

邓 钊,王 凯,杜 波,等. 水稻抗褐飞虱基因 *Bph43* 紧密连锁 KASP 标记开发与验证[J]. 湖北农业科学, 2023, 62(6): 169-174.

# 水稻抗褐飞虱基因 *Bph43* 紧密连锁 KASP 标记开发与验证

邓 钊<sup>1,2</sup>,王 凯<sup>1</sup>,杜 波<sup>3</sup>,祝莉莉<sup>3</sup>,杨远柱<sup>1,2</sup>,陈荣智<sup>3,4</sup>

(1. 袁隆平农业高科技股份有限公司农业农村部南方水稻品种创制重点实验室/抗病虫水稻育种湖南省工程实验室,长沙 410128; 2. 湖南农业大学农学院,长沙 410128; 3. 武汉大学生命科学学院/杂交水稻国家重点实验室,武汉 430072; 4. 武汉大学深圳研究院,广东 深圳 518057)

**摘要:**为促进 *Bph43* 基因在抗褐飞虱(*Nilaparvata lugens*)水稻品种选育中的应用,在前期 *Bph43* 精细定位的基础上,将 *Bph43* 基因供体亲本 IRGC 8678 进行重测序,通过与日本晴参考基因组以及 3 000 份水稻测序公共数据库资源进行 SNP 变异位点分析,设计开发出 *Bph43* 紧密连锁区间特异的 KASP 标记(K\_11674982、K\_11775428 和 K\_11856768)。66 份水稻自然群体及 200 份 BC<sub>1</sub>F<sub>2</sub> 代杂交后代的验证结果表明,开发的 3 个 KASP 标记是共显性标记,标记基因型分析结果与抗褐飞虱表型完全符合,能特异、准确地检测出水稻中是否含有 *Bph43* 基因。基于 SNP 位点开发的 *Bph43* KASP 标记可用于发掘携带 *Bph43* 基因的新种质及抗褐飞虱分子标记辅助选择育种。

**关键词:**水稻;褐飞虱(*Nilaparvata lugens*);*Bph43*;KASP 标记;抗褐飞虱育种

**中图分类号:**S435                      **文献标识码:**A

**文章编号:**0439-8114(2023)06-0169-06

**DOI:**10.14088/j.cnki.issn0439-8114.2023.06.031

**开放科学(资源服务)标识码(OSID):**



## Development and validation of a tightly linked KASP marker for the rice brown planthopper resistance gene *Bph43*

DENG Zhao<sup>1,2</sup>, WANG Kai<sup>1</sup>, DU Bo<sup>3</sup>, ZHU Li-li<sup>3</sup>, YANG Yuan-zhu<sup>1,2</sup>, CHEN Rong-zhi<sup>3,4</sup>

(1. Key Laboratory of Southern Rice Innovat & Improvement Ministry of Agriculture and Rural Affairs/Hunan Engineering Laboratory for Disease and Pest Resistant Rice Breeding, Yuan Longping High-Tech Agriculture Co., Ltd., Changsha 410128, China; 2. College of Agriculture, Hunan Agronomy University, Changsha 410128, China; 3. School of Life Sciences/State Key Laboratory of Hybrid Rice, Wuhan University, Wuhan 430072, China; 4. Shenzhen Research Institute, Wuhan University, Shenzhen 518057, Guangdong, China)

**Abstract:** To promote the application of *Bph43* in the breeding of rice varieties resistant to brown planthopper, on the basis of fine mapping of *Bph43* in the early stage, the *Bph43* gene donor parent IRGC 8678 was resequenced. By conducting SNP mutation site analysis with the Japanese reference genome and 3 000 rice sequencing public database resources, the study designed and developed *Bph43* tightly linked interval specific KASP markers (K\_11674982, K\_11775428, and K\_11856768). The validation results of 66 natural populations of rice and 200 BC<sub>1</sub>F<sub>2</sub> hybrid progeny showed that the three developed KASP markers were codominance markers, and the genotype analysis results of the markers were completely consistent with the phenotype of brown planthopper resistance, which could specifically and accurately detect whether there was *Bph43* gene in rice. The *Bph43* KASP marker developed based on SNP loci could be used to explore new germplasm carrying the *Bph43* gene and molecular marker assisted selection breeding for resistance to brown planthopper.

