



2009年 中国水稻产业发展报告

中国水稻研究所
国家水稻产业技术研发中心

2009 年

中国水稻产业发展报告

中国水稻研究所
国家水稻产业技术研发中心

中国农业出版社

图书在版编目 (CIP) 数据

2009 年中国水稻产业发展报告 / 中国水稻研究所, 国家水稻产业技术研发中心编. —北京: 中国农业出版社, 2009. 7

ISBN 978-7-109-14065-3

I. 2… II. ①中…②国… III. 水稻-作物经济-经济发展-研究报告-中国-2009 IV. F326.11

中国版本图书馆 CIP 数据核字 (2009) 第 127575 号

中国农业出版社出版

(北京市朝阳区农展馆北路 2 号)

(邮政编码 100125)

责任编辑 王华勇 杜建国 张林芳

中国农业出版社印刷厂印刷 新华书店北京发行所发行

2009 年 8 月第 1 版 2009 年 8 月北京第 1 次印刷

开本: 787mm×1092mm 1/16 印张: 11

字数: 246 千字 印数: 1~2 000 册

定价: 65.00 元

(凡本版图书出现印刷、装订错误, 请向出版社发行部调换)

中国水稻产业发展报告编辑委员会

主任 程式华

副主任 李西明 廖西元

成员 胡培松 庄杰云 钱 前 朱德峰
朱智伟 王 磊 李 建 方福平

主 编 程式华

副主编 方福平

主要编写人员(按姓氏笔画排序)

方福平	朱智伟	牟仁祥	李 建
李凤博	沈希宏	张玉屏	陈惠哲
杨仕华	林贤青	周锡跃	胡慧英
钱 前	徐春春	黄世文	曹立勇
程式华	鲁 英	傅 强	谢黎虹
樊叶杨	魏兴华		

前 言

2008年是不平凡的一年。在这一年,我国成功举办了一届伟大的奥运会、残奥会,成功抗击了南方雨雪冰冻灾害和四川汶川特大地震灾害,成功完成了神舟七号载人航天飞行,但也面临着国内外经济形势急剧变化,国际农产品市场剧烈波动等严峻形势。值得我们水稻人自豪的是,我国水稻、小麦和玉米等主要粮食作物生产取得了大丰收,为国家经济宏观调控提供了宝贵的支持。据国家统计局公报,2008年我国粮食总产达到52 850万吨,实现改革开放以来连续第五年增产,比历史最高的1998年增产1 621万吨;亩*产330千克,比2007年提高13千克,连续第五年创历史新高。尽管稻谷总产未达到历史最高水平,但已同样实现了改革开放以来连续第五年增产,单产已连续第二年创出历史新高,这主要得益于水稻科技发挥了关键作用。

预计2008年我国水稻种植面积4.39亿亩,比2007年扩大了400万亩;总产1.92亿吨,比2007年增产600万吨;亩产438千克,比2007年提高9千克。2008年我国稻米市场价格波动不大,各主要稻米品种呈现先涨后跌态势,早籼稻、晚籼稻和粳稻的平均收购价分别比2007年同期上涨了15%、10.3%和3.5%。2008年,世界水稻生产也保持稳定发展的势头。预计世界水稻种植面积达到23.85亿亩,总产超过6.3亿吨,分别比2007年增长2.2%和2.1%;世界市场大米价格剧烈波动,5月泰国含碎25%大米FOB平均价格为每吨895美元,比2007年同期每吨289美元上涨了211%,但此后快速回落,到12月份降为每吨439美元,比5月份下跌了52%。世界大米价格的大幅波动引发了不少国家出现粮食危机,加剧了社会动荡。

与《2008年中国水稻产业发展报告》比较,本报告新增了“转基因技术研究动态”内容,主要是考虑2008年国家正式启动“转基因生物新品种培育科技重大专

* 亩为非法定计量单位,1公顷=15亩=10 000平方米。

项”,为便于读者了解国内外水稻转基因技术研究现状,而单独增加一章;为了增强本报告的资料性、实用性和参考价值,本报告新增了“1949—2007年中国水稻生产面积、单产和总产情况”、“2007年国内各省水稻生产面积、单产和总产情况表”、“1961—2007年世界水稻生产面积、单产和总产情况”、“2005—2008年通过国家审定的水稻品种”和“1999—2008年水稻新品种授权情况表”。此外,本报告的参考文献也由2007年附录在报告全文最后,改为附录在每一章后面,目的是便于读者查阅和对照;删减了“中国水稻加工业发展动态”一章,主要是缺少全国大米加工业的数据,以及编者所掌握的资料还不足以对我国2008年大米加工业的发展动态形成报告,有待今后进一步研究。

