

DOI: 10.3724/SP.J.1006.2011.01559

## 水稻抗纹枯病导入系的构建及抗病位点的初步定位

高晓清<sup>1</sup> 谢学文<sup>1,\*\*</sup> 许美容<sup>1</sup> 王磊<sup>1</sup> 石英尧<sup>3</sup> 高用明<sup>1</sup> 朱苓华<sup>1</sup>  
周永力<sup>1,\*</sup> 黎志康<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> 中国农业科学院作物科学研究所 / 农作物基因资源与遗传改良国家重大科学工程, 北京 100081; <sup>2</sup> International Rice Research Institute, DAPO Box 7777, Metro Manila, Philippines; <sup>3</sup> 安徽农业大学, 安徽合肥 230036

**摘 要:** 以我国目前生产中广泛应用的杂交稻恢复系蜀恢 527 和明恢 86 为轮回亲本, 以江西丝苗为供体亲本配制 BC<sub>2</sub>F<sub>2</sub> 混合群体。通过逐代人工接种筛选, 获得 49 个 BC<sub>2</sub>F<sub>4</sub> 抗病导入系。对抗病选择导入系进行基因型分析, 利用基于遗传搭车原理的卡方检验对等位基因导入频率的偏离进行检测, 共检测到 12 个显著位点, 2 个群体定位的 QTL 各有 1 个在以往不同群体中也能被检测到。主要农艺性状分析表明, 非接种条件下, 选择导入系群体的抽穗期、株高和千粒重等与轮回亲本无显著差异; 在接种的条件下, 在 2 个试验地点中, 分别有 6 个和 2 个蜀恢 527 和明恢 86 背景的株系抗病性显著高于轮回亲本, 产量与轮回亲本无显著差异。上述结果为水稻抗纹枯病分子育种提供了有用的信息和中间材料。

**关键词:** 水稻; 回交导入系; 纹枯病; QTL

## Development of Introgression Lines and Identification of QTLs for Resistance to Sheath Blight

GAO Xiao-Qing<sup>1</sup>, XIE Xue-Wen<sup>1,\*\*</sup>, XU Mei-Rong<sup>1</sup>, WANG Lei<sup>1</sup>, SHI Ying-Yao<sup>3</sup>, GAO Yong-Ming<sup>1</sup>, ZHU Ling-Hua<sup>1</sup>, ZHOU Yong-Li<sup>1,\*</sup>, and LI Zhi-Kang<sup>1,2</sup>

<sup>1</sup> Institute of Crop Sciences / National Key Facility for Crop Gene Resources and Genetic Improvement, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081, China; <sup>2</sup> International Rice Research Institute, DAPO Box 7777, Metro Manila, Philippines; <sup>3</sup> Anhui Agricultural University, Hefei 230036, China

**Abstract:** In this study, two random BC<sub>2</sub>F<sub>2</sub> populations were developed by cross and backcross, in which two major hybrid restorer lines Shuhui 527 and Minghui 86 were used as recurrent parents respectively, and Jiangxisimiao used as donor. The bulks of the BC<sub>2</sub>F<sub>2</sub> populations were inoculated with *Rhizoctonia solani* to screen the lines resistant to sheath blight, and 49 resistant introgression lines (ILs) were selected. The genotypes of ILs were analyzed with evenly distributed polymorphic SSR markers, and a total of 12 significant loci were identified by  $\chi^2$  test analysis. Among them, two allelic frequency-deviation loci were located in the same or near regions identified in the previous studies. In the field test without artificial inoculation, there was no significant difference between all the agronomic traits investigated in the selected ILs and their recurrent parents. Under heavily diseased conditions, six ILs with Shuhui 527 background and two ILs with Minghui 86 background showed similar agronomic traits and significantly higher resistance to sheath blight than their recurrent parents at two experimental sites, which can be served as immediate sources of sheath blight resistance for hybrid rice breeding and directly used in hybrid rice production.

**Keywords:** Rice; Backcross introgression lines; Sheath blight; QTL

由立枯丝核菌(*Rhizoctonia solani* Kühn)引起的纹枯病是水稻重要的真菌病害之一, 产量损失为 10%~30%, 严重时可达 50% 以上<sup>[1]</sup>。大量使用化学

药剂防治病害容易造成环境污染, 并且由于病原菌的抗药性增强导致防治费用逐年上升。利用生物拮抗菌防治水稻纹枯病虽然能够弥补化学药剂的不足,

本研究由引进国际先进农业科学技术计划(948计划)项目(2006-G51)和比尔和梅琳达·盖茨基金项目资助。

\* 通讯作者(Corresponding author): 周永力, E-mail: zhouyl@caas.net.cn \*\* 共同第一作者

Received(收稿日期): 2011-01-28; Accepted(接受日期): 2011-04-27; Published online(网络出版日期): 2011-06-28.

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.1809.S.20110628.1011.022.html>

但防治时期等问题还有待于进一步研究<sup>[2]</sup>, 因此培育和种植抗病品种防治水稻纹枯病是最经济有效的方法之一。

20 世纪 70 年代以来, 国内外研究者对数千份水稻种质资源进行纹枯病抗性评价, 发现水稻品种对纹枯病的抗性存在明显差异<sup>[3-5]</sup>, 但未发现免疫和高抗的品种。已鉴定出的水稻抗源对纹枯病菌大多呈部分抗性, 表现为数量性状的遗传方式, 受多个数量性状位点(quantitative trait loci, QTL)控制。近年来, 随着分子生物学技术的发展, 水稻抗纹枯病遗传研究取得了较大进展<sup>[6]</sup>, 在水稻的 12 条染色体上均定位到抗纹枯病 QTL<sup>[7]</sup>。但是, 由于其遗传复杂性、背景依赖性以及与环境间的复杂互作, 导致 QTL 定位成果难以直接用于分子标记辅助选择育种<sup>[8]</sup>。

以优良水稻品种为轮回亲本, 导入水稻种质资源中有利遗传变异、构建综合性状优良并适应当地水稻生态区域的导入系群体, 同时基于连锁不平衡定位(linkage disequilibrium)原理, 应用选择导入系和分子标记定位影响目标性状基因(QTL)是国际水稻研究所发起的全球水稻分子育种计划采用的策略<sup>[8]</sup>。本研究构建抗纹枯病极端选择群体, 初步定位了水稻抗纹枯病相关位点, 这将为水稻抗纹枯病分子育种提供有用的信息和中间材料。

