

广西野生稻资源抗稻瘟病材料的鉴定与评价

韦燕萍^{1 5} 黄大辉^{2 3} 陈英之^{1 3} 刘 驰² 杨 朗^{1 4} 罗雪梅³ 马增凤^{1 2} 张月雄^{1 2}
刘亚利^{1 3} 杨新庆² 李容柏^{1 2 3,*}

(¹广西作物遗传改良生物技术重点开放实验室, 广西 南宁 530007; ²广西农业科学院 水稻研究所, 广西 南宁 530007; ³广西大学 农学院/生命科学与技术学院, 广西 南宁 530005; ⁴广西农业科学院 植物保护研究所, 广西 南宁 530007; ⁵广西农业科学院 情报研究所, 广西 南宁 530007; * 通讯联系人, E-mail: lirongbai@gxaas.net)

Identification and Evaluation of Resistance to Rice Blast in Guangxi Wild Rice Resources

WEI Yan ping^{1 5}, HUANG Da hui^{2 3}, CHEN Ying zhi^{1 3}, LIU Chi², YANG Lang^{1 4}, LUO Xue mei³, MA Zeng feng^{1 2},
ZHANG Yue xiong^{1 2}, LIU Ya li^{1 3}, YANG Xin qing², LI Rong bai^{1 2 3,*}

(¹ Guangxi Crop Genetic Improvement and Biotechnology Laboratory, Nanning 530007, China; ² Rice Research Institute, Guangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanning 530007, China; ³ College of Agriculture/College of Life Science & Technology, Guangxi University, Nanning 530005, China; ⁴ Plant Protection Research Institute, Guangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanning 530007, China; ⁵ Agro information Research Institute, Guangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanning 530007, China; * Corresponding author, E-mail: lirongbai@gxaas.net)

Abstract: Rice blast, caused by *Magnaporthe grisea*, is one of the most destructive diseases in rice worldwide. Exploitation of resistance gene resources for rice breeding is of most importance in control of this disease. Thirty-eight of 1500 accessions of *Oryza rufipogon* Griff. and 18 of 113 accessions of *O. officinalis* Wall. ex Watt. originated from Guangxi, China were found to be resistant to the disease. In natural field nursery assessment, there was no significant difference in the frequency distributions at different disease index levels in different years for *O. rufipogon* and *O. officinalis*. The frequency and resistance stability of resistant plants in *O. officinalis* were obviously higher than those in *O. rufipogon*, which indicated that the *O. officinalis* species was a specific resistant type to the blast, with new type of resistance genes of important value. The study also indicated that homozygosity by selfing could significantly enhance the mean resistance level of *O. rufipogon* and *O. officinalis*. In natural field nursery assessment, the ratio of resistant plants had not significant correlation with genetic diversity in the regional population groups of *O. rufipogon*.

Key words: rice blast; resistance resources; *Oryza rufipogon*; *Oryza officinalis*; genetic diversity

摘 要: 经过 3 代自交纯化与稻瘟病抗性鉴定, 在 1500 份普通野生稻 (*Oryza rufipogon* Griff.) 中发现 38 份抗病材料, 在 113 份药用野生稻 (*O. officinalis* Wall. ex Watt.) 中发现 18 份抗病材料。普通野生稻和药用野生稻相同材料在不同年份的田间病区诱发鉴定中, 各级抗性植株分布差异不显著, 鉴定结果表现一致。与普通野生稻相比, 广西药用野生稻抗性基因发生的频率显著较高、抗性稳定, 是一种特殊抗性类型, 从中获得具有重要利用价值的新抗性基因的可能性较大。研究还表明, 自交提纯能够明显提高这两种野生稻的平均抗性水平。在田间病区诱发条件下, 广西普通野生稻抗性材料出现的频率与地区居群的遗传多样性没有显著相关性。

关键词: 稻瘟病; 抗性资源; 普通野生稻; 药用野生稻; 遗传多样性

中图分类号: S435.111.2; S435.111.4+1; S511.024 文献标识码: A 文章编号: 1001-7216(2009)04-0433-04

