



2011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

2011 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

2011 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, 2011. 7

ISBN 978-7-109-15939-6

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-2011 IV. ①F326.11

中国版本图书馆 CIP 数据核字 (2011) 第 151921 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 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
2011 年 8 月第 1 版 2011 年 8 月北京第 1 次印刷

开本: 787mm×1092mm 1/16 印张: 13.75

字数: 300 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 周晓震 李西明 廖西元 姜仁华

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 朱练峰 朱智伟 朱德峰

李 建 李凤博 牟仁祥 陈 能

陈惠哲 张玉屏 沈希宏 杨仕华

林贤青 金千瑜 周锡跃 庞乾林

胡慧英 赵 艳 钱 前 徐文波

徐春春 黄世文 曹立勇 章秀福

陶龙兴 程式华 鲁 英 傅 强

樊叶杨 魏兴华

前言

2010年，我国先后承办了上海世博会和广州亚运会，向全世界展示了我们伟大祖国的繁荣昌盛。这一年，全国粮食生产首次实现连续七年增产，连续四年保持在1万亿斤*以上，在世界粮食生产史上书写了崭新的一页，同时也标志着我国粮食生产登上了一个持续稳定发展的新台阶，为国家宏观经济发展提供了重要支撑。据国家统计局公报，2010年全国粮食面积16.48亿亩*，比上年扩大1335万亩；总产54640万吨，增产2.9%。

2010年国家继续加大惠农政策力度，提高稻谷最低收购价格，稳定了农民种稻积极性。预计2010年全国水稻种植面积达到4.48亿亩左右，比2009年扩大近400万亩；总产19700万吨，比2009年增产200万吨左右，实现连续第七年增产；亩产439.5公斤，略增0.5公斤。全年稻谷市场出现了两轮较为强劲的上漲行情。年初粳稻领涨，“粳强籼弱”明显；国庆后，籼稻持续上漲，涨幅较大，“南强北弱”现象显现，各品种稻米价格均创出了历史高点。据监测，2010年12月下旬早籼稻、晚籼稻和粳稻的平均收购价格分别达到每50公斤106.13元、116.54元和136.60元，同比分别上漲了12.7%、20.8%和23.1%。2010年，世界水稻生产较为稳定，印度、孟加拉国、印度尼西亚、越南等主要产稻国均保持增产，但大米主要出口国巴基斯坦因发生严重洪涝灾害造成稻谷减产严重。预计2010年世界稻谷产量6.66亿吨，比上年增产2.3%，再次创下历史新高。2010年，国际粮价在上年的基础上冲高回落，保持弱势运行，波动较大，全年平均价格为每吨442.6美元，下跌了3.1%。

转眼间，本报告的编撰已经跨入了第四个年头。从框架结构上看，本报告与《2010年中国水稻产业发展报告》保持一致。唯一的区别是，本报告的附录部分增加了国内外水稻、大米品种的价格情况，主要包括“2006—2010年我国

* “斤”、“亩”为非法定计量单位，1亩=666.7米²=1/15公顷，1斤=0.5公斤，下同——编者注

早籼稻、晚籼稻和粳稻购销价格情况”、“2006—2010 年我国早籼米、晚籼米和晚粳米批发价格情况”、“2006—2010 年国际市场大米现货价格情况”等三个部分，主要目的是为了进一步增强本报告的资料性、实用性和参考价值。

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。附录部分主要由稻作发展研究室、区域试验、国际合作与科研管理处提供了相关数据资料。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！

由于编者水平，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，我们将继续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

2010 年 6 月

目 录

前言

上篇 2010 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	9
第二章 水稻遗传研究动态	13
第一节 国内水稻遗传研究进展	13
第二节 国外水稻遗传研究进展	21
参考文献	25
第三章 水稻育种研究动态	29
第一节 国内水稻育种研究进展	29
第二节 国外水稻育种研究进展	39
参考文献	44
第四章 水稻栽培技术研究动态	47
第一节 水稻高产栽培技术	47
第二节 水稻机械化生产技术	49
第三节 水稻肥水管理技术	53
第四节 水稻省工节本技术	57
第五节 抗逆境栽培技术	61
第六节 国外稻作技术	65
参考文献	68
第五章 水稻植保技术研究动态	72
第一节 国内水稻植保技术研究进展	72
第二节 国外水稻植保技术研究进展	83
参考文献	86

