

籼型水稻两用核不育系遗传多样性与抗性品质基因分析

管俊娇 张建华 奎丽梅 涂建 邓伟 徐雨然 谷安宇 张锦文 蓝舵 李小林
(云南省农业科学院粮食作物研究所,昆明 650205)

摘要:以育成的 14 个籼型水稻两用核不育系为材料,利用水稻 SNP 标记,分析水稻两用核不育系的遗传多样性,构建 SNP 分子指纹图谱,同时检测水稻主要病虫害抗性基因及品质基因的分布。结果表明,1K 水稻 SNP 芯片共筛选出 3302 个多态性标记位点,这些多态性位点 PIC 平均值为 0.264,最高仅为 0.375;聚类分析结果发现,遗传距离最近的 2 个品种,仅有 51 个差异位点,表明这些不育系材料的多样性较低,遗传基础较为狭窄,同质化严重;通过比对参考品种功能基因,分析水稻褐飞虱、稻瘟病和白叶枯病抗性位点 *Bph14*、*Bph3&15*、*Bph27*、*Pi1*、*Pi2*、*Pi9*、*Pigm*、*Pikh*、*Pita*、*Piz*、*Xa7*、*Xa21* 和 *Xa23* 在 15 份材料中的分布,发现这批不育系材料携带的抗性基因较单一;对品质优异基因的分析发现,这些不育系具有较好的外观品质,部分品种具有低镉和香味基因。研究结果为后续的水稻品种抗性遗传改良和品质优异基因利用提供了科学依据。

关键词:水稻;两用核不育系;SNP 芯片;抗性;品质

Analysis on Genetic Diversity, Resistance and Quality Genes of Dual-Purpose Male Sterile Indica Rice

GUAN Junjiao, ZHANG Jianhua, KUI Limei, TU Jian, DENG Wei,
XU Yuran, GU Anyu, ZHANG Jinwen, LAN Duo, LI Xiaolin

(Institute of Food Crops Research, Yunnan Academy of Agricultural Sciences, Kunming 650205)

水稻产量关系着粮食安全,其产量的提高离不开杂交水稻的成功培育^[1]。目前水稻杂种优势的利用主要采用两系法和三系法,随着两系法的广泛使用,突破了传统水稻杂种优势利用的局面^[2]。恢保关系制约了三系杂交稻的自由配组,限制了杂种优势的利用范围,而两系法不需要保持系,可自由配组,能广泛地利用杂种优势。因此,两系法育种发展迅速,越来越受到育种家们的重视,育成的品种已大面积推广种植,为保障我国粮食安全起到了关键作用。近年来,两系杂交籼稻成为了长江流域的主要

种植类型^[3]。随着市场需求和种植环境的变化,两系杂交稻的发展也面临着更新换代的挑战。

病虫害会对水稻产量和品质造成无法估量的损害,化学农药仍然是目前主要使用的预防手段,大量化学农药的使用除污染环境外还使病虫害的抗药性增强,形成了恶性循环。发掘抗病虫害基因,培育抗性品种成为了实现绿色生产的前提。褐飞虱是中国水稻主要虫害之一,研究人员在水稻上定位了 46 个褐飞虱抗性基因,7 个褐飞虱抗性基因已经被克隆^[4]。水稻白叶枯病的暴发对水稻具有巨大的破坏性,现已有 38 个抗白叶枯病基因(*Xa*)被定位,其中 15 个抗性基因被克隆^[5]。稻瘟病是水稻三大病害之一,已鉴定抗稻瘟病基因有 100 多个,其中 36 个被克隆^[6-7]。

基金项目:云南省重大科技专项计划项目(202102AE090016);云南省种子联合实验室项目(202205AR07001);云南省财政部门预算项目重大专项(530000210000000013809);科技人才与平台计划(202105AE160009)

通信作者:李小林

高产优质是育种家所追求的育种目标,杂交稻米品质受不育系品质的制约^[8]。加工品质和外观品质是除食味品质和营养品质之外的主要评价指标^[9],虽然已有一些加工品质的QTL位点被定位,但已克隆的仅有影响整精米率的*Chalk5*基因^[10]。对外观品质影响较大的是垩白,现已定位的QTL也较多,*Chalk5*基因也是控制稻米垩白的主效QTL^[10]。有研究表明,*BADH2/fgr*基因控制了稻米香味^[11]。根据这些已知基因开发的功能标记已广泛应用在水稻育种实践中,大大提高了水稻的育种速度。

