

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2008.01397

野生稻有利基因的发掘和利用

鄂志国¹, 王磊^{1,2}

1. 中国水稻研究所科技信息中心, 杭州 310006;
2. 水稻生物学国家重点实验室, 杭州 310006

摘要: 野生稻作为栽培稻的野生亲缘种, 具有许多优良的性状和有利基因, 是栽培稻品种进一步改良的天然遗传种质资源库。其中, 野生稻对病虫害的抗性、对各种逆境的耐受性以及胞质雄性不育等, 已广泛应用于现代栽培稻的育种改良。文章综述了野生稻种质资源的有利性状及相应控制基因的发掘, 探讨了其在今后水稻育种中的应用潜力。

关键词: 野生稻; 种质资源; 基因; 有利性状; 育种改良

Discovery and utilization of favorable genes in wild rice

E Zhi-Guo¹, WANG Lei^{1,2}

1. China National Rice Research Institute, Hangzhou 310006, China;
2. State Key Laboratory of Rice Biology, Hangzhou 310006, China

Abstract: Wild rice is the closely related wild relatives of cultivated rice. Wild rice provides natural genetic germplasm resources for improving cultivated rice varieties as it possesses many desirable traits and favorable genes, many of which, such as resistance to diseases and insect pests, tolerance to different kinds of stresses and its cytoplasmic male sterility, have been widely used in cultivated rice breeding. In this paper, favorable traits of wild rice germplasm resources and the related genes were summarized, and their utilization potential in rice breeding were also discussed.

Keywords: wild rice; germplasm; gene; favorable trait; breeding improvement

水稻是重要的粮食作物, 世界上有近一半人口, 包括几乎整个东亚和东南亚, 都以稻米为主要食物。提高水稻产量和品质, 一直是育种家追求的目标。但是, 人们在对栽培稻长期驯化和选育过程中, 许多有利基因已因人为定向选择而过滤掉, 这直接导致了现代栽培种的遗传单一性, 降低了其对病虫害的抗性以及对各种逆境的忍受力。打破这一僵局, 一个有效的途径就是从野生稻资源中发掘或找回这

些丢失的有用基因, 并用于现代栽培稻的育种改良之中。

近些年来, 对野生稻有利性状的鉴定和控制基因的利用一直得到科学家们的广泛关注, 分子技术加速了这一领域的发展, 优异白叶枯病抗性基因 *Xa21* 和稻瘟病抗性基因 *Pi9* 等的问世, 极大增强了科学家从野生稻中转移更多有利基因的信心。本文作简单回顾, 并对野生稻有利基因的利用作简要探讨。

收稿日期: 2008-04-23; 修回日期: 2008-06-19

基金项目: 国家高技术研究发展计划项目(863 计划)(编号: 2006AA10Z1E8)、国家自然科学基金专项(编号: 30623006)和中国水稻研究所基本科研业务费项目(编号: 2006RG006)资助[Supported by the Hi-Tech Research and Development Program of China (863 Program) (No. 2006AA10Z1E8), the National Natural Science Special Foundation of China (No.30623006) and the Basic Research Development Program at China National Rice Research Institute (No. 2006RG006)]

作者简介: 鄂志国(1977-), 男, 江苏泰兴人, 硕士研究生, 助理研究员, 专业方向: 生物信息学。E-mail: ricer@vip.qq.com

通讯作者: 王磊(1963-), 男, 浙江临安人, 研究员, 博士, 研究方向: 生物信息学和数理统计。E-mail: hzwanglei@gmail.com

1 野生稻的种类及有利性状

稻属(*Oryza*)中,除 2 个栽培种,即亚洲栽培稻(*Oryza sativa* L.)和非洲栽培稻(*Oryza glaberrima* Steud)外,另有广泛分布于亚洲、非洲、美洲和澳洲等地的 22 个野生种(表 1)^[1-3]。根据种间杂种 F_1 花粉育性和减数分裂染色体配对情况,结合染色体形态异同所做的染色体核型分析,以及基因组总 DNA 原位杂交的结果等,将野生稻分为不同的染色体组(Genome)类型,即 AA、BB、BBCC、CC、CCDD、EE、FF、GG、HHJJ 和 HHKK 等 10 个染色体组^[1,2]。

野生稻是水稻种质资源中重要的储备,是天然的基因库。在漫长的进化过程中,由于其长期处于野生状态,经受了各种灾害和不良环境的自然选择,形成了极其丰富的遗传多样性,从而保存了栽培稻不具有的或已消失的许多优良遗传基因,具有许多可供现代水稻育种和生物技术利用的特异性状(表 1),比如对稻飞虱、黑尾叶蝉和稻瘿蚊等害虫的抗性;对白叶枯、稻瘟病和纹枯病等病害的抗性;对干旱、淹浸、寒冻和土壤酸碱性等不良环境的耐受性以及细胞质雄性不育、功能叶耐衰老、再生性、优质等等^[2,3]。因此,野生稻在水稻育种中具有独特的作用,占据重要的地位,是水稻常规育种,杂交育种和生物技术育种的物质基础。

2 野生稻有利基因的鉴定

2.1 抗病基因

野生稻是重要的稻种资源,在现代水稻育种改良中发挥了极其重要的作用,国际水稻研究所(IRRI)的研究表明,从野生稻中寻找病虫害抗性基因的机会比栽培稻高出约 50 倍^[3],因此,各水稻生产国对野生稻资源的利用都极为重视。

2.1.1 稻白叶枯病抗性基因

水稻主要病害中,利用寄主的抗性来控制稻白叶枯病的效果最为明显^[4]。截至 2008 年 2 月,已报道的抗白叶枯病主效基因共有 31 个^[4,5],其中源自野生稻的有 5 个,分别是 *Xa21*、*Xa23*、*Xa27(t)*、*Xa29(t)*和 *Xa30(t)*。

Xa21 是第一个从野生稻中克隆出来的重要功能基因,因其具有的广谱白叶枯病抗性,一经问世就倍受国际同行关注^[6]。Khush 等^[7]首先报道了其抗性供体为西非长药野生稻,通过将该野生稻与感病的籼稻栽培品种 IR24 杂交,经过 12 年转育,于 1990 年获得了以 IR24 为遗传背景的籼稻近等基因

系 IRBB21,白叶枯病菌(*Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae*, Xoo)接种鉴定表明:IRBB21 对印度和菲律宾所有的 Xoo 生理小种都有抗性;遗传分析表明其抗性是由单一遗传位点决定的,命名为 *Xa21*。Ronald 等^[8]利用 123 个 DNA 标记和 985 个随机引物对 *Xa21* 的抗性近等基因系分别进行了 RFLP、RAPD 分析,其中,位于第 11 号染色体上的 RG103、RAPD818 和 RAPD248 等 3 个标记与白叶枯病的抗性位点 *Xa21* 共分离,从而将 *Xa21* 定位在第 11 号染色体上。随后 Song 等^[6]克隆了该基因,并迅速广泛应用于国内外水稻抗白叶枯病转基因育种。