稻瘟病由 *Magnaporthe grisea* (Hebert) Barr. 引起, 是 世界各稻区水稻的重要病害^[1]。选育抗病品种是防治该病 害最为经济有效的方法。然而, 由于稻瘟病菌生理小种易发 生变异, 生产上抗性品种经 3~5 年种植便往往丧失抗性, 因 此, 抗稻瘟病品种的选育要持续进行, 而抗性资源的发掘和 利用是培育抗稻瘟病水稻的重要基础。目前, 育种上研究和 利用的稻瘟病抗源, 大部分来自栽培稻^[2]。野生稻是栽培稻 的祖先, 经过长期的多样性生态环境选择进化, 富含水稻育 种可利用的重要基因。野生稻含有一定比例的稻瘟病抗性 资源^[3-4], 但野生稻中的抗性基因结构保守, 与已知基因具有 很高的同源性^[5-6], 尚未发现新类型抗性基因资源。野生稻 由于受柱头外露等因素的影响, 自然异交率高, 其有利性状 通常处于杂合或不稳定状态^[7]。为了获得抗性纯合品系进 行遗传分析和育种利用, 通常对野生稻进行花药培养^[8]。

广西具有丰富的野生稻种质资源, 是我国重要的野生稻 自然分布区之一。遗传多样性是植物保护利用研究的核心 问题之一^[9]。广西野生稻遗传多样性已得到广泛研究^[10-13], 但少见定量分析居群遗传多样性与野生稻有利性 状(如抗病性)相互关系的报道。

本研究利用广西普通野生稻和药用野生稻进行稻瘟病 抗性资源筛选, 通过多代自交提纯的方法提高材料的抗性水 平, 利用 SSR 标记研究广西普通野生稻的 8 个地区居群集群 的遗传多样性, 再进行遗传多样性与地区居群对稻瘟病抗性 的相关性分析, 以期发掘抗性基因资源, 用于抗性品种

收稿日期: 2008-12-03; 修改稿收到日期: 2009-03-09。
基金项目: 广西科技创新能力与条件建设资助项目(桂科能 05112001-1A1, 0630006-5B, 0630006-5F, 0815011-6-1)。
第一作者简介: 韦燕萍(1957-), 女, 副研究员。

的选育。

1 材料与amp;方法

1.1 野生稻材料

供试材料为来自广西南宁国家野生稻保存圃的 1500 份普通野生稻和 113 份药用野生稻材料。田间病区诱发鉴定材料于 2005 年和 2006 年春季种植 ,将鉴定后表现较好的材料的种茎幼蘖移栽 ,进行苗期接种复筛 ,表现抗病的材料套袋自交 ,收集自交种。自交种于 2007 年春季开始种植 ,采用苗期接种鉴定 ,病级低于 5 的植株遮光抽穗后 ,套袋自交收种 ,秋季播种鉴定 ,按上述方法收种 ,来年再进行播种鉴定。相关分析材料于 2008 年春季播种 ,利用田间病区诱发方法进行鉴定。

1.2 大田病区诱发鉴定

适时种植 ,每编号插 2 丛 ,丛距 0.5 m×0.5 m ,田块四周及走道隔行插诱病兼感病对照品种丽江新团黑谷 ,抗病对照品种为特特普。

1.3 苗期接种复选

田间自然诱病鉴定表现较抗病的普通野生稻和药用野生稻 ,以种茎幼蘖移植 ,定根后施尿素 120 kg/hm² ,施肥后 3 d 接种鉴定。药用野生稻采用 F1、G1 病菌小种 ,普通野生稻采用 A1、A17、B1、B7、B13、B15、C15 ,人工高压喷雾混合接种 ,孢子浓度为 1×10⁵个/mL ,接种苗于 26℃ 黑暗中保湿 24 h ,后移至 26~28℃ 的保湿棚内继续保湿 ,6 d 后调查记载发病情况。