## 1 材料与方法

### 1.1 导入系构建

以中等抗病的江西丝苗为供体亲本, 选择目前生产上推广利用的恢复系蜀恢 527 和明恢 86 为轮回亲本, 杂交 1 次, 随机选择 20~25 单株与轮回亲本回交, 回交 2 次, 获得 BC<sub>2</sub>, 然后所有 F<sub>1</sub> 家系自交 1 代, 将来自每个组合的 BC<sub>2</sub>F<sub>2</sub> 单株的自交种子混收, 形成每个杂交组合高代回交群体的混合集团, 用于抗纹枯病株系的筛选。

### 1.2 人工接种和抗性鉴定

供试纹枯病菌菌株为江苏稻区的强致病菌株 RH-9。采用田间抛洒稻壳诱发接种法和牙签嵌入法<sup>[9]</sup>进行人工接种。用田间抛洒稻壳法对 BC<sub>2</sub>F<sub>2</sub> 集团初步筛选, 选择抗病单株, 采用牙签嵌入法对 BC<sub>2</sub>F<sub>3</sub> 和 BC<sub>2</sub>F<sub>4</sub> 抗病株系重复鉴定。在水稻植株抽穗后 25 d 后, 待病情稳定时调查各植株的高度和病斑达到的高度, 计算每个株系中间 8 个单株的平均相对病斑高度(病斑高度占剑叶枕高度的百分比)作为各株系的病害指数。

从 2 个 BC<sub>2</sub>F<sub>2</sub> 混合集团中分别取 500~800 粒种子, 种植于中国农业科学院昌平实验基地隔离区, 在分蘖末期采用菌种撒施的方法接种纹枯病; 将获得的 BC<sub>2</sub>F<sub>3</sub> 抗性株系种植于中国农业科学院作物科学研究所南繁基地隔离区。每个株系种 2 行, 每行 12 株, 在分蘖末期采用嵌入法进行纹枯病接种鉴定。

### 1.3 基因型分析

将 2 个群体的 BC<sub>2</sub>F<sub>4</sub> 株系于四至五叶期提取基因组 DNA, 从水稻 12 条染色体上选择均匀分布且亲本间有多态的 SSR 标记(蜀恢 527/江西丝苗组合为 70 个, 明恢 86/江西丝苗组合为 62 个)对群体进行基因型分析。参考 Cornell 大学的图谱确定各标记在染色体上的位置及遗传距离。

### 1.4 数据分析

利用 SSR 标记对 2 个背景的抗纹枯病导入系进行基因型分析, 根据遗传搭车(genetic hitch-hiking)理论<sup>[10]</sup>对基因型分析结果进行卡方检测, 将供体基因频率与期望频率有显著差异的位点作为与纹枯病抗性相关的位点, 将  $P < 0.005$  作为发现抗纹枯病 QTL 的阈值<sup>[11-12]</sup>。

### 1.5 农艺性状考察

2008 年将所获得的 BC<sub>2</sub>F<sub>4</sub> 代选择导入系分别种植于安徽农业大学实验基地和中国农业科学院作物科学研究所昌平实验基地的隔离区, 安徽合肥点 4 月 20 日播种, 北京点 4 月 29 日播种, 均采用温室育秧, 移栽苗龄为 25 d。采用完全随机区组设计, 单本插种植, 插秧时剔除小苗和弱苗, 确保秧苗的一致性, 缓苗结束后及时补苗, 确保种植密度不变。种植密度为 20 cm×15 cm, 10 株 1 行, 每个株系种植 4 次重复, 其中纹枯病接种和非接种试验分别设置 2 次重复。浅水灌溉, 施肥和病虫害防治如同一般大田。

采用牙签嵌入法于植株分蘖盛期接种纹枯病菌, 考察每株系中间的 6 株, 记载抽穗期。纹枯病病情稳定后在田间进行病斑高、剑叶枕高和株高的测量。成熟时从中间 6 株中选择长势均匀一致且周围不缺棵的 3 株用于考察产量相关性状, 包括单株有效穗、穗长、每穗实粒数、每穗总粒数、结实率和千粒重, 然后将 3 株混合脱粒测定单株产量。

## 2 结果与分析

### 2.1 亲本及导入系群体的抗性

从蜀恢 527/江西丝苗和明恢 86/江西丝苗 BC<sub>2</sub>F<sub>2</sub>

群体中分别筛选到 27 个和 25 个纹枯病抗性单株。通过  $BC_2F_3$  和  $BC_2F_4$  代株系连续人工接种鉴定, 从蜀恢 527/江西丝苗和明恢 86/江西丝苗群体分别获得具有较稳定的纹枯病抗性的选择导入系 25 个和 24 个。蜀恢 527 病斑相对高度为  $0.58 \pm 0.02 \sim 0.67 \pm 0.25$ ; 明恢 86 病斑相对高度为  $0.60 \pm 0.21 \sim 0.62 \pm 0.12$ , 供体江西丝苗的病斑相对高度为  $0.40 \pm 0.21 \sim 0.46 \pm 0.26$ , 抗性水平高于蜀恢 527 和明恢 86 (表 1)。以蜀恢 527 为轮回亲本和以明恢 86 为轮回亲本的导入系的平均抗性水平相近, 分别为  $0.50 \pm 0.18$  和  $0.52 \pm 0.12$ 。

## 2.2 导入系的抗纹枯病 QTL 检测

利用 SSR 引物对 2 个导入系亲本进行多态性筛选, 由于亲本均为籼稻, SSR 标记在亲本间的多态有限。试验所用的 533 个 SSR 标记中, 在蜀恢 527 与江西丝苗之间、明恢 86 与江西丝苗之间分别有 70 个和 62 个标记具有良好多态性, 其中 2 个群体重叠的标记有 21 个, 参照美国 Cornell 大学的图谱位于相同位置的标记有 8 个。根据这些标记对 2 个回交导入系群体进行基因型鉴定。

$BC_2F_2$  代随机群体杂合基因型与供体亲本纯合基因型频率的理论预期分别为 0.1250 和 0.0625, 供体基因导入频率的理论预期为 0.125。以蜀恢 527 和明恢 86 为轮回亲本的选择导入系群体中供体亲本纯合基因型频率平均值分别为 0.165 和 0.128, 杂合基因型频率的平均值分别为 0.059 和 0.047, 明显偏离理论预期。供体基因导入频率的平均值分别为 0.195 和 0.151 同样偏离理论预期, 表明选择效果明显, 符合选择群体的特征(表 2)。

利用卡方检测做近似检验, 根据之前对等位基因频率相应位点在多个选择群体中的表现以及模拟随机抽样的研究结果, 设置检测阈值为 0.005<sup>[11]</sup>。在蜀恢 527/江西丝苗群体中检测到 6 个抗病位点, 分别为 *Qsb1a*、*Qsb3a*、*Qsb3b*、*Qsb6a*、*Qsb7a* 和 *Qsb11*; 明恢 86/江西丝苗群体中检测到 6 个抗病位点, 分别为 *Qsb1b*、*Qsb2a*、*Qsb2b*、*Qsb6b*、*Qsb7b* 和 *Qsb7c* (表 3 和图 1)。在 2 个背景的群体中未检测到相同的抗病位点。

