶枯病抗性评价分级标准

Table 2 The graded standard of evaluating RSD-resistance

发病率( $R_i$ ) Incidence rate of RSD/%	抗性评价 Resistance evaluation
$R_i=0$	免疫 Immune(I)
$R_i\leq 5.0$	高抗 High-resistant(HR)
$5.1\leq R_i\leq 15.0$	抗病 Resistant(R)
$15.1\leq R_i\leq 30.0$	中感 Medium-susceptible(MS)
$30.1\leq R_i\leq 50.0$	感 Susceptible(S)
$R_i\geq 50.1$	高感 High-susceptible(HS)

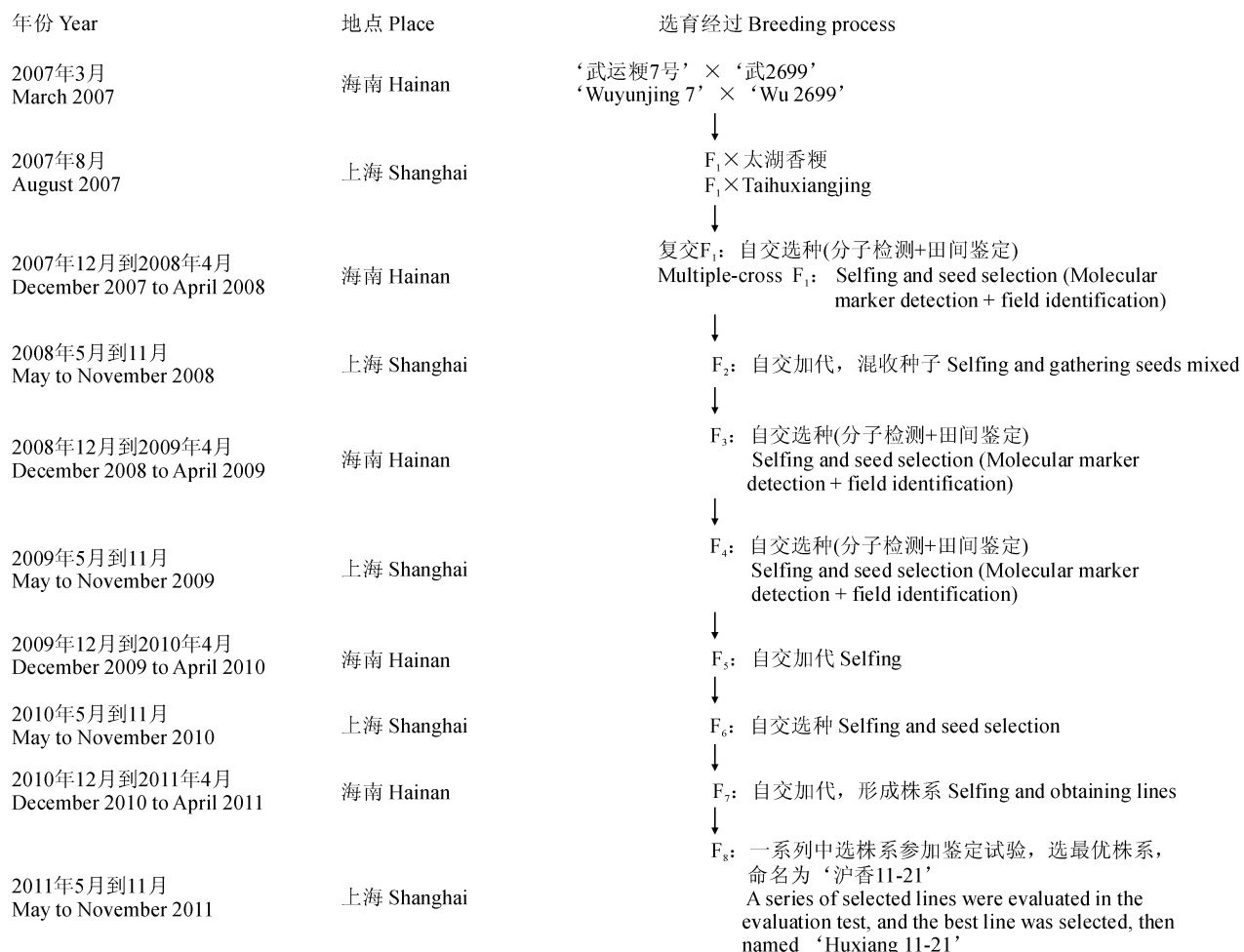


图 1 品种的选育过程

Fig. 1 Breeding procedure of the rice variety

为:2007年3月,在海南三亚南繁基地以高产、广适性粳稻品种‘武运粳7号’为母本,以高抗条纹叶枯病水稻品系‘武2699’为父本进行杂交,4月收获 $F_1$ 种子。于同年5月在上海市农业科学院育种基地播种,6月移栽 $F_1$ 植株。8月再以该 $F_1$ 植株为母本,以早熟、香型优质品种‘太湖香粳’为父本进行复交,11月收获杂交种子。于同年12月在三亚南繁基地播种,2008年1月移栽复交 $F_1$ 代植株,借助分子标记检测,结合田间抗性鉴定,选出含有香味杂合基因且抗条纹叶枯病的单株,4月收获中选单株 $F_2$ 种子。