华智生物技术有限公司开发的水稻1K液相芯片包括1048个目标区间内的5400个SNP标记位点的基因型。1048个目标区间在参考基因上均匀分布,平均1cM/区间,在83个水稻重要的性状/基因(抗稻瘟病37个,抗白叶枯病4个,抗褐飞虱10个,稻米品质基因8个,育性基因6个,产量性状基因6个,生理发育基因8个和耐逆基因4个)200kb范围内平均有10个紧密连锁的标记。其中有供体材料验证的功能基因信息标记87个,包括抗褐飞虱基因(*Bph3*、*Bph14*、*Bph15*和*Bph27*)、稻瘟病抗性基因(*Pi1*、*Pi2*、*Pi9*、*Piz*、*Pigm*、*Pita*和*Pikh*)、抗白叶枯基因(*Xa7*、*Xa13*、*Xa21*和*Xa23*)、垩白度基因(*Chalk5*)、香味基因(*Badh2*)、低镉基因(*OsHMA3*)等。该芯片已用于水稻育种材料的鉴定、分子标记辅助育种及基因聚合育种等研究领域,为优异种质资源的挖掘和高效育种提供了有利工具^[12]。

云南省农业科学院粮食作物研究所通过与地方软米品种等具有优良农艺性状和抗逆特性的优质稻种资源间的多目标性状聚合,育成了一批性状优良的两用核不育系。本研究以15个自主选育的水稻两用核不育系为试验材料,利用水稻1K mGPS芯片(华智生物技术有限公司)构建不育系分子指纹图谱,分析水稻抗逆、品质相关基因的关联位点,参照芯片供体材料的功能基因信息,分析15份不育系材料抗性基因及优良品质基因分布,对不育系材料的可利用性进行评估,为长江上游稻作区籼稻新品种遗传改良提供科学依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

本研究以14份籼稻两用核不育系YUN1025s(CK)作为试验材料,2022年种植于云南省昭通市水富育种基地(表1)。所使用的两用核不育系材料均由云南省农业科学院粮食作物研究所选育,其亲本包括了不同类型的材料。不育期内花粉败育彻底,转育温度22~23℃,开花习性优良,有较好的配合力,其中4个品种:云223s(鉴定编号:滇鉴稻(2022)06号)、云225s(鉴定编号:滇鉴稻(2022)07号)、YUN992s(鉴定报告)、YUN1025s(鉴定报告)已通过云南省农作物品种审定委员会组织的鉴定。

表1 试验材料信息

材料编号	类型	亲本组合
S1	籼型不育系	云软209S/广莱S
S2	籼型不育系	蜀光357s/DsPIR64446-1
S3	籼型不育系	4085S/云软209S
S4	籼型不育系	云59S/云软209S
S5	籼型不育系	云77s/GD-1s
S6	籼型不育系	广莱S/云软209S
S7	籼型不育系	云58S/红优7号
S8	籼型不育系	云58S/云恢72
S9	籼型不育系	蜀光612S/云恢290
S10	籼型不育系	2301s/DsPIR64446-1
S11	籼型不育系	锦瑞1S/广莱S
云223s	籼型不育系	云203S/广莱S
云225s	籼型不育系	云205S/SW2
YUN992s	籼型不育系	培矮64S/冈46B
YUN1025s(CK)	粳型不育系	培矮64S/云粳29

1.2 试验方法 SNP分型和染色体作图 每个材料剪取5株苗期叶片混样,提取DNA,并对DNA样品进行纯度和完整度检测后,送华智水稻生物技术有限公司采用1K mGPS芯片对参试材料进行基因型检测。SNP位点变异数、杂合率、等位基因频率、多态性信息含量(PIC, Polymorphism information content)采用PowerMaker 3.25软件计算。染色体作图采用MG2C version 2.1软件进行。遗传多样性及聚类分析 根据SNP分型结果,样本的遗传多样性利用PowerMarker软件采用Nei's遗传距离构建UPGMA聚类图。不育系抗逆、品质特性基因位点的分析 参考供体材料功能基因信息,通过Excel完成数据整理与位点信息比对,分析15份不育系材料抗性基因及优良品质基因分布。

2 结果与分析

2.1 SNP 位点多态性分析 基因分型后共获得 5293 个高质量 SNP 位点分型数据,其中 3302 个具有多态性。这些多态性 SNP 位点在染色体上的分

布如图 1,其中位于水稻第 1 染色体上的 SNP 位点最多,有 391 个,第 8 染色体上最少,有 173 个,平均每 1Mb 的区间内含有 7.6 个多态性 SNP 标记。这些多态性 SNP 标记能够满足后续分析的需要。