## 2.3 选择导入系的抗病性和农艺性状

分析表明非接种条件下, 选择导入系群体的抽穗期、株高和千粒重等与轮回亲本无显著差异; 在人工接种的条件下, 亲本与未接种对照相比抽穗期推迟 1~5 d、株高降低 0.73~7.20 cm。亲本的单株有

效穗、每穗实粒数和千粒重受环境的影响, 在不同试验地点的变化趋势不同(表 1)。在人工接种条件下, 轮回亲本蜀恢 527 和明恢 86 在两点田间试验中每公顷产量均显著低于未接种对照, 而供体亲本江西丝苗的每公顷产量在 2 个处理中的差异不显著, 表明江西丝苗对纹枯病具有较好的耐病性。

根据导入系与轮回亲本的纹枯病抗性和相对产量表现, 将导入系划分为 9 种类型: T1~T9 (表 4 和表 5)。首先根据株系纹枯病抗性水平分为 3 组, T1~T3 组、T4~T6 组和 T7~T9 组的株系纹枯病抗性水平分别显著高于轮回亲本、与轮回亲本无显著差异和低于轮回亲本; 其中 T1、T4 和 T7 类型的株系产量显著高于轮回亲本, T2、T5 和 T8 类型的株系产量与轮回亲本无显著差异, T3、T6 和 T9 类型的株系产量低于轮回亲本。

T1 和 T2 两种类型的株系纹枯病抗性较轮回亲本显著提高, 且产量显著高于轮回亲本或与轮回亲本无显著差别(表 4 和表 5)。蜀恢 527 背景的群体, 在合肥进行的试验中, T1 和 T2 类型的株系分别为 1 个和 15 个, 与轮回亲本相比相对病斑高度分别降低 29.85% 和 26.87%; 在北京进行的试验中, T1 和 T2 类型的株系分别为 1 个和 9 个, 与轮回亲本相比相对病斑高度分别降低 16.36% 和 20.00% (表 4)。明恢 86 背景的群体, 在合肥进行的试验中, T1 和 T2 类型的株系分别为 1 个和 2 个, 与轮回亲本相比相对病斑高度分别降低 31.67% 和 10.00%; 在北京进行的试验中, T1 和 T2 类型的株系分别为 3 个和 12 个, 相对病斑高度分别比轮回亲本降低 23.64% 和 25.45% (表 5)。在 2 个试验地点中表现均属于 T1 或 T2 株系的, 蜀恢 527 背景和明恢 86 背景的株系数分别为 6 个和 2 个。

T3 类型的株系纹枯病抗性较轮回亲本有显著提高, 但在人工接种纹枯病菌和正常种植 2 种条件或其中一种条件下产量显著低于轮回亲本。这一类型的株系在合肥试验中未出现。北京试验中明恢 86 背景 3 个株系属于这一类型, 人工接种纹枯病菌条件下平均相对病斑高度比明恢 86 降低 25.45%, 但是产量明显减低(表 5)。蜀恢 527 背景的 T4~T6 类型株系, 在合肥和北京分别为 9 个和 15 个, 明恢 86 背景的在两地分别为 21 个和 6 个, 表明不同遗传背景的株系其纹枯病抗性和产量与环境密切相关。此外, 在 2 个遗传背景的群体均未出现 T7~T9 类型的株系, 表明本研究中纹枯病筛选的有效性。

表 1 不同环境及处理下亲本的主要农艺性状表现

Table 1 Trait values in three parents evaluated under different treatments and environments

亲本 Parent	环境 E	处理 T	相对病斑高度 Relative lesion height	抽穗期 Heading date (d)	株高 Plant height (cm)	单株有效穗 Panicles per plant	每穗实粒数 Filled grains per panicle	每穗总粒数 Total grains per panicle	结实率 Seed setting rate (%)	千粒重 1000-grain weight (g)	产量 Grain yield (t hm <sup>-2</sup> )
江西丝苗 Jiangxisimiao (Donor)	HF	S	0.46±0.26	110.50±0.54	111.86±2.31	7.32±3.45	58.64±7.56	110.47±8.96	53.08±1.26	26.86±0.63	6.59±1.23
		N		106.50±0.65	119.06±1.65	10.00±3.12	64.69±6.23	112.67±9.37	57.42±5.46	27.78±5.12	8.39±2.51
		N-S		-5.00*	7.20**	2.68*	6.05**	2.20	4.34	0.92	1.80
	BJ	S	0.40±0.21	112.50±0.65	110.50±3.00	10.58±1.29	101.14±5.11	130.23±9.48	79.14±9.60	22.96±0.43	7.51±1.21
		N		109.50±0.58	114.60±4.17	8.08±1.50	108.88±4.08	124.30±6.19	87.64±1.41	24.82±0.39	7.71±0.97
		N-S		-3.00	4.10*	-2.50	7.74	-5.93	8.50	1.87**	0.20
明恢 86 Minghui 86 (RP)	HF	S	0.67±0.25	108.00±0.89	100.26±2.10	6.75±1.77	89.37±0.87	124.55±9.41	71.81±3.97	28.72±0.08	3.77±1.11
		N		107.00±0.63	102.30±2.97	6.67±0.47	91.32±8.57	132.21±9.16	68.49±1.34	29.45±1.63	6.23±2.45
		N-S		-1.00	2.04	-0.08	1.94	7.66*	-3.32	0.73	2.46*
	BJ	S	0.58±0.02	108.00±0.52	118.15±5.21	8.00±0.19	142.16±2.12	169.49±0.26	83.75±0.76	29.82±0.60	8.27±0.66
		N		106.00±0.65	118.88±3.56	7.33±0.21	145.52±3.93	168.35±0.24	86.56±1.87	31.16±1.44	11.06±0.70
		N-S		-2.00	0.73	-0.67	3.36	-1.14	2.81	1.34	2.79*
蜀恢 527 Shuhui 527 (RP)	HF	S	0.60±0.21	108.00±0.71	103.22±0.03	5.67±1.65	73.33±6.08	128.32±0.16	56.68±3.70	27.01±1.23	3.76±1.19
		N		106.00±0.71	104.20±5.56	7.83±2.12	84.10±7.60	135.66±6.43	61.75±5.38	28.47±0.26	6.11±0.49
		N-S		-2.00	0.98	2.17	10.77	7.34	5.07	1.45	2.36*
	BJ	S	0.62±0.12	110.50±0.02	122.36±3.14	7.11±1.10	149.36±1.60	197.86±3.00	75.26±0.73	26.36±0.15	6.62±0.02
		N		107.00±0.63	125.66±4.86	7.49±0.64	143.69±8.21	179.49±9.29	79.60±0.31	27.80±0.96	10.55±0.65
		N-S		-3.50*	3.30	0.38	-5.67	-18.37	4.34*	1.44	3.93*