2008年5月在上海播种,6月移栽 $F_2$ 代植株,经自交加代后于11月混收种子。同年12月至2009年4月,在海南种植 $F_3$ 代植株,综合农艺性状及抗性鉴定结果选出965个单株,通过分子标记检测,再从中选出同时含有抗条纹叶枯病和香味两个纯合基因的48个优良单株。

2009年5月在上海播种,6月移栽同时含有两个纯合基因的48个 $F_4$ 代家系植株。根据田间农艺性状表现及抗条纹叶枯病和香味的表型鉴定筛选出20个综合性状优良的 $F_4$ 家系。再进行分子标记检测,结果表明这20个 $F_4$ 家系均含有2个纯合目标基因。结合综合性状考查从中筛选出95个优良单株,于11月收获种子。同年12月到2010年4月在海南种植 $F_5$ ,自交加代。2010年5月到11月,在上海种植95个 $F_6$ 小区,每小区5行,每行8株,进一步筛选出含香味和抗条纹叶枯病且综合农艺性状优良的单株75个。同年12月到2011年4月,在海南种植75个小区,自交加代,形成株系。选出22个稳定性一致且综合农艺性状优良的 $F_7$ 小区。2011年5月到11月,在上海种植22个 $F_8$ 小区,每个小区面

积 $6\text{ m}^2$ ,经过综合性状鉴定,最终筛选出一个最优 $F_8$ 小区,全收种子并命名为‘沪香11-21’。

## 2 结果与分析

### 2.1 亲本基因型鉴定

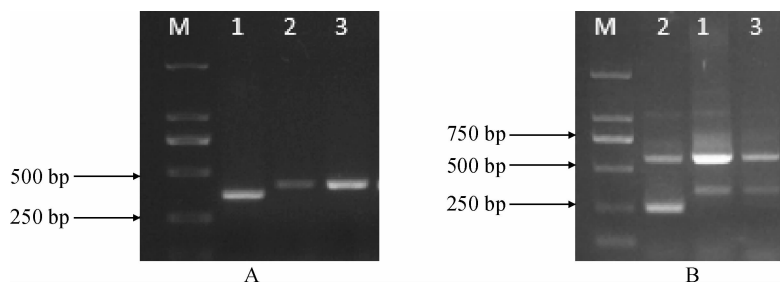
分别利用标记A14和四联引物(ESP、IFAP、INSP、EAP)检测各亲本的基因型。结果(图2)表明,‘武2699’含抗条纹叶枯病基因 $QSTV-11b$ ,但在 $Badh2$ 上不存在第7外显子类型突变;‘太湖香粳’在 $Badh2$ 上存在第7外显子类型突变,但不含有抗条纹叶枯病基因 $QSTV-11b$ ;‘武运粳7号’则既不含抗病基因 $QSTV-11b$ ,也不含 $Badh2$ 上第7外显子类型突变(图2)。