**Key words:** rice; brown planthopper(*Nilaparvata lugens*); *Bph43*; KASP marker; breeding for resistance to brown planthopper

**收稿日期:**2022-05-20  
**基金项目:**深圳市基础研究项目(JCYJ20180302173435080)  
**作者简介:**邓 钊(1989-),男,湖南邵阳人,在读博士研究生,研究方向为水稻分子遗传育种,(电话)18508420628(电子信箱)470571084@qq.com;通信作者,杨远柱(1962-),男,湖南怀化人,研究员,主要从事杂交水稻育种研究,(电话)13607442126(电子信箱)yzhuyah@163.com;陈荣智(1976-),男,重庆人,副教授,博士,主要从事水稻抗褐飞虱基因发掘与利用研究,(电话)15972013776(电子信箱)rzchen@whu.edu.cn。

水稻是中国最重要的粮食作物之一。褐飞虱 (*Nilaparvata lugens*) 是水稻单食性、刺吸式口器害虫,通过口针吸食水稻韧皮部中的汁液。褐飞虱的轻度危害可导致水稻植株生长活力降低、产量下降;重度危害可导致水稻全株死亡,甚至颗粒无收。全国农业技术推广服务中心对 2006—2015 年农作物主要病虫害发生危害情况的统计和分析表明,中国年平均发生稻飞虱(最主要的是褐飞虱)面积为 0.002 6 亿 km<sup>2</sup>次,每年因稻飞虱危害造成的损失位居水稻病虫害之首,占水稻病虫害总损失的 29.51%<sup>[1]</sup>。褐飞虱也在泰国、越南等亚洲各国大面积发生,每年造成几十亿美元的经济损失,导致了 2007—2008 年全球大米危机<sup>[2]</sup>。褐飞虱已成为水稻生产中发生面积最大、造成危害最严重的害虫。因此,遏制褐飞虱的发展和危害对保障粮食安全、推动农业可持续发展具有重要意义。

实践证明,农作物病虫害综合治理与持续控制的基础是选育和种植抗性品种。利用作物自身抗病虫基因培育抗病虫新品种是病虫害防治中最经济有效和环境友好的措施,也是未来农业绿色发展的必由之路<sup>[3]</sup>。目前从栽培稻和野生稻资源中鉴定出的抗褐飞虱基因超过 40 个,其基因资源和分子标记正应用于抗褐飞虱分子标记辅助选择育种中<sup>[4]</sup>。袁隆平农业高科技股份有限公司应用 *Bph6* 和 *Bph9* 培育出通过国家审定的超级杂交中稻品种玮两优 7713,抗褐飞虱 3 级。在中华人民共和国农业农村部组织的超级稻测产验收中,玮两优 7713 平均产量达 1 083.6 kg/666.7 m<sup>2</sup>,且未发现稻飞虱危害。推广和应用抗褐飞虱水稻品种,对防治褐飞虱危害发挥重要作用。

水稻和褐飞虱在长期的协同进化过程中,水稻形成了抗性基因,而褐飞虱在水稻抗性基因的选择压力下可发生致害性变异。目前已报道的褐飞虱生物型有 10 余种,且致害能力有逐渐增强的趋势<sup>[5]</sup>。褐飞虱致害性变异导致水稻抗性丧失是褐飞虱持续防控面临的潜在挑战。为应对褐飞虱生物型变异,需进一步发掘水稻种质资源中新的抗褐飞虱基因。前期从抗源 IRGC 8678 中发掘并精细定位了新型广谱抗褐飞虱基因 *Bph43*<sup>[6]</sup>。本研究进一步开发与 *Bph43* 紧密连锁且特异的 KASP 标记,并在水稻自然群体与基因分离群体中进行验证,为 *Bph43* 在抗褐飞虱分子标记辅助选择育种中的应用奠定基础。

1 材料与方法

1.1 材料

本研究所用的 *Bph43* 基因供体亲本 IRGC 8678

来源于国际水稻研究所,珞扬 9 号、9311 以及 9311/IRGC 8678//9311 的 BC<sub>1</sub>F<sub>2</sub> 群体来源于杂交水稻国家重点实验室,其余供试材料来源于袁隆平农业高科技股份有限公司。

1.2 方法

1.2.1 水稻基因组 DNA 的提取 取供试水稻品种苗期幼嫩叶片,采用 CTAB 法提取水稻高质量基因组 DNA<sup>[7]</sup>。并将基因组 DNA 溶解于 TE 缓冲液,用于后续的重测序或 KASP 标记基因型检测。