Xa23 于 1998 年由章琦等鉴定^[4]。1987 年中国农业科学院与广西农业科学院合作,从普通野生稻中筛选出一个全生育期高抗强毒性菲律宾小种 6(P6)的新抗源 RBB16。通过栽野杂交、花培、回交、自交、目标基因鉴定等手段育成纯合抗病系 H4 和近等基因系 CBB23(轮回亲本为金刚 30),2000 年育成了第 2 对携 *Xa23* 的近等基因系 CBB23B(轮回亲本为 IR24)。*Xa23* 随后被定位在水稻第 11 染色体上,其特点是:(1)抗谱广,抗菲律宾小种 1~10、中国致病型小种 1~7 和日本小种 1~3 共 20 个国内外白叶枯病鉴别菌株。*Xa21* 抗其中 19 个菌株,不抗菲律宾小种 10;(2)全生育期抗病,*Xa21* 则须在分蘖末期转抗;(3)完全显性,抗性遗传传递力强,便于育种选择。

*Xa27(t)*是由 IRRI 的 Amante-Bordeos 等^[9]通过种间杂交、胚拯救(Embryo rescue)和回交等手段,将四倍体小粒野生稻的白叶枯病抗性导入栽培稻 IR3 1914-45-3-2 而获得的 BC_2F_4 株系 78-1 所携带的抗性基因,该基因抗菲律宾小种 2、3、5 和 6,暂定名为 *Xa25(t)*。后由新加坡国立大学 Temasek 生命科学实验室与美国 Ohio 州立大学植物病理系进行了系统合作研究,改名为 *Xa27(t)*,并将之定位在水稻第 6 染色体上 M1081 和 M1059 之间,两分子标记相距 2.1 cM 的遗传距离^[10]。

*Xa29(t)*由谭光轩等^[11]鉴定。他们从药用野生稻渗入栽培稻的后代中,选育了抗菲律宾 Xoo 小种 1(PXO61)的水稻株系 B5,将 B5 与籼稻品种明恢 63 杂交,通过单粒传获得了一个含有 187 个稳定纯合株系的重组自交系(Recombinant inbred lines, RILs)群体。在植株孕穗期的抗白叶枯病鉴定和遗传分析表明, B5 对 PXO61 的抗性受控于 1 对显性新基因 *Xa29(t)*。根据 RILs 群体的抗病性表型鉴定数据及分子标记连锁图谱,将 *Xa29(t)* 定位于第 1 染色体短臂的 C904 和 R596 之间。

表 1 稻属 24 个种的名称、染色体数、染色体组、有利性状及地理分布

Table 1 Chromosome number, genomes, advantageous characters and distributions of the 24 species in genus *Oryza*

种名 Species	染色体数 Chromosome number	染色体组 Genome	有利性状 Favorable traits	地理分布 Distributions
亚洲栽培稻 <i>Oryza sativa</i> L.	24	AA	栽培种 Cultivated species	全世界 Worldwide
非洲栽培稻 <i>O. glaberrima</i> Steud.	24	AA	栽培种 Cultivated species	西非 West Africa
普通野生稻 <i>O. rufipogon</i> Griff.	24	AA	胞质雄性不育、耐淹、耐酸性硫酸土等 Cytoplasmic male sterility; submergence and acid tolerance	南亚、东南亚、澳大利亚 South and Southeast Asia, Australia
一年生野生稻 <i>O. nivara</i> Sharma et Shastry	24	AA	抗草丛矮缩病 Resistance to rice rosette	南亚、东南亚 South and Southeast
短舌野生稻 <i>O. barthii</i> A. Chev.	24	AA	抗黑尾叶蝉 Resistance to green rice leafhopper	非洲 Africa
展颖野生稻 <i>O. glumaepatula</i> Steud.	24	AA	/	拉丁美洲 Latin America
长药野生稻 <i>O. longistaminata</i> Chev. et Roehr	24	AA	抗白叶枯病、异花授粉特性 Resistance to bacterial blight; cross pollination	非洲 Africa
南方野生稻 <i>O. meridionalis</i> Ng	24	AA	耐旱 Drought tolerance	澳大利亚热带 Tropical Australia
斑点野生稻 <i>O. punctata</i> Kotechy ex Steud.	24	BB	抗褐飞虱、白背飞虱 Resistance to brown planthopper and white backed rice planthopper	非洲 Africa
非洲野生稻 <i>O. schweinfurthiana</i> Prod.	48	BBCC	/	非洲 Africa
小粒野生稻 <i>O. minuta</i> J. S. Presl. et C.B. Presl.	48	BBCC	抗稻飞虱、稻瘟病、白叶枯病、纹枯病 Resistance to rice hopper, rice blast, bacterial blight and sheath blight	菲律宾、新几内亚 Philippine and New Guinea
马蓝普野生稻 <i>O. malampuzhaensis</i> Kishn. et Chandr.	48	BBCC	/	印度 India
药用野生稻 <i>O. officinalis</i> Wall ex Watt	24	CC	抗稻飞虱、黑尾叶蝉和白叶枯病 Resistance to brown planthopper, green rice leafhopper and bacterial blight	南亚、东南亚、新几内亚 South and Southeast Asia, New Guinea
根状茎野生稻 <i>O. rhizomatis</i> Vaughan	24	CC	根状茎 Rhizome	斯里兰卡 Sir Lanka
紧穗野生稻 <i>O. eichingeri</i> Peter	24	CC	抗稻飞虱、黑尾叶蝉、螟虫和白叶枯病 Resistance to rice hopper, green rice leafhopper, stem borer and bacterial blight	斯里兰卡、东非 Sir Lanka, East Africa
宽叶野生稻 <i>O. latifolia</i> Desv.	48	CCDD	抗褐飞虱 Resistance to brown planthopper	拉丁美洲 Latin America
高秆野生稻 <i>O. alta</i> Swallen	48	CCDD	抗二化螟 Resistance to Asiatic rice borer	拉丁美洲 Latin America
大颖野生稻 <i>O. grandiglumis</i> Prod.	48	CCDD	植株高大、抗白叶枯病 High plant; resistance to bacterial blight	拉丁美洲 Latin America
澳洲野生稻 <i>O. australiensis</i> Domin.	24	EE	抗褐飞虱、黑尾叶蝉、耐旱 Resistance to brown planthopper and green rice leafhopper; drought tolerance	澳大利亚热带 Tropical Australia
颗粒野生稻 <i>O. granulata</i> Nees et Arn ex Wall	24	GG	耐荫、抗褐飞虱、螟虫、白叶枯病 Shade tolerance; resistance to brown planthopper, stem borer and bacterial blight	南亚、东南亚 South and Southeast Asia
新喀里多野生稻 <i>O. neocaledonica</i> Morat	24	GG	/	新喀里多尼亚 New Caledonia
长颖野生稻 <i>O. longiglumis</i> Jansen	48	HHJJ	耐荫、抗稻瘟病和白叶枯病 Shade tolerance; resistance to rice blast and bacterial blight	印尼、巴布亚新几内亚 Indonesia, Papua New Guinea
马来野生稻 <i>O. ridleyi</i> Hook f.	48	HHJJ	抗稻水蝇、螟虫 Resistance to rice ephydrid and stem borer	南亚 South Asia
西来特野生稻 <i>O. schlechteri</i> Pilger	48	HHKK	匍匐茎 creeping stem	印尼、巴布亚新几内亚 Indonesia, Papua New Guinea