### 2.2 $F_3$ 单株的分子检测结果

2008年冬在海南种植 $F_3$ 代,在分蘖期选择农艺性状优良的植株,取叶片进行基因组DNA提取,分别利用分子标记A14和四联引物检测植株抗条纹叶枯病基因 $QSTV-11b$ 和香味控制基因 $Badh2$ 。纯合抗病条带为368 bp,非抗病条带为429 bp,杂合则含有368和429 bp条带(图3,A);纯合香型条带为577和257 bp,非香型条带为585和355 bp,杂合条带为580、355和257 bp(图3,B)。共对965个中选单株进行了检测,其中抗病基因 $QSTV-11b$ 纯合型单株为251个,香味控制基因 $Badh2$ 第7外显子突变纯合型单株为246个,同时含有2个纯合基因的单株为48个。

### 2.3 ‘沪香粳151’特征特性

‘沪香11-21’于2012年~2014年连续参加上海市水稻产业体系展示种植和郊区多点适应性种植试验,并于2013年开始参加上海市晚粳区试,2014年同时参加上海市晚粳区试及生产试验。2015年6

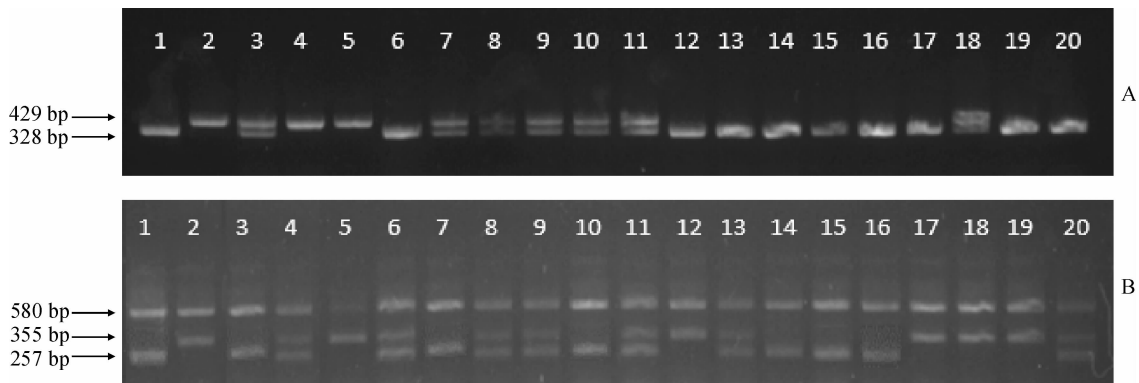


A和B分别为 $QSTV-11b$ 和 $Badh2$ 基因检测,利用2%琼脂糖凝胶电泳检测;M. DL 2000;1. ‘武2699’;2. ‘太湖香粳’;3. ‘武运粳7号’

图2 亲本中 $QSTV-11b$ 和 $Badh2$ 的基因检测

A. Detection of  $QSTV-11b$ ; B. Detection of  $Badh2$ ; Detection by 2% agarose gel electrophoresis; M. DL 2000; 1. ‘Wu 2699’; 2. ‘Taihuxiangjing’; 3. ‘Wuyunjing 7’

