

## (一) 立项依据与研究内容

### 1. 项目的立项依据

稻曲病又名黑穗病、黑绿穗病、谷花病、青粉病、开花米，在我国及日本称其为“丰收病”，是由拟黑粉菌 (*Ustilaginoides virens*) 侵染而引起的一种水稻穗部真菌病害，是以厚垣孢子落入土中及附着在种子上越冬，成为下一年为害的侵染源。稻曲病主要分布于亚洲稻区，如中国、缅甸、印度及东南亚各国；此外在欧洲、美洲和非洲等近 40 个国家均有发生 (Ou S H, 1985)，是一个世界性的水稻病害。同时，稻曲病又是一个常发性的病害，自 1878 年 M.C.Cooke 在印度发现以来，就常有发生。以往稻曲病的发生大多比较轻，一直不被人们所重视。

自上世纪 80 年代起，稻曲病在我国的发生面积明显增大。90 年代以来，由于稻田氮肥用量的增加和大穗、密穗型晚熟品种的推广种植，稻曲病的发生日益加剧，呈现出发病范围广、发病频率高、产量损失严重等特点，已成为除白叶枯病、稻瘟病、条纹叶枯病、纹枯病以外的又一严重威胁水稻高产稳产的重大病害。据江苏省农林厅植保站统计，1997~1999 年我省稻曲病发生面积分别为 727、1233 和 1500 万亩，为害逐年上升。2005 年江苏省水稻稻曲病发生危害面积超过 1500 万亩。2006 年稻曲病在我省又一次出现暴发流行。2008 年，我省晚粳稻区有一次出现了大面积为害，危害面积呈逐年扩大的趋势。

根据有关文献报道，水稻每穗有 1-2 颗稻曲病病粒的田块减产 5% 左右，每穗有 5 颗病粒的田块减产 10% 左右。一般发病田块病穗率为 5-10%，严重的达 50%，病穗上的病粒数少则 3-5 颗，多则 50 颗以上。施辰子等 (2003) 研究报道，随着单穗病粒数的增加，千粒重、每穗实粒数和穗重呈下降趋势，而空秕粒却逐步增加，它们之间存在着明显的一元直线回归关系。由此可见，稻曲病对水稻产量损失的影响程度是相当严重的。另外，稻曲球中含有对人、畜均有害的毒素，试验表明用含病粒 0.5% 以上的谷物饲喂鸡、兔等会引起慢性中毒，造成鸡蛋产量下降，兔生长量缓慢 (高峻等，1987)。稻曲病菌产生的毒素对动物的微管蛋白也有明显抑制作用 (Nakamura *et al.*, 1992; 周永力等, 1999)，可导致老鼠的肝脏、肾脏和膀胱组织坏死。病粒浸出液对稻种萌发也有明显的抑制作用。稻曲病的危害既影响水稻的产量又影响稻米的品质，已成为制约水稻生产和优质稻米产业化的瓶颈。

目前，稻曲病的为害已经引起了国内外学者的广泛关注，并对稻曲病的病原学、致病机制和流行机制进行了初步的研究 (藤田佳克等, 1990; 缪巧明等, 1994; 陆凡等 1996; 潘以楼等, 1998; 张君成等, 2003; 周永力等, 2004)，研究内容主要集中于病原的生物学特性、侵染循环和病害防治方法上，而对稻曲病病原菌致病性分化、水稻品种抗病性鉴定与利用、品种抗性遗传机理、抗病育种等工作却鲜有报道 (代光辉等, 2005)。其主要原因是稻曲病的发生受环境影响较大，稻曲病接种鉴定技术 (缪巧明等, 1994; 王疏等, 1996; 李宪等, 1996) 还不够完善，这是制约稻曲病抗性遗传分析和抗性育种研究的关键。