1.4 鉴定标准

采用 IRRI的叶瘟评价标准^[14] ,0 级为免疫 ,1 级为高抗 ,3 级为抗 ,5 级为中抗 ,7 级为中感 ,9 级为感病。

1.5 地区居群遗传多样性分析

按照梁燕理等^[12]方法进行。从水稻 SSR 引物中挑选均匀分布在水稻基因组 12 条染色体上的且能扩增出多态性条带的 24 对引物 ,对广西 8 个居群野生稻进行检测 ,并根据带型计算出居群遗传多样性指数。由于各地区现存的野生稻大群体已经很少 ,小群体缺乏遗传代表性 ,因而我们把每一

地区的所有野生稻居群合起来当作一个单位——地区居群 (regional population)进行遗传多样性分析并判断与抗病性的关系。

1.6 卡方检测及相关性分析

参考《试验统计方法》^[15] ,利用 Excel 软件进行统计分析。

2 结果与分析

2.1 普通野生稻对稻瘟病的抗性反应

在 2005 - 2006 年所有的田间病区诱发和苗期接种复筛鉴定中 ,对照品种特特普表现为抗病 ,丽江新团黑谷感病。2005 年田间病区诱发鉴定结果表明 ,1500 份普通野生稻材料中 ,1 级高抗的有 3 份 (0.2%) ,3 级抗病的有 10 份 (0.7%) ,5 级中抗的有 122 份 (8.1%) ,7 级中感的有 930 份 (62.0%) ,9 级感病的有 435 份 (29.0%) (表 1)。2006 年田间病区诱发鉴定 ,1500 份普通野生稻中 ,1、3、5、7、9 级材料分别有 2 份 (0.1%)、6 份 (0.4%)、105 份 (7.0%)、761 份 (50.7%)、626 份 (41.7%) (表 1) ,1、3、5、7 级植株比例比 2005 年分别下降 0.1、0.3、1.1 和 11.3 个百分点 ,而 9 级植株比例上升 12.7 个百分点 ,但卡方检测表明 ,两年间各病级植株分布变化差异不显著[$\chi^2=7.94$, $P_{(0.05,4)}=9.49$] ,说明普通野生稻在田间病区诱发鉴定中 ,群体抗性表现较为稳定。经田间病区诱发鉴定 ,种茎分蘖移栽后 ,进行苗期接种复筛 ,两年均未发现病级 ≤3 的材料 ;2005 年 425 份材料中 ,有 25 份 (5.9%)5 级中抗材料 ,63 份 (14.8%)7 级中感材料 ,337 份 (79.3%)9 级感病材料 ;2006 年 188 份材料中 ,5、7、9 级植株分别为 21 份 (11.2%)、55 份 (29.3%)和 112 份 (59.6%) (表 1)。

2.2 药用野生稻对稻瘟病的抗性反应

在两年的田间病区诱发鉴定中 ,没有发现病级 ≤1 或 ≥9 的药用野生稻材料 (表 1)。2005 年 ,113 份药用野生稻材料中 ,3 级抗病的有 3 份 (2.7%) ,5 级中抗的 85 份 (75.2%) ,7 级感病的 25 份 (22.1%) ;2006 年鉴定 ,3、5、7 级材

表 1 广西普通野生稻和药用野生稻对稻瘟病的抗性鉴定

Table 1 Reaction of *O. rufipogon* and *O. officinalis* to rice blast in the natural field nursery assessment and seedling artificial inoculation evaluation .