第六章 水稻转基因技术研究动态	93
第一节 国内水稻转基因技术研究进展	93
第二节 国外水稻转基因技术研究进展	99
参考文献	100
第七章 稻米品质与质量安全研究动态	103
第一节 国内稻米品质研究进展	103
第二节 国内稻米质量安全研究进展	108
第三节 国外稻米品质与质量安全研究进展	112
参考文献	122
 下篇 2010 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	129
第一节 国内水稻生产概况	129
第二节 世界水稻生产概况	137
第九章 中国稻米质量发展动态	142
第一节 我国稻米质量概况	142
第二节 我国稻米品质概况	148
第三节 稻米品质相关事件	151
第十章 中国稻米贸易发展动态	154
第一节 国内稻米市场与贸易概况	154
第二节 国外稻米市场与贸易概况	159
附表	164



上篇

2010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。在稻族系统进化研究方面, 叶绿体 DNA 序列研究显示, 稻族分化迟于古冈瓦纳大陆的分裂, 长距离基因传播在稻族系统演化中发挥了重要作用 (Tang 等, 2010)。规模化发掘有利基因是水稻种质资源研究的难点, 通常采用 SSR 标记 (Li 等, 2010) 或芯片技术 (Tung 等, 2010) 应用关联分析筛选候选基因, 中国科学院国家基因研究中心与中国水稻研究所、美国密歇根州立大学等单位合作, 结合第二代测序技术和关联分析方法, 为规模化发掘种质资源有利基因提供创新方法 (Huang 等, 2010)。而在多样性研究方面, 对功能基因内的等位基因多样性的研究正在成为资源研究新的热点 (Dobo 等, 2010; Singh A 等, 2010)。

第一节 国内水稻品种资源研究进展

一、栽培稻的分类与演化

稻族约有 11 个属 70 个种, 葛颂等用 20 个叶绿体 DNA 片段序列分析稻族 11 个属 34 个种系统进化, 将稻族分成 2 个亚族, 即稻亚族 (*Oryzinae*) 和菰亚族 (*Zizaniinae*), 认为稻族的分化约在 15 百万~24 百万年前, 发生在古冈瓦那大陆分裂以后, 长距离传播在稻族演化中起着重要作用, 就稻属而言, 基因从亚洲向澳洲、非洲和美洲扩散次数分别在 3、4 次和 1 次以上 (Tang 等, 2010)。

在中国, Zhao 等 (2010) 回顾了最近 10 年农业考古的研究结果, 认为 1 万年前长江中下游地区居民以提高野生稻产量的驯化已经发生。在 6 000~9 000 年前这一时期属于狩猎到采集的过渡期, 早期以狩猎为主, 后期稻米逐渐成为主食, 稻作主导地位的建立在 5 000~6 000 年前这一时期, 长江中游地区较早 (6 000 年前, 大溪文化时期), 而长江下游地区较迟 (5 000 年前, 良渚文化时期), 在 6 000 年前, 长江中游地区稻作传播到华南地区。云南是我国栽培稻遗传多样性中心, Xiong 等 (2010) 利用 34 个 InDel 标记的 “InDel 指数法” 分析采自云南海拔在 450~2 350 米的 203 个水稻品种和 14 份普通野生稻材料, 发现云南栽培稻可明显分为籼、粳亚种, 少数品种和普通野生稻材料籼粳分化较小或不明显, 粳稻仅分布于海拔 1 400 米以上区域, 而籼稻在海拔 450~2 350 米均有分布, 基于云南稻种籼粳分化明显的特征和云南人文历史资料分析, 作者认为云南稻种是随外来人口迁入而来。

另外, 湖南农业大学、浙江大学和美国 Ohio 州立大学等单位合作, 分析稻瘟病抗性基因 *Pi2/9* 在 4 个野生稻种 (分别代表 AA、BB 和 CC 基因组) 中的基因序列, 发现该基因在 4 种野生稻中拷贝数变幅为 2~12, 基因序列复制及随后的倒置、易位显示出基因

的动态演化,发现在富亮氨酸重复区域的正选择效应,而源于小粒野生稻的 *Pi9* 基因与回交亲本栽培稻的同源性高于小粒野生稻,表明了该基因可能源于栽培稻 (Dai 等, 2010)。