*Xa30(t)*由王春连等^[12]鉴定。他们从 269 份普通野生稻中鉴定出一个高抗白叶枯病的新抗源, 编号为 Y238, 遗传分析证明该抗源含有一个显性新基因 *WBB2*, 通过杂交和回交, 将 *WBB2* 导入栽培稻 JG30 中并成功构建近等基因系 CBB30; 金旭炜等^[5]以 JG30/Y238 的一个 BC₂F₂ 代群体为定位群体, 利用分离集团分析法, 借助 DNA 分子标记对 *WBB2* 进行分子标记定位, 最终将其定位于水稻第 11 染色体长臂上距 C189 标记 4.4cM 的遗传距离, 并重命名为 *Xa30(t)*。

2.1.2 稻瘟病抗性基因

Pi9 由 Amante-Bordeos 等^[9]鉴定。他们首先将源自小粒野生稻中的抗稻瘟病基因导入栽培稻中, 并命名为 *Pi9*。Liu 等^[13]用来自 13 个国家的 43 个稻瘟病小种对 *Pi9* 进行抗性鉴定, 发现其对所有供试小种均表现出很高的抗性, 并在水稻第 6 染色体上找到与之紧密连锁的 RFLP 标记 RG64 和 R2132。Qu 等^[14]用图位克隆的方法将 *Pi9* 克隆, 发现其具有 NBS-LRR 结构域, 是目前已克隆稻瘟病抗性基因中抗谱最广的一个。

*Pi40(t)*由 IRRI 的 Jeung 等^[15]鉴定。他们从带有澳洲野生稻遗传背景的基因渗入系 IR65482-4-136-2-2 中, 鉴定出一个抗菲律宾和韩国强致病稻瘟菌小种的新基因, 命名为 *Pi40(t)*, 并将其定位在水稻第 6 染色体短臂上两标记 S2539 和 RM3330 之间; 进一步通过“电子着陆”(e-Landing)策略将其限定在与 9871.T7E2b 标记紧密连锁的一段 70 kb 区间内。

2.1.3 其他病害抗性基因

水稻草丛矮缩病抗性基因 *Gsv*。20 世纪 60 年代末, IRRI 从一年生野生稻中鉴定出唯一的抗草丛矮缩病的抗源, 并通过杂交、回交, 把抗性基因 *Gsv* 导入栽培稻。从 IR8 开始, IRRI 育成的 IR 系统品种都具有该基因而抗草丛矮缩病^[3]。

经鉴定筛选, 发现野生稻种质对稻纹枯病、细菌性条斑病、黄矮病等也具有不同程度的抗性, 但这些抗病基因的鉴定和定位还需要进一步的研究。

2.2 抗虫基因

野生稻对褐飞虱、白背飞虱、稻瘿蚊、三化螟、黑尾叶蝉和稻蓟马等害虫表现出较高的抗性水平。有关野生稻的抗虫性, 研究得比较深入的是对褐稻虱的抗性鉴定, 已经从 5 种不同的野生稻资源中共鉴定出 11 个抗性基因。

Bph10 和 *Bph18(t)*, 这两个主效抗性基因都是从带有澳洲野生稻遗传背景的基因渗入系中鉴定出的。Ishii 等^[16]从基因渗入系 IR65482-4-136-2-2 中鉴定出一对新的显性抗性基因, 暂命名为 *Bph10*, 并将其定位在第 12 染色体上。Jena 等^[17]从另一基因渗入系 IR65482-7-216-1-2 中鉴定出一对与 *Bph10* 不等位的新抗性基因 *Bph18(t)*, 并将其定位到第 12 染色体上 RM463 和 S15552 之间。

bph11、*bph12*、*Bph13(t)*、*Bph14* 和 *Bph15*, 这 5 个抗性基因均是从药用野生稻中鉴定出的基因位点。Hirabayashi 等^[18,19]率先从药用野生稻中鉴定出两个新的隐性基因 *bph11* 和 *bph12*, 并分别定位在第 3 和第 4 染色体上; Renganayaki 等^[20]也发现源自药用野生稻的一对新基因能抗生物型 4, 命名为 *Bph13(t)*, 并利用 RILs 和 RAPD 标记将其定位到第 3 染色体上; Huang 等^[21,22]从带有药用野生稻背景的基因渗入系 B5 中鉴定了两个新的显性抗性基因 *Bph14* 和 *Bph15*, 并采用集团分离分析法对这两个基因进行分子标记定位, 最终 *Bph14* 被定位到第 3 染色体上 G1318 和 R1925 之间, *Bph15* 被定位到第 4 染色体上 C820 和 S11182 之间。

*Bph12(t)*是 Yang 等^[23]从带有阔叶野生稻遗传背景的基因渗入系 B14 中鉴定出的对褐飞虱表现高抗的显性基因, 通过将 B14 与感虫品种 TN1 杂交构建 RILs 群体, 最终将 *Bph12(t)*定位到水稻第 4 染色体上 C946 与 RM261 之间, 且与 RM261 仅有 1.8 cM 的遗传距离。

Bph13(t), 这个基因命名上与 Renganayaki 等^[20]从药用野生稻中鉴定出的基因发生重复, 但两者不是同一个基因。刘国庆等^[24]将紧穗野生稻与栽培稻远缘杂交, 并利用 RFLP 和 SSR 等分子标记, 对杂交后代外源遗传物质的存在进行了跟踪鉴定。结果表明, 野生稻中的抗性基因已成功导入栽培稻, 且抗性性状由一对显性主效基因控制, 位于第 2 染色体, 在两个微卫星标记 RM240 和 RM250 之间, 遗传距离分别为 6.1 cM 和 5.5 cM, 暂时定名为 *Bph13(t)*。