江苏省农科院植物保护研究所依托省“十五”科技攻关项目——水稻稻曲病控害技术研究 (BE2001339)，通过研究稻曲病病原菌的形态学特征、分生孢子的生物学特征，明确了制备接种体的适宜条件，构建了高效引发稻曲病人工接种技术体系，使人工接种技术得到了进一步完善。这套人工接种技术，可保证感病品种的穗发病率能达到 80% 以上、平均每穗病粒数 > 10 粒、每穗最高病粒数 > 100 粒的发病效果 (张君成等, 2004)。该技术解决了长期以来稻曲病的人工接种发病率低、不能满足抗病育种深入研究的需要等关键问题。这项研究成果填补了国内外抗稻曲病育种接种鉴定技术的空白 (已申请国家发明专利)，为开展抗稻曲病抗病性鉴定提供了可靠的技术保证。

迄今为止，国内外对水稻稻曲病抗性遗传鲜见报道，尤其是抗稻曲病育种领域的研究尚属空白，已有研究表明，水稻品种对稻曲病的抗性存在明显差异。云南农科院对 46 个生产用品种进行接种抗

性鉴定，安徽省农科院对 278 份水稻材料进行接种抗性鉴定，江苏省农科院植保所对不同类型的品种进行了接种抗性鉴定，包括常规品种、杂交稻组合等，一致认为品种间抗性差异显著（缪巧明等，1994；李宪等，1996；刘永锋等，2000）。由于对该病的抗性遗传基础缺乏研究，很大程度上制约了抗病育种的开展。研究稻曲病抗性遗传规律、定位抗病基因、寻找与抗性基因紧密连锁的分子标记，通过分子标记辅助选择加速抗病品种的培育，是提高品种抗性水平的有效途径之一。同时在分子水平上开展稻曲病抗性种质创新研究显得尤为重要和迫切。

鉴定与定位抗病基因是开展DNA分子标记辅助选择、有效聚合利用抗病基因和精细定位乃至克隆基因与其功能研究的重要基础。水稻基因组测序完成又为各种分子标记的开发、基因精确定位与克隆提供了强大的技术平台。近几年来，每年都有新的抗病基因被定位在特定的染色体区域。

精细定位是图位克隆功能基因的必要前提，基因的精细定位通常联合应用各种分子标记来完成，迄今，水稻中基于图位克隆方法已克隆了多个抗病基因，包括 LRR-TM-PK 类抗病基因 *Xa-21* (Song et al, 1995)、LRR-PK 类抗病基因 *Xa26* ( Sun et al, 2004 )、NBS-LRR 类抗病基因 *Xa-1* ( Yoshimura et al, 1998 )、编码为小分子转录因子 II A 的 *xa-5* (Lyer et al, 2004) 和编码 α-螺旋小分子多肽的 *xa-27* (Gu et al, 2005) 等 5 个抗水稻白叶枯病基因，其中 *xa27* 基因在抗病与感病个体中编码相同的氨基酸序列，但由于启动子差异只在抗病植株被稻瘟病菌诱导表达(Gu et al, 2005)。已克隆的抗稻瘟病基因有 *Pi-b* ( Wang et al, 1999 ) 和 *Pi-ta* ( Bryan et al, 2000 )，它们与 *Xa-1* 基因一样都属一类 NBS-LRR 植物抗病基因。*Pi-b* 表达不仅受病原菌诱导，而且温度和黑暗等环境条件的诱导 ( Wang et al, 1999 )，这可能与黑暗和适温能促进孢子萌发和附着胞侵染等有关，使水稻本能地在黑暗条件下增量表达。*Pi-ta* 基因在抗病和感病品种均为低水平组成性表达，表达产物仅有一个氨基酸的差异 ( Bryan et al, 2000 )，*Pi-ta* 基因具有很高的多样性，它们对 *Avr-pita* 均具有小种专一性抗性 ( Jia et al, 2003 )。这些信息为将来水稻抗稻曲病基因克隆提供重要参考价值。

早期的 *Pi-b* 的物理定位应用了 RAPD 和 RFLP 标记 ( Miyamoto et al, 1996 )；*Pi-5(t)* 的物理图谱构建应用了 AFLP、RFLP、CAPS 等不同标记 ( Leon et al, 2003 )；*Pi-z* 基因精细定位时开发了 10 多个 SNP 标记 ( Hayashi et al, 2004 )。尽管 RGA 和 EST 作为分子标记尽管数量有限，但可以便利地利用精细定位的抗病基因位点与 “*in silico*” 获得的信息进行分析，直接克隆候选抗病基因和功能验证 ( Sallaud et al, 2003 ; Bormans et al, 2003 ; Wu et al 2004 ; Liu et al, 2005 ; Sharma, et al. 2005 )。

