



2010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

2010 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

2010 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. —北京: 中国农业出版
社, 2010. 8

ISBN 978-7-109-14865-9

I. ①2… II. ①中… ②国… III. ①水稻-作物经济
-经济发展-研究报告-中国-2010 IV. ①F326.11

中国版本图书馆 CIP 数据核字 (2010) 第 149985 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 卢 静 王华勇

中国农业出版社印刷厂印刷 新华书店北京发行所发行

2010 年 8 月第 1 版 2010 年 8 月北京第 1 次印刷

开本: 787mm×1092mm 1/16 印张: 12.25

字数: 278 千字

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	朱德峰	牟仁祥
李 建	李凤博	杨仕华	沈希宏
张玉屏	陈 能	金千瑜	周锡跃
庞乾林	赵 艳	胡慧英	钱 前
徐春春	陶龙兴	黄世文	曹立勇
章秀福	程式华	傅 强	鲁 英
樊叶杨	魏兴华		

前 言

2009年,我们隆重庆祝新中国成立60周年,为伟大祖国的发展进步感到无比自豪。在这一年里,“保增长、保民生、保稳定”成为我国政治、经济和社会等各条战线、各项工作的主线,科技依然对提高粮食生产发挥重要的支撑作用。全国农业工作者满怀工作激情,积极抗击南方低温阴雨、南北双旱夹击和东北地区低温冷害等不利气候,迎来了我国粮食生产的又一个丰收年,为国家经济宏观调控提供了宝贵的支持,并为促进世界粮食安全发挥了积极作用。据2009年国家统计局公报,2009年我国粮食产量达到53 082万吨,比2008年增产0.4%,实现了改革开放以来连续第六年增产。

预计2009年我国水稻种植面积达到4.45亿亩^①左右,比2008年扩大600万亩;总产1.95亿吨,比2008年增产300余万吨,实现连续6年增产;亩产439千克左右,比2008年提高1.5千克,实现连续3年创历史新高。2009年,在国家大幅提高稻谷最低收购价等一系列利好政策的刺激下,国内稻米市场走出了一轮比较有力的上涨行情,各主要稻米品种价格先涨后落再升,“粳强籼弱”现象较为明显。据监测,2009年12月下旬早籼稻、晚籼稻和粳稻的平均收购价分别达到每百斤94.2元、96.5元和111.0元,比2008年同期分别涨跌-1.3%、2.0%和19.4%。2009年,世界水稻生产受印度等主要稻米生产国家不良气候条件的影响,稻谷产量有所下降。预计世界大米产量为44 028万吨,比2008年减少了714万吨,减幅1.6%。与2008年国际大米市场大幅波动不同,2009年国际稻米价格走势较为平稳,12月份国际市场大米价格为每吨526.7美元,比1月份上涨了12.7%。

本报告自2008年开始编撰,目前已进入第三个年头。从框架结构上看,本报告与《2009年中国水稻产业发展报告》基本一致。此外,为了增强本报告的资

① 亩为非法定计量单位,1亩=1/15公顷≈667平方米。

料性、实用性和参考价值,同时也是为了避免和 2009 年报告形成不必要的重复,本报告的附录部分不再汇总 2008 年以前的有关国内外水稻生产、品种等方面的数据。附录部分主要包括“2008 年国内各省水稻生产面积、单产和总产情况表”、“2008 年世界水稻生产面积、单产和总产情况表”、“2009 年国家和地方品种审定情况表”、“2009 年水稻新品种授权情况表”和“2005—2010 年农业部确认的超级稻品种”等五部分内容。

本报告上篇的七章中,分别由种质评价、基因定位、分子育种、转基因生态、水稻病理、种质创新研究室以及稻作技术中心、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和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数据资料。此外,本报告在编写过程中继续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感谢!