*bph18(t)*和 *bph19(t)*。李容柏等^[25]从 1 200 多份普通野生稻种质中筛选出 30 份抗褐飞虱材料, 遗传分析证明这些种质对褐飞虱生物型 2 和九龙江型的抗性受 2 对重复作用隐性基因控制, 暂命名为 *bph18(t)*和 *bph19(t)*。其中, *bph18(t)*定位于水稻第 4 染色体上 RM6506 和 RM273 之间, 遗传距离分别是 11.0 cM 和 6.0 cM; *bph19(t)*定位于水稻第 12 号染色体上长臂末端, 与 RM17 有 16.7 cM 的遗传距离。

2.3 耐逆基因

2.3.1 抗寒基因

冷害是水稻生产的主要灾害之一, 寻找耐冷性遗传资源、选育耐冷性强的品种, 对水稻高产、稳产具有重要的意义。陈大洲等^[26]对江西东乡普通野生稻(简称东乡普野)苗期耐寒性研究发现: 东乡普野的耐冷性为完全显性, 受两对重复基因所控制, 且细胞质对其耐寒性有明显影响。后续研究中, 陈等^[27]应用协青早 B/东乡普野 BC₁F₁ 群体的 213 个株系, 以苗期的死苗率作为衡量东乡野生稻苗期耐冷性的指标, 并将其作为数量性状进行基因定位, 研究结果表明: 苗期的死苗率呈连续分布, 表明东乡普野的耐冷性受多基因控制。通过单因素方差分析, 分别在第 4、8 染色体上检测到了一个可能与耐冷性有关的 QTL。目前, 已成功将东乡普野的抗寒基因转移到栽培稻中并育成一批强耐冷的粳稻品种(系), 如 4913-2、4789-1、4789-2、4788 等, 这些品系均可在南昌自然越冬^[28]。刘凤霞等^[29]利用桂朝 2 号和东乡普野构建高代回交群体, 对东乡普野孕穗开花期耐冷性 QTL 进行了分析, 在第 1、6 和 11 染色体上定位了 3 个影响孕穗开花期耐冷性 QTL, 其中来自野生稻的等位基因 *qRLT1-1* 和 *qRLT6-1* 能提高回交群体孕穗开花期的耐冷性。

另据研究, 花药长度与品种耐寒性相关, 可作为水稻品种耐寒性强弱的形态指标, 一般的, 花药长的品种耐寒性强, 花药短的品种耐寒性弱^[30]。Xiong 等^[31]利用籼稻品种矮脚南特与普通野生稻 P16 杂交产生的 172 个 F₂ 群体研究表明: 控制花药长度的 QTLs 有 7 个, 分别位于第 1、2、3、5、6、8 和 9 染色体上, 贡献率分别为 8.3%、11.1%、11.4%、7.4%、12.8%、8.4% 和 12.9%, 总贡献率为 47.3%。李晨等^[30]用东乡普野和桂朝 2 号的 115 株的 BC₁ 群体, 构成了长度为 1 418.2 cM、包含 120 个 RFLP 标记的遗传图谱, QTL 分析结果表明, 控制花药长度的 2 个 QTLs 分别位于第 2 染色体 C424~G39 和第 9 染色体 C2807~C1263 间。

2.3.2 抗旱基因

周少霞^[32]以东乡普野为供体、桂朝 2 号为受体, 利用 30% 的 PEG 溶液人工模拟干旱环境进行抗旱基因的定位研究, 发现 11 个与抗旱相关的 QTL, 其中在第 2、6 和 12 染色体上发现了 4 个 QTL 的加性效应值为正, 表明来自东乡野生稻的等位基因能使渗

入系的抗旱性增强, 特别是位于第 12 染色体 RM17 附近的 *qSDT12-2* 在多次重复中均被检测到, 并且在 PEG 处理后 1~8 d 能稳定表达。

2.4 育性相关基因

2.4.1 细胞质雄性不育基因

细胞质雄性不育 (Cytoplasmic male sterility, CMS) 在野生稻中普遍存在, 它是水稻杂种优势利用的基础。袁隆平利用花粉败育型的普通野生稻育成野败型不育系, 首次实现了杂交水稻“三系”配套。几十年来, 利用野生稻 CMS 基因, 转育出了一大批不育系与相应的保持系, 配制的杂交组合, 在水稻生产中发挥了极其重要的作用。

水稻的 CMS 被认为是受线粒体 DNA 中的 *atp6* 基因控制, *atp6* 编码 ATP 酶复合体 F₀ 第 6 亚基。国伟等^[33]通过 Southern 杂交分析比较了珍汕 97A 不育系与其保持系线粒体 *atp6* 的组织结构差异, 从构建的保持系基因文库中筛选出 *atp6* 基因克隆, 并制作了物理图谱。Akagi 等^[34]报道了 BT-型水稻 CMS 系统线粒体中不正常 *atp6* 基因的下游具有一个编码 79 个氨基酸的 ORF, 将其命名为 *orf79*, 并认为其可能与细胞质雄性不育有关; Wang 等^[35]通过转基因研究证实了 *orf79* 与 BT-型水稻 CMS 的关系。Yi 等^[36]研究也证实, 源自普通野生稻的 HL-型 CMS 系, 其线粒体基因组 *atp6* 基因的下游与 BT-型 CMS 系统线粒体基因组 *atp6* 基因一样也包含一段编码 79 个氨基酸的 ORF, 命名为 *orfH79*, 并与 BT-型水稻 CMS 系 *orf79* 有 98% 的同源性。

2.4.2 育性恢复基因

关于栽培稻雄性不育育性恢复基因的研究已进入分子水平, 并成功定位了 *rf3*、*rf4* 等一批基因, 但有关野生稻的育性恢复研究相对较少。李绍清等^[37]将 6 个种 31 份生态型野生稻与野败不育系珍汕 97A 测交, 发现其中 16 份含有恢复基因, 频率为 51.6%, 表明雄性不育恢复基因在野生稻中广泛存在; 在随机选择的 8 份野生稻中, 除 w15 含双基因外, 其他的都只含有 1 对野败型恢复基因; 对其中的 6 份野生稻的等位性分析表明, 至少涉及 3 个恢复基因位点。

余守武等^[38]对东乡普野细胞质雄性不育育性恢复的遗传研究表明, 东乡普野对矮败和印尼水田谷的育性恢复表现为质量-数量性状, 结合群体遗传结构、育性分布和东乡普野的偏粳性及广亲和性, 认为东乡普野对野败和印尼水田谷的育性恢复性由 1

对或 2 对恢复基因控制。杨空松等^[39]以东乡普野与不同细胞质来源的 5 个水稻不育系(B06S、珍汕 97A、协青早 A、中 9A 和粤泰 A)配组, 根据 F_1 结实率的高低对东乡普野育性恢复性进行鉴定, 结果发现 F_1 代的结实率变化范围为 45.98%~76.57%, 表明东乡普野具有一定的育性恢复性, F_2 代分离结果显示东乡普野的育性恢复性由 1 对主基因和微效多基因共同控制。