二、遗传结构与多样性

现存的普通野生稻居群可能已很难找到原始的类型, Dong 等 (2010) 观察到海南普通野生稻自然群体中形态性状的非典型现象,指出栽培稻的渗交导致了普通野生稻诸如生长习性、穗长、穗形、芒长等形态性状的复杂性。但异位保存能否保留原有的基因,同样是一个问题。谢建昆等 (2010) 以 21 对 SSR 引物比较分析东乡野生稻原位与异位保护群体的遗传结构和多样性,发现异位保存群体明显降低了原位保护群体的遗传多样性,但东乡野生稻偏梗的特性可在今后梗稻品种改良中发挥重要作用。

栽培稻具有明显的亚结构,且多样性分布具有偏向性。Jin 等 (2010) 以 100 个 SSR 标记分析中国和部分外引水稻品种共 416 份的遗传结构和多样性,发现研究材料可分成 7 个群体,其中 Pop1、Pop2、Pop3、Pop4、Pop6 和 Pop7 可归为籼稻类型,而 Pop5 为粳稻类型,63% 的标记存在连锁不平衡,但在 7 个群体中存在连锁不平衡的标记比率为 5.9%~22.9%。Jiang 等 (2010) 分析 15 个水稻品种共 489 个 SSR 标记的变异,发现每一染色体上的 SSR 多态信息指数有所差异,第 2 个染色体最低 (0.404),第 11 个染色体最高 (0.584),籼稻明显高于粳稻,籼稻中第 12 个染色体最高 (0.495),第 8 个染色体最低 (0.369),而粳稻中第 11 个染色体最高 (0.316),第 2 个染色体最低 (0.133);以 93 个籼粳特异标记为基础,选择 17、48 个和 28 个标记分别作为基因型鉴定的核心、第二和第三选择标记。而在对 60 个优质粳稻品种遗传变异的分析中,72 个 SSR 标记数据显示优质粳稻间遗传相似度较高 (0.600~0.924),第 5 号染色体上显示较高的遗传变异,聚类分析表明优质粳稻具有较强的地理相关性,同时,品质特优的品种能独立成类,揭示出品质性状的遗传特性 (Zhang 等, 2010)。

核心种质可以提高资源利用效率。以 4 310 份中国栽培稻资源 36 个 SSR 数据和 50 个农艺性状为基础,通过比较种质规模在 700~1 500 份间的 229 个核心种质样本,张洪量等 (Zhang HL 等, 2010) 构建了一个包含 932 份资源的中国栽培稻核心种质,该核心种质保留了初始样本 85% 以上的遗传变异,并进一步推荐一个包含 189 份种质、保留 70% 以上遗传变异的微核心种质,认为核心种质的构建应兼顾遗传变异和遗传丰度,同时保留主要的等位基因类型。浙江大学和美国水稻研究中心等单位合作,以 128 个 SSR 标记和 14 个表型性状研究美国微核心种质 (样本规模 217 份) 遗传分化和多样性,结果显示该核心种质遗传多样性丰富 ($Aa=13.5$, $PIC=0.71$),在水田稻类型中,可分成 aus、indica 和混合型共 3 种亚结构,在陆稻类型中,可分为温带粳稻、热带粳稻、香稻和混合型共 4 种亚结构,野生稻则包括非洲栽培稻和其他 4 个种,遗传分化系数 (F_{st}) 与表型距离间显著相关 ($r=0.85$) (Li 等, 2010)。

育种亲本及主栽品种的遗传变异信息对水稻新品种 (组合) 选育具有重要意义。Shu 等 (2010) 采用 34 个 SSR 标记分析来自我国 12 个省市的 139 份常规粳稻品种的遗传相

似性,发现不同省市间品种遗传相似系数变幅为 0.321 (江苏—贵州)~0.914 (吉林—辽宁),平均为 0.686,品种间的遗传相似性与亲本有关,纬度或自然环境相近地区的遗传相似度较高,反之则较低。赵庆勇等(2010)分析了 24 个江苏省主栽品种和 6 个日本引进品种的 SSR 多样性,发现品种间亲缘较近,主栽品种遗传多样性较窄。对 136 份中国黄淮稻区近期育成的中粳水稻品种(系)、42 个 SSR 标记的遗传差异分析表明,黄淮稻区近期育成的中粳水稻品种遗传多样性较低(H_e : 0.249),籼粳分化程度值的分布范围为 0.629~0.945,籼粳分化比较彻底(徐大勇等,2010)。东北已成为我国最重要的粳稻产区,玄英实等(2010)用 68 对 SSR 引物分析 91 份粳稻品种遗传变异,结果显示东北水稻主栽品种遗传基础狭窄,且与日本品种遗传距离较近。