本报告已在总结前两年撰写经验的基础上,对写作体例、论文引用、文献选择等方面作了进一步规范,但由于报告涉及面广,参与撰写的专家众多,各章节之间仍不平衡。此外,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。今后,我们将本着精益求精的精神,不断完善《中国水稻产业发展报告》的编撰体例和内容,力争为广大读者奉献更全面、精致的稻业发展报告。

编 者

二〇一〇年六月

目 录

前言

上篇 2009 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 2009 年国内水稻品种资源研究进展	3
第二节 2009 年国外水稻品种资源研究进展	7
参考文献	10
第二章 水稻遗传研究动态	14
第一节 2009 年国内水稻遗传研究进展	14
第二节 2009 年国外水稻遗传研究进展	22
参考文献	24
第三章 水稻育种研究动态	28
第一节 水稻新品种选育与应用	28
第二节 水稻育种新材料创制	38
第三节 国外水稻育种技术研究进展	42
参考文献	43
第四章 水稻栽培技术研究动态	45
第一节 水稻高产栽培技术	45
第二节 肥水管理技术	47
第三节 水稻省工节本技术	48
第四节 水稻机械生产技术	56
第五节 抗逆境栽培技术	59
参考文献	60
第五章 水稻植保技术研究动态	63
第一节 国内水稻植保技术研究进展	63
第二节 国外水稻植保技术研究进展	70
参考文献	74

第六章 水稻转基因技术研究动态	78
第一节 水稻转基因技术国内进展	78
第二节 水稻转基因技术国外进展	82
参考文献	84
第七章 稻米品质与质量安全研究动态	88
第一节 国内稻米品质研究进展	89
第二节 国内稻米质量安全研究进展	93
第三节 国外稻米品质与质量安全研究进展	96
参考文献	98
 下篇 2009 年中国水稻生产、质量发展与贸易发展动态	
第八章 中国水稻生产发展动态	105
第一节 国内水稻生产概况	105
第二节 世界水稻生产概况	114
第九章 中国稻米质量发展动态	120
第一节 2009 年我国稻米质量情况	120
第二节 我国稻米品质发展趋势	126
第三节 稻米品质相关事件	128
第十章 中国稻米贸易发展动态	131
第一节 国内稻米市场与贸易状况	131
第二节 国外稻米市场与贸易概况	135
附表	141
附表 1 2008 年国内各省水稻生产面积、单产和总产情况表	141
附表 2 2008 年世界水稻生产面积、单产和总产情况表	142
附表 3 2009 年国家 and 地方品种审定情况表	142
附表 4 2009 年水稻新品种授权情况表	172
附表 5 2005—2010 年农业部确认的超级稻品种 (80 个)	185



上 篇



2009 年

中国水稻科技进展动态

第一章 水稻品种资源研究动态

水稻品种资源研究的主要领域是水稻种质资源的收集、整理、保存、鉴定、评价与利用，稻的演化及多样性研究是其基础。2009年，我国在水稻品种资源研究方面取得的突出进展有：第一，水稻基因组测序的完成推动了水稻种质资源的研究，如复旦大学建立了以34个InDel标记为基础的籼粳稻分子指数鉴别法，中国科学院植物研究所认为SNP荒漠区是栽培稻演化的关键位点，中国农业大学发现栽培稻保留了野生祖先种约70%的多样性。第二，基因克隆的成果提供了新的研究手段，如通过对控制谷粒形状的GS3基因的单模分析、落粒性基因sh4和qSH1的核苷差异以及对转直立穗主效基因qPE9-1的效应分析，使我们对籼粳稻的演化有了新的认识；比较包括栽培稻种的植物与真核生物和原核生物间1689个基因序列的差异，为植物与真菌间基因水平转移现象提供了分子证据；通过反转录转座子Tos17研究稻属AA基因组的遗传关系，发现了一些种和亚种特异插入位点，为栽培稻起源和演化提供了新的研究思路。第三，遗传多样性研究不断深入，特别是对特定区域稻种的多样性分析，如中国水稻研究所发现中国栽培稻主栽品种在20世纪50年代具有较高的多样性，但籼粳亚种各时期变化趋势明显不同，同时籼稻品种间遗传分化大于粳稻品种；早、中、晚各类型遗传相似度差异明显，骨干亲本较高的遗传相似度是籼粳亚种内较高遗传一致性的根本原因。中国太湖地区、云南、东北以及印度喜马拉雅西部地区、印度尼西亚婆罗洲西部各区域稻种多样性各具特点。第四，分子标记技术正在成为资源评价和利用的主要手段，特别在鉴别香稻品种，评价与发掘稻瘟病、白叶枯病、纹枯病、褐稻虱抗性资源，以及分子标记辅助选择进行耐淹种质创新中发挥着重要作用。此外，杂草竞争力的鉴定评价正受到越来越多的关注。