野生稻类型与鉴定方法 Type of wild rice and evaluation method	年份 Year	鉴定总份数 Test number of accessions	各抗性级别的材料份数和比例 No . of accessions and percentage at a resistance level				
			1	3	5	7	9
普通野生稻 <i>O . rufipogon</i>							
田间病区诱发 Field nursery assessment	2005	1500	3(0 .2)	10(0 .7)	122(8 .1)	930(62 .0)	435(29 .0)
苗期接种复筛 Seedling artificial inoculation evaluation	2006	1500	2(0 .1)	6(0 .4)	105(7 .0)	761(50 .7)	626(41 .7)
田间病区诱发 Field nursery assessment	2005	425	0(0 .0)	0(0 .0)	25(5 .9)	63(14 .8)	337(79 .3)
苗期接种复筛 Seedling artificial inoculation evaluation	2006	188	0(0 .0)	0(0 .0)	21(11 .2)	55(29 .3)	112(59 .6)
药用野生稻 <i>O . of ficinalis</i>							
田间病区诱发 Field nursery assessment	2005	113	0(0 .0)	3(2 .7)	85(75 .2)	25(22 .1)	0(0 .0)
苗期接种复筛 Seedling artificial inoculation evaluation	2006	113	0(0 .0)	1(0 .9)	84(74 .3)	28(24 .8)	0(0 .0)
田间病区诱发 Field nursery assessment	2005	60	0(0 .0)	0(0 .0)	35(58 .3)	15(25 .0)	10(16 .7)
苗期接种复筛 Seedling artificial inoculation evaluation	2006	50	0(0 .0)	0(0 .0)	30(60 .0)	16(32 .0)	4(8 .0)

括号中数据表示该抗性级别的材料占总数的百分比。下表同。
Data in the parentheses refer to percentage of the test materials . The same as in Table 2 .

料分别为 1 份(0.9%)、84 份(74.3%)和 28 份(24.8%)(表 1)。卡方检验表明两年间各病级植株分布变化差异不显著 [$\chi^2 = 1.51$, $P_{(0.05, 4)} = 9.49$],说明药用野生稻在田间病区诱发鉴定中,群体抗性表现较为稳定。在苗期接种复筛,两年均未发现病级 3 的材料;2005 年鉴定的 60 份材料中,5 级中抗的有 35 份(58.3%),7 级感病的有 15 份(25.0%),9 级感病的有 10 份(16.7%);2006 年鉴定的 50 份材料中,抗性级别为 5、7、9 级植株分别为 30 份(60.0%)、16 份(32.0%)和 4 份(8.0%)(表 1)。

2.3 普通野生稻与药用野生稻抗性反应的比较

比较两种野生稻可以发现,无论是田间病区诱发还是苗期接种鉴定,两年中普通野生稻 1~5 级抗性材料的比例均在 12%以下,田间病区诱发鉴定分别为 7.5%和 9.0%,苗期接种鉴定分别为 5.9%和 11.2%(表 1);而药用野生稻两种鉴定方式所获得的抗性材料比例可高达 58.0%~78.0%,田间病区诱发鉴定分别为 75.2%和 77.9%,苗期接种鉴定分别为 58.3%和 60.0%(表 1)。药用野生稻抗性材料比例明显高于普通野生稻,药用野生稻较普遍地具有稻瘟病抗性,而普通野生稻抗性材料比例较低,普遍不具有抗性,只有进行严格的抗性鉴定筛选才可以获得优良的抗性资源。

2.4 自交纯化提高稻瘟病抗性

自交提纯前,两种野生稻,在苗期接种复筛鉴定中,没有病级 3 的抗病材料(表 1)。普通野生稻自交提纯后,在自交第 1、2、3 代中 3 级抗病植株的比例随自交世代的增加而增大,5 级中抗植株的比例随世代增大而变小;7 级感病植株比例到自交第 3 代减少明显;自交 3 代后,没有 9 级感病植

株(表 2)。药用野生稻在自交第 1、2、3 代中 3 级抗病植株的比例也随自交世代的增加而增大;5 级中抗植株的比例到自交 3 代也明显变小;7 级感病植株的比例随世代增大而变小(表 2)。药用野生稻自交至第 2 代才出现 3 级抗病植株,3 个自交世代中,均没有 9 级感病植株(表 2)。经 3 代自交纯化后,在普通野生稻中有 38 份抗病材料,6 份中抗材料;在药用野生稻中,有 18 份抗病材料,15 份中抗材料。