S: 人工接种; N: 未接种; HF: 安徽合肥; BJ: 北京; RP: 轮回亲本。\*和\*\*分别代表  $t$  测验中  $P<0.05$  和  $P<0.01$  的显著水平。

S and N: artificial inoculation and no-inoculation with *R. solani*, respectively. E: environment; T: treatment; HF: Hefei of Anhui; BJ: Beijing; RP: recurrent parent. \* and \*\*: statistically significant at  $P<0.05$  and  $P<0.01$  as determined by  $t$ -test, respectively

表 2 2 个水稻抗纹枯病回交导入系群体的基因型频率和供体基因频率  
Table 2 Average genotypic and donor allelic frequencies of introgressed lines of the two selected BC<sub>2</sub>F<sub>2</sub> populations

群体 Population	轮回亲本 Recurrent parent	供体亲本 Donor	杂合 Heterozygote	供体基因导入 Introgressed allele of donor
蜀恢 527/江西丝苗 Shuhui 527/Jiangxisimiao	0.80±0.11	0.15±0.11	0.059±0.07	0.165±0.11
明恢 86/江西丝苗 Minghui 86/Jiangxisimiao	0.81±0.10	0.14±0.08	0.047±0.07	0.128±0.09

表 3 在水稻蜀恢 527/江西丝苗和明恢 86/江西丝苗导入系群体中检测到的抗纹枯病 QTL  
Table 3 QTLs for resistance to sheath blight detected in Shuhui 527/Jiangxisimiao and Minghui 86/Jiangxisimiao populations

群体 Population	QTL	染色体 Chromosome	标记 Marker	卡方值 $\chi^2$ value	加性效应 <sup>a)</sup> Additive effect <sup>a)</sup>
蜀恢 527/江西丝苗 Shuhui 527/Jiangxisimiao	<i>Qsb1a</i>	1	RM1	24.17	11.42
	<i>Qsb3a</i>	3	RM426	28.37	4.36
	<i>Qsb3b</i>	3	RM520	54.73	-1.98
	<i>Qsb6a</i>	6	RM510	13.75	1.35
	<i>Qsb7a</i>	7	RM295	13.85	-1.81
	<i>Qsb11</i>	11	RM202	11.86	-1.85
明恢 86/江西丝苗 Minghui 86/Jiangxisimiao	<i>Qsb1b</i>	1	RM86	38.34	-4.32
	<i>Qsb2a</i>	2	RM341	12.62	-2.46
	<i>Qsb2b</i>	2	RM213	14.77	2.18
	<i>Qsb6b</i>	6	RM340	14.77	1.67
	<i>Qsb7b</i>	7	RM214	28.36	-3.51
	<i>Qsb7c</i>	7	RM336	10.91	-2.61

<sup>a)</sup> 加性效应表示受体等位基因被供体等位基因替代后产生的效应，即在群体中为蜀恢 527 和明恢 63 等位基因被江西丝苗替代后产生的效应。  
<sup>a)</sup> The additive effect is the effect associated with substitution of a Shuhui 527 and Minghui 63 allele by the corresponding Jiangxisimiao allele in populations.

3 讨论

迄今，国内外研究者利用不同的作图群体定位了大量的水稻抗纹枯病主效 QTL<sup>[13-24]</sup>。借助相同的 SSR 标记和比较图谱<sup>[25-27]</sup>我们将本研究定位到的抗病 QTL 与前人结果相比较，发现其中的 2 个 QTL 在以往的群体中也能被检测到，*Qsb7c* 在 Jasmine 85/Lemont F<sub>2</sub> 群体和奇妙香/91SP068 中同样被检测到<sup>[15]</sup>，*Qsb11b* 在 Lemont/Teqing F<sub>3</sub>/F<sub>4</sub> 群体和 Jasmine 85/Lemont F<sub>2</sub> 群体也被检测到<sup>[11,15]</sup>，表明 *Qsb7c* 和 *Qsb11b* 在不同环境下能够稳定表达。然而，在本研究利用同一供体亲本构建的 2 个不同群体中未能检测到相同的抗纹枯病的主效位点，这可能是由于水稻纹枯病抗性位点的表达受遗传背景的影响较大。在以前的研究中，我们曾采用特青和 Lemont 背景的双向导导入系随机群体定位水稻抗纹枯病主效 QTL，仅有 1 个 QTL 在双向导入系背景下表达，在相同的环境条件下，在一个水稻遗传背景中表达的多数抗纹枯病 QTL 在另一遗传背景中可能不表达。表明水

稻抗纹枯病 QTL 表达显著地受遗传背景影响<sup>[20]</sup>。因此，虽然研究者从不同抗病品种中鉴定出了一些效应较大的主效 QTL，但是由于以往大多数基因/QTL 定位通常与遗传育种的实践完全脱节，加之控制水稻纹枯病抗性位点的表达易受环境影响，如何有效地改良水稻品种对纹枯病的抗性一直是育种中难以解决的困难之一。近年来，通过对大量的回交群体进行目标性状筛选发现，供体亲本所携带的各种有利基因大多是以隐蔽的形式存在的，用回交育种技术发掘利用水稻原始基因库中的隐蔽基因以改良抗旱性、耐冷性等复杂性状是有效的方法，对回交后代群体目标性状的筛选不必拘泥于供体亲本本身在性状上的表现，通过严格的胁迫和表型选择均能在回交群体中得到目标性状显著改良的株系<sup>[8,28-30]</sup>。本研究利用对纹枯病具有中等抗性的供体亲本江西丝苗，与当前水稻生产中广泛使用的杂交稻恢复系杂交、回交构建了 2 个导入系群体，通过连续人工接种鉴定从蜀恢 527 和明恢 86 背景的回交群体中分别获得 5 个和 2 个优

表 4 以蜀恢 527 为轮回亲本的导入系群体的主要农艺性状相对于蜀恢 527 在人工接种纹枯病菌和正常种植条件下的表现

Table 4 Agronomic traits of Shuhui 527 introgression lines classified based on their relative performances over the recurrent parent evaluated under artificial and normal conditions