第一节 2009年国内水稻品种资源研究进展

一、栽培稻分类与演化

中国农业大学李自超研究组通过对3024份中国栽培稻地方品种（核心种质）的微卫星标记SSR分析，发现中国栽培稻可明显分为籼、粳两个亚种，每个亚种又能分3个生态型。籼稻，在热带或水田环境下，早、中、晚季类型间差异明显，水、旱差异不明显；粳稻，水、旱类型间差异明显，而季节型间差异不明显。另外，粳稻的微卫星标记扩增片段较短、籼稻较长，表明籼粳演化时间的不同。另外，目标片段大小还与海拔和纬度有负相关的关系（Zhang et al., 2009）。在对512份中国栽培稻选育品种共36个微卫星标记的研究中，同样发现籼粳分化明显（ $F_{st}=0.315$ ），连锁不平衡分析表明中国栽培稻选育品种微卫星等位基因分布呈非随机关联特征（Qi et al., 2009）。

落粒性是栽培稻驯化过程中的一个重要性状。中国科学院植物研究所葛颂研究小组与

美国加利福尼亚大学和密歇根州立大学合作,通过比较栽培稻(包括籼稻和粳稻)及其野生近缘种(普通野生稻和尼瓦拉野生稻)2个控制落粒性基因 *sh4* 和 *qSH1* 的核苷差异,发现 *sh4* 基因固定在所研究的栽培稻品种中,与野生近缘种相比,其序列多态性水平显著下降。中性测验和模拟分析表明, *sh4* 基因是一次起源并通过人工选择得以固定,并推测 *sh4* 基因的固定可能在 100 年内, *qSH1* 则仅在部分温带粳稻品种中发现(Zhang et al., 2009)。另外,葛颂研究小组通过对籼稻品种 9311 和粳稻品种日本晴的全基因组序列比较,发现存在约 8% 的所谓“SNP 荒漠区”(该区域 SNP 极低, < 1 SNP/kb),分析两种栽培稻(亚洲栽培稻和非洲栽培稻)及其野生祖先种共 71 份材料的 155 个位于 SNP 荒漠区的非编码区,发现栽培稻种在该区域的变异急剧下降,等位基因呈偏分布,同时,半数以上的驯化相关基因位于该区域,因此认为 SNP 荒漠区在驯化过程中起着十分重要的作用(Wang et al., 2009)。

直立穗是中国现代粳稻品种的一个重要性状,扬州大学梁国华研究小组图位克隆了直立穗主效 QTL *qPE9-1*,转基因验证表明,该基因不仅控制穗直立性状,还影响穗长、粒长及粒重,指出直立穗是自然突变与粳稻育种过程中持续的人工选择结果(Zhou et al., 2009)。

通过对微量元素的分析,云南省农业科学院曾亚文等(2009)发现云南地方品种糙米 K、Ca、Mg、Fe 和 Cu 含量明显低于选育品种,认为 Ca 可提高品种的耐冷性,并在籼粳分化中发挥着重要作用。

此外,崔莹莹等(2009)通过分析海南普通野生稻种群的随机扩增多态性 DNA 的 RAPD 和 SSR 特征,发现两种分子标记均揭示了海南普通野生稻具有一定程度的籼粳分化,且偏粳多于偏籼,为中国普通野生稻存在籼粳分化提供了证据。

二、遗传多样性分析与保护

遗传多样性对于作物增强对逆境的抗性具有重要意义,在水稻中,实践已证实种内多样性是控制稻瘟病的有效途径,浙江大学的相关研究通过不同水稻品种的混合种植,发现田间杂草(*Echinochloa crus-galli*)的危害明显降低(Tang et al., 2009)。

脂肪酸图谱可应用在种及种以下水平的多样性研究。彭桂香等(2009)利用脂肪酸图谱对来源于亚洲(亚洲栽培稻、普通野生稻、药用野生稻)、非洲(非洲栽培稻、短舌野生稻、斑点野生稻)、澳洲(澳洲野生稻)和美洲(高秆野生稻)的稻属相关种进行分析,发现该技术能够在种及种以下的亚种或品种水平显示出各水稻样品或来源于不同地区种质的遗传差异和多样性。