2.5 普通野生稻居群稻瘟病抗性与遗传多样性相关分析

经田间病区诱发鉴定,来自广西 8 个不同县市的普通野生稻居群,按照抗性材料出现的频率由大到小,依次为:临桂(23.3%)>邕宁(23.2%)>容县(18.7%)>贵港(18.5%)>博白(16.2%)>平南(14.1%)>来宾(9.1%)>扶绥(6.1%)(表 3)。按照抗性材料的平均病级由小到大依次为:临桂(3.40)<邕宁(3.41)<容县(3.43)<来宾(3.50)<博白(3.60)<扶绥(3.74)<贵港(3.76)<平南(3.81)。居群遗传多样性指数从大到小依次为邕宁(0.573)>临桂(0.566)>扶绥(0.552)>容县(0.549)>贵港(0.537)>平南(0.445)>来宾(0.418)>博白(0.366)(表 3)。相关分析表明,在田间病区诱发条件下,广西普通野生稻抗性材料出现的频率与居群遗传多样性指数(H_e)相关系数为 $r = 0.4$,而抗性材料平均病级与 H_e 相关关系为 $r = -0.27$,两者均未达到显著水平(表 3)。

3 讨论

野生稻富含水稻育种所需的多种重要有利基因,它们对稻瘟病的抗性也得到育种工作者的关注。黄瑞荣等^[3]认为

表 2 抗性材料遗传纯合及对稻瘟病的抗性反应(苗期接种复筛)
Table 2 .Reaction of *O. rufipogon*and *O. officinalis*to the rice blast in different selfing generations(seedling artificial inoculation evaluation) .

野生稻种与鉴定方法 Evaluation method and wild rice species	自交世代 Selfing generation	鉴定总份数 Total number of accessions evaluated	各抗性级别材料份数和比例 No . of accessions and percentage at a resistance level				
			No . of accessions and percentage at a resistance level				
			1	3	5	7	9
普通野生稻 <i>O. rufipogon</i>	1	49	0(0.0)	6(12.2)	32(65.3)	9(18.4)	2(4.1)
	2	37	0(0.0)	14(37.9)	12(32.4)	8(21.6)	3(8.1)
	3	47	0(0.0)	38(80.8)	6(12.8)	3(6.4)	0(0.0)
药用野生稻 <i>O. officinalis</i>	1	34	0(0.0)	0(0.0)	26(76.5)	8(23.5)	0(0.0)
	2	78	0(0.0)	5(6.4)	68(87.2)	5(6.4)	0(0.0)
	3	35	0(0.0)	18(51.4)	15(42.9)	2(5.7)	0(0.0)

表 3 不同来源普通野生稻抗性资源的频率、平均病级及遗传多样性指数
Table 3 Frequency of resistant materials ,average disease rating and genetic diversity index of *O. rufipogon*originated from different regional population groups .

地区居群 Regional population	鉴定份数 No . of accessions evaluated	抗性材料(病级 5)			遗传多样性指数 Genetic diversity index (He)
		Resistant materials (Disease rating 5)			
		份数 No .	频率 Frequency/%	平均病级 Mean disease rating	
邕宁 Yongning	155	36	23.2	3.41	0.573
扶绥 Fusui	260	16	6.1	3.74	0.552
来宾 Laibin	382	35	9.1	3.50	0.418
博白 Bobai	37	6	16.2	3.60	0.366
平南 Pingnan	283	40	14.1	3.81	0.445
贵港 Guigang	65	12	18.5	3.76	0.537
容县 Rongxian	32	6	18.7	3.43	0.549
临桂 Lingui	30	7	23.3	3.40	0.566
合计 Total	1244	158	12.7	3.58	0.500