2.5 产量、品质相关基因

2.5.1 源自野生稻的高产基因

水稻高产优质育种, 一直是育种家们的共同目标。普通野生稻作为栽培稻的祖先, 其中存在许多高产 QTLs, 借助于分子标记辅助育种等技术可将这些 QTLs 聚合起来加以利用, 提高水稻产量潜力。Xiao 等^[40]研究表明, 在马来西亚普通野生稻中存在影响产量性状的两个 QTLs, 即 *yld1.1* 和 *yld2.1*, 分别位于第 1 染色体和第 2 染色体上, 与标记 RM5、RG256 连锁; 这两个位点的表型效应估计值分别为 1.2 和 1.1 t/hm², 与杂交水稻品种威优 64 相比, *yld1.1* 可以提高产量 18%, *yld2.1* 可提高产量 17%; 另外, *yld1.1* 和 *yld2.1* 还能明显提高每穗粒数, 但与千粒重、株高以及生育期等性状无相关性。另一更详细的报道中, Xiao 等^[41]对单株有效穗、每穗实粒数、千粒重等 12 个性状进行 QTL 定位, 一共定位了 68 个 QTLs, 其中 35 个(占 51%)有利等位基因来自表型较差的普通野生稻亲本, 这些有利基因中有 19 个(占 54%)QTLs 对其他性状无不利影响。

Moncada 等^[42]利用 AB-QTL 策略来检测普通野生稻中有利于改良栽培稻性状的 QTL, 检测到 2 个 QTLs 控制产量性状, 13 个 QTLs 控制产量相关性状, 4 个 QTLs 控制成熟期, 6 个 QTLs 控制株高。

李德军等^[43]以东乡普野为供体亲本, 在桂朝 2 号的遗传背景下构建了一套高代回交群体, 并用 AB-QTL 分析法进行了 QTL 分析, 通过对 BC₄F₁ 的基因型分析和对 BC₄F₂ 的株高、产量及产量构成因素调查, 共定位了 52 个 QTLs, 其中在第 2 和 11 染色体上分别发现 1 个来自野生稻的高产 QTL, 即 *qGY2-1* 和 *qGY11-2*, 它们的贡献率高达 16%和 11%, 分别能使桂朝 2 号单株产量增加 25.9%和 23.2%。

2.5.2 品质性状相关基因

野生稻具有许多优良品质, 主要表现为米粒细长, 无腹白、玻璃质, 米粒坚硬不易破碎, 且蛋白质含量和赖氨酸含量较高^[44]。袁玲等^[45]随机选取台中

本地 1 号(TN1)与有野生稻亲缘的 B14 构建的 RILs 群体中的 180 个株系, 运用 SSR 标记技术, 对控制糙米粒长、长宽比、直链淀粉含量的基因进行了分子标记定位。结果在第 6 染色体短臂上发现一个控制直链淀粉含量的主效 QTL, 位于微卫星标记 RM225 和 RM276 之间, 遗传距离分别为 5.0 cM 和 8.4 cM; 另在第 2 染色体上发现控制粒长和长宽比的 QTLs, 分别位于 RM240、RM6 和 RM233、RM211 附近。

3 野生稻有利基因的利用

伴随现代水稻单一改良品种的大规模推广, 遗传单一性日益严重, 迫切需要拓宽现有栽培稻的遗传基础, 引进不同来源的有利基因。野生稻是一种重要的天然基因库, 携带有对各种病虫害和非生物逆境的抗(耐)性基因、CMS 基因和高产优质基因, 充分野生稻利用这些有利基因有助于拓宽栽培稻现代品种的遗传多样性。因此, 转移野生稻有利基因改良水稻品种是多年来育种家努力探索的领域之一, 其最通常的手段就是采用常规远缘杂交。然而, 相同染色体组的种间杂交相对比较容易, 但异源染色体组间的远缘杂交(如栽培稻与非 AA 组野生稻)却存在着严重的生殖障碍, 主要表现为杂交不亲和、杂种败育、有利基因与不利基因之间有较强的连锁障碍以及杂种后代长期分离的不稳定性^[2]。针对这些杂交障碍, 我们可以采取诸如受精后的幼胚培养、胚拯救, 受精前的子房内授粉, 以及原生质体融合、多倍体化和组织培养等手段, 从而达到转移野生稻基因获得能稳定遗传的优良性状的目的^[46]。

通过胚拯救技术建立基因渗入系, 并利用分子标记技术对导入基因的定位, 是当前转移非 AA 组野生稻有利基因的主要手段^[2], 现在已经有很多成功的报道: 如抗白叶枯病基因 *Xa21*、*Xa25(t)*和 *Xa29(t)*; 抗稻瘟病基因 *Pi9*; 抗褐稻虱基因 *Bph10*、*bph11*、*bph12*、*Bph13(t)*、*Bph14*、*Bph15* 和 *Bph18(t)*等等。众所周知, 野生稻的大多数性状相对于水稻育种目标而言是不利的, 而传统的栽培稻杂交面临连锁累赘和分离世代长的问题, 如果无法鉴别目标基因附近所发生的遗传重组则难以消除连锁累赘。由于利用 DNA 分子标记能够对外源染色体片段及其所带基因进行鉴定, 当来自野生稻染色体的某一片段或多个片段整合到栽培稻的某一条染色体上时, 构成新的材料类型, 可用于外源目标基因的定位研究或作为育种的中间材料。渗入的野生稻染色体片段愈短

且带有某一有利基因时, 就愈有利于减少或避免与渗入的目的基因连锁的有害成分。因此, 建立野生稻有利基因的渗入系能够达到改良栽培稻品种个别性状的目的。

综上所述, 将传统的有性杂交手段和现代生物技术相结合, 即以杂交和回交为手段、借助幼胚拯救技术获得的后代材料为基础, 结合应用分子标记来进行外源基因的辅助选择, 是当前和今后较长一段时间内开展野生稻有利基因向栽培稻的转移研究的主要手段。

参考文献(References):