现代栽培稻品种究竟保持了原始祖先种多少基因,一直是水稻资源研究者所关注的问题。中国农业大学孙传清研究组通过对水稻第 4 染色体共 47 个非编码区进行 SNP 分析,发现栽培稻约保留了野生祖先种 70% 的多样性,多位点似然分析表明,遗传瓶颈效应变幅为 2.25~3.33,平均 2.70,并发现小于 10kb 的连锁不平衡野生种减少较多,而 100~140kb 的连锁不平衡栽培稻增加较多(Li et al., 2009)。

中国水稻研究所魏兴华研究组通过分析 310 份 1951—2000 年中国常规稻主栽品种不

同时期 SSR 多样性的变化,发现 20 世纪 50 年代具有较高的等位基因数和基因多样性指数,但籼粳亚种变化趋势明显不同,同时籼稻品种间遗传分化大于粳稻品种 (Wei et al., 2009)。对 329 份中国近 50 年来常规稻主栽品种的遗传变异分析表明,籼粳亚种间的 SSR 变异差异明显,籼稻平均等位基因数和 *Nei* 基因多样性指数均高于粳稻品种,骨干亲本较高的遗传相似度 (籼: $I = 0.590$; 粳: $I = 0.590$) 导致了籼粳亚种内较高的遗传一致性 (籼: $I = 0.558$; 粳: $I = 0.600$)。早、中、晚各类型遗传相似度差异明显,晚籼和早粳类型具有较高的遗传变异 (魏兴华等, 2009)。各主要产稻国粳稻品种同样遗传相似度较高,中国农业科学院作物科学研究所韩龙植研究组采用 34 对 SSR 引物分析了 313 份来自 20 个产稻国的粳稻选育品种遗传相似性,结果显示粳稻选育品种遗传相似度在 0.279~0.918 间,平均 0.653,并具有明显的纬度和地理位置关联性 (Shu et al., 2009)。对东北地区当前水稻育种试材的 SSR 分析表明,东北稻区整体的遗传多样性狭窄,明显低于国内其他稻区,第 6、9 和 11 染色体的多态性位点分布较均匀且多态性信息含量较多,东北三省以黑龙江地区的品种多样性最为丰富,辽宁最低,吉林与黑龙江的亲缘关系较近 (陈英华等, 2009)。

唐傲等 (2009) 利用 60 个水稻 SSR 标记,对来自国内外的 370 份香稻材料的遗传多样性进行了比较分析,发现香稻资源具有明显的地域特征,遗传多样性较高 ($He = 0.663$),并可明显分成籼粳两大类,籼稻遗传多样性明显高于粳稻。

太湖流域是中国传统的粳稻栽培区,早在 8 000 年前就已开始稻作生产。长期的自然演化和人工选择,形成该地区类型丰富的稻种资源,它们在表型、抗 (耐) 性及品质等方面各具特色。多年来稻农喜欢根据稻谷颖壳颜色将品种分为黄稻、青稻、红稻、白稻等类型。采用 45 对 SSR 引物对 224 份太湖流域粳稻地方品种的遗传多样性分析表明,青稻、黄稻、红稻和白稻各传统生态型遗传多样性较低,遗传变异绝大部分存在于生态型内,青稻与红稻、青稻与白稻、红稻与白稻、红稻与黄稻间遗传分化显著 (于萍等, 2009)。云南是中国栽培稻遗传多样性最为丰富的地区,寇姝燕等 (2009) 通过对位于育性基因 *Rf-1* 位点共 8 个分子标记进行 PCR 分析,发现西双版纳水稻地方品种在 *Rf-1* 位点具有较高的遗传多样性,由于 *Rf-1* 位点的遗传分化与水稻的籼粳分化紧密相关,认为水稻 *Rf-1* 位点遗传分化可能是与籼、粳分化同时进行的。韩光煜等 (2009) 利用 DIVA-GIS 软件分析了云南省 421 份糯稻资源的分布及品种多样性丰度,发现糯稻品种的分布中心主要在滇西南地区普洱、临沧、版纳和滇东南地区文山等,SSR 标记分析表明云南仍然保存着丰富的糯稻品种资源及遗传多样性。地方品种通常具有遗传异质性的特点,来自云南元阳新街镇 4 个寨子的 40 份白脚老粳品种的遗传背景分析显示,各材料遗传相似系数在 0.762~1.000,且其遗传多样性并非均匀地按地理位置分布,认为农民通过村寨之间的交换维系了地方品种的永续发展 (高东等, 2009)。吕广磊等 (2009) 则研究了 96 份云南水稻地方品种和选育品种的遗传多样性差异,发现籼粳亚种间的 SSR 多样性差异不明显,选育品种与地方稻亲缘关系较近,推测云南现代选育品种的遗传基础可能来源于云南水稻地方品种。

