

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2009.00597

水稻抗条纹叶枯病基因*Stv-bⁱ*的分子标记辅助选择

陈 峰¹ 周继华^{2,3} 张士永¹ 严长杰² 朱文银¹ 孙亚伟² 袁守江¹
杨连群^{1,*}

¹山东省水稻研究所, 山东济宁 272177; ²扬州大学教育部植物基因组学重点实验室, 江苏扬州 225009; ³上海农业科学院作物育种栽培研究所, 上海 201106

摘 要: 水稻条纹叶枯病是我国黄淮及长江流域粳稻区重要的病害。由于水稻条纹叶枯病的发病受外界条件影响较大, 人工接种抗性鉴定比较困难, 利用与抗病基因紧密连锁的分子标记进行标记辅助选择对提高抗性育种效率具有重要意义。来自籼稻抗源Modan的*Stv-bⁱ*是水稻育种中广泛应用的条纹叶枯病抗性基因。本研究设计与*Stv-bⁱ*紧密连锁的SSR及STS分子标记, 用 3 个抗条纹叶枯病混合群体F30718(圣稻13/镇稻 88)、F50701(武优34/T022//圣稻 806)、F60702 (V6/T022//镇稻 88)进行分子标记检测和田间条纹叶枯病抗性鉴定, 其结果的符合率分别为 99.3%、87.7%和 91.8%。表明这些分子标记可以用于条纹叶枯病抗性基因*Stv-bⁱ*分子标记辅助选择。

关键词: 水稻; 条纹叶枯病; 分子标记; 育种

Marker-Assisted Selection for *Stv-bⁱ* Gene Controlling Resistance to Rice Stripe Disease

CHEN Feng¹, ZHOU Ji-Hua^{2,3}, ZHANG Shi-Yong¹, YAN Chang-Jie², ZHU Wen-Yin¹, SUN Ya-Wei², YUAN Shou-Jiang¹, and YANG Lian-Qun^{1,*}

¹Shandong Rice Research Institute, Jining 272177, China; ²Key Laboratory for Plant Functional Genomics, Ministry of Education / Agricultural College, Yangzhou University, Yangzhou 225009, China; ³Crop Breeding and Cultivation Research Institute, Shanghai Academy of Agricultural Sciences, Shanghai 201106, China

Abstract: Rice stripe disease is one of the most serious viral diseases in Huang-Huai and Yangtze River *japonica* cultivating area in China, and has caused severe loss in rice production. The pathogen is rice stripe virus (RSV) and transmitted by the small brown plant-hopper, *Laodelphax striatellus* Fallen. Moreover, rice stripe disease is difficult to assess by the way of artificial inoculation, and easily affected by natural conditions, thereby marker-assisted selection using molecular markers closely linked to disease-resistant gene to improve the efficiency of resistance breeding programs is of great significance. At present, *Stv-bⁱ* is a widely utilized resistant gene for stripe virus disease in rice breeding that came from *indica* variety Modan, and *Stv-bⁱ* has been fine mapped on chromosome 11. In this study, eight molecular markers, including three SSR (Simple Sequence Repeat) and five STS (Sequence-tagged Sites), closely linked to *Stv-bⁱ*, were developed and displayed polymorphic between Shengdao 13 and Zhendao 88. Among them, three markers, H21, H11-8, and H11-12 were subsequently used for marker-assisted selection. The individual seedlings of three compound breeding populations, F30718 (Shengdao 13/Zhendao 88), F50701 (Wuyou 34/T022//Shengdao 806), and F60702 (V6/T022//Zhendao 88) were genotyped with molecular markers H21, H11-8, and H11-12. The lines from these populations checked by marker-assisted selection to rice strip disease were also investigated under field conditions at next generation. The consistency between field performance and the marker genotype in the three compound breeding populations was 99.3%, 87.7%, and 91.8%, respectively. The results indicated that these molecular markers can be applied for marker-assisted selection in the improvement of resistance to RSV.

Keywords: Rice; Stripe virus disease; Molecular marker; Breeding

水稻条纹叶枯病是由水稻条纹病毒(rice stripe virus, RSV)引起的病毒病, 它的传毒介体是灰飞虱

本研究由山东省农业科学院高新技术自主创新基金项目(2006YCX006 和 2007YCX007), 江苏省高校重点实验室开放课题(K06001), 山东省农业良种工程项目(2007LZ006-02), 国家科技支撑计划项目(2006BAD01A01-5)资助。

* 通讯作者(Corresponding author): 杨连群, E-mail: yangdsd@sohu.com

第一作者联系方式: E-mail: chenfeng7902@sohu.com

Received(收稿日期): 2008-08-11; Accepted(接受日期): 2008-12-08.