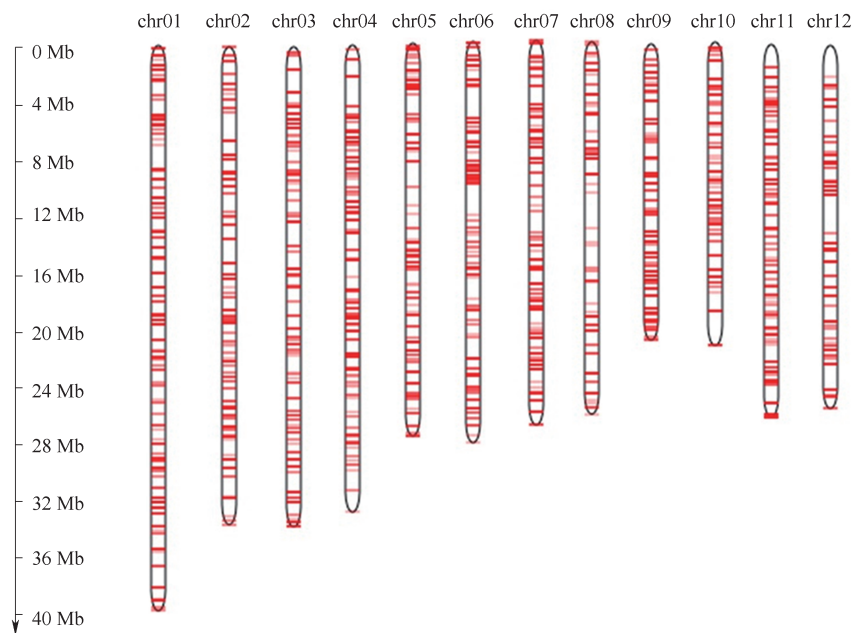


图 1 多态性 SNP 位点在水稻染色体上的分布

15 份不育系种质的遗传多样性分析结果表明,3302 个 SNP 标记共检测到 6640 个等位基因,主要等位基因频率(MAF, Major allele frequency)平均值为 0.850,变化范围为 0.064~0.970。期望杂合率(Heterozygosity)平均值为 0.004。基因多样性在 0.064~0.500 之间,平均值为 0.204。多态性信息含量(PIC)变幅为 0.062~0.375,平均值为 0.264,最高值为 0.375,其中 1584 个 SNP 标记的 PIC 值在 0.300 以上(图 2)。多态性分析结果表明这些不育系材料的多样性较低。

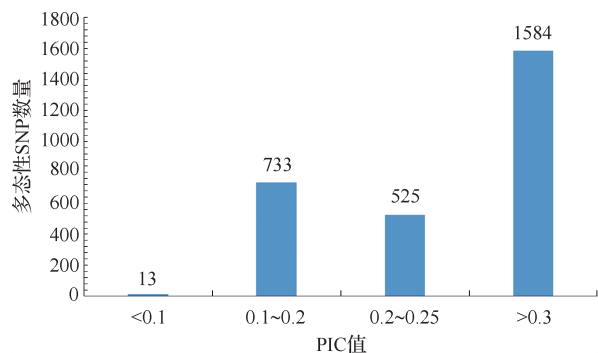


图 2 SNP 标记在 15 份不育系中多态性信息含量(PIC)的分布

2.2 不育系聚类分析 根据 Nei's 遗传距离,对 15 个不育系进行聚类分析,结果表明,参试材料被划分为两大类群,即粳型不育系亚群(Ⅰ)和籼型不育系亚群(Ⅱ)(图 3)。YUN1025s 是作为对照的粳型不育系材料,单独分作一个亚群。籼型不育系亚群中,S9 单独为一组,其他 13 个不育系为一组,其中 S7 和 S8 具有相同的母本,遗传距离最近,仅有 51 个位点不同。S2 和 S10 具有相同的父本,遗传距离为 0.019,S6、S11、S1、云 223s 4 份材料有一个亲本相同,也聚在了一起。以上聚类结果与亲缘关系一致,该组标记可用于不育系鉴定及亲缘关系溯源。