原生境保护可以保持作物的多态演化,是多样性保护的最佳途径。郑爱清等 (2009) 利用 24 对 SSR 引物对云南省保山市分别在原位和异位保存条件下的 12 个水稻品种进行

遗传多样性分析,发现原位居群的各项遗传多样性参数均高于异位保存居群。而对 15 个原生境保护居群的 427 份普通野生稻材料和在我国野生稻分布区内按照纬度划分后随机挑选的 15 个未保护居群的 357 份普通野生稻材料的遗传多样性比较分析表明,原生境保护居群有效等位基因数、香农指数和平均预期杂合度与未保护居群差异不显著,但保护居群的特有等位变异数明显多于未保护居群,认为保护居群保护了更多的特殊基因(王家祥等, 2009)。

作物多样性保护与民俗有很大的联系,针对陆稻地方物种资源多样性保护实践中面临的问题,陈丽晖等(2009)以云南西双版纳景洪市江头曼咪寨为案例,通过实地调查、村民小组讨论和关键人物的深入访谈,就农户种植决策目标、过程和环境进行分析,探讨陆稻种植演变过程的农家保护驱动力变化,认为个体种植品种选择受到决策环境的影响和限制,从面和点上不同程度地影响着陆稻地方品种的农家保护措施的有效性。在贵州黔东南地区,原生态民族文化与糯稻遗传多样性极其丰富,糯稻文化在黔东南各民族的日常生活、生产、风俗习惯和宗教信仰等方面中都有充分的体现,黔东南糯稻品种的遗传多样性形成除了依赖于自身的生物条件和对自然生态的适应外,还主要取决于黔东南原生态民族文化的多样性(雷启义等, 2009)。

转基因水稻的应用是否影响水稻遗传多样性是近年关注的热点。南京农业大学以繁殖力指标研究转基因材料对杂草稻资源的影响,发现转基因水稻花粉能在杂草稻材料上萌发,授粉进程与杂草稻自交相近,不同研究材料杂交结实率变幅较大,重复授粉明显提高杂交结实率但不改变不同杂草稻资源杂交结实率大小的次序,杂种一代的萌发率与自交种相比相近或稍高,指出转基因水稻与杂草稻材料间的基因流主要受研究材料的杂交亲和性影响(Song et al., 2009)。

三、种质鉴定与评价

栽培稻籼粳分类是进化研究和品种改良的前提。复旦大学卢宝荣研究组基于籼稻(9311)和粳稻(日本晴)的 DNA 序列比对从而获得 45 个特异插入/缺失(InDel)位点,通过 PCR 分析,确定 34 个 InDel 位点与栽培稻籼粳遗传分化密切相关,进而建立了鉴别籼粳稻的 InDel 分子指数法(卢宝荣等, 2009)。

确立苗期抗旱性鉴定指标体系,对快速鉴定品种抗旱性具有重要作用。王贺正等(2009)利用抗耐旱性不同的 15 个水稻品种,在干旱棚内通过苗期水分胁迫,研究了可溶性糖、脯氨酸、氨基酸、谷胱甘肽、抗坏血酸、可溶性蛋白、丙二醛等物质的含量及超氧化物歧化酶和过氧化物酶、过氧化氢酶活性等生理生化特性的变化,提出在水、旱条件下,可溶性蛋白质、氨基酸、谷胱甘肽、抗坏血酸和丙二醛含量及过氧化物歧化酶、过氧化物酶和过氧化氢酶活性的相对值可作为水稻苗期抗旱性鉴定的指标。