(*Laodelphax striatellus* Fallén)。近几年随着栽培技术、气候变化以及感病高产品种的推广应用,传毒介体灰飞虱种群不断扩大,我国黄淮及长江流域粳稻区水稻条纹叶枯病的发生逐年加重^[1-2]。选育优良的抗病品种,利用品种自身的抗性是防治条纹叶枯病最经济有效的方法^[2]。由于水稻条纹叶枯病的发病受外界条件影响较大,抗性鉴定比较困难,因此找到与抗病基因紧密连锁的分子标记对于抗性育种具有非常重要的意义。

来自粳稻抗源Modan的*Stv-bⁱ*是目前育种中广泛应用的条纹叶枯病抗性基因。在20世纪60年代,日本和韩国利用它育成了一大批高抗、优质品种,在生产上已经保持了几十年的持久抗性。潘学彪等^[4]对江苏省部分抗条纹叶枯病粳稻品种的系谱进行了研究,表明镇稻88、镇稻99和徐稻3号等的抗性基因最初也来自Modan。

随着分子标记技术的出现和发展,条纹叶枯病抗性基因的分子定位也取得了重要进展。Hayano-Saito等^[5-6]利用RFLP标记将*Stv-bⁱ*定位在第11染色体上,共筛选到4个紧密连锁的分子标记,并构建了*Stv-bⁱ*基因位点的物理图谱,由18个BAC (Bacteria Artificial Chromosome)克隆组成,横跨XNpb220与XNpb257标记间的1.8 cM区段,覆盖的物理距离大约为286 kb左右。Wu等^[7]利用抗病亲本粳稻Dular和感病亲本粳稻Balilla杂交构建的F₂无性系群体^[8],在第11染色体上定位了2个条纹叶枯病抗性基因*qSTV-11b*和*qSTV-11c*,其中*qSTV-11b*与*Stv-bⁱ*位置相近,*qSTV-11c*可能是一个新的抗性基因位点。丁秀兰等^[9-10]在粳稻Dv85中检测到2个抗病QTL,一个QTL与*Stv-bⁱ*位置相同,另一个在第7染色体;Maeda等^[11]在日本陆稻品种Kanto72中检测到2个抗病QTL,一个在第2染色体,另一个与*Stv-bⁱ*等位,但效应更大。

因*Stv-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。本文即是根据Hayano-Saito等^[5-6]及Wu等^[7]定位的结果,设计与*Stv-bⁱ*紧密连锁的SSR/STS分子标记,并结合条纹叶枯病田间抗性鉴定,分析这些分子标记的选择效率及在抗条纹叶枯病分子标记辅助育种中的应用价值。

1 材料与方法

1.1 供试材料与田间种植

抗条纹叶枯病混合改良群体F30718(圣稻13/镇

稻88)、F50701(武优34/T022//圣稻806)和F60702(V6/T022//镇稻88),其世代分别为自交F₃代、三交F₅和F₆代。为方便表述分别用群体A、B、C表示。2007年种植A、B、C群体各2000株,分蘖期选单株挂牌取叶片提取基因组DNA,并进行分子标记检测,共检测617个单株,成熟期收获各检测单株,根据农艺性状及室内考种淘汰345个单株。2008年共种植272个株系(其世代分别为F₄、F₆、F₇代),每系100个单株,株行距15 cm × 25 cm,并以圣稻13、镇稻88作感病和抗病对照。圣稻13的亲本组合武优34/T022,是山东省水稻研究所育成的高产、优质、高抗稻瘟病品种,但感条纹叶枯病^[12];镇稻88为江苏省镇江农业科学研究所育成的抗条纹叶枯病品种,带有*Stv-bⁱ*基因。圣稻806的亲本组合为镇稻88/圣稻301,条纹叶枯病田间抗性与镇稻88相当,推测其抗性基因也是*Stv-bⁱ*。

1.2 条纹叶枯病抗性鉴定

采用田间自然接种方法进行条纹叶枯病抗性鉴定,选择在灰飞虱虫源丰富的小麦田边育秧,5月下旬麦收时灰飞虱大量迁飞到秧田,虫源丰富,可以保证鉴定的可靠性。7月中旬调查各株系及对照品种的条纹叶枯病发病情况。根据株系发病率(infection rate, IR),即发生病症的株数与总株数之比和病级指数(disease rating index, DRI)确定株系的抗感水平,病级指数参照Washiot等^[13]的抗性鉴定标准。