2.3 杂合率统计分析 从 15 份不育系的 SNP 杂合率统计结果(表 2)可知,各不育系材料的杂合率均较低,变幅为 0.36%~2.54%。S2 的 SNP 杂合率最高,为 2.54%,YUN992s 的 SNP 杂合率最低,为 0.36%,说明这些不育系的基因组纯合度较高,具有较高的遗传稳定性。

2.4 指纹图谱构建 进一步对 15 个水稻两用核不育系的有效位点进行比对筛选,筛选 PIC 值大于 0.37 且无缺失的位点构建 15 个两用核不育系的指

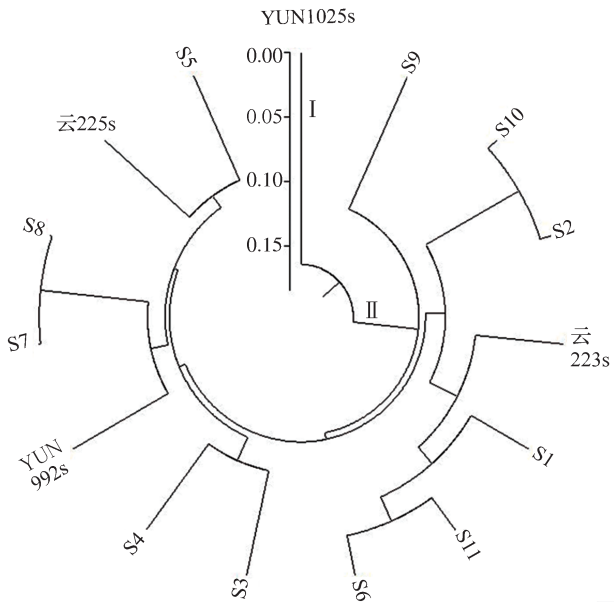


图3 基于 Nei's 遗传距离的聚类树状图

纹图谱。最终筛选获得 384 个核心多态性 SNP 位点,分布于 12 条染色体上,通过 Excel 及 AI 绘图获

得 15 个不育系的特征分子指纹图谱(图 4)。在本研究中所用材料在系谱上具有一定的亲缘关系,筛选出的 384 个位点仍能完全区分这 15 个材料,每个材料都有其独特的指纹图谱,说明这些位点多样性较丰富,具有较高的鉴别力,可考虑推荐这 384 对引物作为不育系鉴定的核心引物。

2.5 水稻核不育系抗逆及品质特性相关基因差异位点解析 以某个基因区域全部检测位点与供体材料功能基因单倍型相似性 0.9~1.0 为标准,通过比对参试材料与供体材料某个功能基因信息标记的相似度确定目标基因材料,若达到相似性标准,则参试品种判断为具有该目标基因,其表型与供体材料相似。由表 3 可看出,15 个水稻两用核不育系中共有 9 个基因,包含 52 个位点与抗逆、品质优良特性相关,这 15 个不育系大部分在抗褐飞虱、抗稻瘟病、稻米品质上有优异等位基因。S4、S9 有抗白叶枯病基因 *Xa21* 的优异等位基因,对水稻白叶枯病具有一定的抗性。S9、YUN1025s 有低镉 *OsHMA3* 基因的优

表 2 水稻两用核不育系材料的杂合率分析

材料	SNP 杂合率(%)	材料	SNP 杂合率(%)	材料	SNP 杂合率(%)
S1	0.42	S6	0.45	S11	0.66
S2	2.54	S7	0.72	云 223s	0.51
S3	0.54	S8	0.48	云 225s	0.69
S4	0.75	S9	0.51	YUN992s	0.36
S5	0.78	S10	0.51	YUN1025s	0.48