本单位在已经对江苏省水稻主栽品种和部分品种资源进行了抗性筛选和鉴定，获得了一批抗水稻稻曲病的品种和资源，并构建了遗传群体。在此基础上，对水稻稻曲病抗性遗传进行了研究，初步确定水稻对稻曲病的抗性是由 2 对主基因+多基因控制 ( 李余生等，2008 )。利用 RIL 群体进行抗病基因定位，得到了单一环境下的 5 个抗性 QTL，贡献率为 9.8 ~ 22.5%，( 李余生等，2008 )，进一步的深入研究获得了不同年份间表现稳定的抗病位点 *qFsr11* 和 *qFsr12*，其中 *qFsr11* 贡献率接近 20%，为下一步开展精细定位和克隆提供了可能。本研究旨在对 *qFsr11* 抗病基因进行精细定位和克隆等方面进行研究。

### 主要参考文献：

1. Ou S H. Rice diseases. 2nd ed [M], Surrey, UK: CAB/CMI, 1985.307~311
2. 施辰子，郭玉人，陆保理，等. 水稻稻曲病分级标准及导致产量损失的初步测定. 上海交通大学学报(农业科学版)，2003, 21 (2) : 152~155
3. Nakamura K, Izumiyama N. Lupinosis in rice caused by ustiloxin and a crude extract of fungal culture of *Ustilagoidea virens* [J]. Proceeding of the Japanese Association of Mycotoxicology , 1992, 35:41~43
4. 周永力，章琦等. 稻曲病分离技术初探[J]. 中国水稻科学，1999, 13 (3) : 186~188
5. 缪巧明，等. 稻曲病菌核的研究，云南农业大学学报，1994 (2) : 101~104

- 
6. 缪巧明, 等. 水稻品种对稻曲病的抗性鉴定技术研究, 西南农业学报, 1994, 7 (2) : 67~70
7. 藤田佳克, 等. 北日本病虫研报, 1990, 41: 35~36
8. 王疏, 等. 稻曲病接种菌源及接种方法的研究, 辽宁农业科学, 1996 (1) : 33~35
9. 陆凡, 等. 稻曲病的生物学特性及其侵染循环中某些未确定要点的研究, 江苏农业学报, 1996, 12 (4) : 25~40
10. 潘以楼, 等. 稻曲病病穗和病粒的空间分布型, 南京农业大学学报, 1998, 21 (3) : 41~46
11. 李宪, 等. 药剂浸种防治稻曲病和品种抗病性鉴定, 安徽农业科学, 1996, 24 (3) : 245~248
12. 高峻, 等. 稻曲病病粒对鸡和兔的毒性, 植物保护, 1987 (3) : 52~53
13. 季宏平, 等. 国内稻曲病研究现状, 黑龙江农业科学, 1995 (6) : 40~41
14. 刘永锋, 等. 江苏省主栽品种和后备品种稻曲病抗性鉴定, 作物杂志, 2000 (6) : 11~13
15. 张君成, 等. 稻曲病的接种技术研究, 植物病理学报, 2004, 34(5): 463~467
16. 张君成, 等. 稻曲病菌的形态学观察研究, 植物病理学报, 2003, 33(6): 517~523
17. 张君成, 等. 稻曲病菌分生孢子的生物学研究, 植物病理学报, 2003, 33(1): 44~47
18. 周永力, 等. 稻曲病菌遗传多样性与群体结构的初步分析, 植物病理学报, 2004, 34(5): 442~448
19. 代光辉, 等. 稻曲病不同抗性水稻品种的组织化学及分生孢子侵染途径的初步观察, 植物病理学报, 2005, 35 (1) : 37~42
20. 李余生, 等. 水稻稻曲病抗性的主基因多基因混合遗传模型分析, 作物学报, 2008, 34 (10) : 1728~1733
21. 李余生, 等. 利用重组自交系分析水稻稻曲病抗性位点及效应, 中国水稻科学, 2008, 22 (5) : 472~476
22. Miyamoto M, Ando I, Rybka K, et al. High resolution mapping of the indica-derived rice blast resistance gene Pi-b. *MPMI*, 1996, 9(1): 6-13.
23. Jeon J S, Chen D, Yi G H, et al. Genetic and physical mapping of Pi-5(t), a locus associated with broad-spectrum resistance to rice blast. *Mol Gen Genomics*, 2003, 269: 280-289.
24. Hayashi K, Hashimoto N, Daigen M, et al. Development of PCR-based SNP marker for rice blast resistance genes at the Piz locus. *Theor Appl Genet*, 2004, 108: 1212-1220.
25. Sallaud C, Lorieux M, Roumen E, et al. Identification of five new blast resistance genes in the highly blast-resistant rice variety IR64 using a QTL mapping strategy. *Theor Appl Genet*, 2003, 106:1532.
26. Bormans C A C, Marchetti M A, Johnson C W, et al. Molecular markers linked to the blast resistance gene Pi-z in rice for use in marker-assisted selection. *Theor Appl Genet*. 2003, 107: 1014–1020.
27. Wu J L, Sinha P K, Variar M et al. Association between molecular markers and blast resistance in an advanced backcross population of rice. *Theor Appl Genet*, 2004, 108: 1024-1032.
28. Liu X Q, Wang L, Chen S, et al. Genetic and physical mapping of Pi36(t), a novel blast resistance gene located on rice chromosome 8. *Mol Gen Genomics*, 2005, 274(4): 394-401.
29. Sharma T R, Madhav M S, Singh B K, et al. High-resolution mapping, cloning and molecular characterization of the Pi-k h gene of rice, which confers resistance to Magnaporthe grisea. *Mol Gen Genomics*, 2005. DOI 10.1007/s00438-005-0035-2
30. Song W Y, Wan G L, Chen L L, et al. A receptor kinase-like protein encoded by the rice disease resistance gene, X a-21. *Science*, 1995, 270: 180421806.