本报告上篇的七章中,依次由种质评价、基因定位、分子育种、高产生理、转基因生态和水稻病理、种质创新和稻米质检中心组织撰写;下篇第八至十章由稻作发展研究室、稻米质检中心组织撰写。附录部分由稻作发展研究室、区域试验、国际合作与科研管理处提供了翔实资料。报告在编写过程中还得到中粮集团大米部、全国农业技术推广与服务中心粮食作物处等单位的热心支持,同时也引用了大量不同领域学者和专家的观点,我们在此一并表示衷心的感谢!

尽管本报告已是第二年编撰,但限于编者水平,错误、疏漏和不足之处在所难免,敬请广大读者批评指正。同时,我们也相信在大家的支持下,《中国水稻产业发展报告》一定会越办越好!

编 者

二〇〇九年六月

目 录

前言

上篇 2008 年中国水稻科技进展动态

第一章 水稻品种资源研究动态	3
第一节 国内水稻品种资源研究进展	3
第二节 国外水稻品种资源研究进展	6
参考文献	8
第二章 水稻遗传研究动态	11
第一节 国内水稻遗传研究进展	11
第二节 国外水稻遗传研究进展	19
参考文献	22
第三章 水稻育种研究动态	25
第一节 水稻新品种审定	25
第二节 超级稻育种	26
第三节 两系杂交稻育种	28
第四节 杂交粳稻育种	28
第五节 水稻品质育种	29
第六节 杂交水稻亲本选育	30
第七节 特异性水稻研究	31
第八节 水稻分子育种	31
参考文献	32
第四章 中国水稻栽培技术研究动态	33
第一节 水稻超高产栽培技术	33
第二节 水稻省工节本栽培技术	36
第三节 肥水高效利用技术	39
第四节 水稻机械种植技术	42
第五节 稻田种养技术	43
第六节 抗逆境栽培技术	44
参考文献	45

第五章 水稻植保技术研究动态	48
第一节 国内水稻植保技术研究进展	48
第二节 国外水稻植保技术研究进展	53
第三节 水稻植保技术发展趋势	55
参考文献	56
第六章 水稻转基因技术研究动态	59
第一节 国内水稻转基因技术研究进展	59
第二节 国外水稻转基因技术研究进展	65
参考文献	69
第七章 稻米品质与质量安全研究动态	74
第一节 国内稻米品质研究进展	74
第二节 国内稻米质量安全研究进展	78
第三节 国外稻米品质与质量安全研究进展	81
参考文献	82
 下篇 2008 年中国水稻生产、稻米质量与稻米贸易发展动态	
第八章 中国水稻生产发展动态	89
第一节 国内水稻生产概况	89
第二节 世界水稻生产概况	96
第九章 中国稻米质量发展动态	101
第一节 我国稻米品质总体情况	101
第二节 我国稻米质量发展情况	103
第三节 稻米品质相关事件	106
第十章 中国稻米贸易发展动态	108
第一节 国内稻米市场与贸易状况	108
第二节 国外稻米市场与贸易概况	112
附表	117
附表 1 1949—2007 年中国水稻生产面积、单产和总产情况	117
附表 2 2007 年国内各省水稻生产面积、单产和总产情况	118
附表 3 1961—2007 年世界水稻生产面积、单产和总产情况	119
附表 4 2005—2008 年通过国家审定的水稻品种	121
附表 5 1999—2008 年水稻新品种授权情况	136