SNP typ ■ A/A ■ T/T ■ C/C ■ G/G 杂合

每行代表 1 个 SNP 位点,每列代表 1 个品种,不同基因型分别用不同颜色表示

图 4 15 份不育系材料的 DNA 指纹图谱

表3 水稻两用核不育系主要抗逆、品质相关基因 SNP 位点统计

基因名称	染色体	SNP 数量	供体品种	供体品种表型	目标基因材料
<i>Bph14</i>	chr03	2	华恢 1337	抗褐飞虱	—
<i>Bph3&15</i>	chr04	10	华恢 1337	抗褐飞虱	S1、S2、S3、S4、S5、S6、S7、S8、S9、S10、S11、云 223s、云 225s、YUN992s、YUN1025s
<i>Bph27</i>	chr04	1	廖抗 991	抗褐飞虱	YUN992s
<i>Pi2</i>	chr06	5	华 2100	对稻瘟病具有一定的抗性	—
<i>Piz</i>	chr06	5	IRAT109	对稻瘟病具有一定的抗性	—
<i>Pi9</i>	chr06	4	华恢 7620	对稻瘟病具有一定的抗性	S2、S10
<i>Pigm</i>	chr06	4	谷梅 4 号	对稻瘟病具有一定的抗性	—
<i>Pikh</i>	chr11	5	Nipponbare	对稻瘟病具有一定的抗性	—
<i>Pi1</i>	chr11	6	Tetep	对稻瘟病具有一定的抗性	S1、S3、S4、S7、S8、S9、YUN992s、YUN1025s
<i>Pita</i>	chr12	3	华恢 1337	对稻瘟病具有一定的抗性	S1、S3、S4、S6、S11、云 223s、云 225s
<i>Xa21</i>	chr11	5	抗 3418S	对水稻白叶枯病具有一定的抗性	S4、S9
<i>Xa23</i>	chr11	5	华恢 7620	对水稻白叶枯病具有一定的抗性	—
<i>Xa7</i>	chr06	9	Kasalath	对水稻白叶枯病具有一定的抗性	—
<i>Chalk5</i>	chr05	10	华恢 7620	低稻米垩白度,提高稻米外观品质,增加粒宽、粒重	S1、S2、S4、S5、S6、S7、S8、S9、S10、S11、云 223s、云 225s、YUN992s、YUN1025s
<i>OsHMA3</i>	chr07	12	Lemont	降低稻米镉毒性	S9、YUN1025s
<i>Badh2</i>	chr08	1	玉针香	有香味	S7、S9

异等位基因,可降低稻米镉毒性。S7、S9 检测到了香味基因 *Badh2*。

3 结论与讨论

遗传多样性研究对加快水稻的遗传改良及育种具有重要的指导意义。在育种中,充分利用遗传多样性研究,设置合理的育种目标,指导亲本选择,利用分子标记辅助选择技术(MAS)筛选目标性状,减少有害基因的影响,可以加快育种速度^[13-15]。SNP 标记具有数量多、多态性丰富、适于高通量检测等优点,已广泛应用于分子标记定位、突变体基因的挖掘、构建指纹图谱、遗传多样性分析等研究^[16-17]。余卫霖等^[18]利用水稻 56K SNP 芯片,构建水稻雌性核不育系 SNP 分子指纹数据库,为雌性核不育系的分子鉴定及其优良抗逆特性的研究奠定了基础。本研究利用 1K mGPS 水稻 SNP 芯片对 15 个水稻两用核不育系种质进行基因分型,分析了 15 份水稻材料的遗传多样性。多态性位点 PIC 平均值为 0.264,介于 0.25~0.50 之间,按照孙志广等^[13]、Botstein 等^[19]的理论,参试材料为中度多态性,但是其最高值仅为 0.375,表明这些不育系材料的多样性较低,遗传基础较为狭窄,同质化严重。这是由于在不育系选育过程中,严重依赖于几个甚至一个骨干

不育系进行选育,如农垦 58s、矮培 64s。此外遗传多样性分析能够准确分析材料间亲缘关系,通过聚类分析发现粳型不育系 YUN1025s 单独归为一类,与其他的籼型不育系明显区别,具有共同亲本的材料首先聚到了一起,说明分子标记可以在分子层面验证不育系的系谱关系,可用于不育系的亲本追溯及指导新的不育系选育。

SNP 标记构建 DNA 指纹图谱,已广泛应用于品种真实性和纯度鉴定。李梓榕等^[17]通过精简水稻全基因组 SNP 标记并构建指纹图谱,最少用 12 个 SNP 标记就可以完全鉴定 117 个水稻种质;余卫霖等^[18]采用 12475 个多态性 SNP 位点构建的分子指纹图谱能够清晰地将 10 个水稻雌性核不育系区分开,同时也为 SNP 标记的精简留下了很大空间;田红丽等^[20]利用筛选得到的玉米 384 个位点的 SNP 组合构建出的玉米杂交种指纹图谱,选取其中 200 个位点能够区分目前 95% 及以上玉米已知品种。本研究中,通过筛选,采用分布于水稻 12 条染色体上的 384 个核心多态性 SNP 位点构建了 15 个不育系的指纹图谱,可为这些材料的真实性鉴定提供依据。