- 
31. Sun X, Cao Y, Yang Z, et al. Xa26, a gene resistance to *Xanthomonas oryzae* pv *oryzae* in rice encodes an LRR receptor kinase-like protein. *Plant J.* 2004, 37: 517-527.
  32. Yoshimura S, Yamanouchi , Katayose Y, et al. Expression of Xa-1, a bacterial blight-resistance gene in rice, is induced by bacterial inoculation. *PNAS.* 1998, 95: 166321668.
  33. Gu K Y, Yang B, Tian D S, et al. R gene expression induced by a type-III effector triggers disease resistance in rice. *Nature,* 2005, 435: 1122-1125.
  34. Wang G L et al. RFLP mapping of genes conferring complete and partial resistance to blast in a durably resistance rice cultivar. *Genetics,* 1994, 136: 1421-1434
  35. Bryan G T, Wu K S, Farrall L, et al. A single amino acid difference distinguishes resistant and susceptible alleles of the rice blast resistance gene Pi-ta. *Plant Cell,* 2000, (12): 2033-2045.

## 2. 项目的研究内容、研究目标，以及拟解决的关键科学问题。（此部分为重点阐述内容）

### （1）研究内容

在前期的研究中，我们利用高抗稻曲病的品种IR28与感病的地方品种大关稻构建重组自交系群体，鉴定出IR28至少携带5个抗病基因，其中 $qFsr11$ 基因定位于第11染色体长臂末端，位于SSR标记RM229-RM254之间。在此基础上，进一步开展以下研究：

#### 1、基因精细遗传定位与物理定位

- ① 利用已公布的SSR分子标记，筛选目标区域的多态性标记，定位 $qFsr11$ ；
- ② 选择两侧标记与抗性表型发生重组的RIL抗病家系与感病亲本回交，构建回交分离群体，用于 $qFsr11$ 精细定位与克隆研究；
- ③ 根据水稻基因组序列，开发目标区域内的SSR、SNP、STS或RGA(CRG)等基于PCR的分子标记，对 $qFsr11$ 进行精细定位；
- ④ 根据遗传定位结果，以目标基因紧密连锁的两侧标记，对公布的物理图谱进行in silico定位，确定物理区间，并据此进一步开发分子标记、遗传定位和筛选候选基因。