上篇

2008年

中国水稻科技进展动态

第一章 水稻品种资源研究动态

2008年,国内学者在栽培稻起源与演化研究上取得较大进展,来自于中国科学院和中国农业大学的3个研究小组在*Nature Genetics*上同时发表了他们的研究成果,以株型控制基因*PROG1*和灌浆充实基因*GIF1*分析亚洲栽培稻驯化机制。另外,通过比较栽培稻品种与野生稻材料的NB-LRR抗性基因,Yang等指出驯化过程中存在着对抗性基因的强选择。同样,日本农业生物资源研究所的一个研究小组比较亚洲栽培稻品种与日本粳稻品种日本晴的基因组,发现一个与米粒宽度变化相关的基因*qSW5*,并推断在日本广泛栽培的粳稻可能起源于东南亚地区。虽然近年支持亚洲栽培稻二元或多元起源说的越来越多,但基于落粒性这一重要进化性状在籼粳亚种间同样的突变,Vaughan等支持栽培稻的单一起源观点,并认为杂交和渗交导致了栽培稻基因库丰富的多样性;中国学者高立志和日本学者Hideki Innan对亚洲栽培稻和普通野生稻的SSR比较结果也证实了籼、粳亚种起源并不是完全独立的。在遗传多样性评价与保护方面,国内学者做了大量工作,Wang等发现广东普通野生稻资源等位基因数最多,广西其次,Nei多样性指数则以海南最大,云南最小,认为广东和广西的两个区域为中国普通野生稻的多样性中心。张晓丽等则认为中国普通野生稻总体偏粳,极少数广东、海南材料偏籼,普通野生稻遗传多样性高于栽培稻种、栽培稻等位基因数和平均Nei基因多样性指数分别为普通野生稻的70.2%和88.2%。基于小种群遗传动态的分析,叶平扬等认为扩大种群规模对普通野生稻的原生境保护较为重要。资源保护的目的是利用,国内外学者在低谷蛋白、微量元素、耐低磷、耐高温以及主要病虫害抗性资源鉴定等方面开展了工作,发展了耐淹鉴定的快速方法,筛选了一批优异种质,并在应用分子技术,借助回交手段,构建渗入系或置换系以利用优异种质等方面取得一定的进展。

第一节 国内水稻品种资源研究进展

一、起源与演化

分析基因的功能与多态性以研究栽培稻的演化已成为热点。中国科学院上海植物生理和生态研究所林鸿宣研究小组在海南普通野生稻第7染色体短臂发现一个显性的株型控制基因*PROG1*(*PROSTARTE GROWTH 1*),该基因主要影响叶腋分生组织的表达以及分蘖形成的位置,驯化选择中*PROG1*编码蛋白一个氨基酸的更替导致普通野生稻株型的改变(Jin et al., 2008)。中国农业大学孙传清研究小组同样在云南普通野生稻中发现该基因,并通过与来自17个国家的87份籼稻品种和95份粳稻品种的基因比较,证实单基因的突变导致普通野生稻株型和产量的改变(Tan et al., 2008)。在同一个时期,他们检测到1个来自江西东乡普通野生稻第7染色体短臂的*gpa7*(控制每穗粒数),该基因在

驯化过程中丢失了一段 150 kb 的 DNA 片段 (Li et al., 2008)。

灌浆同样是作物演化进程中的一个重要性状,中国科学院上海植物生理和生态研究所何祖华研究小组通过比较栽培稻和普通野生稻的灌浆充实基因 *GIF1* (*GRAIN INCOMPLETE FILLING 1*), 该基因编码细胞壁转化酶, 调节灌浆早期碳转运 (Carbon Partitioning), 认为在驯化过程中持续选择的累积作用导致了栽培稻粒形变大、粒重增加 (Wang et al., 2008)。

通过分析 AA 基因组 6 个种 (亚种) 花期基因表达的差异, Peng 等 (2008) 发现亚洲栽培稻种在驯化过程中抑制了部分基因表达, 基因表达和基因编码存在不同的进化动力。Yang 等 (2008) 比较 21 个栽培稻品种与 14 个野生稻材料的 44 个 NB-LRR 抗性基因, 发现 4 类 NB-LRR 基因变异类型中, 有/无类型中栽培稻的变异明显下降, 指出驯化过程中存在对抗性基因的强选择。另外, 通过比较栽培稻 (亚洲栽培稻和非洲栽培稻) 与 6 种不同基因组野生稻 (BB、CC、BBCC 及 CCDD) DNA 的 VDAC (电压依赖性阴离子通道, voltage-dependent anion-selective channels) 基因片段, 马亢等 (2008) 发现栽培稻种具有更多的 VDAC 基因片段, 推测栽培稻在进化进程中获得更多的功能。而徐国云等 (2008) 根据 *DREB1B* (一类与非生物胁迫相关的转录因子) 启动子序列构建的系统进化树, 发现我国栽培稻与广西合浦普通野生稻进化关系最近, 与其他地区野生稻材料关系较远, 认为进化关系与纬度相关的同时, 野生稻居群生长地的海拔也是影响进化的重要因素之一。