随着人民生活水平的不断提高,优质和绿色健康成为稻米生产的新要求,采用高产绿色优质新品

种是实际生产中的首选。优良的不育系是选育优良水稻新品种的基础, MAS 技术、基因组编辑技术等现代生物育种技术则是未来育种的首要选择。褐飞虱在全国稻区均有发生, 为害较重, *Bph3* 是一个对褐飞虱具有广谱、持久抗性的主效基因^[21]。本研究中, 15 个不育系主要携带的抗褐飞虱基因主要是 *Bph3&15* 基因, 有 1 个材料同时携带了 *Bph3&15* 和 *Bph27* 基因。因此, 这 15 个不育系对褐飞虱有一定的抗性。稻瘟病是水稻的三大病害之一, 15 个不育系携带的抗稻瘟病基因主要是 *Pil*、*Pita* 基因, 对稻瘟病具有一定的抗性^[22-23]。白叶枯病是对水稻最具破坏性的病害之一, *Xa21* 是白叶枯病显性抗性基因, 对大多数白叶枯病菌表现高抗^[5, 24], 在本研究中, 仅有 2 份材料携带该基因。其他的抗性基因由于无对应的供体材料进行验证, 并未对其进行分析, 这 15 个不育系材料在抗病虫害方面稍显不足, 此后的品种改良中还需聚合更多的抗病虫害基因, 增加不育系本身的抗性。在品质方面, 大部分材料都携带低垩白度, 增加粒宽、粒重的 *Chalk5* 基因, 具良好的外观品质, 有 2 个材料携带 *OsHMA3* 基因, 能有效降低稻米镉毒性, 2 个材料携带香味基因 *Badh2*。对这些不育系的遗传特征和育种潜力进行评价, 有利于挖掘品质和抗性良好的优势组合, 选育优质绿色品种, 满足市场需求。

本研究利用 SNP 标记对 15 份水稻两用核不育系材料基因型检测, 并进行遗传多样性分析。结果显示各不育系材料的杂合率均较低, 为 0.36%~2.54%, 多态性信息含量(PIC)平均值为 0.264, 最高值仅为 0.375, 表明这些不育系材料的纯合度较高, 多样性较低, 遗传基础较为狭窄, 同质化严重。通过分析水稻褐飞虱、稻瘟病和白叶枯病抗性位点在 15 份材料中的分布, 发现这批不育系材料携带的抗性基因较单一, 在后续的品种改良中还需聚合更多的抗病虫害基因, 增加不育系本身的抗性。对品质优异基因的分析发现, 这些不育系具有较好的外观品质, 部分品种具有低镉和香味基因, 为优异不育系挖掘和利用提供了参考。