#### 2、筛选 $qFsr11$ 候选基因

- ① 预测目标基因所在物理区间的基因数量，分析各基因的预测氨基酸序列和结构，筛选候选基因；
- ② 克隆候选基因片段(ORF片段)，对比感病序列，筛选候选基因；
- ③ 以稻瘟病菌诱导下的双亲间基因表达差异和启动子对比，筛选候选基因。

#### 3、候选基因的克隆

- ① 采用长片段PCR或重叠PCR克隆完整的候选基因；
- ② 稻瘟病菌诱导下克隆全长cDNA；

### （2）研究目标

---

① 将 *qFsr11* 基因定位在 0.6cM 遗传距离内。

② 筛选、克隆 *qFsr11* 的候选基因

### (3) 拟解决的关键问题

稻曲病是一个成长中的水稻病害，对水稻生产的危害也日见彰显，克隆水稻抗稻曲病基因对于抗病育种和抗病机理研究都具有十分重要的意义。本项目对抗病基因 *qFsr11* 展开精细定位、筛选候选基因和转基因验证，最终目的是克隆到与抗病性相关的基因。

## 3. 拟采取的研究方案及可行性分析

### (1) 研究方法

① 材料与群体：IR28（高抗）；大关稻（高感）；抗感杂交获得的后代 RIL 群体（F<sub>12</sub>）及其回交群体（构建中）。

重组自交系群体：IR28×大关稻 RILs：已加代获得 250 个 F<sub>12</sub> 家系。

回交群体：为了减少外围基因的干扰和锁定目的基因，选择了两侧标记与抗性表型发生重组的 2 个 RIL 抗病家系分别与感病亲本大关稻回交，进一步自交、回交，获得了 BC<sub>1</sub>F<sub>2</sub>、BC<sub>2</sub>F<sub>1</sub> 的分离群体，作为 *qFsr11* 精细定位与克隆研究的群体。根据以后的定位结果，可进一步构建 BC<sub>3</sub>、BC<sub>4</sub> 回交群体，直至克隆目的基因。

② 菌株与接种：接种用的菌液为稻曲病单孢菌株 Uv-2 的菌丝-孢子混合液，孢子浓度为 100× 显微镜下孢子数每视野 100-150 个，是上年田间采集的稻曲菌经马铃薯蔗糖培养液振荡培养产生的菌丝和孢子，用匀浆机打碎而成。回交分离群体鉴定后，保留并繁殖个体，下代家系复鉴。

③ 遗传定位：精细定位 *qFsr11* 基因。遗传定位最重要的是多态标记的利用和开发。根据已公布的基因组序列，在目的基因区域内设计引物、对亲本扩增、测序、开发基于 PCR 的分子标记，精细定位抗病基因。有关标记开发可利用的信息平台有：粳稻 Nipponbare 基因组序列 <http://rgp.dna.affrc.go.jp/>；籼稻 93-11 基因组序列 <http://rice.genomics.org.cn/>；序列 blast、ORF 检索、氨基酸序列预测、EST 信息等 <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/>；SSR 序列检索与引物设计 <http://www.gramene.org/> 等。