二、遗传多样性与保护

高州野生稻是近年在广东省高州市镇江镇及祥山镇新发现的大面积普通野生稻自然居群, 陈雨等 (2008) 对来自全部 7 个自然居群的 217 份高州普通野生稻进行 SSR 分析, 发现各居群因遗传结构存在差异而相对独立, 但居群间由于存在基因渗透又具有一定的相似性, 依据各居群多样性和遗传分化特点提出了保护策略。黄金艳等 (2008) 则分析了广西中部来宾市五里塘 285 份普通野生稻的 SSR 特征, 发现其丰富的遗传多样性 ($H = 0.425$), 根据逐步聚类的方法, 选出 30 份作为核心种质。采用 36 个 SSR 标记分析 889 份中国普通野生稻资源的多样性, Wang 等 (2008) 发现广东普通野生稻资源等位基因数最多 (占总数的 84%), 广西其次, Nei 多样性指数以海南最大, 云南最小, 认为广东和广西的两个区域为中国普通野生稻的多样性中心, 云南、湖南、江西和福建 4 省野生稻分化较明显, 而海南、广东和广西 3 地遗传分化程度较低。根据对 288 份中国普通野生稻和栽培稻 SSR 多样性的比较分析, 张晓丽等 (2008) 认为中国普通野生稻总体偏粳, 极少数广东、海南材料偏籼, 普通野生稻遗传多样性高于栽培稻种, 栽培稻等位基因数和平均 Nei 基因多样性指数分别为普通野生稻的 70.2% 和 88.2%, 其中, 栽培稻地方品种和选育品种等位基因数分别为普通野生稻的 65.4% 和 53.0%, 选育品种等位基因数仅为地方品种的 81.1%。

野生种小种群的遗传动态是保育遗传学关注的核心问题之一, 而种群遗传动态又与交配系统密切相关。叶平扬等 (2008) 对采自江西东乡普通野生稻小种群的 36 份种茎和其

中 20 个家系共计 601 份子代进行 SSR 分析,发现东乡普通野生稻种群交配系统属于混合交配类型,子代种群比亲本种群遗传变异性更丰富,子代种群的杂合子不足与种群变小自交比例上升有关,而亲本种群杂合子过剩可能与杂合基因型的选择优势有关,认为创造条件扩大种群规模对普通野生稻的原生境保护较为重要。

另外,Luan 等(2008)采用 36 个 SSR 标记分析 14 份二倍体和 36 份同源四倍体水稻材料,发现同源四倍体多样性稍高于二倍体,指出二倍体在加倍过程中产生变异的可能性。

种质库低温干燥保存是正常型种子作物遗传多样性保护的经济、有效的方法。宁秀呈(Ning, 2008)对广西农业科学院种质库 1981—1984 年间入库贮藏的 53 个水稻种质的发芽率(生活力)情况进行跟踪研究和预警分析,发现低温干燥贮藏中不同类型稻种资源发芽率均呈下降趋势,年下降速率为 0.12%~3.05%,波动范围差异明显;多数稻种资源种子在贮藏 26 年后发芽率仍保持在 75%以上,其中晚籼稻种子平均值高达 91%;并以发芽率水平 75%为基准建立回归方程进行各类型资源的预测分析,认为分析的晚籼品种可以保存到 2031 年。

三、有利基因鉴定

谷蛋白是大米贮藏蛋白中能为人体消化吸收的主要蛋白成分,由于肾脏病患者和肾机能不全的糖尿病患者对蛋白摄入量的限制,培育低谷蛋白含量水稻品种已成为功能水稻的新育种目标。王艳平等(2008)采用化学方法和 SDS-PAGE 分析对 3 000 份水稻种质进行谷蛋白含量测定,筛选到花壳糯、晚黄籼、洋粳、“三红籼”、“冷水糯”、“迟白谷”、“长毛谷”、“一柱香”、“41220”和“细老鼠牙”共 10 份低谷蛋白种质。Jiang 等(2008)采用质谱分析方法(ICP-MS)分析 274 份水稻品种钾、钙等 8 种微量元素的含量,发现不同品种差异明显,糙米微量元素含量高于精米,籼稻钾、锰、铜的含量高于粳稻品种,粘稻钠和铜的含量高于糯稻品种,种皮色不同其微量元素含量差异也较明显。