参考文献

[1] 钟思莹, 周勇, 罗李飞, 刘媛媛. 分子标记辅助选择在两系不育系选育中的应用. 南方农业, 2021, 15 (14): 223-225

- [2] 杨仕华, 程本义, 沈伟峰, 夏俊辉. 中国两系杂交水稻选育与应用进展. 杂交水稻, 2009, 24 (1): 5-9
- [3] 雷东阳, 林勇, 陈立云. 水稻两用核不育系的研究现状与发展策略. 湖南农业大学学报: 自然科学版, 2019, 45 (3): 225-230
- [4] Hu J, Xiao C, He Y Q. Recent progress on the genetics and molecular breeding of brown planthopper resistance in rice. Rice, 2016, 9 (1): 30
- [5] 杨行海, 韦宇, 夏秀忠, 李冬秀, 梁曼玲, 粟学俊, 阎勇. 基于 40K 基因芯片的 326 份水稻品种遗传多样性与重要病虫害抗性基因鉴定. 分子植物育种, 2022, 20 (12): 3974-3987
- [6] Wang B H, Ebbolr D J, Wang Z H. The arms race between *Magnaporthe oryzae* and rice : Diversity and interaction of *Avr* and *R* genes. Journal of Integrative Agriculture, 2017, 16 (12): 2746-2760
- [7] 张丽丽, 桑海旭, 马晓慧, 毛艇, 阙补超, 王绍林, 张战, 于深州, 李春泉. 水稻稻瘟病抗性基因及稻瘟病菌无毒基因研究进展. 北方水稻, 2021, 51 (1): 54-58
- [8] 侯军亮, 席杏媛, 李世明, 李泽桦, 李刚, 伏琦, 李云飞, 鄢阳天, 杨麒生, 喻涵. 分子标记及 RAD 测序辅助选择改造两系不育系水稻粒型. 分子植物育种, 2019, 17 (8): 2552-2558
- [9] 李然, 钱前, 高振宇. 水稻品质的遗传与育种改良研究进展. 生物技术通报, 2022, 38 (4): 4-19
- [10] Li Y B, Fan C C, Xing Y Z, Yun P, Luo L J, Yan B, Peng B, Xie W B, Wang G W, Li X H, Xiao J H, Xu C G, He Y Q. *Chalk5* encodes a vacuolar H⁺-translocating pyrophosphatase influencing grain chalkiness in rice. Nature Genetics, 2014, 46 (4): 398-404
- [11] Chen S H, Yang Y, Shi W W, Ji Q, He F, Zhang Z D, Cheng Z K, Liu X N, Xu M L. *Badh2*, encoding betaine aldehyde dehydrogenase, inhibits the biosynthesis of 2-acetyl-1-pyrroline, a major component in rice fragrance. Plant Cell, 2008, 20 (7): 1850-1861
- [12] 龙晓波, 李为国, 叶昌荣, 程计华, 张哲, 尹合兴, 赵健, 李正和, 曹桂元, 易丽媛. 基于高密度 SNP 标记的云南元阳红米种质资源遗传多样性分析. 杂交水稻, 2022, 37 (4): 15-20
- [13] 孙志广, 潘根, 陈庭木, 李景芳, 赵利君, 迟铭, 徐波, 邢运高, 刘金波, 刘晓敏, 葛高宁, 徐锦涛, 王宝祥, 徐大勇. 基于 SNP 标记的籼稻与栽培稻的遗传多样性分析及萌发耐淹性评价. 中国农学通报, 2022, 38 (30): 6-13
- [14] Henry R J. Australian wild rice populations : A key resource for global food security. Frontiers in Plant Science, 2019, 10: 1354
- [15] Gaikwad K B, Singh N, Kaur P, Rani S, Prasanth B H, Singh K. Deployment of wild relatives for genetic improvement in rice (*Oryza sativa*). Plant Breeding, 2020, 140: 23-52
- [16] Ganai M W, Thomas A, Rceder M S. SNP identification in crop plants. Current Opinion in Plant Biology, 2009, 12 (2): 211-217
- [17] 李梓榕, 袁雄, 陈叶, 郑兴飞, 胡中立, 李兰芝. 基于全基因组 SNP 高效鉴定水稻种质资源并构建指纹图谱. 分子植物育种, 2020, 18 (18): 6050-6057
- [18] 余卫霖, 吴文彬, 朱骞, 李娟, 李伟, 郭效琼, 李仕川, 王天杰, 罗迪, 王镜博, 陈丽娟, 李东宣. 水稻雌性核不育系 SNP 指纹图谱及抗逆相关差异位点检测. 分子植物育种, 2023, 21 (7): 2269-2278

逐年提高。但是优质水稻产业发展的同时,土地地租也逐年提高,种植户为了提高效益对优质水稻品种的产量要求变得非常苛刻。单位面积提高产量首先考虑的因素是分蘖率、成穗率、千粒重和穗粒数。兴安盟地区气候条件可供水稻分蘖的时间有限,育种上高分蘖品种后期成穗率不能得到保障,所以提高千粒重和选育穗粒数较多的大穗型品种成为了该地区当前育种目标。但是,适合当地种植的大穗型品种少之又少,可供种植户选择的余地非常有限。针对这一市场需求,兴安盟农牧科学研究所和扎赉特旗佰东农业科技有限公司联合制定育种目标,加大了对大穗型材料的选育工作。通过多年的努力,水稻品种兴梗8号的选育提高了当地市场上大穗型品种的多样性。由以上结论和分析可知,兴梗8号在内蒙古自治区水稻品种区域试验和生产试验当中,产量表现突出,具有良好的丰产性、稳产性,适应性较强,推广意义和前景较大。

兴梗8号为大穗型水稻品种,灌浆时间较长。低节位分蘖成穗是保障其产量的关键因素,而高节位分蘖成穗会导致灌浆不充分,千粒重降低,影响产量。所以,栽培技术上建议保证每穴基本苗5株以上,适时提早晒田控蘖,保证低节位分蘖成穗数,降低高节位分蘖成穗数。另外,大穗型水稻品种结实率是影响其产量的另一个关键因素。在拔节孕穗期通过天气预报预知低温天气($<17^{\circ}\text{C}$)时,建议提前灌溉。保证水层在15cm以上,防止突发性低温冷害导致空壳率上升。