- [1] LU Bao-Rong, GE Song, SANG Tao, CHEN Jia-Kuan, HONG De-Yuan. The current taxonomy and perplexity of the genus *Oryza* (Poaceae). *Acta Phytotaxon Sin*, 2001, 39(4): 373–388.
卢宝荣, 葛颂, 桑涛, 陈家宽, 洪德元. 稻属分类的现状及存在问题. *植物分类学报*, 2001, 39(4): 373–388.
- [2] FU Xue-Lin, LU Yong-Gen, LIU Xiang-Dong, LI Jin-Quan. Progress on transferring elite genes from non-AA genome wild rice into *Oryza sativa* through interspecific hybridization. *Chin J Rice Sci*, 21(6): 559–566.
傅雪琳, 卢永根, 刘向东, 李金泉. 利用种间杂交途径向栽培稻转移非 AA 组野生稻有利基因的研究进展. *中国水稻科学*, 2007, 21(6): 559–566.
- [3] ZHONG Dai-Bin, LUO Li-Jun, YING Cun-Shan. Advances on transferring elite gene from wild rice species into cultivated rice. *Chin J Rice Sci*, 2000, 14(2): 103–106.
钟代彬, 罗利军, 应存山. 野生稻有利基因转移研究进展. *中国水稻科学*, 2000, 14(2): 103–106.
- [4] ZHANG Qi. Highlights in identification and application of resistance genes to bacterial blight. *Chin J Rice Sci*, 2005, 19(5): 453–459.
章琦. 水稻白叶枯病抗性基因鉴定进展及其利用. *中国水稻科学*, 2005, 19(5): 453–459.
- [5] JIN Xu-Wei, WANG Chun-Lian, YANG Qing, JIANG Qi-Xiang, FAN Ying-Lun, LIU Gu-Chun, ZHAO Kai-Jun. Breeding of near-isogenic line cbb30 and molecular mapping of *xa30(t)*, a new resistance gene to bacterial blight in rice. *Sci Agri Sin*, 2007, 40(6): 1094–1100.
金旭炜, 王春连, 杨清, 江祺祥, 樊颖伦, 刘古春, 赵开军. 水稻抗白叶枯病近等基因系 CBB30 的培育及 *Xa30(t)* 的初步定位. *中国农业科学*, 2007, 40(6): 1094–1100.
- [6] Song WY, Wang GL, Chen LL, Kim HS, Pi LY, Holsten T, Gardner J, Wang B, Zhai WX, Zhu LH, Fauquet C, Ronald P. A receptor kinase-like protein encoded by the rice disease resistance gene *Xa21*. *Science*, 1995, 270(5243): 1804–1806.[\[DOI\]](#)
- [7] Khush GS, Bacalangco E, Ogawa T. A new gene for resistance to bacterial blight from *O. longistaminata*. *Rice Genet Newslett*, 1990, 7: 121–122.
- [8] Ronald PC, Beng A, Rodante T, Abenes L, Wu KS, McCouch SR, Tanksley SD. Genetic and physical analysis of the rice bacterial blight disease resistance locus, *Xa21*. *Mol Gen Genet*, 1992, 236(1): 113–120.
- [9] Amante-Bordeos A, Sitch LA, Nelson R, Dalmacio RD, Oliva NP, Aswidinnoor H, Leung H. Transfer of bacterial blight and blast resistance from the tetraploid wild rice *Oryza minuta* to cultivated rice, *Oryza sativa*. *Theor Appl Genet*, 1992, 84(3-4): 345–354.[\[DOI\]](#)
- [10] Gu K, Tian D, Yang F, Wu L, Sreekala C, Wang D, Wang GL, Yin Z. High-resolution genetic mapping of *Xa27(t)*, a new bacterial blight resistance gene in rice, *Oryza sativa* L. *Theor Appl Genet*, 2004, 108(5): 800–807.[\[DOI\]](#)
- [11] TAN Guang-Xuan, REN Xiang, WENG Qing-Mei, SHI Zhen-Ying, ZHU Li-Li, HE Guang-Cun. Mapping of a new resistance gene to bacterial blight in rice line introgressed from *Oryza officinalis*. *Acta Genet Sin*, 2004, 31(7): 724–729.
谭光轩, 任翔, 翁清妹, 时振英, 祝莉莉, 何光存. 药用野生稻转育后代一个抗白叶枯病新基因的定位. *遗传学报*, 2004, 31(7): 724–729.
- [12] WANG Chun-Lian, ZHAO Bing-Yu, ZHANG Qi, ZHAO Kai-Jun, XING Quan-Dang. Identification of a new rice germplasm with resistance to bacterial blight and the breeding of a near-isogenic line. *J Plant Genet Resour*, 2004, 5(1): 26–30.
王春连, 赵炳宇, 章琦, 赵开军, 邢全党. 水稻白叶枯病新抗源 Y238 的鉴定及其近等基因系培育. *植物遗传资源学报*, 2004, 5(1): 26–30.
- [13] Liu G, Lu G, Zeng L, Wang GL. Two broad-spectrum blast resistance genes, *Pi9(t)* and *Pi2(t)*, are physically linked on rice chromosome 6. *Mol Genet Genomics*, 2002, 267(4): 472–480.[\[DOI\]](#)
- [14] Qu SH, Liu GF, Zhou B, Bellizzi M, Zeng LR, Dai LY, Han B, Wang GL. The broad-spectrum blast resistance gene *Pi9* encodes a nucleotide-binding site-leucine-rich repeat protein and is a member of a multigene family in rice. *Genetics*, 2006, 172(3): 1901–1914.[\[DOI\]](#)
- [15] Jeung JU, Kim BR, Cho YC, Han SS, Moon HP, Lee YT, Jena KK. A novel gene, *Pi40(t)*, linked to the DNA markers derived from NBS-LRR motifs confers broad spectrum of blast resistance in rice. *Theor Appl Genet*, 2007, 115(8): 1163–1177.[\[DOI\]](#)
- [16] Ishii T, Brar DS, Multani DS, Khush GS. Molecular tagging of genes for brown planthopper resistance and earliness introgressed from *Oryza australiensis* into cultivated rice, *O. sativa*. *Genome*, 1994, 37(2): 217–221.[\[DOI\]](#)
- [17] Jena KK, Jeung JU, Lee JH, Choi HC, Brar DS. High resolution mapping of a new brown planthopper (BPH) resistance gene, *Bph18(t)*, and marker-assisted selection for BPH resistance in rice (*Oryza sativa* L.). *Theor Appl Genet*, 2006, 112(2): 288–297.[\[DOI\]](#)
- [18] Hirabayashi H, Angeles ER. Identification of the brown planthopper resistance gene derived from *O. officinalis* using molecular markers in rice. *Breed Sci*, 1998, 48(S.1): 82.