通过对 60 份 2006—2007 年从国际水稻研究所引进种质及 50 份国内育成品种进行白叶枯病及稻瘟病抗性、主要农艺性状的鉴定与评价,石瑜敏等(2008)筛选出 IR74052-323-1-3 等 7 份同时抗白叶枯病和稻瘟病的双抗性材料。基于在四川生态条件下 72 份广东水稻品种的稻瘟病抗性和农艺性状资料,郑艳等(2008)将广东生产推广品种按穗型分为 3 大类,并发现丰丝占 1 号等 6 个高抗稻瘟病资源。黄佳男等(2008)以 10 个菲律宾白叶枯病菌小种和 1 个中国白叶枯病菌小种为供试菌系,对粳稻品种 8411/疣粒野生稻体细胞杂交获得的两个抗白叶枯病新种质 SH5 和 SH76 进行抗性鉴定,由抗谱推测 SH5、SH76 可能含有 1 个新的抗病基因或者 1 个连锁的基因簇群,进一步的遗传研究正在进行中。

野生稻含有丰富的抗性基因,冯国忠和万树青(2008)研究野生稻甲醇提取物对小菜蛾 2 龄幼虫和菜粉蝶 5 龄幼虫的非选择性拒食作用,发现小粒野生稻提取物对小菜蛾 2 龄幼虫具有较强的拒食作用,而斑点野生稻提取物对菜粉蝶 5 龄幼虫的拒食作用较强。该结果对筛选非 AA 组野生稻抗虫资源具有较好的指导意义。

Liu 等 (2008) 采用人工生长箱方法对 75 份寒地水稻品种进行芽期耐低温鉴定, 认为低温成苗率可以作为耐低温的指标, 发现宾旭、通系 120 等 10 个高抗材料。中国农业大学李自超研究小组利用 356 份粳稻核心种质筛选耐低磷资源, 发现东北稻区资源具有较高的低磷耐性, 而华北稻区资源对低磷较敏感, 并确定了 76 个耐低磷材料和 44 个低磷敏感材料 (穆平等, 2008b), 另外, 他们还定位了早稻 IRAT109 的 17 个耐低磷 QTLs, 其中第 3、6 和 7 染色体上 3 个标记区域存在 QTL 成簇分布 (穆平等, 2008a)。奎丽梅等 (2008) 利用以籼稻品种特青为遗传背景的云南元江普通野生稻渗入系为材料, 调查温室高温胁迫条件下野生稻渗入系和受体亲本特青的结实率, 采用单标记回归分析法, 共检测到 4 个抽穗开花期耐热性相关的 QTL, 分别位于第 1、3、8 和 10 染色体上。余丽琴等 (2008) 对 100 份经过 8 年室温下自然老化表现良好的品种进行人工加速老化处理, 从中筛选出了二秋矮 1 号和油粳两份耐贮藏的优良种质资源。此外, 在 IR24 上定位到 3 个耐贮藏的 QTL ($qRGR-1$, $qRGR-3$, $qRGR-9$), 并采用染色体置换系的方法确定了这些 QTL 的存在 (Xue et al., 2008)。

回交是利用资源特定性状的有效方法, 华南大学张桂权研究小组利用 SSR 标记, 分析 6 个组合 3 个连续回交世代供体亲本基因片段的变化, 发现供体基因片段数量和大小每一世代下降一半, 而片段长度减少 10% 左右 (Xi et al., 2008)。该研究从分子角度量化了回交效应。