地方品种的异质性可以提高对环境的适应性。高东等(2010)以 24 个 SSR 标记比较了云南元阳 3 个栽种历史悠久的水稻地方品种和 3 个曾经推广的改良品种的内部遗传异质性,发现地方品种的内部异质性较高。同名地方品种可能是异质地方品种选择的结果,对太湖流域荔枝红、老来青、太湖青和老虎稻共 4 组粳稻地方品种同名种资源的遗传差异分析表明:同名种资源平均 Nei 遗传距离为 0.120~0.171,遗传同一性程度较高,其中有 8 对同名种难以区别;同名种遗传差异与种质来源、品种名称的近似程度没有关系(于萍等,2010)。这些研究结果对作物种质资源的收集、保存和利用具有一定意义。

内含子长度多态(ILP, intron length polymorphism)标记是近年在水稻遗传多样性和遗传结构分析中得以应用。比较 ILP 和 SSR 标记,发现 SSR 标记所揭示的多样性高于 ILP 标记,但两者所揭示的遗传距离高度相关($r=0.827$),同时在聚类分析中具有较高的符合度。因此,ILP 可作为水稻遗传变异分析的技术手段(Huang M 等,2010)。

此外,中国科学院对经短期航天处理(7 天)的 2 个水稻材料进行 AFLP 和 SSR 分析,证实了 DNA 在航天处理中产生了变化(Lu 等,2010)。

三、有利基因的鉴定与利用

新中国成立以来,我国通过各种途径引进了各类国外水稻种质,其中 9 963 份已被国家种质库正式编目。通过检疫、隔离种植和多年评价,一批优异种质被直接或间接利用于水稻育种和生产。在我国水稻生产中,连续几年年种植面积超过 6.67 万 hm^2 的国外常规品种为 22 个;具有国外胞质雄性不育或国外强恢复系(亲本,血缘)年种植面积超过 40 万 hm^2 的杂交水稻组合 33 个;作为骨干亲本衍生的有 2 000 余个新品种(魏兴华等,2010)。

采用人工老化处理方法,分析 68 份不同类型稻种的耐贮藏特性,发现野生种和地方品种耐贮性较强,粳稻品种不耐贮(蒋家月等,2010)。丁国华等(2010)分析了 33 份杂草稻资源苗期耐旱性,认为杂草稻资源耐旱性较强。比较分析 111 份云南改良稻种和 77 份元阳地方稻种抗性淀粉、 γ -氨基丁酸和总黄酮含量,发现抗性淀粉含量以籼型品种最高、粳稻最低, γ -氨基丁酸含量则相反,黄酮含量与籼粳分化的关系不明显;不同种皮色品种差异明显,抗性淀粉、总黄酮含量有色米较高,而 γ -氨基丁酸含量无色米较高(王雨辰等,2010)。陈英之等(2010)则比较了褐稻虱鉴定的苗期群体筛选鉴定、分蘖期单株鉴定和大田自然诱虫鉴定 3 种方法,认为分蘖期和抽穗期鉴定较苗期鉴定更能准确地

反映水稻品种成株期的抗性水平。

高效发掘作物种质资源中有利基因是资源研究的难点。Jin 等 (2010) 以 100 个 SSR 标记分析 416 份水稻品种遗传结构和连锁不平衡, 发现不同亚结构可解释所研究的 25 个形态性状 22.4% 的变异, 利用该连锁群体, 证实 *Wx* 和 *SSIa* 两个基因与直链淀粉含量 (AAC) 和糊化温度 (PT) 紧密相关, 有 5 个和 7 个 SSR 标记分别与 AAC 和 PT 性状相关, 认为该群体可应用于基因挖掘中。而黄学辉等 (2010) 结合第二代测序技术和新的基因型分析方法, 通过构建高密度的单倍型图谱, 进行籼稻 14 个农艺性状的全基因组关联分析, 发现通过关联分析鉴定的位点可解释约 36% 的表型变异, 其中有 6 个位点的峰值信号与已鉴定基因紧密连锁, 研究结果为水稻种质资源规模化的有利基因发掘提供科学支撑。