Fig. 2 Detection of  $QSTV-11b$  and  $Badh2$  in parents

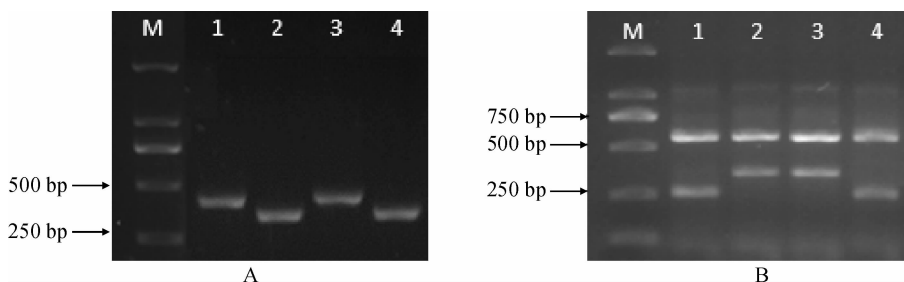


A. *QSTV-11b* 基因型检测:1.‘武 2699’;2.‘武运梗 7 号’; 3~20.  $F_3$  代单株;B. *Badh2* 基因型检测:1.‘太湖香梗’;2.‘武运梗 7 号’; 3~20.  $F_3$  代单株

图 3  $F_3$  代部分单株 *QSTV-11b* 和 *Badh2* 的基因型检测

A. Genotype detection of *QSTV-11b*; 1. ‘Wu 2699’; 2. ‘Wuyunjing 7’; 3–20. Plants in  $F_3$  population; B. Genotype detection of *Badh2*.; 1. ‘Taihuxiangjing’; 2. ‘Wuyunjing 7’; 3–20. Plants in  $F_3$  population

Fig. 3 Genotype detection of *QSTV-11b* and *Badh2* in some  $F_3$  individuals



A 和 B 分别为 *QSTV-11b* 和 *Badh2* 基因检测;M. DL 2000;1.‘太湖香梗’;2.‘武 2699’;3.‘武运梗 7 号’;4.‘沪香梗 151’

图 4 ‘沪香梗 151’中 *QSTV-11b* 和 *Badh2* 的基因检测

A. *QSTV-11b*; B. *Badh2*; M. DL 2000; 1. ‘Taihuxiangjing’; 2. ‘Wu 2699’; 3. ‘Wuyunjing 7’; 4. ‘Huxiangjing151’

Fig. 4 Detection of *QSTV-11b* and *Badh2* in ‘Huxiangjing 151’

月通过上海市农作物品种审定(沪审稻 2015003), 定名为‘沪香梗 151’。

**2.3.1 ‘沪香梗 151’的农艺性状及产量水平** ‘沪香梗 151’全生育期 155.4 d, 比上海主栽品种‘秀水 114’和‘秀水 134’分别早 4~5 d 和 7~8 d, 株高 88.3 cm, 穗长 14.4 cm。平均每亩有效穗 21.8 万, 每穗总粒数 110.1 粒, 结实率 95.30%, 千粒重 28.2 g。分蘖力中等, 成穗率较高, 穗型小, 结实率高, 粒型较大; 生长整齐, 株型适中, 叶色绿, 熟期转色好, 抗倒性强, 田间综合抗性好。‘沪香梗 151’于 2013 和 2014 年参加上海市常规粳稻区试。2013 年平均亩产 645.1 kg, 比对照‘秀水 128’增产 5.5%。2014 年平均亩产 665.5 kg, 比对照‘秀水 128’增产 4.9%。

**2.3.2 ‘沪香梗 151’抗病和香味表现** 通过分子标记检测验证抗条纹叶枯病基因 *QSTV-11b* 以及香味控制基因 *Badh2* 的第 7 外显子突变类型在多代选育过程中并未丢失, ‘沪香梗 151’中同时含有双基

表 3 ‘沪香梗 151’的条纹叶枯病田间抗性鉴定

Table 3 Identifying resistance of ‘Huxiangjing 151’ to rice stripe disease

年份 Year	发病率 Incidence rate of RSD/%	抗性评价 Resistance evaluation
2011	4.5	HR
2012	4.0	HR
2013	4.5	HR