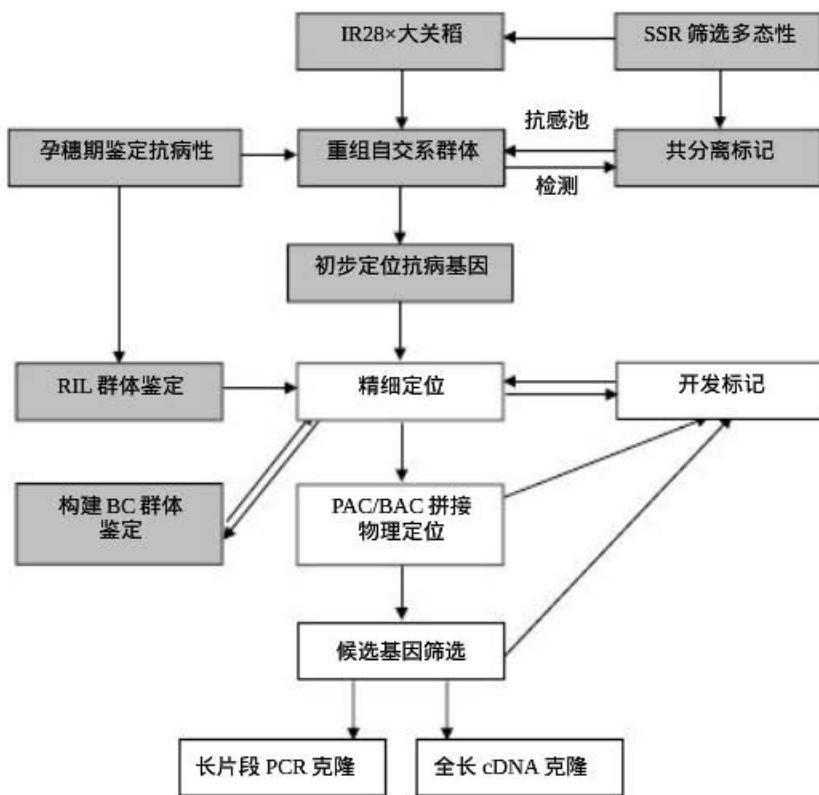
④ 物理定位：与基因 *qFsr11* 紧密连锁的两侧分子标记，直接在相关网站公布的物理图谱进行 *in silico* 物理定位 (<http://rapdb.lab.nig.ac.jp/> 或 [http://www.gramene.org/Oryza\\_sativa/](http://www.gramene.org/Oryza_sativa/) 或 <http://rice.genomics.org.cn/>)。遗传定位与物理定位相互验证。

⑤ 候选基因筛选：在基因 *qFsr11* 所在的物理区间对应 BAC/PAC 序列中，通过网上 blast 或

GENESCAN 等软件预测 ORF，预测蛋白的氨基酸序列和功能结构域，筛选候选基因；根据候选基因的 DNA 序列，设计 PCR 引物，扩增抗感双亲的 DNA 序列，克隆和测序，对比预测氨基酸序列差异及其所在的功能域，依此可进一步遴选候选基因；根据稻曲病菌诱导下的候选基因在双亲表达与否、表达差异与启动子分析，作为进一步遴选候选基因的依据。

⑥基因克隆与转基因研究：以候选基因及其启动子区域两侧序列设计 PCR 引物，长片段 PCR 扩增，克隆目的基因；当候选基因序列过长，拟采用分段克隆、重叠 PCR，利用酶切位点连接获得目的基因，设置重复，以确保序列正确性；

## (2) 技术路线



注：灰色框中的内容已开展

## (3) 可行性分析

## 1、鉴定的可靠性是准确定位和克隆目的基因的重要前提

本研究采用已知的抗、感品种和遗传群体，选材上具有很强的针对性；鉴定方法采用高效引发稻曲病人工接种鉴定技术，方法可靠，鉴定效率高，结果准确；

采用 RIL 群体水平（每家系 5-8 株）、多重复（2-3 次）鉴定，其鉴定的可靠性远高于个体水平上的鉴定；

选择两侧标记与抗性表型发生重组的 RIL 抗病家系构建回交分离群体，作为精细定位与克隆研究的次级群体，可以减少或排除遗传背景对鉴定结果的干扰，并在锁定区域内进一步开发新的标记、鉴定标记与表型的重组事件，可保证定位的准确性；

在 BC 分离群体鉴定后，保留、繁衍个体，后代家系复检，尤其是发生重组的个体，可进一步构建回交群体用于定位和克隆基因；

## 2、充分利用水稻基因组信息平台开发分子标记、定位和克隆基因

初定位所用的标记主要采用 SSR 标记，其快速简便，且所需 DNA 量少，标记来源方便，可靠性好，是众多实验室最常用的分子标记。目前可在 [www.gramene.org](http://www.gramene.org) 等网站检索到的 SSR 标记多达 2 万，可满足基因初步定位的需要。但这些标记来自众多不同的群体，不可能满足特定群体中特定基因精细定位与克隆的需要；