1.2.2 基因组重测序 为保证文库构建质量,首先对 IRGC 8678 基因组 DNA 质量进行检测,琼脂糖凝胶电泳检测显示基因组 DNA 主带完整清晰,且无降解和 RNA 污染。Nanodrop 检测 OD<sub>260 nm</sub>/OD<sub>280 nm</sub> 在 1.8~2.2,无蛋白质污染。质检合格的基因组 DNA,严格按照 NEBNext® Ultra™ II FS DNA Library Prep Kit for Illumina® 中提供的方法进行文库构建。使用 Qubit 3.0 软件对构建完成的水库进行初步定量,利用 Agilent 2100 检测文库插入片段大小,再通过 ANALYTIKJENA QTOWER 实时荧光定量 PCR 仪对文库的有效浓度进行准确定量,有效浓度 > 2 nmol/L 为合格文库。最后按照目标下机数据量对文库进行 pooling,用 Illumina HiSeq X TEN 平台进行 Paired-end 150 bp (PE150) 测序。水稻基因组重测序由武汉基诺赛克科技有限公司完成。

1.2.3 KASP 标记开发 对测序获得的原始数据 (raw data 或 raw reads),使用 Cutadapt 软件 (version 1.13) 去除 reads 中含有的接头序列,使用 Trimmomatic 软件 (version 0.36) 去除 reads 中的低质量碱基。使用 BWA 软件 (version 0.7.15-r1140) 的 MEM 算法将测序数据与日本晴参考基因组 (版本号 IRGSP 1.0) 进行比对,得到 SAM 格式的比对结果<sup>[8]</sup>。使用 Samtools 软件 (version 1.3.1) 将 SAM 格式文件转换成 BAM 格式,用 Picard 工具 (version 1.91) 中的 SortSam 对 BAM 文件中的 reads 进行排序,并使用 Samtools 的 rmdup 去除 PCR 重复,最终得到的 BAM 文件,用于覆盖度和覆盖深度统计以及 variant calling<sup>[9]</sup>。最后,应用 GATK (version 3.7) 软件包中的 GenotypeGVCFs 模块进行 SNP 变异检测<sup>[10]</sup>。进而调出 *Bph43* 基因精细定位区间对应日本晴参考基因组 (版本号 IRGSP1.0) 第 11 号染色体 16 642 878 bp 至 16 918 771 bp 的 SNP,进一步结合 3 000 份水稻测序公共数据库资源分析 SNP 位点的分布频率,筛选出 *Bph43* 基因紧密连锁区间特有的 SNP 位点。以获得的 *Bph43* 区间特有的 SNP 位点为靶点,分别获取其在本晴参考基因组上下游各 200 bp 的序列进行 KASP 引物设计,对设计的 KASP 引物进行 PCR 扩

增,测试引物的分型效果。

1.2.4 KASP 标记分型 以待测水稻基因组 DNA 作为模板,利用 KASP 标记 K\_11674982、K\_11775428 和 K\_11856768 进行 KASP 反应检测。PCR 扩增反应体系以 2 μL 计: 1 μL 模板 DNA, 100 μmol/L 的 Fam 和 Hex 引物各 0.007 μL, 100 μmol/L 的 Com 引物 0.015 μL, 以 2×KASP Master Mix 补足至总体积 2 μL。PCR 扩增反应条件: 反应在水浴热循环仪中完成, 第一步扩增反应, 94 ℃预变性 15 min, 94 ℃变性 20 s, 65~57 ℃退火并延伸 60 s, 10 个循环, 每个循环退火及延伸的温度降低 0.8 ℃; 第二步扩增反应, 94 ℃变性 20 s, 57 ℃退火并延伸 60 s, 26 个循环。反应完成后利用 LGC IntelliQube 基因分型平台对 PCR 反应产物进行荧光扫描和基因分型。KASP 标记 PCR 产物检测到 Hex 荧光信号, 表明待测水稻样品中含纯合抗褐飞虱基因 *Bph43*; 若检测到 Fam 荧光信号, 表明待测水稻样品不含抗褐飞虱基因 *Bph43*; 若同时检测到 Fam 荧光和 Hex 荧光, 则表明待测水稻样品中 *Bph43* 为杂合型。

## 2 结果与分析

### 2.1 *Bph43* 紧密连锁的 KASP 标记开发

*Bph43* 基因精细定位区间对应日本晴参考基因组(版本号 IRGSP 1.0)第 11 号染色体 16 642 878 bp 至 16 918 771 bp 的 SMP。将 *Bph43* 基因供体亲本 IRGC 8678 进行 30X 覆盖的基因组重测序, 与日本晴参考基因组序列进行对比, 获取 *Bph43* 紧密连锁区间内 SNP 变异位点。进一步利用 3 000 份水稻测序公共数据库资源分析 SNP 位点的分布频率, 筛选 *Bph43* 基因紧密连锁区间特有的 SNP 位点。最终将位于参考基因组(IRGSP1.0)日本晴第 11 号染色体 11 674 982、11 775 428、11 856 768 bp 处的 SNP 位点作为靶点, 设计相应的 KASP 标记 K\_11674982