群体 Population	类型 Type	株系数 No. of lines	处理 Treat.	相对病斑高度		抽穗期		株高		单株有效穗		每穗实粒数		每穗总粒数		结实率		千粒重		产量	
				Relative lesion height		Heading date (d)		Plant height (cm)		Panicles per plant		Filled grains per panicle		Total grains per panicle		Seed setting rate (%)		1000-grain weight (g)		Grain yield (t hm <sup>-2</sup> )	
				$\bar{x}$	<i>SD</i>	$\bar{x}$	<i>SD</i>	$\bar{x}$	<i>SD</i>	$\bar{x}$	<i>SD</i>	$\bar{x}$	<i>SD</i>	$\bar{x}$	<i>SD</i>	$\bar{x}$	<i>SD</i>	$\bar{x}$	<i>SD</i>	$\bar{x}$	<i>SD</i>
安徽合肥 Hefei, Anhui																					
BC <sub>2</sub> F <sub>4</sub>	T1	1	S	−20**		−0.5		15.1*		1.9		26.0*		17.3		9.5		0.2		3.87*	
			N			−3.0		18.2*		0.7		19.0		16.6		6.3		0.4		1.95	
	T2	15	S	−18**	4	−4.0*	2.9	14.4*	6.6	1.4	1.4	20.2*	25.2	17.7	21.6	4.5	12.1	−0.8	1.1	2.53	2.61
			N			−0.5*	2.9	17.6*	6.5	2.2	0.8	0.3	22.6	9.8	23.4	−4.4	12.4	−1.7	2.0	1.20	2.15
	T5	9	S	−3	8	−4.0*	2.9	9.6*	4.0	0.7	1.0	13.4	21.3	12.7	17.3	2.5	9.2	−0.7	1.6	1.44	1.73
			N			−0.5*	2.9	12.7*	3.8	2.2	1.0	−0.6	17.0	6.4	13.5	−3.6	11.4	−0.5	2.1	1.32	1.66
蜀恢 527 Shuhui 527			S	67	3	108.0	0.2	100.3	2.1	6.8	1.8	89.4	0.9	124.6	9.4	71.8	4.0	28.7	0.1	5.80	1.10
			N			107.0	0.7	102.3	3.0	6.7	0.5	91.3	8.6	132.2	9.2	68.5	1.3	29.5	1.6	6.20	2.50
北京 Beijing																					
BC <sub>2</sub> F <sub>5</sub>	T1	1	S	−9		−0.5		1.4		2.0		4.8		−0.5		2.3		−0.4		5.74*	
			N			−0.5		−1.5		0.8		−4.8		−13.3		4.0		1.3		1.24	
	T2	9	S	−11	4	−1.2	3.2	2.4	3.5	−0.1	1.9	−17.3	22.6	−11.0	23.7	−5.2	5.9	−2.3	2.1	0.77	2.45
			N			−1.2	3.2	3.7	5.0	0.2	0.8	−13.7	11.2	−18.7*	41.5	−4.9	7.4	−2.7	6.6	−2.10	2.65
	T4	2	S	−3	2	−4.5*	0.0	1.6	4.4	0.9	0.1	9.0	20.9	2.2	23.9	4.1*	0.1	−1.2	0.1	4.50*	1.91
			N			−3.5*	0.0	0.7	6.2	−0.4	1.8	5.8	15.9	3.4	29.7	2.3	5.7	−0.4	2.2	−0.61	0.93
	T5	9	S	−6	3	−0.6	2.7	3.8	4.9	0.3	1.2	−8.3	20.0	−9.5	12.3	−0.3*	7.8	−2.0*	2.3	1.80	1.24
			N			−1.0	2.7	6.9	6.5	0.6	0.8	−11.4	16.0	−16.7	20.4	−1.0	4.6	−3.1	5.2	−1.14	1.48
T6	4	S	−5	4	0.5	3.3	0.4	6.3	0.3*	1.9	−34.4*	37.4	−30.9*	32.8	−7.8*	9.4	−2.5	3.9	−0.10	3.10	
		N			2.5	2.8	−3.2	7.1	0.3	1.3	−39.0	17.7	−30.9*	13.9	−9.3*	9.3	−1.9	2.2	3.30*	1.30	
蜀恢 527 Shuhui 527			S	55	5	108.0	0.5	118.2	5.2	8.0	0.2	142.2	2.1	169.5	0.3	83.8	0.8	29.8	0.6	8.30	0.70
			N			106.0	0.7	118.9	3.6	7.3	0.2	145.5	3.9	168.4	0.2	86.6	1.9	31.2	1.4	11.10	0.70

S: 人工接种纹枯病菌; N: 正常生长条件。\*和\*\*分别代表 *t* 测验中  $P<0.05$  和  $P<0.01$  的显著水平。

S: artificial inoculation with *R. solani*; N: normal conditions. \* and \*\*: statistically significant at  $P<0.05$  and  $P<0.01$  as determined by *t*-test, respectively.

表 5 以明恢 86 为轮回亲本的导入系群体的主要农艺性状相对于明恢 86 在人工接种纹枯病菌和正常种植条件下的表现

Table 5 Agronomic traits of Minghui 86 introgression lines classified based on their relative performances over the recurrent parent evaluated under artificial and normal conditions