精细定位和物理定位，通常联合应用各种 DNA 标记来完成。我们在方案中主要选择了方便、快速、低成本的基于 PCR 的分子标记开发，包括 SSR、SNP、STS 或 RGA（CRG）标记等（根据实验过程中具体情况）。这些不同标记也都被众多研究者应用，方法成熟可靠。

在 <http://rapdb.lab.nig.ac.jp/> 或 [http://www.gramene.org/Oryza\\_sativa/](http://www.gramene.org/Oryza_sativa/) 或 <http://rice.genomics.org.cn/> 等数个网站公布了水稻基因组物理图谱，可以借助基因组序列开发标记、筛选和克隆候选基因。近年来报道的水稻功能基因定位与克隆都借助于这些信息。

## 4. 本项目的特色与创新之处。

虽然我国对稻曲病研究起步较早，但早期大多集中对病害的防治方面，后来在稻曲病的病原学病害发病机理、稻曲病诱发鉴定技术研究等方面进展较快。而在抗病遗传育种工作研究方面却起步晚、进展缓慢，国内外报道很少，基因的定位也只有少量的报道，抗病基因的克隆研究还是空白。本研究在前期研究的基础上，根据水稻基因组信息，开发基于 PCR 的分子标记，利用重组自交系及两侧标记发生重组的 RIL 抗病家系的回交分离群体，精细定位 *qFsr11* 基因，将其定位在 0.6cM 以内。在锁定的目标区间分析 ORF、启动子序列以及稻曲病菌诱导下的表达，筛选候选基因，采用长片段 PCR、重叠 PCR 等方法克隆候选基因和在稻曲病菌诱导下克隆候选基因全长 cDNA。该项研究不但会推进我国稻曲病抗病育种工作走向深入，而且会使我国在抗稻曲病育种研究方面处于世界领先水平。

## 5. 年度研究计划及预期研究结果

---

## 年度研究计划

2011 年：

- 开发分子标记，寻找与 *qFsr11* 遗传距离更近的分子标记；
- 利用两侧标记发生重组的抗病个体进一步构建回交（BC<sub>2</sub>、BC<sub>3</sub>）分离群体；
- 发表论文 1 篇。

2012 年：

- 将 *qFsr11* 基因定位在 1.0cM 遗传距离内（或 80kb 内）；
- 进一步构建回交（BC<sub>3</sub>、BC<sub>4</sub>）分离群体；
- 筛选 *qFsr11* 候选基因；
- 发表论文 1 篇。

2013 年：

- 将 *qFsr11* 基因定位在 0.6cM 遗传距离内（或 50kb 内）；
- 筛选 *qFsr11* 候选基因，克隆候选基因作转基因研究；
- 发表论文 1 篇，课题总结。

## 预期研究结果

通过三年的研究，将抗稻曲病基因 *qFsr11* 定位在 0.6cM 遗传距离内（或 50kb 物理区间），筛选、克隆出抗病候选基因。本项目研究成果主要以论文形式提交，在项目完成后，预计发表论文 2-3 篇。

## （二）研究基础与工作条件

### 1、工作基础（与本项目相关的研究工作积累和已取得的研究工作成绩）

本课题组依托国家水稻改良中心南京分中心、江苏省优质水稻工程技术研究中心，多年来一直致力于水稻有利基因的发掘、鉴定、创新和利用研究。在水稻重要农艺性状基因的遗传机制、分子定位和克隆等方面取得了较多进展。

#### 1) 品种抗性鉴定

已经鉴定了 500 多份水稻品种和资源，获得了一批高抗和中抗稻曲病的材料，并对不同品种类型的抗病性进行了研究。

#### 2) 遗传群体构建

拥有可用于抗性遗传分析的初级群体和永久遗传群体 8 个，其中重组自交系群体（RILs）3 个（F<sub>9</sub>-F<sub>12</sub>），已经完成了 3 个群体 SSR 分子标记图谱的构建，构建了回交分离群体，为抗病基因定位奠定了分子基础。