因(图 4)。经过 2011~2013 年连续 3 年的条纹叶枯病田间抗性鉴定, ‘沪香梗 151’均达到高抗水平(表 3)。通过对植株叶片和米粒进行香味鉴定, 显示‘沪香梗 151’具有浓郁香味。

**2.3.3 ‘沪香梗 151’的稻米品质** ‘沪香梗 151’表现稻米品质较好, 外观透明, 适口性好。分别于 2012 和 2014 年送农业部稻米及制品质量监督检验测试中心进行检测(表 4)。2012 年送检达到二级优质米标准, 2014 年送检达到三级优质米标准。‘沪香梗 151’食味品质也较好, 2010~2014 年在育种单

表 4 2012 和 2014 年‘沪香 11-21’稻米品质检测结果

Table 4 The test results for rice quality of ‘Huxiang11-21’ in 2012 and 2014

指标 Index	2012	2014
糙米率 Brown rice rate/%	84.3	85.0
精米率 Milled rice rate/%	76.4	77.3
整精米率 Head rice rate/%	74.2	75.4
垩白粒率 Chalky grain percentage/%	26.0	32.0
垩白度 Chalkiness degree/%	2.0	2.8
透明度 Transparency	1	1
碱消值 Alkali spreading value	7.0	7.0
胶稠度 Gel consistency/mm	76	65
直链淀粉 Amylose content/%	15.5	16.0
蛋白质 Protein content/%	8.7	7.8
等级 Grade	2	3

位进行的稻米蒸煮品尝试验中均表现较好,米饭光泽晶莹,口感柔软而有弹性,适口性明显好于对照品种‘秀水 128’。用米饭食味仪进行食味值评分,‘沪香粳 151’一般在 75 分左右。

### 3 讨论

分子聚合育种是高效实现多个育种优良性状的最佳手段之一。该技术相较常规育种明显的优势在于不受环境条件的影响、加快育种进程、显著提高育种效率。近年来,国内育种家应用该技术育成了一系列优良抗条纹叶枯病或携带香味特性的水稻新品种。刘艳等<sup>[19]</sup>利用分子标记辅助选育出抗水稻条纹叶枯病的‘红血糯’种质。陈涛等<sup>[20]</sup>利用分子标记辅助聚合抗条纹叶枯病基因 *Stv-b<sup>i</sup>* 和低直链淀粉含量基因 *Wx-mq* 来改良‘武育粳 3 号’的抗病性和

食味品质。杜雪树等<sup>[21]</sup>利用分子标记辅助成功选育出 2 个香稻恢复系 C349 和 C354。朱映东等<sup>[22]</sup>也利用分子标记辅助技术成功选育出香型巨胚水稻‘上师大 8 号’。而利用该技术进行抗条纹叶枯病基因 *QSTV-11b* 和香味控制基因 *Badh2* 聚合来培育香型抗病品种的文章鲜有报道。本研究根据上述 2 个目标性状,采用相关分子标记进行分子聚合,并结合常规育种手段成功选育出香型、抗条纹叶枯病的优质、高产粳稻新品种‘沪香粳 151’,实现了该技术在水稻新品种选育中再一次的成功应用。

目前,国内外已育成和推广粳稻品种的抗性大多由同 1 对不完全显性基因 *Stv-b<sup>i</sup>* 控制,采用的标记也大都为显性标记,如 SCAR 和 ST10<sup>[12,23]</sup>。而‘沪香粳 151’的成功选育进一步验证了一个新的抗条纹叶枯病标记基因 *QSTV-11b* 在实际育种中的应用价值。本研究采用的 STS 分子标记 A14 是与基因 *QSTV-11b* 紧密连锁的共显性标记,相较于以往的显性标记,可以更有效地区分抗性纯合与杂合植株,避免实验过程中资源和时间的浪费,提高了结果的准确性。