第二节 国外水稻品种资源研究进展

一、栽培稻的起源与演化

非洲栽培稻种是栽培稻重要基因库, Roulin 等 (2010) 以第 3 染色体短臂序列为基础, 以长末端重复序列逆转录转座子 (LTR-retrotransposon) 标记比较亚洲栽培稻种和非洲栽培稻种, 发现 LTR-retrotransposon 突变率相同, 并估计两个种的分化约在 1.2 兆年前。随奴隶贸易非洲栽培稻引入美洲, van Andel 等 (2010) 在南美苏里南部 Maroons 地区发现仍在栽培的非洲栽培稻品种。

栽培稻起源、演化的遗传学和考古学研究各有优点, Dorian 等 (2010) 结合遗传学和考古学证据, 回顾了近年在栽培稻起源、演化、传播研究方面的成果, 认为遗传学和考古研究的结合才能很好地解决栽培稻起源、演化和传播这一问题; 而 Purugganan (2010) 则进一步讨论了考古证据的筛选。

日本水稻栽培历史大约有 2 400~3 000 年, 多数现代品种属温带粳稻类型, 少数西南部的地方品种属热带粳稻类型, 但古 DNA 研究恰显示出古稻种多为热带粳稻类型, Tanaka 等 (2010) 发现 Maekawa 古遗址点 (处于平安和弥生时期, 大约 1 100~2 100 年前) 化石形态特征显示两时期都有热带粳稻类型种植, 但两时期之间没有发生稻作现象, 叶绿体古 DNA 所显示的特征是温带粳稻和热带粳稻所共有的, 在弥生时期的 Tareyanagi 遗址碳化谷古 DNA 中, 发现 2 种叶绿体 DNA 序列类型, 其中 1 种 (7C6A) 为热带粳稻特异类型, 进一步分析当地现存地方品种形态性状, 发现有热带粳稻的某些特征, 但已与温带粳稻混合, 作者认为两个时期的稻作引入是独立的, 从弥生时期开始, 热带粳稻逐渐被温带粳稻所取代。

一些表型性状的进化可发生在种间或种内同一基因位点重复发生 (repeated phenotypic evolution), 如 *Waxy*、*Rc* 基因。以 *Rc* 基因为例, 亚洲栽培稻白色种皮有两个原因引起花青素合成终止, 一个是第 7 外显子 14 个 bp 的缺失, 另一个发生在 *aus* 类型中, 在第 7 外显子产生 1 个点突变。Gross 等 (2010) 比较了 AA 基因组 7 个种和 1 个杂草类型在 *Rc* 基因上游和下游序列的差异, 在 3 份白色种皮的非洲栽培稻品种中, 没有发现亚洲

栽培稻的 2 个类型, 但 2 份材料同样是在第 7 外显子上的点突变的原因, 另一份可能由其他位置的变异而导致的, 证实了表型性状进化中种间存在同一基因位点变异的现象。

二、遗传结构和多样性

Ngu 等 (2010) 以 30 个水稻多态 SSR 标记分析来自马来西亚半岛 Penang, Kedah, Kelantan 和 Terengganu 共 4 个州的 176 个自然群体的普通野生稻材料, 发现来自东北部的 Kelantan 州群体多样性最高 ($Aa=7.67$, $He=0.798$), 而东部的 Terengganu 群体多样性最小 ($Aa=4.23$, $He=0.449$), 基于模型的遗传结构分析显示马来西亚普通野生稻资源可分成 12 个类群, 与聚类分析相比较, 两者符合度达 93%, 研究结果还显示马来西亚半岛的普通野生稻不仅从东北部快速扩散到南部地区, 还扩散到西北地区, 并指出栽培稻基因的渗入影响了野生稻群体遗传组成和遗传结构。对印度 Kerala 地区普通野生稻群体的研究中, Dinesh 等 (2010) 也发现了由于栽培稻的基因流而增加了该地区普通野生稻的遗传多样性。