(*Bph43* 抗褐飞虱基因在该 SNP 位点为 T 等位, 其余水稻资源在该位点为 A 等位)、K\_11775428(*Bph43* 抗褐飞虱基因在该 SNP 位点为 T 等位, 其余水稻资源在该位点为 C 等位)和 K\_11856768(*Bph43* 抗褐飞虱基因在该 SNP 位点为 G 等位, 其余水稻资源在该位点为 A 等位)。KASP 引物序列见表 1。3 个 KASP 标记检测 *Bph43* 抗虫等位的引物序列都带有 Hex 标签序列, 而检测 *Bph43* 感虫等位的引物序列都带有 Fam 标签序列, 因此在利用 3 个 KASP 标记 PCR 扩增携带纯合 *Bph43* 的水稻样品时可产生 Hex 荧光信号, 扩增不含 *Bph43* 的水稻样品产生 Fam 荧光信号, 而杂合型水稻样品可产生 Fam 和 Hex 2 种荧光信号。

### 2.2 *Bph43* KASP 标记在水稻自然群体的验证

为了验证 *Bph43* 紧密连锁的 KASP 标记在水稻自然群体中的适用性和通用性, 本研究应用 K\_11674982、K\_11775428 和 K\_11856768 对 *Bph43* 基因供体亲本 IRGC 8678、含 *Bph9* 基因的瑞扬 9 号以及其他 64 份水稻品种进行鉴定。标记的分型效果如图 1 所示, 本研究开发的 3 个 KASP 标记均在 *Bph43* 基因供体亲本 IRGC 8678 中检测到强的 Hex 荧光信号, 即含 *Bph43* 纯合基因型; 在含 *Bph9* 基因的瑞扬 9 号、其他 64 份水稻品种检测到强的 Fam 荧光信号, 表明这些水稻品种不含 *Bph43*。亲本基因型结果(表 2)表明, 3 个 KASP 荧光标记具有较强的特异性, 能准确检测出水稻中是否含有 *Bph43* 基因, 这将有助于发掘携带 *Bph43* 基因的新种质, 并提高 *Bph43* 基因在抗褐飞虱育种中的利用率。

### 2.3 *Bph43* KASP 标记在分离群体的验证

本研究进一步利用开发的 3 个 *Bph43* KASP 标记(K\_11674982、K\_11775428 和 K\_11856768)对 9311/IRGC8678//9311 的 BC<sub>1</sub>F<sub>2</sub> 群体中的 200 个单株进行基因型分型。结果(图 2)表明, 3 个 KASP 标记 *Bph43* 基因型检测结果均一致(一一对应), 3 种不同

表 1 <i>Bph43</i> 紧密连锁的 KASP 标记信息			
KASP 标记	物理位置	变异位点	引物序列(5'~3')
K_11674982	11 号染色体 11674982	A/T	Fam: GAAGGTGACCAAGTTCATGCTAACGCTCGACTCAAGAAGGA
			Hex: GAAGGTGCGGAGTCAACGGATTAAACGCTCGACTCAAGAAGGT
			Com: AGCTGTGGTCGACTTCCTTG
K_11775428	11 号染色体 11775428	C/T	Fam: GAAGGTGACCAAGTTCATGCTGCGGACATGGTGGTGAGTTC
			Hex: GAAGGTGCGGAGTCAACGGATTGCGGACATGGTGGTGAGTTT
			Com: ATACAGGCTCAGAGAAGCGC
K_11856768	11 号染色体 11856768	A/G	Fam: GAAGGTGACCAAGTTCATGCTGCAAAATCAATTTCGAGAATTTTCAGAAA
			Hex: GAAGGTGCGGAGTCAACGGATTGCAAAATCAATTTCGAGAATTTTCAGAAG
			Com: GCTAATGTGCCTCGGTCAGA