四、野生稻资源的利用

利用远缘杂交和多倍体双重优势进行超级稻育种是 21 世纪水稻育种的新战略, 已有的研究表明, 利用栽培稻与非 AA 组野生稻的稻属种间杂交创建水稻育种的新种质材料存在两个方面的主要障碍, 即杂交不结实和杂种不育。为了提高栽培稻与野生稻种间杂交结实性和杂种育性, 尝试以栽培稻同源四倍体为母本与野生稻杂交是育种家探索的途径之一。傅雪琳等 (2008) 以栽培稻品种 L 202 二倍体及其同源四倍体作母本分别与药用野生稻杂交, 比较两个杂交组合的杂交结实性及影响结实性的杂种胚胎发育细胞学, 发现种间杂交不结实的原因在于受精和杂种胚胎胚乳发育异常, 而利用同源四倍体栽培稻与药用野生稻杂交获得种间杂种的难度则更大。而裔传灯等 (2008) 成功获得 CCDD 基因组的宽叶野生稻与栽培稻的杂种, 并利用原位杂交技术进行鉴定, 后续研究正在进行中。

第二节 国外水稻品种资源研究进展

一、起源与演化

分析粒形相关基因是目前研究栽培稻进化的重要手段。日本农业生物资源研究所的一个研究小组将一些亚洲水稻品种与日本粳稻品种日本晴进行了基因组对比研究, 发现一个与米粒宽度变化相关的基因 $qSW5$ (QTL for seed width on chromosome 5), 其基因变异首先在菲律宾、印度尼西亚发生, 后来在中南半岛和中国内地结合了其他 2 个基因的变异

形成了现在的日本晴，推断在日本广泛栽培的粳稻可能起源于东南亚地区 (Shomura et al., 2008)。

芳香味是亚洲栽培稻 Basmati、Jasmine 类香稻品种演化的重要特征。Bourgis 等 (2008) 通过比较研究 Basmati、Jasmine 等香稻品种与菲律宾早稻品种 Azucena (微香型) 的 1 个香味候选位点 *badh 2* (甜菜碱乙醛脱氢酶基因)，发现与无香味品种日本晴的基因序列高度保守，推测亚洲栽培稻香味基因 *badh 2* 的突变是单一起源的。Prathepha (2008) 根据香味基因 *fgr* 设计引物，分析 229 份源于泰国、老挝和柬埔寨的普通野生稻资源，发现该香味基因的存在。

虽然近年来持亚洲栽培稻二元或多元起源的科学家越来越多，分子研究也证实普通野生稻的遗传分化也早于栽培驯化，但基于落粒性这一重要进化性状在籼粳亚种间同样的突变，Vaughan 等 (2008) 支持栽培稻的单一起源观点，并认为杂交和渗交导致了栽培稻基因库丰富的多样性。

二、遗传多样性和遗传结构

Mamdou 等 (2008) 以几内亚 6 个村 1979/1982 年和 2003 年两个时期分别收集的 63 份和 92 份共 155 份品种进行分析，发现品种总数有上升的趋势，其中亚洲栽培稻品种数增加而非洲栽培稻品种数减少，1 个村由于耕作制度的改变而引起品种数下降；SSR 分析表明，由于稻农增加、水稻面积上升以及对品种需求提高等原因，遗传多样性增加，没有发生遗传侵蚀的现象。

三、评价与鉴定

淹水是影响直播水稻产量的重要因子，Manangkil 等 (2008) 发展了 2 种快速鉴定方法 (试管和土基方法)，认为耐淹性与芽伸长能力有关。Eizenga 等 (2008) 则根据稻属 11 个种 67 份资源与 76 份栽培稻抗性资源的聚类分析结果，将稻瘟病抗性定位在 10 个不同的染色体区间，其中 5 个为新抗性区间，另外，发现 3 个纹枯病抗性区间，其中 1 个为新的抗性区间。但这一方法的有效性有待更多的试验。

尼泊尔国家农业与动物研究所的科学家对 182 份尼泊尔水稻品系进行叶瘟和穗颈瘟鉴定，发现叶瘟与穗颈瘟呈显著的正相关 ($r = 0.30, P = 0.05$)，35 个 Irradiated Pusa Basmati、Kalinga III/IR64 和 Masuli/IR64 的后代兼抗叶瘟和穗颈瘟 (Puri et al, 2008)。Rakotomalala 等 (2008) 对 503 份马达加斯加及其引进种质进行黄斑病毒病的抗性鉴定，获得 1 份抗性种质 Bekarosaka，其抗性基因位于第 4 染色体，与另一个抗性品种 Gigante 等位 (*Rymv 1-2*)，而与 IR 64 (*Rymv 1-1*)、TOG 5681 (*Rymv 1-3*) 和 Tog 5672 (*Rymv 1-4*) 不同。