在稻瘟病抗性评价方面,杨忠义等(2009)采用 GIS、BioDiversity 等技术分析了云南稻种资源中 4763 份苗瘟、4420 份叶瘟和 4251 份穗颈瘟抗性多样性在不同气候类型和各类稻区中的表现,发现不同气候带对稻瘟病抗性多样性的形成有显著作用,穗颈瘟抗性多样性在热带和亚热带地区较高,温带较低,有随海拔的升高、温度的降低而减小,反之

增大的趋势, 南亚热带、中亚热带、北亚热带地区是稻瘟病多样性富聚区域, 稻区内稻种类型复杂, 稻瘟病抗性多样性就丰富, 多样性与稻种类型息息相关。而在褐稻虱抗性评价中, 南京农业大学万建民研究组通过田间和温室鉴定两种方法, 对 515 份来自中国太湖地区、云南、贵州、广西和越南的地方稻种资源对褐稻虱的抗性进行了分析, 发现抗性品种集中在越南和中国广西的籼稻资源中 (Liu et al., 2009)。

四、有利基因发掘与种质创新

1926—1933 年期间, 丁颖院士利用广州市东郊犀牛尾沼泽地中的普通野生稻自然杂种后代, 选育出世界上第一个具有野生稻血缘的新品种中山 1 号。该品种综合了栽培稻与野生稻的优良特点, 产量高, 长势旺盛, 对于寒害、热害及不良土壤等抵抗力强。半个多世纪以来, 中国的水稻育种工作者和农民通过系统选育、杂交育种和辐射诱变育种等多种途径进行改良, 共衍生了至少 8 辈 95 个品种, 累计推广面积达 824.6 万公顷以上, 创造了巨大的经济和社会效益, 在水稻育种史上是罕见的。华南农业大学卢永根研究组对此进行了回顾与分析, 认为普通野生稻是拓宽水稻遗传多样性基础的重要材料, 建立以普通野生稻为供体亲本的单片段代换系是利用其优异基因的有效途径 (李金泉等, 2009)。

采用关联分析方法, 发掘与有利基因紧密连锁标记, 进行基因挖掘与种质创新, 是开发水稻资源有利基因新的思路。上海市农业科学院罗利军研究组采用 84 个位于水稻第 7 染色体的 SSR 或 InDel 标记以及 48 个位于其他染色体的分子标记分析了 170 份主要源自中国的地方种和骨干亲本资源, 结合 2 年田间评价数据, 发现了与抽穗期、株高以及穗长相关联的 SSR 标记 (Wen et al., 2009)。

在白叶枯病新抗性资源挖掘方面, 中国农业科学院作物科学研究所赵开军研究组通过多菌系接种鉴定及抗谱分析, 并与目前国际上已知抗白叶枯病基因比较, 证明在澳洲野生稻的转育系 C4064 中含有一个新的抗白叶枯病基因, 暂命名为 *Xa32* (t)。应用分离集团分析法 (BSA), 借助 SSR 和 EST 等分子标记, 对该基因进行了分子标记定位。通过对 F_2 分离群体及 F_3 家系单株进行遗传连锁性检测, 发现 6 个位于水稻第 11 染色体长臂末端的分子标记 RM27256、RM27274、RM2064、ZCK24、RM6293 和 RM5926 与 *Xa32* (t) 基因连锁。而在褐稻虱抗性基因发掘方面, 南京农业大学万建民研究组通过 $F_{2,3}$ 群体, 定位了抗性资源 Yagyaw 与感虫品种 Cpslo17 群体的 4 个抗性 QTL, 分别位于第 2、第 4、第 7 和第 9 染色体, 可解释 5.6%~12.8% 的表型变异, 其中 3 个抗性 QTL 来自抗性品种 Yagyaw (Liu et al., 2009)。

第二节 2009 年国外水稻品种资源研究进展

一、稻属亲缘关系和栽培稻的演化

水稻 *PolA1* 基因, 编码了 RNA 聚合酶 I 最大的亚组。日本学者分析了稻属 17 个种该基因第 19 个内含子 (P I19) 的碱基序列, 发现 AA 基因组与 CC 基因组具有相似的碱