‘沪香粳 151’的育成有效缓解了当时上海稻麦两熟的茬口矛盾。该品种属早熟晚粳偏早类型,无论作小苗机插还是直播栽培,都可在 10 月中下旬成熟,有利于进行不同熟期品种的合理布局;产量水平较高,一般亩产在 600 kg 以上,且稳产性强;米质较优,有香味,适口性较好;田间综合抗性好,对条纹叶枯病、稻曲病、纹枯病都抗性较好。这些优良性状为该品种的大面积推广及进一步的市场开发奠定了重要基础。

### 参考文献:

- [1] OTUKA A. Migration of rice planthoppers and their vectored re-emerging and novel rice viruses in East Asia[J]. *Frontiers in Microbiology*, 2013, 4(6): 309.
- [2] WANG M B, WATERHOUSE P M. Application of gene silencing in plants[J]. *Current Opinion in Plant Biology*, 2002, 5(2): 146-150.
- [3] 林奇英, 谢联辉, 周仲驹, 等. 水稻条纹叶枯病的研究 I. 病害的分布和损失[J]. 福建农学院学报, 1990, 19(4): 421-425. LIN Q Y, XIE L H, ZHOU Z J, et al. Studies on rice stripe: 1. distribution of and losses caused by the disease[J]. *Journal of Fujian Agricultural College*, 1990, 19(4): 421-425.
- [4] WU X, ZOU S, CHEN Z, et al. Fine mapping of *qSTV11TQ*, a major gene conferring resistance to rice stripe disease[J]. *Theor. Appl. Genet.*, 2010, 122: 915-923.
- [5] WANG B, JIANG L, ZHANG Y, et al. Genetic dissection of the resistance to rice stripe virus present in the indica rice cultivar ‘IR24’[J]. *Genome*, 2011, 54: 611-619.
- [6] ZHANG Y X, WANG Q, JIANG L, et al. Fine mapping of *QSTV11(KAS)*, a major QTL for rice stripe disease resistance[J]. *Theor. Appl. Genet.*, 2011, 122: 1 591-1 604.
- [7] KWON T, LEE J H, PARK S H, et al. Fine mapping and identification of candidate rice genes associated with *QSTV11(SG)*, a major QTL for rice stripe disease resistance[J]. *Theor. Appl. Genet.*, 2012, 125: 1 033-1 046.
- [8] ZHANG Y X, WANG Q, JIANG L, et al. Detection and Fine mapping of two quantitative trait loci for partial resistance to stripe virus in rice (*Oryza sativa* L.)[J]. *Mol. Breeding*,

2012 30; 1 379-1 391.