注: 下划线部分为 Fam 荧光标签序列; 斜体部分为 Hex 荧光标签序列

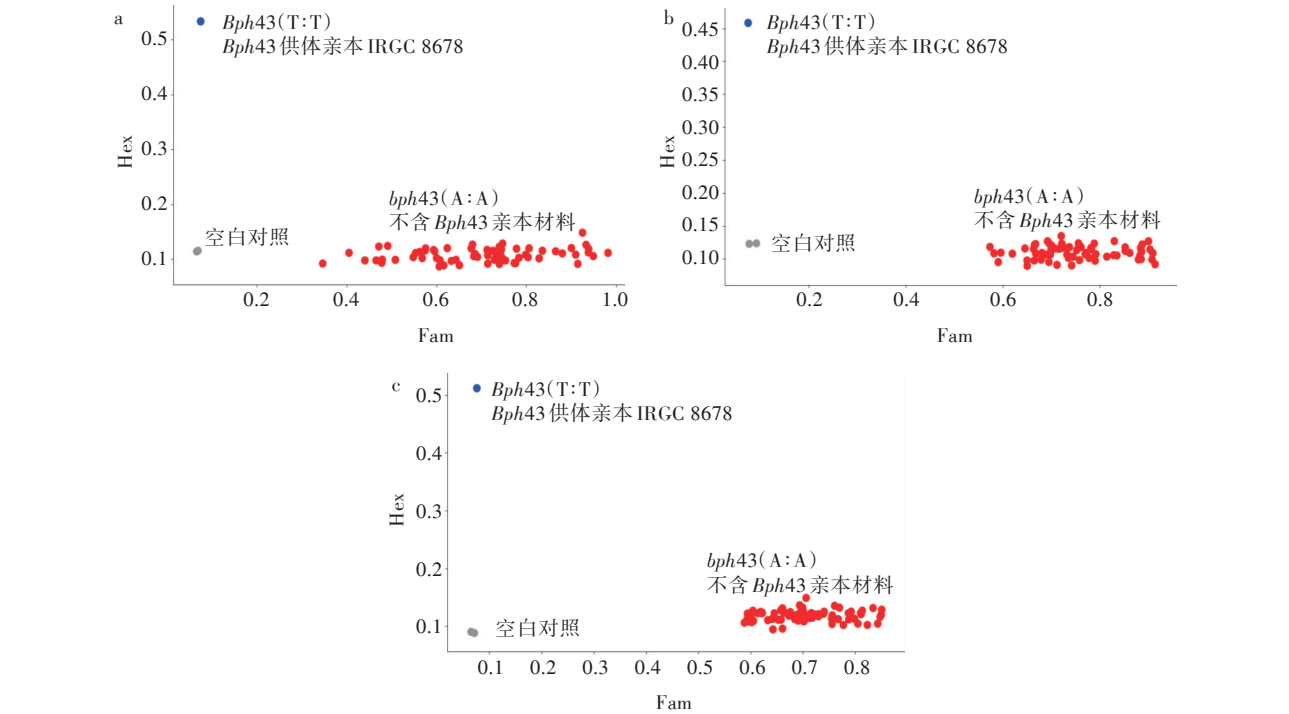


图1 *Bph43* KASP 标记对水稻自然群体的基因型鉴定

表2 KASP 标记对 66 份水稻自然群体基因型鉴定结果

编号	品种	K_11674982 分型	K_11775428 分型	K_11856768 分型	编号	品种	K_11674982 分型	K_11775428 分型	K_11856768 分型
1	IRGC 8678	T	T	G	34	空香 131	A	C	A
2	9311	A	C	A	35	成恢 178	A	C	A
3	珞扬 9 号	A	C	A	36	R302	A	C	A
4	蓉 18B	A	C	A	37	IRAT129	A	C	A
5	禾丰 B	A	C	A	38	湘晚粒 13 号	A	C	A
6	川引 B	A	C	A	39	楚梗 29	A	C	A
7	荣丰 B	A	C	A	40	鄂丰丝苗	A	C	A
8	资 100B	A	C	A	41	赣 923	A	C	A
9	宜香 B	A	C	A	42	莉晶	A	C	A
10	协 B	A	C	A	43	RH	A	C	A
11	43B	A	C	A	44	75-1-127-PI9	A	C	A
12	岳 4B	A	C	A	45	印度香稻	A	C	A
13	恒丰 B	A	C	A	46	IR52025B	A	C	A
14	川 29B	A	C	A	47	奥标 1 号	A	C	A
15	博 II b	A	C	A	48	特 3 矮	A	C	A
16	羊源 B	A	C	A	49	粤优丝苗	A	C	A
17	万 37B	A	C	A	50	华航 33 号	A	C	A
18	II 32b	A	C	A	51	广源占 12 号	A	C	A
19	7003B	A	C	A	52	CB131	A	C	A
20	全丰 B	A	C	A	53	粤综占	A	C	A
21	福伊 B	A	C	A	54	籼莉占	A	C	A
22	天丰 B	A	C	A	55	恢 402	A	C	A
23	华 37B	A	C	A	56	五山丰占	A	C	A
24	乐恢 188	A	C	A	57	桂育黑糯	A	C	A
25	D297B	A	C	A	58	广源占 14 号	A	C	A
26	R299	A	C	A	59	P248-EF3	A	C	A
27	巴引 5015	A	C	A	60	成恢 177	A	C	A
28	XK01	A	C	A	61	扬辐糯 4 号	A	C	A
29	华航 36 号	A	C	A	62	台农新占	A	C	A
30	禾香占	A	C	A	63	R608	A	C	A
31	沪恢 602	A	C	A	64	6723-13195	A	C	A
32	成恢 727	A	C	A	65	6370-142	A	C	A
33	鹰香丝苗	A	C	A	66	3207-997	A	C	A