群体 Population	类型 Type	株系数 No. of lines	处理 Treat.	相对病斑高度		抽穗期		株高		单株有效穗		每穗实粒数		每穗总粒数		结实率		千粒重		产量			
				Relative lesion height		Heading date (d)		Plant height (cm)		Panicles per plant		Filled grains per panicle		Total grains per panicle		Seed setting rate (%)		1000-grain weight (g)		Grain yield (t hm <sup>-2</sup> )			
				$\bar{x}$	<i>SD</i>	$\bar{x}$	<i>SD</i>	$\bar{x}$	<i>SD</i>	$\bar{x}$	<i>SD</i>	$\bar{x}$	<i>SD</i>	$\bar{x}$	<i>SD</i>	$\bar{x}$	<i>SD</i>	$\bar{x}$	<i>SD</i>	$\bar{x}$	<i>SD</i>		
安徽合肥 Hefei, Anhui																							
BC <sub>2</sub> F <sub>4</sub>	T1	1	S	-19		-3.5		7.0***		1.5		56.2*		43.1		19.0*		5.5		4.26*			
			N			-2.5		7.8		0.3		49.3		38.1		16.5		1.6		4.61**			
	T2	2	S	-6	21	0.5	1.4	4.6*	3.6	0.9	0.6	22.0*	13.1	16.1*	21.3	9.5	0.7	-0.1	0.9	-0.16	0.06		
			N			0.5	1.4	4.7	0.6	-0.6	1.1	14.8	26.0	3.6	19.7	8.8	9.3	-0.8	1.1	0.19	1.25		
	T4	4	S	1	7	-1.0	2.5	6.6**	6.9	2.5	1.2	35.1*	10.8	11.8*	9.2	22.0	5.8	2.8	0.81	3.10*	1.90		
			N			-2.2	1.2	4.1	10.6	-1.0	1.8	24.4	28.4	5.4	47.1	17.1	6.1	1.2	1.0	1.00	2.10		
	T5	16	S	-6	6	-0.9	3.4	6.7*	7.9	1.4	1.3	22.8	34.9	17.5	20.4	7.9	20.7	-0.3	1.8	0.40	2.46		
			N			-1.5	3.4	8.9	8.8	-0.1	0.6	21.4	13.3	13.6	13.6	9.6	8.7	-0.4	2.1	1.18	1.16		
	T6	1	S	-5		-4.5*		-0.3		0.5		19.5		1.5		13.5		-2.0		-0.96			
			N			-3.5*		-6.3		-0.8		-12.7		7.9		-12.3		-1.5		-1.94*			
明恢 86 Minghui 86				S	60	4	108.0	0.7	103.2	0.1	5.7	1.7	73.3	6.1	128.3	0.2	56.7	3.7	27.0	1.2	3.80	1.20	
				N			106.0	0.7	104.2	5.6	7.8	2.1	84.1	7.6	135.7	6.4	61.8	5.4	28.5	0.3	6.10	0.50	
北京 Beijing																							
BC <sub>2</sub> F <sub>5</sub>	T1	3	S	-13*	4	-3.5**	0	2.6	9.1	1.0	1.8	-9.3*	31.7	-24.5*	46.3	6.1*	6.4	0.2	1.9	3.10*	0.70		
			N			-2.5	0	3.5	6.3	-0.2	1.2	20.9	12.5	5.3	16.5	9.8*	1.7	1.9	2.2	0.80	2.70		
	T2	12	S	-14*	2	-1.6**	1.9	-0.5	7.0	0.8	1.5	-23.4	20.5	-35.2*	22.1	2.3	6.4	1.4	2.1	2.28*	2.26		
			N			-0.6	1.8	4.7	6.1	-0.4	1.1	-1.1	20.0	3.3	21.2	-1.4	5.0	2.2	2.4	-1.17	1.37		
	T3	3	S	-14**	4	0.5	4.4	-2.4	5.6	0.3	1.4	-61.6	18.1	-59.5	29.4	-12.4	3.9	1.7	2.5	-0.29	2.06		
			N			1.5	4.4	0.7	7.6	-1.7	0.8	-24.2*	29.4	-19.5	33.8	-4.2	15.7	4.1	2.4	-3.95*	0.52		
	T5	6	S	-8*	2	1.5**	4.1	0.0	4.0	-0.2	1.0	-10.8	42.7	-20.1	53.4	0.8	4.4	1.6	2.0	1.65	1.11		
			N			1.8	4.1	4.3	2.2	-0.5	1.1	-1.8	5.7	-3.0	19.5	1.3	6.4	2.6	3.0	-1.07	1.10		
	明恢 86 Minghui 86				S	55	1	110.5	0.1	122.4	3.1	7.1	1.1	149.4	1.6	197.9	3.0	75.3	0.7	26.4	0.2	6.60	0.10
					N			107.0	0.6	125.7	4.9	7.5	0.6	143.7	8.2	179.5	9.3	79.6	0.3	27.8	1.0	10.60	0.70

S: 人工接种纹枯病菌; N: 正常生长条件。\*, \*\*和\*\*\*分别代表 *t* 测验中  $P<0.05$ ,  $P<0.01$  和  $P<0.001$  的显著水平。

S: artificial inoculation with *R. solani*; N: normal condition. \*, \*\*, and \*\*\*: statistically significant at  $P<0.05$ ,  $P<0.01$ , and  $P<0.001$  as determined by *t*-test, respectively.

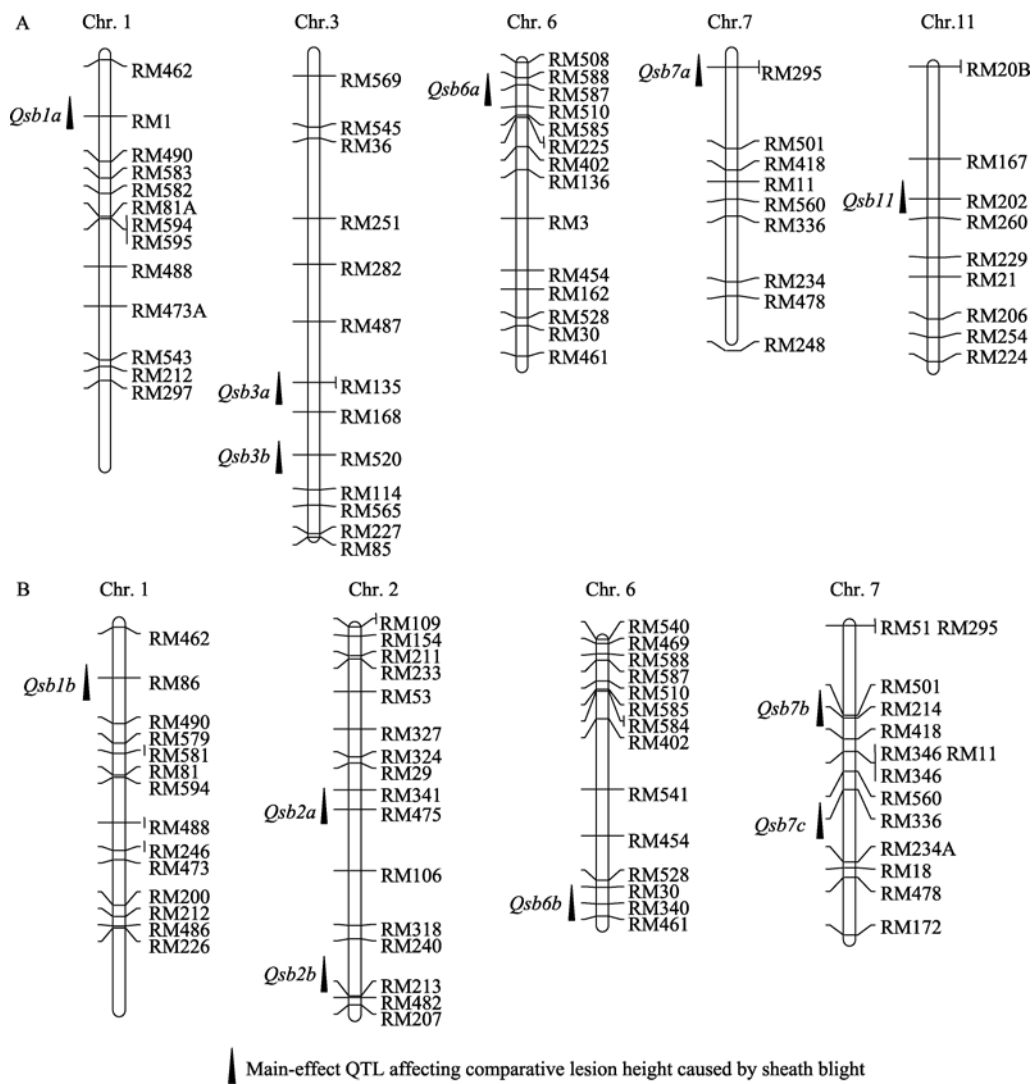


图 1 蜀恢 527/江西丝苗(A)和明恢 86/江西丝苗(B)导入系群体中检测到的抗纹枯病主效位点在染色体上的分布  
Fig. 1 Genomic locations of main-effect QTLs associated with partial resistance to sheath blight detected in the Shuhui 527/JXSM(A) and Minghui 86/JXSM(B) populations