粳稻较耐硼毒，Ochiai 等 (2008) 利用 Nekken-1 (粳稻品种) 与 IR36 (籼稻品种) 的 83 个重组自交系，将 Nekken-1 的一个主效耐硼 QTL (45% 的贡献率) 定位在第 4 染色体上 (RM3839 附近)。

采用染色体置换系的方法, Madoka 等 (2008) 对印度地方品种 Kasalath 不同染色体片段的粒数、根重、抗倒性等性状进行了评价与鉴定。而 Shimizu 等 (2008) 则根据已定位的 Kasalath 中的磷高效相关 QTL (*qREP-6*) 构建染色体置换系, 以验证其磷高效特性。Basmati 是一类种植于喜马拉雅山南麓以及恒河流域平原的长粒型香稻地方品种, Amarawathi 等 (2008) 采用重组自交系, 将 Basmati 品种的 7 个重要品质性状 (粒长、粒宽、粒长宽比、饭粒延长性、直链淀粉含量、碱消值和香味) 进行 QTL 定位。

DNA 标记可以快速鉴定品种真实性和种子纯度。Sundaram 等 (2008) 采用 48 对 SSR 引物分析 30 个印度水稻品种, 发现其中 10 个 SSR 可以将分析材料完全区分开, 并设计了一种鉴定品种纯度的多重 PCR 方法, 以提高检测效率, 减低成本。

参 考 文 献

- 陈雨, 潘大建, 曲延英等. 2008. 广东高州 7 个普通野生稻居群遗传结构的 SSR 分析. 植物学通报, 25 (4): 430~436
- 冯国忠, 万树青. 2008. 几种野生稻提取物对害虫的拒食作用. 湖北农业科学, 47 (7): 794~796
- 傅雪琳, 卢永根, 刘向东等. 2008. 不同倍性栽培稻与药用野生稻种间杂交不结实性的比较胚胎学观察. 中国水稻科学, 22 (4): 385~391
- 黄佳男, 王长春, 胡海涛等. 2008. 疣粒野生稻抗白叶枯病新基因的初步鉴定. 中国水稻科学, 22 (1): 33~37
- 黄金艳, 陈森, 梁燕理等. 2008. 广西来宾市五里塘普通野生稻 (*Oryza rufipogon* Griff.) 居群遗传多样性与核心种质研究. 西南农业学报, 21 (2): 245~249
- 奎丽梅, 谭禄宾, 涂建等. 2008. 云南元江野生稻抽穗开花期耐热 QTL 定位. 农业生物技术学报, 16 (3): 461~464
- 马亢, 周杰, 覃瑞等. 2008. 栽培稻与 *Oryza officinalis* 相似群野生稻基因组 VDAC 基因的比较. 华中农业大学学报, 27 (3): 341~344
- 穆平, 黄超, 李君霞等. 2008a. 低磷胁迫下水稻产量性状变化及其 QTL 定位. 作物学报, 34 (7): 1137~1142
- 穆平, 黄超, 李自超. 2008b. 中国粳稻核心种质耐低磷性的鉴定与筛选. 中国农业大学学报, 13 (6): 1~5
- 石瑜敏, 谢丽萍, 韦善富等. 2008. 水稻白叶枯病及稻瘟病抗性材料的筛选. 中国农学通报, 24 (8): 396~398
- 王艳平, 汤陵华, 方先文等. 2008. 低谷蛋白含量水稻种质的筛选. 江苏农业学报, 24 (3): 363~365
- 徐国云, 陈荣军, 徐孟亮等. 2008. 不同野生稻居群 DREB1B 启动子的克隆与进化分析. 湖北农业科学, 47 (3): 245~248
- 叶平扬, 董姗姗, 卢宝荣等. 2008. 普通野生稻小种群的交配系统与遗传多样性. 生态学报, 28 (4): 1608~1615
- 裔传灯, 汤述翥, 周勇等. 2008. 亚洲栽培稻与宽叶野生稻种间杂种的获得及其原位杂交分析. 科学通报, 53 (17): 2047~2053
- 余丽琴, 熊玉珍, 黎二妹等. 2008. 水稻耐贮藏种质资源的筛选. 江西农业学报, 20 (4): 17~19