比较美国 Arkansas 共 4 个生态区的 137 份红米杂草稻材料和 36 个不同时期的栽培稻品种 27 个 SSR 标记的遗传变异, 发现杂草稻材料多样性丰富, 材料间遗传距离 (0.70) 明显大于栽培稻品种 (0.26), 并可分成两类, 即黄壳杂草稻类群和黑色、棕色颖壳杂草稻类群, 无芒黄壳与黑壳杂草稻间遗传距离 (0.55) 低于与棕色颖壳杂草稻间的遗传距离 (0.60), 黑壳与棕色硬壳间的遗传距离最小 (0.42), 1/4 的杂草稻材料与栽培稻享有共同的等位基因 (Shivrain 等, 2010)。

意大利稻米产量占欧洲的一半, Odile 等 (2000) 分析了 219 个意大利水稻资源 (172 个本国品种和 47 个外引种) 24 个 SSR 标记以及农艺性状 (植株高度、谷粒类型和稻瘟病 3 个小种的苗瘟抗性) 的变异, 发现意大利梗稻品种可分为 6 个遗传类型, 且与植株高度、谷粒形状以及推广时期具有关联, 抗性鉴定结果显示, 高抗品种的抗性源自美国资源。Buyukunal Bal 和 Bay (2010) 分析了 21 个土耳其水稻品种和 11 个引进品种的种子蛋白和 7 个 RAPD 标记的多态性, 将 33 个品种分成两类, 指出土耳其水稻品种遗传背景狭窄。

功能基因多样性研究正在成为水稻资源研究的热点之一。Singh A. 等 (2010) 分析了位于第 4 染色体的香味相关基因 *BADH1* 的多态性, 发现 17 个位于内含子的和 3 个位于外显子的 SNP, 并在 127 个品种中鉴定出 15 个单倍型。其中 4 种对应于 *BADH1* 的两种蛋白质模型 (*BADH1*-PH1 和 *BADH1*-PH2)。对淀粉合成酶基因 (*GBSS*) 多态性研究表明, 第 1 内含子 5' 连接处和第 6、第 10 外显子的 3 个 SNP 的单倍型为 TAC 和 TCC 时, 直链淀粉含量较低, GCC 则含量中等, GAT 和 GAC 含量较高 (Dobo 等, 2010)。

另外, Xangsayasane 等 (2010) 则研究了杂交稻产量与多样性间关系, 60 个 SSR 标记和亲缘系数数据表明两者间呈显著的线性相关。

三、资源鉴定与有利基因发掘

Singh H 等 (2010) 分析了 201 个 SSR 标记重复长度与多态性间的关系, 发现重复

长度在 10~70bp 范围内等位基因数与重复长度呈正相关, 51~70bp 重复长度的 SSR 标记多态性最强, 推荐这些可作为琼脂凝胶电泳中品种鉴定或基因挖掘的标记。Tung 等 (2010) 提出了一个利用 SNP 芯片技术研究水稻全基因组表型—基因型关联的工作平台。通过稻瘟病抗性基因 *Pikm* 两个等位基因的序列分析, Costanzo 和 Jia (2010) 设计特异标记, 以应用于等位基因鉴定和分子育种中。Mathure 等 (2010) 则发现单独使用 RAPD 和 ISSR 标记不能区分 Basmati 香稻和非 Basmati 香稻品种。

籼稻品种 Tetep 是重要的骨干亲本, Channamallikarjuna 等 (2010) 从中鉴定出 1 个位于第 11 染色体的纹枯病抗性 QTL (*qSBR11-1*)。对于水稻黄斑病毒病而言, 部分抗性种质在粳稻早稻类型中较多, 一些抗性 QTL 也已鉴定, 但高抗种质极少, 仅报道在 2 个籼稻品种和一些非洲栽培稻种中。Thiémélé 等 (2010) 评价了 337 份非洲栽培稻品种对水稻黄斑病毒的抗性, 发现 29 份抗性种质 (占 8%), 通过进一步的序列分析表明存在抗性基因的多态性, 并鉴定出 1 个抗性新基因 (*RYMV2*)。

青枯穗 (Straighthead) 是一种生理性障碍, 在水稻主产国广泛发生, 可用适当的水分管理措施加以控制, 但品种间差异显著。Agrama 和严文贵 (2010) 分析了美国核心种质库中 1 002 份水稻品种的 71 个 SSR 标记和 1 个 InDel 标记的遗传变异以及青枯穗抗性评价, 发现 42 份抗性种质多样性丰富, 源自 10 个地理地区的 15 个国家, 其中 30 个品种分属于籼亚种的 2 个类型, 10 个属于温带粳稻类型, 2 个品种属于温带—热带粳稻类型。