良的株系，在不同的试验点均表现为抗病性显著高于轮回亲本、产量与轮回亲本无显著差异，这一结果表明在水稻资源中缺乏对纹枯病免疫和高抗品种的情况下，利用中等抗病水平的水稻资源通过回交选择可以有效地改良水稻纹枯病抗性。

#### 4 结论

从蜀恢 527 和明恢 86 背景的回交群体中筛选到的抗病性显著高于轮回亲本的株系，分别携带 1~3 个加性效应较大的抗病位点，产量与轮回亲本无显著差异。由于上述株系具有相近的遗传背景，在杂交过程中分离的基因或片段数量有限，很容易利用分子标记手段进行跟踪，便于通过株系间杂交，聚合 2 个或者 2 个以上的抗病位点，进一步提高株系

的纹枯病抗性水平。本研究所用的 2 个轮回亲本均为生产中推广面积较大的优良籼稻恢复系，在利用回交选择群体定位抗病位点的同时，创制了具有利用价值的中间材料，也为抗纹枯病育种提供了有用的信息。

致谢：扬州大学潘学彪教授提供水稻纹枯病菌菌株，并对人工接种技术给予悉心指导，在此深表谢意。

#### References

[1] Meng Q-Z(孟庆忠), Liu Z-H(刘志恒), Wang H-Y(王鹤影), Zhang S-S(张书绅), Wei S-H(魏松红). Research progress in rice sheath blight. *J Shenyang Agric Univ* (沈阳农业大学学报), 2001, 32(5): 376-381 (in Chinese with English abstract)



- [2] Tang J-B(唐家斌), Ma B-T(马炳田), Wang L-X(王玲霞), Li P(李平), Zheng A-P(郑爱萍), Chen H(陈红). Biological control of rice sheath blight with *Trichoderma* and *Thichoderma*-like. *Chin J Rice Sci* (中国水稻科学), 2002, 16(1): 63–66 (in Chinese with English abstract)
- [3] Chang T T. The present status of breeding for resistance to rice blast and sheath blight in Taiwan. *Int Rice Res Newsl*, 1986, 11(2): 1–7
- [4] Sha X Y, Zhu L H. Resistance of some rice varieties to sheath blight (ShB). *Int Rice Res Newsl*, 1989, 15: 7–8
- [5] Marchetti M A. Quantification of the relationship between sheath blight severity and yield loss in rice. *Plant Dis*, 1991, 75: 773–775
- [6] Zuo S-M(左示敏), Zhang Y-F(张亚芳), Chen Z-X(陈宗祥), Chen X-J(陈夕军), Pan X-B(潘学彪). Current progress on genetics and breeding in resistance to rice sheath blight. *Sci Sin Vitae* (中国科学: 生命科学), 2010, 40(11): 1014–1023 (in Chinese)
- [7] Zeng Y-X(曾宇翔), Li X-M(李西明), Ma L-Y(马良勇), Ji Z-J(季芝娟), Yang C-D(杨长登). Research progress on mapping of gene conferring resistance to sheath blight and exploitation of resistance resources in rice. *Chin J Rice Sci* (中国水稻科学), 2010, 24(5): 544–550 (in Chinese with English abstract)
- [8] Li Z-K(黎志康). Strategies for molecular rice breeding in China. *Mol Plant Breed* (分子植物育种), 2005, 3(5): 603–608 (in Chinese with English abstract)
- [9] Pan X-B(潘学彪), Chen Z-X(陈宗祥), Xu J-Y(徐敬友), Tong Y-H(童蕴慧), Wang Z-B(王子斌), Pan X-Y(潘兴元). The effects of different methods of inoculation and investigation on genetic research of resistance to rice sheath blight. *J Jiangsu Agric Coll* (江苏农学院学报), 1997, 18(3): 27–32 (in Chinese with English abstract)
- [10] Schlotterer C. Hitchhiking mapping-functional genomics from the population genetics perspective. *Trends Genet*, 2003, 19: 32–38
- [11] Li Z K, Fu B Y, Gao Y M, Xu J L, Ali J, Lafitte H R, Jiang Y Z, Rey J D, Vijayakumar C H, Maghirange R, Zheng T Q, Zhu L H. Genome-wide introgression lines and their use in genetic and molecular dissection of complex phenotypes in rice (*Oryza sativa* L.). *Plant Mol Biol*, 2005, 59: 33–52
- [12] Zheng T-Q(郑天清), Xu J-L(徐建龙), Fu B-Y(傅彬英), Gao Y-M(高用明), Veruka S, Laffitte R, Zhai H-Q(翟虎渠), Wan J-M(万建民), Zhu L-H(朱苓华), Li Z-K(黎志康). Preliminary identification of genetic overlaps between sheath blight resistance and drought tolerance in the introgression lines from directional selection. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2007, 33(8): 1380–1384 (in Chinese with English abstract)
- [13] Li Z K, Pingson S R M, Marchetti M A, Stansel J W, Park W D. Characterization of quantitative trait loci (QTLs) in cultivated rice contributing to field resistance to sheath blight (*Rhizoctonia solani*). *Theor Appl Genet*, 1995, 91: 382–388
- [14] Pan X-B(潘学彪), Zou J-H(邹军煌), Chen Z-X(陈宗祥), Lu J-F(陆驹飞), Yu H-X(于恒秀), Li H-T(李海涛), Wang Z-B(王子斌), Rush M C, Zhu L-H(朱立煌). Tagging major quantitative trait loci for sheath blight resistance in a rice variety, Jasmine 85. *Chin Sci Bull* (科学通报), 1999, 44(15): 1629–1635 (in Chinese with English abstract)
- [15] Zou J H, Pan X B, Chen Z X, Xu J Y, Lu J F, Zhai W X, Zhu L H. Mapping quantitative trait loci controlling sheath blight resistance in two rice cultivars (*Oryza sativa* L.). *Theor Appl Genet*, 2000, 101: 569–573
- [16] Kunihiro Y(国广泰史), Qian Q(钱前), Sato H(佐藤宏之), Teng S(滕胜), Zeng D-L(曾大力), Fujimoto H(藤本宽), Zhu L-H(朱立煌). QTL analysis of sheath blight resistance in rice (*Oryza sativa* L.). *Acta Genet Sin* (遗传学报), 2002, 29(1): 50–55 (in Chinese with English abstract)
- [17] Han Y-P(韩月澎), Xing Y-Z(邢永忠), Chen Z-X(陈宗祥), Gu S-L(顾世梁), Pan X-B(潘学彪), Chen X-L(陈秀兰), Zhang Q-F(张启发). Mapping QTLs for horizontal resistance to sheath blight in an elite rice restorer line, Minghui 63. *Acta Genet Sin* (遗传学报), 2002, 29(7): 565–570 (in Chinese with English abstract)
- [18] Sato H, Ideta O, Ando I, Kunihiro Y, Hirabayashi H, Iwano M, Miyasaka A, Nemoto H, Imbe T. Mapping QTLs for sheath blight resistance in the rice line WSS2. *Breed Sci*, 2004, 54: 265–271
- [19] Pinson S R M, Capdevielle F M, Oard J H. Confirming QTLs and finding additional loci conditioning sheath blight resistance in rice using recombinant inbred lines. *Crop Sci*, 2005, 45: 503–510
- [20] Xie X-W(谢学文), Xu M-R(许美容), Zang J-P(臧金萍), Sun Y(孙勇), Zhu L-H(朱苓华), Xu J-L(徐建龙), Zhou Y-L(周永力), Li Z-K(黎志康). Genetic background and environmental effects on QTLs for sheath blight resistance revealed by reciprocal introgression lines in rice. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2008, 34(11): 1885–1893 (in Chinese with English abstract)
- [21] Li F(李芳), Cheng L-R(程立锐), Xu M-R(许美容), Zhou Z(周政), Zhang F(张帆), Sun Y(孙勇), Zhou Y-L(周永力), Zhu L-H(朱苓华), Xu J-L(徐建龙), Li Z-K(黎志康). QTL mining for sheath blight resistance using the backcross selected introgres-