1.3 *Stv-bⁱ*连锁分子标记的开发

根据Hayano-Saito等^[5-6]及Wu等^[7]的定位结果,设计与条纹叶枯病抗性基因*Stv-bⁱ*连锁的SSR及STS分子标记。利用网站(<http://shenghuan.shtu.edu.cn>)上水稻DNA多态性数据库中关于Insertion/Deletions(InDels)的信息,再通过提供的目的InDels(20 bp序列差异)两侧各20 bp的序列及其位置,在相应的BAC上找到其两侧的基因组序列,然后根据这些序列通过Primer Premier 5.0软件设计引物。

1.4 DNA提取与分子标记检测

在分蘖盛期取幼嫩叶片,采取CTAB法提取基因组DNA,PCR体系含模板DNA 20 ng, 2.0 mmol L⁻¹ ×PCR缓冲液, 1.5 mmol L⁻¹ MgCl₂, 2.0 mmol L⁻¹ dNTP混合物, 2.0 mmol L⁻¹ 引物组合, Taq DNA聚合酶 0.2 μmol L⁻¹,再加无菌超纯水补足至20 μL。扩增程序为:(1) 95 °C 预变性 5 min;(2) 94 °C 变性 1 min, 55~58 °C 退火 1 min, 72 °C 延伸 1 min 30 s,共34个循环;(3) 72 °C 延伸 10 min。用3%的琼脂糖凝胶电泳检

测PCR产物。

2 结果与分析

2.1 亲本间多态分子标记的获得

根据Hayano-Saito等^[5-6]及Wu等^[7]的定位结果,发现*Stv-bⁱ*位于*qSTV-11b*和*qSTV-11c*之间,因此,我们根据三者所在的染色体区间,共设计了26个分子标记,其中在对照亲本圣稻13、镇稻88间具有多态

性的标记有8个,包括3个SSR (simple sequence repeat)标记和5个STS (sequence-tagged sites)标记。其中标记H21、H11-8、H11-12在抗病亲本镇稻88、圣稻806与感病亲本圣稻13、武优34、T022、V6之间都具有多态性,且条带清晰,用于群体的单株检测。表1列出了多态标记H21、H11-8和H11-12的引物序列及在第11染色体上的位置,这3个标记均与*Stv-bⁱ*基因存在紧密连锁。

表 1 新发展的多态性标记的引物信息
Table 1 Information of newly developed polymorphic markers

标记 Marker	序列 Sequence (5'-3')	所在 BAC BAC clone	在 Chr. 11 上的位置 Location on Chr. 11
H11-8	Forward: GAACGTATGTCCCTCACTAC Reverse: CTCTACCAAACGGTCTAACT	AC124151	17265485-17265653
H11-12	Forward: AGACTGAGGGTCTGCTTGGT Reverse: TTAATAGGTGGCCGACGGTT	AC150202	17442667-17442848
H21	Forward: GAGGTAGTATATTGGCAGG Reverse: AGGGATGTAAGTGTGGAG	AC150702	18408966-18409167

2.2 群体的条纹叶枯病调查及*Stv-bⁱ*分子标记检测

2007年7月中旬,调查群体A、B、C的条纹叶枯病田间自然发病情况,病株率分别为6.2%、8.7%、10.2%。选群体中长势良好不发病的单株挂牌取叶片提取基因组DNA,用H21、H11-8、H11-12共检测

617个单株,获得在3个标记座位上带有抗病亲本纯合基因型的单株249株,3个标记座位上全带有感病亲本基因型的单株有267株,在3个标记位点为杂合型及3个标记间抗感带型不一致的单株101株(表2)。图1和图2为群体A和C部分单株用H21分子标记检测电泳图。

表 2 3个群体的分子标记检测结果
Table 2 The results of molecular marker detection in three populations

群体 Population	组合及世代 Cross and generation	纯合抗病 Resistant homozygote	纯合感病 Susceptible homozygote	杂合或3个位点抗感不一致的基因型 Heterozygote or inconsistency of genotypes at the three loci
F30718	圣稻13/镇稻88 Shengdao 13/Zhendao 88	89	78	63
F50701	武优34/T022//圣稻806 Wuyou 34/T022//Shengdao 806	125	47	24
F60702	V6/T022//镇稻88 V6/T022//Zhendao 88	35	142	14