基因型 *Bph43* 纯合 (Hex 荧光信号, 蓝色标记点)、*Bph43* 杂合 (同时检测到 Fam 和 Hex 荧光信号, 紫色标记点) 以及 *bph43* 纯合 (不含 *Bph43*, Fam 荧光信号, 红色标记点) 的分离比为 45:106:49, 经卡方检验符合 1:2:1 的孟德尔单基因分离比 ( $\chi^2 = 0.88 < \chi^2_{0.05} = 5.99$ )。3 个 KASP 标记是共显性标记, 可以将 2 种不同的纯合子以及杂合子区分开, 检测位点同时表现为单基因分离。

为了进一步明确 KASP 标记 (K\_11674982、K\_11775428 和 K\_11856768) 检测的 BC<sub>1</sub>F<sub>2</sub> 材料基因型与其抗褐飞虱表型是否一致, 各随机选择经 KASP 标记确定的 20 份 *Bph43* 纯合基因型、20 份 *Bph43* 杂

合基因型以及 20 份不含 *Bph43* 的 BC<sub>1</sub>F<sub>2</sub> 材料。将 BC<sub>1</sub>F<sub>2</sub> 材料进行自交, 得到对应的 BC<sub>1</sub>F<sub>23</sub> 材料, 采用苗期集团法考察 60 份 BC<sub>1</sub>F<sub>23</sub> 材料的抗性表现 (以 BC<sub>1</sub>F<sub>23</sub> 家系抗性级别代表 BC<sub>1</sub>F<sub>2</sub> 单株的抗褐飞虱表型)。*Bph43* 纯合基因型 BC<sub>1</sub>F<sub>2</sub> 材料平均抗性值均为 2.5, 抗褐飞虱; *Bph43* 杂合基因型 BC<sub>1</sub>F<sub>2</sub> 材料平均抗性值在 4.1~4.5, 对褐飞虱表现为杂合抗性; 不含 *Bph43* 的 BC<sub>1</sub>F<sub>2</sub> 材料均对褐飞虱表现为感性, 抗性值约为 9。结果表明, 3 个 *Bph43* KASP 标记基因型与抗褐飞虱表型完全符合, 可应用于 *Bph43* 的分子标记辅助选择育种实践。