- [19] Hirabayashi H. RFLP analysis of a new gene for resistance to brown planthopper derived from *O. officinalis* on rice chromosome 4. *Breed Res*, 1999, 49(S.1): 48.
- [20] Renganayaki K, Fritz AK, Sadasivam S, Pammi S, Harrington SE, McCouch SR, Kumar SM, Reddy AS. Mapping and progress toward map-based cloning of brown planthopper biotype-4 resistance gene introgressed from *Oryza officinalis* into cultivated rice, *O. sativa*. *Crop Sci*, 2002, 42(6): 2112–2117.
- [21] Huang Z, He GC, Shu LH, Li XH, Zhang QF. Identification and mapping of two brown planthopper resistance genes in rice. *Theor Appl Genet*, 2001, 102(6-7): 929–934. [\[DOI\]](#)
- [22] WANG Bu-Na, HUANG Zhen, SHU Li-Hui, REN Xiang, LI Xiang-Hua, He Guang-Cun. Mapping of two new brown planthopper resistance genes from wild rice. *Chin Sci Bull*, 2001, 46(13): 1092–1096. [\[DOI\]](#)
- [23] Yang HY, Ren X, Weng QM, Zhu LL, He GC. Molecular mapping and genetic analysis of a rice brown planthopper (*Nilaparvata lugens* Stål) resistance gene. *Hereditas*, 2002, 136(1): 39–43. [\[DOI\]](#)
- [24] LIU Guo-Qing, YAN Hui-Huang, FU Qiang, QIAN Qian, ZHANG Zhi-Tao, ZHAI Wen-Xue, ZHU Li-Huang. Mapping of a new gene for brown planthopper resistance in cultivated rice introgressed from *Oryza eichingeri*. *Chin Sci Bull*, 2001, 46(17): 1459–1462.
- [25] LI Rong-Bai, LI Li-Shu, WEI Su-Mei, WEI Yan-Ping, CHEN Ying-Zhi, BAI De-Lang, YANG Lang, HUANG Feng-Kuan, LU Wei-Li, ZHANG Xiang-Jun, LI Xiao-Yong, YANG Xin-Qing, WEI Yuan-Wen. The evaluation and utilization of new genes for brown planthopper resistance in common wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.). *Mol Plant Breed*, 2006, 4(3): 365–375.
李容柏, 李丽淑, 韦素美, 韦燕萍, 陈英之, 白德朗, 杨朗, 黄凤宽, 吕维莉, 张向军, 李小勇, 杨新庆, 魏源文. 普通野生稻(*Oryza rufipogon* Griff.)抗稻褐飞虱新基因的鉴定与利用. 分子植物育种, 2006, 4(3): 365–375.
- [26] CHEN Da-Zhou, XIAO Ye-Qing, ZHAO She-Xiang, PI Yong-Hua, XIONG Huan-Jin, LUO Li-Jun. Genetic study on the cold tolerance of dongxiang wild rice at the seedling stage. *Acta Agri Univ Jiangxiensis (Nature Science)*, 1997, 19(4): 56–59.
陈大洲, 肖叶青, 赵社香, 皮勇华, 熊焕金, 罗利军. 东乡野生稻苗期耐寒性遗传研究. 江西农业大学学报(自然科学版), 1997, 19(4): 56–59.
- [27] CHEN Da-Zhou, ZHONG Ping-An, XIAO Ye-Qing, HUANG Ying-Jin, XIE Jian-Kun. Identification of QTLs for cold tolerance at seedling stage in Dongxiang wild rice (*Oryza rufipogon* griff.) by SSR markers. *Acta Agri Univ Jiangxiensis, (Nature Science)*, 2002, 24(6): 754–756.
陈大洲, 钟平安, 肖叶青, 黄英金, 谢建坤. 利用 SSR 标记定位东乡野生稻苗期耐冷性基因. 江西农业大学学报(自然科学版), 2002, 24(6): 754–756.
- [28] CHEN Da-Zhou, XIAO Ye-Qing, PI Yong-Hua, WU Wen-Chang, HU Lan-Xiang, LUO Shi-You, XIE Jin-Shui. The improvement of cold tolerance in japonica rice. *Acta Agri Univ Jiangxiensis (Nature Science)*, 2003, 25(1): 8–11.
陈大洲, 肖叶青, 皮勇华, 邬文昌, 胡兰香, 罗世友, 谢金水. 东乡野生稻耐冷性的遗传改良初步研究. 江西农业大学学报(自然科学版), 2003, 25(1): 8–11.
- [29] LIU Feng-Xia, SUN Chuan-Qing, TAN Lu-Bin, FU Yong-Cai, LI De-Jun, WANG Xiang-Kun. Identification and mapping of quantitative trait loci controlling cold-tolerance of Chinese common wild rice (*O. rufipogon* Griff.) at booting to flowering stages. *Chin Sci Bull*, 2003, 48(19): 2068–2071. [\[DOI\]](#)
- [30] LI Chen, SUN Chuan-Qing, MU Ping, CHEN Liang, WANG Xiang-Kun. QTL Analysis of anther length and ratio of stigma exertion, two key traits of classification for cultivated rice (*Oryza sativa* L.) and common wild rice (*O. rufipogon* Griff.). *Acta Genetica Sinica*, 2001, 28(8): 746–751.
李晨, 孙传清, 穆平, 陈亮, 王象坤. 栽培稻与普通野生稻两个重要分类性状花药长度和柱头外露率的 QTL 分析. 遗传学报, 2001, 28(8): 746–751.
- [31] Xiong LZ, Liu KD, Dai XK, Xu CG, Zhang QF. Identification of genetic factors controlling domestication-related traits of rice using an F₂ population of a cross between *Oryza sativa* and *O. rufipogon*. *Theor Appl Genet*, 1999, 98(2): 243–251. [\[DOI\]](#)
- [32] ZHOU Shao-Xia. Development of drought tolerance introgression lines of common wild rice (*O. rufipogon* Griff.) from Dongxiang in Jiangxi Province and QTL mapping of drought tolerance [Dissertation]. Beijing: China Agricultural University, 2005.
周少霞. 江西东乡普通野生稻抗旱渗入系的构建及抗旱基因定位[学位论文]. 北京: 中国农业大学, 2005.
- [33] GUO Wei, WANG Ying, ZHAN Xiao-Ming, CHAI Jian-Hua, WANG Xun-Ming, Xu Ren-Lin. Cloning and structural analysis of mitochondrial *atp6* gene of rice (*Oryza sativa* L.). *J Fudan Univ (Nature Science)*, 1994, 33(2): 139–147.
国伟, 王莹, 詹小鸣, 柴建华, 汪训明, 许仁林. 水稻线粒体 *atp6* 基因的克隆及其结构分析. 复旦大学学报(自然科学版), 1994, 33(2): 139–147.
- [34] Akagi H, Sakamoto M, Shinjyo C, Shimada H, Fujimura T. A unique sequence located downstream from the rice mitochondrial *atp6* may cause male sterility. *Curr Genet*, 1994, 25(1): 52–58. [\[DOI\]](#)
- [35] Wang ZH, Zou YJ, Li XY, Zhang QY, Chen LT, Wu H, Su DH, Chen YL, Guo JX, Luo D, Long YM, Zhong Y, Liu YG. Cytoplasmic male sterility of rice with Boro II cytoplasm is caused by a cytotoxic peptide and is restored by two related PPR motif genes via distinct modes of mRNA silencing. *Plant Cell*, 2006, 18(3): 676–687. [\[DOI\]](#)
- [36] Yi P, Wang L, Sun QP, Zhu YG. Discovery of mitochondrial chimeric-gene associated with cytoplasmic male sterility of HL-rice. *Chin Sci Bull*, 2002, 47(9): 744–747. [\[DOI\]](#)
- [37] LI Shao-Qing, YANG Guo-Hua, LI Shao-Bo, ZHU Ying-Guo, LI Yang-Sheng. Distribution and inheritance of the fertility restorer genes for WA-CMS in wild rice with AA genome. *Acta Agron Sin*, 2005, 31(3): 297–301.
李绍清, 杨国华, 李绍波, 朱英国, 李阳生. 野败型育性恢