- sion lines for grain quality in rice. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2009, 35(9): 1729–1737 (in Chinese with English abstract)
- [22] Liu G, Jia Y, Correa-Victoria F J, Prado G A, Yeater K M, McClung A, Correll J C. Mapping quantitative trait loci responsible for resistance to sheath blight in rice. *Phytopathology*, 2009, 99: 1078–1084
- [23] Sharma A, McClung A M, Pinson S R M, Kepiro J L, Shank A R, Tabien R E, Fjellstrom R G. Genetic mapping of sheath blight resistance QTLs within tropical japonica rice cultivars. *Crop Sci*, 2009, 49: 256–264
- [24] Channamallikarjuna V, Sonah H, Prasad M, Rao G J H, Chand S, Upreti H C, Singh N K, Sharma T R. Identification of major quantitative trait loci *qSBR11-1* for sheath blight resistance in rice. *Mol Breed*, 2010, 25: 155–166
- [25] Temnykh S, Declerck G, Lukashova A, Lipovich L, Cartinhour S, McCouch S. Computational and experimental analysis of microsatellites in rice (*Oryza sativa* L.): frequency, length variation, transposon associations, and genetic marker potential. *Genome Res*, 2001, 11: 1441–1452
- [26] Kurata N, Nagamura Y, Yamamoto K, Harushima Y, Sue N, Wu J, Antonio B A, Shomura A, Shimizu T, Lin S Y, Inoue T, Fukuda A, Shimano T, Kuboki Y, Toyama T, Miyamoto Y, Kirihaara K, Hayasaka K, Miyao A, Monna L, Zhong H S, Tamura Y, Wang Z X, Momma T, Umehara Y, Yano M, Sasaki T, Minobe Y A. 300 kilobase interval genetic map of rice including 883 expressed sequences. *Nat Genet*, 1994, 8: 365–372
- [27] Ware D, Jaiswal P, Ni J, Pan X, Chang K, Clark K, Teytelman L, Schmidt S, Zhao W, Cartinhour S, McCouch S, Stein L. Gramene: a resource for comparative grass genomics. *Nucl Acid Res*, 2002, 30: 103–105
- [28] Ali A J, Xu J L, Ismail A M, Vijakumar C H M, Gao Y M, Domingo J, Maghirang R, Yu S B, Gregorio G, Yangghihara S, Cohen M, Caren B, Mackill D, Li Z K. Hidden diversity for abiotic and biotic stress tolerances in the primary gene pool of rice revealed by a large backcross breeding program. *Field Crops Res*, 2006, 97: 66–76
- [29] Zhang F(张帆), Hao X-B(郝宪彬), Gao Y-M(高用明), Hua Z-T(华泽田), Ma X-F(马秀芳), Chen W-F(陈温福), Xu Z-J(徐正进), Zhu L-H(朱苓华), Li Z-K(黎志康). Improving seedling cold tolerance of japonica rice by using the “Hidden Diversity” in indica rice germplasm in a backcross breeding program. *Acta Agron Sin* (作物学报), 2007, 33(10): 1618–1624 (in Chinese with English abstract)
- [30] Lafitte H R, Li Z K, Vijayakumar C H M, Gao Y M, Shi Y, Xu J L, Fu B Y, Yu S B, Ali A J, Domingo J, Maghirang R, Torres R, Mackill D. Improvement of rice drought tolerance through backcross breeding: evaluation of donors and results from drought nurseries. *Field Crops Res*, 2006, 97: 77–86

## 欢迎订阅 2012 年《农业科技通讯》

### 展示优良品种 荟萃科技成果 聚合实用技术

《农业科技通讯》是农业部主管、中国农业科学院主办的农业技术类期刊。入选全国农业核心期刊。本刊及时报道种植业最新研究成果，尤其是种子方面的新品种、新技术。侧重大田，兼顾园艺，是种植业者首选刊物。主要栏目有人物风采、专题论述、工作研究、试验研究、粮食作物、经济作物、蔬菜、果树、西甜瓜、林木花卉、良种荟萃及市场信息等。内容丰富翔实、信息量大、技术实用。

《农业科技通讯》为月刊，每月 17 日出版。刊号：ISSN 1000-6400, CN11-2395/S；邮发代号：2-602。单价 10.00 元，全年价 120.00 元。全国各地邮局及本刊编辑部均可订阅

地址：100081 北京中关村南大街 12 号《农业科技通讯》编辑部

电话：010-82109664, 82109665, 82106276；传真：010-82109664

E-mail: tongxuna@yahoo.com.cn