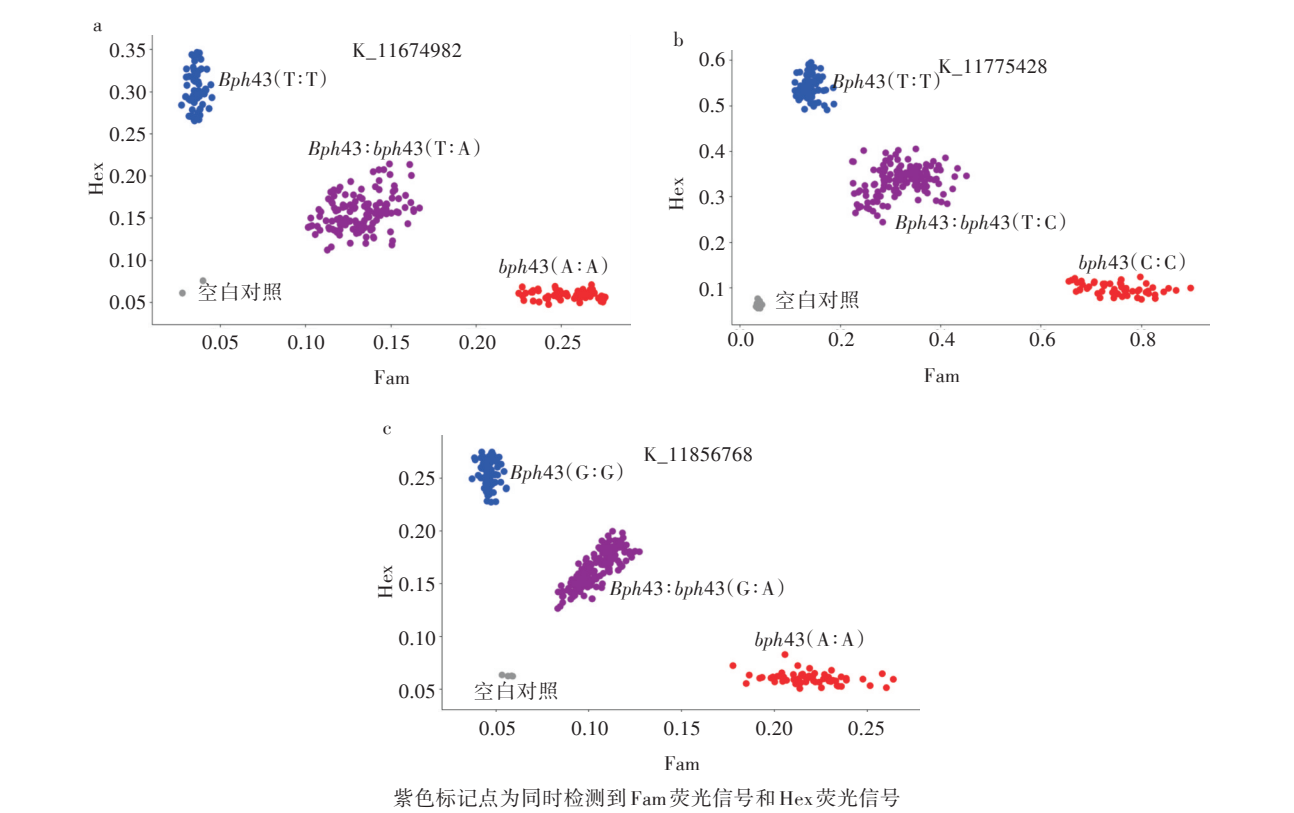


图2 *Bph43* KASP 标记对 BC<sub>1</sub>F<sub>2</sub> 群体植株的基因型鉴定

### 3 小结与讨论

褐飞虱是水稻生产中发生面积最大、造成危害最严重的害虫。遏制褐飞虱的发展和危害对保障中国粮食安全具有重要意义。实践证明, 培育和种植抗褐飞虱水稻品种是褐飞虱综合防治的基础。新的《主要农作物品种审定标准(国家级)》强调品种安全性, 突出绿色发展, 要求对华南稻区、长江上游稻区及长江中下游稻区水稻褐飞虱抗性进行鉴定, 且抗虫品种可作为绿色优质品种进行分类审定。而培育抗虫水稻品种的关键在于种质资源中所蕴藏的抗褐飞虱基因。目前已从栽培稻和野生稻资源中鉴定了

40 多个抗褐飞虱基因<sup>[4]</sup>, 其中, 较多的抗褐飞虱基因成簇分布在染色体相同或者相近的区域, 大多是同一基因或同一基因的等位变异, 能在生产上大面积使用的抗褐飞虱基因并不多, 加上褐飞虱存在生物型变异, 因此, 仍需发掘更多具有重大育种应用价值的抗褐飞虱新基因。

传统的水稻抗虫育种是通过抗虫性状鉴定对植株进行表型选择。由于水稻材料抗虫性鉴定的复杂性, 利用常规育种手段进行抗虫基因的转育效率较低。抗褐飞虱基因定位或克隆后, 与抗褐飞虱基因紧密连锁的分子标记、基因特异性分子标记或基因功能标记已经或正在应用于抗褐飞虱分子标记辅助

选择育种中<sup>[11-16]</sup>。这些标记大多为 SSR 或者 InDel 标记,依赖于琼脂糖凝胶电泳或聚丙烯酰胺凝胶电泳分析,试验费时费力。本研究在前期从抗源 IR-GC 8678 中发掘并精细定位其中的新型广谱抗褐飞虱基因 *Bph43* 基础上,通过抗褐飞虱基因 *Bph43* 亲本材料的基因组重测序,将与 *Bph43* 紧密连锁或共分离的区域序列,与 3 000 份水稻测序公共数据库资源进行对比分析,筛选出 *Bph43* 紧密连锁区间稀有或特有的 SNP 位点,开发出 *Bph43* 特异的 KASP 标记。相对于传统的分子标记,KASP 标记不需要进行电泳,可通过荧光扫描直接读取基因型的信号实现基因分型,具有稳定性好、准确性高、检测效率高、检测成本低等优势。水稻自然群体与基因分离群体的验证结果表明,本研究开发的 *Bph43* 特异 KASP 标记是共显性标记,标记基因型分析结果与抗褐飞虱表型符合,能特异、准确地检测出水稻中是否含有 *Bph43* 基因,可准确进行 *Bph43* 基因的导入和聚合,高效选育含 *Bph43* 基因的抗褐飞虱水稻品种,从而为少打农药、减少粮食损失、发展环境友好型和资源节约型农业做出重要贡献。

参考文献:

[1] 刘万才,刘振东,黄 冲,等.近 10 年农作物主要病虫害发生危害情况的统计和分析[J].植物保护,2016,42(5):1-9.