- 张晓丽, 郭辉, 王海岗等. 2008. 中国普通野生稻与栽培稻种 SSR 多样性的比较分析. 作物学报, 34 (4): 591~597
- 郑艳, 谢戎, 刘成元等. 2008. 72 份广东水稻种质资源的抗瘟性及农艺性状评价. 四川农业大学学报, 26 (2): 197~201.
- Amarawathi Y, Singh R, Singh AK, et al. 2008. Mapping of quantitative trait loci for Basmati quality traits in rice (*Oryza sativa* L.). Mol Breeding, 21: 49 - 65
- Bourgis F, Guyot R, Gherbi H, et al. 2008. Characterization of the major fragrance gene from an aromatic *japonica* rice and analysis of its diversity in Asian cultivated rice. Theor Appl Genet, 117: 353 - 368
- Eizenga GC, Agrama HA, Lee FN, et al. Exploring genetic diversity and potential novel disease resistance genes in a collection of rice (*Oryza* spp.) wild relatives. Genet Resour Crop Evol, (online)
- Jiang SL, Wu JG, Thang NB, et al. 2008. Genotypic variation of mineral elements contents in rice (*Oryza sativa* L.). Eur Food Res Technol, 228: 115 - 122
- Jin J, Huang W, Gao JP, et al. 2008. Genetic control of rice plant architecture under domestication. Nature Genetics, 40 (11): 1365 - 1369
- Li XR, Tian F, Huang HY, et al. 2008. Construction of the physical map of the *gpa 7* locus reveals that a large segment was deleted during rice domestication. Plant Cell Rep, 27: 1087 - 1092
- Liu HL, Sun SC, Wang JG, et al. 2008. Identification of cold tolerance of rice germplasm resource at germinating stage in cold region. Journal of Northeast Agricultural University, 15 (2): 1 - 4
- Luan L, Wang X, Long WB, et al. 2008. Microsatellite analysis of genetic variation and population genetic differentiation in autotetraploid and diploid rice. Biochem Genet, 46: 248 - 266
- Madoka Y, Kashiwagi T, Hirotsu N, et al. 2008. Indian rice "Kasalath" contains genes that improve traits of Japanese premium rice "Koshihikari". Theor Appl Genet, 116: 603 - 612
- Mamdou B, Barry MB, Pham JL, et al. 2008. Diachronic (1979—2003) analysis of rice genetic diversity in Guinea did not reveal genetic erosion. Genet Resour Crop Evol, 55: 723 - 733
- Manangkil OE, Vu HTT, Yoshida S, et al. 2008. A simple, rapid and reliable bioassay for evaluating seedling vigor under submergence in *indica* and *japonica* rice (*Oryza sativa* L.). Euphytica, 163: 267 - 274
- Ning Xiuchen. 2008. Track monitoring on viability of rice germplasm resources and regeneration under low temperature storage. Agricultural Science&Technology, 9 (1): 43 - 48
- Ochiai K, Uemura S, Shimizu A, et al. 2008. Boron toxicity in rice (*Oryza sativa* L.); I. Quantitative trait locus (QTL) analysis of tolerance to boron toxicity. Theor Appl Genet, 117: 125 - 133
- Peng ZY, Zhang HY, Liu TT, et al. 2008. Characterization of the genome expression trends in the heading-stage panicle of six rice lineages. Genomics, (online)
- Prathepha P. 2008. The fragrance (*fgr*) gene in natural populations of wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.). Genet Resour Crop Evol, (online)
- Puri KD, Shrestha SM, Chhetri GBK, et al. 2008. Leaf and neck blast resistance reaction in tropical rice lines under green house condition. Euphytica, (online)
- Rakotomalala M, Pinel-Galzi A, Albar L, et al. 2008. Resistance to rice yellow mottle virus in rice germplasm in Madagascar. Eur J Plant Pathol, 122: 277 - 286
- Shimizu A, Kato K, Komatsu A, et al. 2008. Genetic analysis of root elongation induced by phosphorus deficiency in rice (*Oryza sativa* L.): fine QTL mapping and multivariate analysis of related traits. Theor Appl Genet, 117: 987 - 996
- Shomura A, Izawa T, Ebana K, et al. 2008. Deletion in a gene associated with grain size increased yields