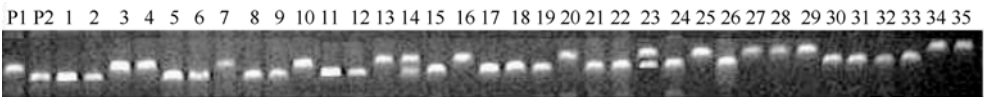


图 1 分子标记 H21 在 F30718 群体部分单株的检测结果
Fig. 1 Genotype detection of some individuals in the population of F30718 using SSR marker H21
P1: 圣稻 13; P2: 镇稻 88; 1~35: F30718 群体的部分单株。
P1: Shengdao 13; P2: Zhendao 88; 1-35: some individuals in the population of F30718.



图 2 分子标记 H21 在 F60702 群体部分单株的检测结果
Fig. 2 Genotype detection of some individuals in the population of F60702 using SSR marker H21
P1: V6; P2: T022; P3: 镇稻 88; 1~34: F60702 群体的部分单株。
P1:V6; P2: T022; P3: Zhendao 88; 1-34: some individuals in the population of F60702.

2.3 条纹叶枯病田间抗性鉴定结果

2007 年成熟期对条纹叶枯病检测单株进行农艺性状考查和收获, 淘汰 345 个农艺性状与外观品质差的单株。2008 年 7 月调查 3 个群体共 272 个株系的条纹叶枯病田间抗性, 包括入选株系 A 组合为 82 个(F_4 代), B 组合为 77 个(F_6 代), C 组合为 113 个(F_7 代)。为便于分析分子标记检测结果与条纹叶枯病田间抗性结果的符合率, 剔除分子标记检测为杂合带型株系(只分析分子标记检测为纯合带型的株系)。结果表明, 群体 A 用 H21、H11-8、H11-12 3 个分子标记检测全部为镇稻 88 带型(抗, + +)的 67 个系, 其中 66 个系田间鉴定为抗病, 1 个系田间鉴定为中感(病株率 8%, 病级指数 45%), 分子标记检测为圣稻 13

带型(感, - -)的 9 个系, 田间鉴定全部为感病, 符合率为 99.3%。群体 B 用 H21、H11-8、H11-12 三个分子标记检测全部为抗带型的 38 个系, 有 35 个系田间鉴定为抗病, 3 个系田间鉴定为感病, 分子标记检测为感带型的 18 个系, 15 个系田间鉴定为感病, 3 个系田间鉴定为抗病, 符合率为 87.7%; 群体 C 用 H21、H11-8、H11-12 3 个分子标记检测全部为抗带型的 14 个系, 其中 12 个系田间鉴定为抗病, 2 个系田间鉴定为感病, 3 个分子标记检测全为感病带型的 95 个系, 93 个系田间鉴定为感病, 2 个系田间鉴定为抗病, 符合率为 91.8%。结果列于表 3(圣稻 13 株系发率为 72.5%, 感病; 镇稻 88、圣稻 806 株系发率分别为 1.0%、0.7%, 抗病)。

表 3 条纹叶枯病株系鉴定结果(实际值)与分子标记检测(理论值)的符合率

Table 3 The consistency between resistant/susceptible to rice stripe virus performance and the molecular marker genotypes

群体 Population	田间抗株系数/理论抗株系数 No. of resistant lines under the field/No. of resistant lines based on genotype	田间感病株系数/理论感病株系数 No. of susceptible lines under the field/No. of susceptible lines based on genotype	符合率 Consistency (%)
F30718	66/67	9/9	99.3
F50701	35/38	15/18	87.7
F60702	12/14	93/95	91.8