东乡野生稻群体对稻瘟病和纹枯病的抗性较差,而仍存在中抗类型的个体。梁斌等^[16]研究发现云南普通野生稻高感稻瘟病,药用野生稻感病,而疣粒野生稻为中抗。而耿显胜等发现景洪直立型紫秆普通野生稻高抗稻瘟病^[17]。关于广东野生稻对稻瘟病抗性的报道还很少见。与此相比,广西野生稻含有较为丰富的稻瘟病抗性资源,有高抗稻瘟病的普通野生稻和药用野生稻^[4]。本研究对 1500 份普通野生稻和 113 份药用野生稻进行了稻瘟病抗性鉴定,获得多份抗或中抗材料,没有高抗材料,这与以往结果有所不同。这可能是由材料、菌种、鉴定方法之间的差异造成的。研究表明野生稻中的稻瘟病抗性基因结构保守,与已知基因具有很高一致性^[5-6],尚未发现新类型抗性基因资源。因此,为了丰富稻瘟病抗性资源,应该加强对野生稻,特别是广西野生稻的发掘和利用研究。

与普通野生稻相比,药用野生稻抗性材料出现的频率显著较高、抗性稳定,表明药用野生稻是一种特殊抗性类型。由于它与普通野生稻和栽培稻不同染色体组,因此,从药用野生稻中获得新抗性基因的可能性很大,药用野生稻是重要的新抗性基因源。目前还没有关于从药用野生稻中鉴定出稻瘟病抗性基因的报道,但在目前已知的稻瘟病抗性基因同源性大^[5-6]的情况下,加强药用野生稻稻瘟病抗性基因的鉴定对于获得新类型的抗性基因,更有效地通过基因的应用防治稻瘟病具有重要的意义。

野生稻由于异交率高,基因杂合性大,为更准确评价野生稻的抗性,需要培育抗性纯合系进行遗传分析和育种利用,通常采用花药培养的方法。但花药培养诱导率低^[18],操作烦琐,成本较高,所以花药培养不适合用于大批材料的抗源筛选分析。本研究发现通过多代自交,能够促进鉴定群体基因纯合,提高材料抗性水平,最终鉴定评价出较好的抗性材料。未经自交提纯的普通野生稻和药用野生稻,在苗期接种复筛鉴定中均没有抗性级别小于 3 的抗病或高抗材料。普通野生稻自交 1 代,就获得 12.2% 的 3 级抗病植株,自交第 2、3 代 3 级抗病植株比例分别为 37.8% 和 80.9%,比例随自交世代的增加而增大(表 2);药用野生稻,自交至第 2 代才出现 3 级抗病植株,自交第 2、3 代 3 级抗病植株比例分别为 6.4% 和 51.4%,自交第 3 代比第 2 代增加 45% (表 2),说明自交提纯能够明显提高材料的抗性水平。截至 2007 年 12 月,经国际注册或期刊报道的已定位主效抗稻瘟病基因达 67 个,其中 66 个为显性基因,只有 1 个为隐性基因(可访问国家水稻数据中心的基因数据库 <http://www.ricedata.cn/gene.htm> 浏览最新整理结果^[19])。这两种野生稻居群内所含稻瘟病抗性基因可能显性不够完全或有基因剂量效应,或有不只一个基因决定抗性,此外,基因间可能存在互作^[20]。因此,普通野生稻经过多代鉴定自交,由于基因剂量效应或基因间互作,抗性水平经过多代累加而得到提高。为何药用野生稻自交 2 代后,抗性才得到明显提高(出现 3 级抗性材料)? 这可能与药用野生稻抗性由更多的基因控制有关。因为与普通野生稻相比,在两年的田间诱发和 3 个自交世代苗期接种鉴定中,药用野生稻没有表现出极端感病或抗病,而是耐病(表 1 和表 2)。

遗传多样性是野生稻保护利用研究的核心问题之一。广西野生稻作为全国野生稻重要组成部分,其遗传多样性得

到广泛研究。一般认为种质资源遗传多样性越高,其蕴含的有利基因越丰富,但少有定量分析种质资源某一有利性状与遗传多样性之间关系的报道。本研究发现,广西普通野生稻抗性材料出现的频率和抗性材料平均病级与居群遗传多样性指数(H_e)的相关关系都不显著,表明抗性材料的频率与特定居群有关(表 3),而与居群遗传多样性无关。

本研究已经获得了一批抗稻瘟病野生稻材料,为进一步筛选出抗源打下了基础。我们将加强抗源材料的遗传纯合、对病源抗谱的测定和利用分子生物学手段进行基因同源性分析,从而确定有利用价值的新抗源。

参考文献:

[1] Baker B, Zambryski P, Staskawicz B, et al. Signaling in plant-microbe interactions. *Science*, 1997, 276(5313): 726-733.