- [9] WANG Q, LIU Y Q, HE J, *et al.* STV11 encodes a sulphotransferase and confers durable resistance to rice stripe virus [J]. *Nature Communication*, 2014, 5; 4 768.
- [10] BRADBURLY M T, FITZGERALD T L, HENRY R J, *et al.* The gene for fragrance in rice [J]. *Plant Biotechnology Journal*, 2005, 3(3); 363-370.
- [11] MICHAEL J K, MARIAFE N C, MELISSA A F, *et al.* The origin and evolution of fragrance in rice (*Oryza sativa* L.) [J]. *PNAS*, 2009, 106(34); 14 444-14 449.
- [12] 姚 姝, 陈 涛, 张亚东, 等. 分子标记辅助选择聚合水稻暗胚乳突变基因 *Wx-mq* 和抗条纹叶枯病基因 *Stv-b<sup>i</sup>* [J]. 中国水稻科学, 2010, 24(4); 341-347.  
YAO S, CHEN T, ZHANG Y D, *et al.* Pyramiding of translucent endosperm mutant gene *Wx-mq* and rice stripe disease resistance gene *Stv-b<sup>i</sup>* by marker-assisted selection in rice (*Oryza sativa*) [J]. *Chin J Rice Sci*, 2010, 24(4); 341-347.
- [13] 蔡治军, 黄 菊, 王英存, 等. 分子标记辅助育种选育黑色香型巨胚水稻 [J]. 分子植物育种, 2014, 12(6); 1 112-1 118.  
CAI Z J, HUANG J, WANG Y C, *et al.* Developing black aromatic giant-embryorice by molecular marker-assisted breeding [J]. *Molecular Plant Breeding*, 2014, 12(6); 1 112-1 118.
- [14] 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; 557-565.
- [15] 吴书俊, 梁国华, 闫 影, 等. 一种与水稻抗条纹叶枯病基因位点紧密连锁的 STS 分子标记及应用(中国, 10138338.3) [P]. 2014-04-08.
- [16] LIANG G H, CAO X Y, SUI J M, *et al.* Fine mapping of a semidwarf gene *sd-g* in indica rice (*Oryza sativa* L.) [J]. *Science Bulletin*, 2004, 49(9); 900-904.
- [17] LOUIS M T, ROBERT J, JIN Q S, *et al.* A perfect marker for fragrance genotyping in rice [J]. *Molecular Breeding*, 2005, 16; 279-283.
- [18] 徐小龙, 赵国超, 李建粤. 24 种香稻品种甜菜碱醛脱氢酶 2 基因突变位点的分析及分子标记开发 [J]. 植物分类与资源学报, 2011, 33(6); 667-673.  
XU X L, ZHAO G C, LI J Y. Development of molecular markers used to identify two types of fragrant rice and analysis of mutation sites of *BADH2* gene in 24 varieties of fragrant rice [J]. *Plant Diversity and Resources*, 2011, 33(6); 667-673.
- [19] 刘 艳, 付 强, 戎 洁, 等. 分子标记辅助选育抗水稻条纹叶枯病的‘红血糯’种质 [J]. 西北植物学报, 2014, 34(2); 251-255.  
LIU Y, FU Q, RONG J, *et al.* Molecular marker-assisted selection method for detecting rice strip virus resistance in ‘Hongxuenuo’ hybrid progenies [J]. *Acta Botanica Boreali-Occidentalia Sinica*, 2014, 34(2); 251-255.
- [20] 陈 涛, 吴 昊, 张亚东, 等. 聚合 *Stv-b<sup>i</sup>* 和 *Wx-mq* 基因改良武育梗 3 号条纹叶枯病抗性和食味品质 [J]. 中国水稻科学, 2015, 29(5); 476-474.  
CHEN T, WU H, ZHANG Y D, *et al.* Improving resistance to rice stripe disease and eating quality of Wuyujing 3 by pyramiding *Stv-b<sup>i</sup>* and *Wx-mq* [J]. *Chin J Rice Sci*, 2015, 29(5); 476-474.
- [21] 杜雪树, 夏明元, 李进波, 等. 分子标记辅助选择选育香稻恢系 [J]. 华中农业大学学报, 2009, 28(6); 651-654.  
DU X S, XIA M Y, LI J B, *et al.* Breeding of restore lines with fragrance gene by marker-assisted selection in rice [J]. *Journal of Huazhong Agricultural University*, 2009, 28(6); 651-654.
- [22] 朱映东, 时亚琼, 周锋利, 等. 分子标记辅助选育香型巨胚水稻 [J]. 上海师范大学学报(自然科学版), 2013, 42(6); 623-628.  
ZHU Y D, SHI Y Q, ZHOU F L, *et al.* Development of aromatic giant-embryo rice by molecular marker-assisted selection [J]. *Journal of Shanghai Normal University* (Natural Sciences), 2013, 42(6); 623-628.
- [23] 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 *Stv-b<sup>i</sup>* [J]. 作物学报, 2011, 37(6); 975-981.  
WANG J, YANG J, CHEN Z D, *et al.* Pyramiding resistance gene *Pi-ta*, *Pi-b* and *Stv-b<sup>i</sup>* by marker-assisted selection in rice (*Oryza sativa* L.) [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2011, 37(6); 975-981.

(编辑: 宋亚珍)