3 讨论

由于水稻条纹叶枯病的发病受外界条件影响较大, 抗性鉴定比较困难, 找到与抗病基因紧密连锁的分子标记对于抗性育种具有非常重要的意义。目前日本和韩国已经开展了这方面的研究^[5-6,15], 找到了一些与 *Stv-bⁱ* 紧密连锁的 RFLP、RAPD、SCAR 标记, 但由于这些标记的方法操作步骤多, 技术要求高, 应用于分子标记辅助选择育种难度较大。Hayano-Saito 等^[5-6]对 *Stv-bⁱ* 进行了基因定位, 发现它与第 11 染色体的 RFLP 标记 ST10 完全连锁。Sugiura 等^[14]利用该标记进行了 *Stv-bⁱ* 的分子标记辅助育种, Tsuji 等^[15]将 ST10 转化成 SCAR 标记进行了分子标记辅助育种。孙林静等^[16]利用 ST10 标记检测了 39 份育种亲本材料和中间材料, 对其进行了条纹叶枯病田间抗性调查, 表明分子标记 ST10 能准确地选择到含 *Stv-bⁱ* 基因的材料。但是, ST10 标记本身是一个显性标记, 在标记辅助育种中有一定的局限性。本研究开发的 SSR(或 STS)标记, 是共显性标记, 具有易于检测、重复性好、成本较低等优点, 对提高选择效率具有重要意义。我们同时利用 ST10 检测了部分水稻品种, 结果表明在一些感病品种如武育粳 3

号同样可以扩增出条带, 并且与镇稻 88 表现多态(数据未列出), 其是否为广适性显性标记, 以及 ST10 与本研究开发的标记的位置关系还有待于进一步研究。

在标记辅助育种中, 对目的基因选择的准确性是一个核心的问题, 标记的准确与否直接影响到分子标记选择的成败。本研究利用田间抗性鉴定验证, 结果表明利用 3 个标记同时对目的基因进行选择, 其准确性接近或超过 90%, 为利用分子标记辅助选择改良条纹叶枯病抗性提供了有效的工具。目前, 我们正在进行分子标记辅助选择对圣稻 13 等感条纹叶枯病粳稻品种抗性的改良, 利用感病品种圣稻 13 与镇稻 88 等 *Stv-bⁱ* 供体品种杂交、回交, 已得到 BC₃F₁ 代; 通过对抗条纹叶枯病自交混合群体的分子标记检测, 提高了抗条纹叶枯病育种的选择效率。另一方面, 目前不同研究者对 *Stv-bⁱ* 基因的定位结果还不尽相同^[5-11], 所以对基因 *Stv-bⁱ* 还需要进一步精细定位与克隆; 本研究中的株系分子标记检测结果与田间抗性鉴定结果不一致, 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或试验群体规模等原因造成的。

本研究结果还表明, 标记检测的效率在不同的

育种群体中会有差异,例如在群体B中标记检测的符合率偏低,这可能是由于条纹叶枯病抗性除了受 *Stv-bⁱ* 控制外,还有其他基因的影响^[11,17]。另外,水稻品种对介体灰飞虱抗性、环境因素和人工鉴定时的主观因素也会影响到鉴定结果的准确性。在分子标记辅助育种中,应根据育种材料的不同,设计适用的与目标基因连锁的分子标记。对于符合育种目标的株系可以按需要适当扩大群体规模及进行接虫鉴定以确保条纹叶枯病鉴定结果的可靠性,或通过设置小区重复和年度重复等方法对结果进一步验证。

4 结论

本研究设计的与条纹叶枯病抗性基因 *Stv-bⁱ* 紧密连锁的SSR及STS分子标记,可被用于相应群体的条纹叶枯病抗性基因 *Stv-bⁱ* 分子标记辅助选择,为利用分子标记辅助选择改良条纹叶枯病抗性提供了有效的工具。