基数 (287~296bp), BB 基因组 (502bp) 和 FF 基因组 (349bp) 较长, 而 EE 基因组 (217bp) 和 GG 基因组 (222bp) 序列较短, 根据 PI19s 碱基数的差异, 可明显区分二倍体 (BB 和 CC 基因组) 与四倍体 (BBCC 基因组) 稻属野生稻种 (Takahashi, et al., 2009)。Petit 等 (2009) 以反转录转座子 Tos17 研究稻属 AA 基因组的遗传关系, Southern 杂交表明, 除 *O. glumaepatula*、*O. glaberrima* 和 *O. breviligulata* 外, 其余 AA 基因组材料中均检测到 Tos17 拷贝, 其中, 亚洲栽培稻种的拷贝数范围为 1~11; 对 Tos17 插入的 Xanking 区域的测序分析显示, *O. rufipogon* 和 *O. longistaminata* 各有 13 个插入位点, 1 个为共同位点; 亚洲栽培稻有 25 个插入位点, 4 个分别位于第 1、第 2、第 10 和第 11 染色体的插入位点与 *O. rufipogon* 相似, 第 1 染色体的插入位点同样在 *O. longistaminata* 中发现, 有 3 个插入位点仅在栽培稻中发现, 其中, 位于第 3 染色体的 1 个插入位点是粳稻的特异位点, 位于第 10 染色体的具有类型 1 (籼稻)、2 (aus) 和 5 (香稻) 特异性, 而位于第 7 染色体的则具有跳跃性, 并仅在一些类型 6 (温带和热带粳稻) 的品种中以及 1 个类型 5 (香稻) 的品种中发现。根据研究结果, 作者认为还可利用 Tos17 研究栽培稻的起源与演化。

不同生物种间的基因交流在物种演化中起着重要作用。英国学者通过比较包括栽培稻种的 6 个植物种与 84 个真核生物种和 69 个原核生物种 1 689 个基因序列的差异, 确定了 9 个植物-真菌基因水平转移事件, 其中植物转移到真菌 4 个, 真菌转移到植物 5 个, 认为植物与真菌间存在基因水平转移现象 (Richards., 2009)。

美国密歇根州立大学桑涛研究组以 *Oryza nivara* × *Oryza rufipogon* 的 F_2 为作图群体, 分析了抽穗期、穗形、花药长等相关性状的 QTL, 发现 80% 的 QTL 为同一进化方向, 认为这些性状在直接选择中固定下来, 光周期敏感的丧失, 保证了 *Oryza nivara* 得以生存延续, 异交到自交的演化, 则通过对穗和花器官形态性状的修饰得以实现 (Grillo., 2009)。Preecha Prathepha (2009) 以泰国传统香稻品种 Khao Dawk Mali 105 (KDML 105) 香味基因的特异标记检测泰国、老挝和柬埔寨共 11 个普通野生稻自然群体 229 个样本, 认为香味基因在栽培稻驯化以前已经存在于野生祖先种中, 香稻品种是栽培稻驯化过程中选择的结果。GS3, 是控制谷粒形状的重要演化相关基因。单模分析表明, GS3 第 2 外显子 C 到 A 的突变 (增加谷粒长度) 源于粳稻或粳稻祖先, 并通过渗交扩散到籼稻中 (Noriko et al., 2009)。以 9 个源于 T65 的近等基因系为材料, 精细定位花期相关基因 (*Hd3a* 和 *RFT1*), 测序表明在栽培稻演化过程中 *RFT1* 比 *Hd3a* 分化更为迅速, 系统发生分析显示 *se-pat+* 基因 (光敏感基因) 出现在不同类型的栽培稻材料中, 说明相关的核苷分化与 QTL 重组形成新的孟德尔因子以适应环境的变化 (Hagiwara et al., 2009)。

日本学者 Izawa 等 (2009) 回顾了近年在栽培稻驯化方面的研究进展, 对粳稻新的进化模式 (即粳稻由差异较大的野生祖先种天然杂交选择的结果) 进行讨论, 并指出这种天然杂交产生的功能基因核苷多样性 (FNP) 对形态选择具有重要作用。