- 复基因在 AA 基因组野生稻中的分布与遗传. 作物学报, 2005, 31(3): 297–301.
- [38] YU Shou-Wu, WAN Yong, HU Biao-Lin, ZHANG Zheng, XIE Jian-Kun. The inheritance of the fertility restoration for cytoplasmic male sterility in Dongxiang wild rice (*O. rufipogon*). *Mol Plant Breed*, 2005, 3(6): 761–767.
- 余守武, 万勇, 胡标林, 张铮, 谢建坤. 东乡野生稻细胞质雄性不育育性恢复的遗传研究. 分子植物育种, 2005, 3(6): 761–767.
- [39] YANG Kong-Song, CHEN Xiao-Rong, FU Jun-Ru, ZHU Chang-Lan, PENG Xiao-Song, HE Xiao-Peng, HE Hao-Hua. Identification and genetic analysis of fertility restoration in Dongxiang wild rice. *Chin J Rice Sci*, 2007, 21(5): 487–492.
- 杨空松, 陈小荣, 傅军如, 朱昌兰, 彭小松, 贺晓鹏, 贺浩华. 东乡野生稻育性恢复性的鉴定与遗传分析. 中国水稻科学, 2007, 21(5): 487–492.
- [40] Xiao JH, Grandillo S, Ahn SN, McCouch SR, Tanksley SD, Li JM, Yuan LP. Genes from wild rice improve yield. *Nature*, 1996, 384: 223–224. [\[DOI\]](#)
- [41] Xiao JH, Li JM, Grandillo S, Ahn SN, Yuan LP, Tanksley SD, McCouch SR. Identification of trait-improving quantitative trait loci alleles from a wild rice relative, *Oryza rufipogon*. *Genetics*, 1998, 150(2): 899–909.
- [42] Moncada P, Martinez CP, Borrero J, Chatel M, Gauch-Jr H, Guimaraes E, Tohme J, McCouch SR. Quantitative trait loci for yield and yield components in an *Oryza sativa* × *Oryza rufipogon* BC₂F₂ population evaluated in an upland environment. *Theor Appl Genet*, 2001, 102(1): 41–52. [\[DOI\]](#)
- [43] LI De-Jun, SUN Chuan-Qing, FU Yong-Cai, LI Chen, ZHU Zuo-Feng, CHEN Liang, CAI Hong-Wei, WANG Xiang-Kun. Identification and mapping of genes for improving yield from Chinese common wild rice (*O. rufipogon* Griff.) using advanced backcross QTL analysis. *Chin Sci Bull*, 2002, 47(18): 1533–1577. [\[DOI\]](#)
- [44] QIN Qian-Jin, LI Gui-Ju, SONG Fa-Ju, XU Xiao-Yan. Specific traits of wild rice and rice breeding for super high yield. *Hubei Agric Sci*, 2000, (6): 16–18.
- 秦前锦, 李桂菊, 宋发菊, 徐晓燕. 野生稻资源的特性状与超高产育种. 湖北农业科学, 2000, (6): 16–18.
- [45] YUAN Ling, ZHU Li-Li, HE Guang-Cun. Localization of genes controlling rice quality traits with SSR markers. *J Wuhan Univ (Natural Science Edition)*, 2002, 48(4): 507–510.
- 袁玲, 祝莉莉, 何光存. 稻米品质性状基因的 SSR 标记定位. 武汉大学学报(理学版), 2002, 48(4): 507–510.
- [46] WANG Ai-Yun, CHEN Dong-Ling, CAI De-Tian. Applications of wide hybridization and allopolyploidization in rice breeding. *J Wuhan Bot Res*, 2005, 23(5): 491–495.
- 王爱云, 陈冬玲, 蔡得田. 远缘杂交和异源多倍体化技术在水稻育种中的应用. 武汉植物学研究, 2005, 23(5): 491–495.

• 综合信息 •

“第十四届植物铁营养与相互作用国际研讨会”在北京召开

2008 年 10 月 11–15 日, 由中国科学院遗传与发育生物学研究所植物细胞与染色体工程国家重点实验室主办, 中国农业科学院作物科学研究所、中国农业大学资源与环境学院、首都师范大学生命科学院以及国际 HarvestPlus 组织协办的“第十四届植物铁营养与相互作用国际研讨会”(14th International Symposium on Iron Nutrition and Interactions in Plants) 在北京九华山庄举行。来自美国、英国、法国、德国、日本、荷兰、丹麦等 26 个国家和地区的 200 余名代表参加本届会议。

在开幕式上中国科学院遗传与发育生物学研究所凌宏清研究员作为会议主席致开幕词, 张爱民副所长代表主办单位致欢迎词。本次会议联合国际组织 HarvestPlus, 与中国生物强化项目(HarvestPlus-China)2008 年年会组成联合论坛, 研讨了植物铁营养所影响同时受之影响的各种因素, 包括土壤、微生物、植物、动物和人类, 以及其它它们之间的相互作用。对如何通过生物强化措施提高主要粮食作物如水稻、玉米、小麦等的铁、锌微量元素含量及有效性, 改善人类, 尤其是贫困地区人口的铁、锌营养状况进行了深入地讨论。会议期间, 47 位中外代表作了口头报告, 90 多位代表通过墙报展示了他们的最新研究进展。代表们普遍反映会议学术报告水平很高, 学到了很多新东西, 受益匪浅。10 月 14 日下午, 会务组专程安排与会代表参观了中国科学院遗传与发育生物学研究所, 张爱民副所长向代表们介绍了研究所的概况。研究所先进的设施、整洁的园区环境以及取得的科研成果给前来参观的代表留下了深刻的印象。

15 日会议闭幕式上, 由评审委员会评选出优秀墙报 6 名。在所有代表热烈掌声和对北京深深的眷恋中, 会议宣告胜利结束。

(凌宏清 张佰茹)