近年来,随着蒙东地区水稻产业链的逐步完善,长粒型水稻主要作为高端米原料进行生产。当

地参与育种的企事业单位认识到稻米加工对香稻品种的需求渐渐提高。稻米香味主要由编码甜菜碱醛脱氢酶基因 *Badh2* 控制,该基因功能突变能够导致稻米香气成分 2-乙酰-1-吡咯啉(2AP)的积累^[8]。随着水稻功能基因组学的发展,香稻资源中 *Badh2* 基因单倍型的挖掘工作已经有了初步的成果。未来将高产、稳产的大穗型水稻品种兴梗8号改良为香稻品种是非常值得去尝试的一项工作,分子标记技术和基因编辑技术的日益完善和普及也会大大加速香稻育种的进程。

参考文献

- [1] 海日汗,田淑华,左慧忠,张志刚,李志新,徐兴健. 蒙东地区旱作水稻浅埋滴灌栽培技术研究. 中国稻米,2023,29(2): 85-87
- [2] 陈杰,王子君,李红斐,白冬,胡向尚,宋佳静,宋全昊,金艳,赵立尚,朱统泉. 国审小麦新品种驻麦305的产量、品质及抗病性分析. 种子,2022,41(3): 107-110
- [3] 温振民,张永科. 用高稳系数法估算玉米杂交种高产稳产性的探讨. 作物学报,1994(4): 508-512
- [4] 曹燕燕,巴磊,张璐,黄杰,葛昌斌,李雷雷,卢雯莹,廖平安. 小麦新品种漯麦47丰产稳产性分析. 中国种业,2023(9): 86-90,95
- [5] 周风云,李伯群,余国东,马强,高志宏,杨明. 小麦新品种渝麦13号丰产性、稳产性及适应性分析. 西南农业学报,2013,26(3): 894-898
- [6] 陈建珍. 大穗型水稻品种的物质生产、灌浆及结实稳定性研究. 荆州:长江大学,2016
- [7] 赵志龙. 寒地12片叶水稻叶龄诊断指导施肥技术. 黑龙江农业科学,2019(4): 169-170
- [8] 潘阳阳,黄道强,王重荣,李宏,周德贵,王志东,陈宜波,赵雷,龚蓉,周少川. 香稻 *Badh2* 基因单倍型及香气成分 2-乙酰-1-吡咯啉代谢通路的研究进展. 广东农业科学,2021,48(7): 9-16

(收稿日期: 2023-11-29)

(上接第62页)

- [19] Botstein D, White R L, Skolnick M, Davis R W. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. American Journal of Human Genetics, 1980, 32(3): 314-331
- [20] 田红丽,杨扬,王璐,王蕊,易红梅,许理文,张云龙,葛建镛,王凤格,赵久然. 兼容型 maizeSNP384 标记筛选与玉米杂交种 DNA 指纹图谱构建. 作物学报,2020,46(7): 1006-1024
- [21] Liu Y Q, Wu H, Chen H, Liu Y L, He J, Kang H Y, Sun Z G, Pan G, Wang Q, Hu J L, Zhou F, Zhou K N, Zheng X M, Ren Y L, Chen L G, Wang Y H, Zhao Z G, Lin Q B, Wu F Q, Zhang X, Guo X P, Cheng X N, Jiang L, Wu C Y, Wang H Y, Wan J M. A gene cluster encoding lectin receptor kinases confers broad-spectrum and durable

- insect resistance in rice. Nature Biotechnology, 2015, 33(3): 301-305
- [22] 曹妮,陈渊,季芝娟,曾宇翔,杨长登,梁燕. 水稻抗稻瘟病分子机制研究进展. 中国水稻科学,2019,33(6): 489-498
- [23] Bryan G T, Wu K S, Farrall L, Jia Y, Hershey H P, Mcadams S A, Faulk K N, Donaldson G K, Valent T B. A single amino acid difference distinguishes resistant and susceptible alleles of the rice blast resistance gene *Pi-ta*. The Plant Cell, 2000, 12(11): 2033-2045
- [24] Luo Y C, Sangha J S, Wang S H, Li Z F, Yang J B, Yin Z C. Marker-assisted breeding of *Xa4*, *Xa21* and *Xa27* in the restorer lines of hybrid rice for broad-spectrum and enhanced disease resistance to bacterial blight. Molecular Breeding, 2012, 30(4): 1601-1610

(收稿日期: 2023-11-29)