二、多样性分析与保护

巴西大约收集有 10 000 份稻种资源, 保存在巴西农业研究公司 (Brazilian Agricul-

tural Research Corporation, EMBRAPA) 的稻与豆类种质库, 已构建了 550 份资源规模的核心种质, 包括地方品种 308 份和选育品系 242 份, de Oliveira 等 (2009) 通过对其中 242 份选育品系进行 86 个 SSR 标记的多态性分析, 发现巴西栽培稻选育品系资源多样性较强, 并将其中 24 份材料作为微核心种质。

韩国农村振兴厅基因库保存有源于 60 多个国家的 25 604 份亚洲栽培稻资源, 其中 10 368 份完成了性状鉴定, 基于这些已鉴定的资料, Chuang 等 (2009) 构建了规模为 107 份的启发式核心种质 (Heuristic Core Collection, HCC), 核心种质与原始样品间在平均数、变幅、标准差和变异系数各指标间没有显著差异, 这为韩国稻种资源鉴定、评价、多样性分析和种质高效利用提供基础支持。

在印度, 喜马拉雅西部地区具有丰富的稻种资源, 除耐逆、抗病虫外, Basmati 类优质资源闻名于世。1999—2006 年, 印度植物遗传资源局收集该区域稻种 1 069 份, 包括 154 份命名的地方品种, Rana 等 (2009) 对这些品种进行形态特征分析, 发现在生育期、株高、分蘖力、穗长、千粒重等性状上变异广泛, 通过比较调查, 指出由于土地开发、种植制度的改变以及现代选育品种的推广, 该地区稻种资源遗传侵蚀现象严重, 尤其是灌溉地区。

Thomson 等 (2009) 对印度尼西亚婆罗洲西部 18 个村的 183 个水稻地方品种进行 SSR 分析, 与印度尼西亚 20 个省 8 个岛屿的 309 份稻种资源相比, 该区域稻种多样性较低 ($H_e=0.49$), 籼、粳分化明显, 其中籼稻占 20%, 热带粳稻占 80%, 籼粳亚种类型与稻田生态类型有关, 旱地为热带粳稻, 水田则为籼稻。

三、种质鉴定与评价

分子标记技术正成为种质鉴定与评价的重要技术手段。Rahman 等 (2009) 以 3 个 SSR 标记 (RM11, RM151 和 RM153) 构建了孟加拉国 34 个水稻品种 (包括 17 个高产品种和 17 个地方品种) 的分子指纹图谱, 认为该技术可以作为品种鉴定和资源保护的重要手段。稻米香味是由于位于第 8 染色体短臂 *badh2* 基因第 7 外显子 1 个 8bp 的缺失。Sakthivel 等 (2009) 据此设计了 6 个共显性标记, 发现标记 BADEX7 - 5 (F: TGTTTTCTGTTAGGTTGCATT; R: ATCCACAGAAATTTGGAAAC) 可有效地区分 Basmati 和非 Basmati 品种。而 Minh 和 Rakshit (2009) 通过比较筛选, 发现 RM1 可以区分香稻与非香型水稻品种。

稻属野生种是各类抗性的基因源, 通过评价包含 *O. alta*, *O. australiensis*, *O. barthii*, *O. glaberrima*, *O. glumaepatula*, *O. latifolia*, *O. meridionalis*, *O. nivara*, *O. officinalis* 和 *O. rufipogon* 等共 67 份稻属资源对叶瘟和纹枯病的抗性, 结合 86 个 SSR 标记数据, Eizenga 等 (2009) 发现叶瘟相关标记位于 10 个染色体区域, 其中 5 个与已知稻瘟病抗性区域不同, 3 个区域与纹枯病抗性相关, 其中 1 个与已报道的纹枯病抗性 QTL 位置不同 (第 5 染色体的 RM421 附近)。

在栽培稻资源抗性评价方面, Agrama 和严文贵 (2009) 分析了美国 1 002 份水稻核心种质对 Straighthead (一种生理失调) 的抗性, 发现 42 份抗性资源, 依据 71 个 SSR 标