References

- [1] Wang C-L(王才林). Advances in breeding of rice with resistance to rice stripe disease in Jiangsu, China. *Jiangsu Agric Sci* (江苏农业科学), 2006, (3): 1–5(in Chinese)
- [2] Gao L-C(高苓昌), Song K-Q(宋克勤), Zhang H-R(张洪瑞), Du B-H(杜本怀), Zhu Q-S(朱其松). Pathogeny feature and integrate control of rice strip blight in Huang-Huai rice area. *Shandong Agric Sci* (山东农业科学), 2006, (3): 66–67(in Chinese)
- [3] Wang C-L(王才林), Zhang Y-D(张亚东), Zhu Z(朱镇), Zhao L(赵凌), Chen T(陈涛). Rice breeding for resistance to stripe virus disease. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2008, 34(3): 530–533(in Chinese with English abstract)
- [4] Pan X-B(潘学彪), Liang G-H(梁国华), Chen Z-X(陈宗祥), Zhang Y-F(张亚芳). Breeding strategy on resistance to rice stripe in Jiangsu. *Jiangsu Agric Sci* (江苏农业科学), 2005, (5): 22–23(in Chinese)
- [5] Hayano-Saito Y, Tsuji T, Fujii K, Saito K, Iwasaki M, Saito A. Localization of the rice stripe disease resistance gene, *Stv-bⁱ*, by graphical genotyping and linkage analyses with molecular markers. *Theor Appl Genet*, 1998, 96: 1044–1049
- [6] Hayano-Saito Y, Saito K, Nakamura S, Kawasaki S, Iwasaki M. Fine physical mapping of the rice stripe resistance gene locus, *Stv-bⁱ*. *Theor Appl Genet*, 2000, 101: 59–63
- [7] Wu S J, Zhong H, Zhou Y, Zuo H, Zhou L H, Zhu J Y, Ji C Q, Gu S L, Gu M H, Liang G H. Identification of QTLs for the resistance to rice stripe virus in the *indica* rice variety Dular. *Euphytica*, 2009, 165: 557–565
- [8] Wang C-F(王春芳), Yan C-J(严长杰), Liang G-H(梁国华), Dong X-S(董学锁), Yu H-X(于恒秀), Gu M-H(顾铭洪). Construction and characteristic analysis of rice clonally propagated F₂ population. *J Yangzhou Univ* (Agric & Life Sci Edn) (扬州大学学报·农业与生命科学版), 2002, 23(2): 41–45(in Chinese with English abstract)
- [9] Ding X-L(丁秀兰), Jiang L(江玲), Liu S-J(刘世家), Wang C-M(王春明), Chen L-M(陈亮明), Cheng Z-B(程兆榜), Fan Y-J(范永坚), Zhou Y-J(周益军), Wan J-M(万建民). QTL analysis for rice stripe disease resistance gene using recombinant inbred lines (RILs) derived from crossing of Kinmaze and DV85. *Acta Genet Sin* (遗传学报), 2004, 31(3): 287–292(in Chinese with English abstract)
- [10] Ding X-L(丁秀兰), Jiang L(江玲), Zhang Y-X(张迎信), Sun D-Z(孙黛珍), Zhai H-Q(翟虎渠), Wan J-M(万建民). Detection and analysis of QTL for resistance to stripe disease in rice, using backcross inbred lines. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2005, 38(5): 1041–1046(in Chinese with English abstract)
- [11] Maeda H, Sugisawa T, Nemoto H, Sunohara Y. QTL analysis for rice stripe resistance in the Japanese upland rice Kanto 72. *Breed Sci*, 2004, 54: 19–26
- [12] Gong D-Y(宫德英), Chen F(陈峰), Zhang S-Y(张士永), Yuan S-J(袁守江), Yang L-Q(杨连群), Sang M-P(桑茂鹏). Breeding and cultivation technology of a new rice cultivar Shengdao 13. *Shandong Agric Sci* (山东农业科学), 2007, (5): 113–114(in Chinese)
- [13] Washio O, Ezuka A, Toriyama K, Sakurai Y. Testing method for genetics and breeding for resistance to rice stripe disease. *Bull Chugoku Agric Exp Stn*, 1968, 16: 39–197
- [14] Sugiura N, Tsuji T, Fujii K, Kato T, Saka N, Touyama T, Hayano-Saito Y, Izawa T. Molecular marker-assisted selection in a recurrent backcross breeding for the incorporation of resistance to rice stripe virus and panicle blast in rice (*Oryza sativa* L.). *Breed Res*, 2004, 6: 143–148(in Japanese with English abstract)
- [15] Hayano-Saito Y, Saito K, Fujii K, Touyama T, Tsuji T, Sugiura N, Izawa T, Iwasaki M. SCAR marker for selection of the rice stripe resistance gene *Stv-bⁱ*. *J Breed Res*, 2000, 2: 67–72 (in Japanese with English abstract)
- [16] Sun L-J(孙林静), Ma Z-Y(马忠友), Su J-P(苏京平), Liu X-J(刘学军), Wang C-M(王春敏), Wang S-J(王胜军), Yan S-Y(闫双勇). Detection of the rice stripe disease resistance gene *Stv-bⁱ* by molecular marker. *Tianjin Agric Sci* (天津农业科学), 2007, 13(3): 9–11(in Chinese with English abstract)
- [17] Sun D-Z(孙黛珍), Jiang L(江玲), Zhang Y-X(张迎信), Cheng X-N(程遐年), Zhai H-Q(翟虎渠), Wan J-M(万建民). Detection of QTL associated with rice stripe resistance in cultivar IR24. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2007, 33(1): 25–30(in Chinese with English abstract)