[2] HEONG K L and HARDY B. Planthoppers: New threats to the sustainability of intensive rice production systems in Asia [M]. Los Baños(Philippines):International rice research institute, 2009.460.

[3] 邓一文,刘裕强,王 静,等.农作物抗病虫研究的战略思考[J].中国科学:生命科学,2021,51(10):1435-1446.

[4] DU B,CHEN R Z,GUO J P,et al. Current understanding of the genomic, genetic, and molecular control of insect resistance in rice [J]. Molecular breeding, 2020, 40(2).DOI:10.1007/s11032-020-1103-3.

[5] HORGAN F G, RAMAL A F, BENTUR J S, et al. Virulence of brown planthopper (*Nilaparvata lugens*) populations from South and South East Asia against resistant rice varieties[J]. Crop protection,

2015, 78: 222-231.

[6] KIM J C, AN X, YANG K, et al. Molecular mapping of a new brown planthopper resistance gene *Bph43* in rice (*Oryza sativa* L.) [J]. Agronomy, 2022, 12:808.

[7] MURRAY M G, THOMPSON W F. Rapid isolation of high-molecular-weight plant DNA [J]. Nucleic acids research, 1980, 8: 4321-4325.

[8] LI H, DURBIN R. Fast and accurate long-read alignment with Burrows-Wheeler transform [J]. Bioinformatics, 2010, 26:589-595.

[9] LI H, HANDSAKER B, WYSOKER A, et al. The sequence alignment/map format and SAMtool [J]. Bioinformatics, 2009, 25:2078-2079.

[10] MCKENNA A, HANNA M, BANKS E, et al. The Genome analysis toolkit: A MapReduce framework for analyzing next-generation DNA sequencing data [J]. Genome research, 2010, 20(9):1297-1303.

[11] HU J, CHENG M X, GAO G J, et al. Pyramiding and evaluation of three dominant brown planthopper resistance genes in the elite Indica rice 9311 and its hybrids [J]. Pest management science, 2013, 69(7): 802-808.

[12] HU J, XIAO C, CHENG M X, et al. Fine mapping and pyramiding of brown planthopper resistance genes *QBph3* and *QBph4* in an introgression line from wild rice *O. officinalis* [J]. Molecular breeding, 2015, 35(1).DOI:10.1007/s11032-015-0228-2.

[13] LIU Y L, CHEN L M, LIU Y Q, et al. Marker assisted pyramiding of two brown planthopper resistance genes, *Bph3* and *Bph27* (t), into elite rice cultivars [J]. Rice, 2016, 9. DOI:10.1186/s12284-016-0096-3.

[14] WANG H B, YE S T, MOU T M. Molecular breeding of rice restorer lines and hybrids for brown planthopper (BPH) resistance using the *Bph14* and *Bph15* genes [J]. Rice, 2016, 9. DOI:10.1186/s12284-016-0126-1.

[15] WANG Y, JIANG W H, LIU H M, et al. Marker assisted pyramiding of *Bph6* and *Bph9* into elite restorer line 9311 and development of functional marker for *Bph9* [J]. Rice, 2017, 10 (51). DOI:10.1186/s12284-017-0194-x.

[16] 邓 钊,石媛媛,赵新辉,等.水稻抗褐飞虱基因 *Bph3* 特异性分子标记开发及应用[J].分子植物育种,2018,16(11):3563-3568.

(上接第 168 页)

[13] 斯坦利·麦克里斯特尔.赋能:打造应对不确定性的敏捷团队[M].北京:中信出版社,2017.

[14] 关 婷,薛 澜,赵 静.技术赋能的治理创新:基于中国环境领域的实践案例[J].中国行政管理,2019(4):58-65.

[15] 《2019 中国电子商务报告》[EB/OL]. <http://dzsws.mofcom.gov.cn/article/ztxx/ndbg/202007/20200702979478.shtml>.

[16] 吕 鹏,周旅军,范晓光.平台治理场域与社会学参与[J].社会学研究,2022,37(3):68-91,227-228.

[17] 孟冬冬.新乡贤文化视角下乡村治理的现实困境与实现路径[J].农业经济,2022(5):60-62.

[18] 王海娟.资本下乡的政治逻辑与治理逻辑[J].西南大学学报(社会科学版),2015,41(4):47-54.

[20] 王欣亮,魏露静,刘 飞.大数据驱动新时代乡村治理的路径建构[J].中国行政管理,2018(11):50-55.

[21] 王广辉,郭文博.数字政府建设面临的多重风险及其规避策略[J].改革,2022(3):146-155.