[2] 王忠华. 水稻抗稻瘟病基因的标记辅助选择及定位克隆. *生命科学*, 2005, 17(2): 183-188.

[3] 黄瑞荣, 李湘民, 华菊玲, 等. 东乡野生稻种质资源的抗病稳定性研究. *江西农业学报*, 2007, 19(1): 62-64.

[4] 李容柏, 秦学毅. 广西野生稻抗病虫性鉴定研究的主要进展. *广西科学*, 1994(1): 83-85.

[5] Huang C L, Hwang S Y, Chiang Y C, et al. Molecular evolution of the *Pi-ta* gene resistant to rice blast in wild rice (*Oryza rufipogon*). *Genetics*, 2008, 179(3): 1527-1538.

[6] 刘继海, 程在全, 杨明攀, 等. 云南 3 种野生稻中抗病基因同源序列的克隆及序列分析. *中国农业科学*, 2003, 36(3): 273-280.

[7] 章琦, 赵炳宇, 赵开军, 等. 普通野生稻抗水稻白叶枯病 (*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*) 新基因 *Xa23(t)* 的鉴定和分子标记定位. *作物学报*, 2000, 26(5): 536-542.

[8] 吴妙燊, 莫仲荣, 李道远, 等. 广西普通野生稻 (*Oryza sativa* f. *spontanea* Roschevicz) 花药培养的研究. *中国农业科学*, 1987, 20(2): 7-12.

[9] 王洪新, 胡志昂. 植物繁育系统、遗传结构和遗传多样性的保护. *生物多样性*, 1996, 4(2): 92-96.

[10] 余萍, 李白超, 张洪亮, 等. 广西普通野生稻 (*Oryza rufipogon* Griff.) 表型性状和 SSR 多样性研究. *遗传学报*, 2004, 31(9): 934-940.

[11] 李亚非, 陈成斌, 张万霞, 等. 我国北回归线区域普通野生稻遗传多样性和遗传结构研究. *植物遗传资源学报*, 2007, 8(3): 280-284.

[12] 梁燕理, 陈森, 刘驰, 等. 广西邕宁普通野生稻 (*Oryza rufipogon* Griff.) 种群遗传多样性及核心种质构建研究. *安徽农业科学*, 2008, 36(11): 4439-4441, 4447.

[13] 黄金艳, 陈森, 梁燕理, 等. 广西来宾市五里塘普通野生稻 (*Oryza rufipogon* Griff.) 居群遗传多样性与核心种质研究. *西南农业学报*, 2008, 21(2): 245-249.

[14] IRRI. Standard Evaluation System for Rice (SES). Los Banos, Philippines: IRRI, 2002: 15-16.

[15] 盖钧镒. 试验统计方法. 北京: 中国农业出版社, 2000.

[16] 梁斌, 肖放华, 黄费元, 等. 云南野生稻对稻瘟病的抗性评价. *中国水稻科学*, 1999, 13(3): 183-185.

[17] 耿显胜, 杨明攀, 黄兴奇, 等. 云南景洪直立型普通野生稻抗稻瘟病 *Pi-ta*⁺ 等位基因的克隆与分析. *遗传*, 2008, 30(1): 109-114.

[18] Wakasa K, Watanabe Y. Haploid plant of *Oryza perennis* (spontanea type) induced by anther culture. *Jpn J Breed*, 1979, 29: 146-150.

[19] 鄂志国, 庄杰云, 曹永生, 等. 基于 INTERNET 的水稻基因数据库信息系统. *中国水稻科学*, 2006, 20(6): 670-672.

[20] 鄂志国, 张丽靖, 焦桂爱, 等. 稻瘟病抗性基因的鉴定及利用进展. *中国水稻科学*, 2008, 22(5): 533-540.