臭氧层的破坏引起紫外线辐射强度的增加, 从而影响作物生长和产量已成为科学家日益关注的环境问题之一。Mohammed 等 (2010) 以美国南部 8 个常用水稻品种为材料, 分析连续 90 天紫外线处理对水稻光合作用、细胞膜稳定性、花粉活力、酚浓度和产量的影响, 认为紫外线强度增加降低光合作用、细胞膜稳定性、花粉活力和产量, 增加叶片酚浓度, 同时发现杂交稻品种 “Clearfield XL729” 具有较好的紫外线处理耐性。

在水稻异株克生资源鉴定方面, Hisashi 等 (2010) 比较了 8 个水稻品种与稗草种子共培养过程中 2 种水稻分泌物 (二萜内酯 A 和二萜内酯 B) 对稗草根、芽生长的影响, 发现 2 种分泌物的变幅分别为 0.21~1.5 微摩尔/升和 0.66~3.8 微摩尔/升, 指出二萜内酯 B 更为关键, 认为二萜内酯 B 分泌量可作为水稻品种异株克生能力的指标。Saito 等 (2010) 则通过水田和旱地两种环境研究不同栽培稻品种 (包括亚洲栽培稻、非洲栽培稻和种间后代) 杂草竞争力的差异, 认为谷粒产量、成熟期株高和播后 42~63 天苗活力可以作为栽培稻品种杂草竞争力的选择指标。Seal 和 Pratley (2010) 评价了 27 个水稻品种对澳大利亚 5 种杂草的异株克生能力, 发现品种间和杂草种间差异明显, Giza 176、Amaroo、Takanenishiki、Ratna、Italpatna、Hungarian 1、Jarrah 等品种对 5 种杂草根系生长具有较强的抑制作用、Kaohsiung sen 2 对 2 个杂草种 *S. montevidensis* 和 *D. minus* 具有较强的抑制作用, 但对其余 3 个杂草种的抑制力较弱。

不同水稻类型米糠类胡萝卜素含量差异明显。Belefant-Miller 和 Grace (2010) 采用快速荧光淬灭法测定水稻 5 个亚群共 33 份品种的米糠类胡萝卜素含量, 发现热带粳稻含量最低, 而温带粳稻最高, aromatic、aus 和 indica 三类含量中等, 差异较小; 在所分析的 33 个品种中, 热带粳稻品种 Wells 含量最低, 温带粳稻品种 Agostano 含量最高。研究还证实叶黄素是米糠中类胡萝卜素的主要成分。

野生稻资源含有丰富的有利基因。Sengupta 和 Majumder (2010) 介绍了密穗野生稻 (*Porteresia coarctata*) 的耐盐特性, 认为可作为水稻耐盐研究的模式植物。Koseki 等以 331 个 SNP 标记和 $F_{2:3}$ 群体鉴定出源自普通野生稻的 3 个苗期耐冷性的 QTLs, 分别位于第 3、10 和 11 染色体, 进一步构建近等基因系 (BC_4F_{3-5}) 并对位于第 11 染色体的主效 QTL (*qCtss11*) 进行精细定位。针对野生稻优异性状较难转育利用的现状, Ali 等 (2010) 回顾了近年在野生稻有利基因发掘研究进展, 提出染色体替换系 (chromosome segment substitution lines, CSSLs) 和回交渗入系 (backcross inbred lines, BILs) 可作为野生资源有利性状利用的重要手段, 同时指出 SNP 芯片技术可提高 CSSLs 构建的效率。另外, Shim 等 (2010) 采用代表性差异分析法 (representational difference analysis, RDA) 筛选小粒野生稻特异克隆, 利用单异源附加系 (MAALs) 将 37 个克隆定位在第 6、7 和 12 染色体, 并进一步鉴定出 4 个 BB 基因组特异克隆和 14 个 CC 基因组的特异克隆分析。研究结果可应用于野生稻片段渗入中的鉴定与检测。

参 考 文 献

- 陈英之, 李树娟, 李容柏. 2010. 水稻对褐飞虱抗性鉴定的比较研究. 安徽农业科学, 38 (13): 6686 - 6688, 6719.
- 丁国华, 马殿荣, 马巍, 等. 2010. 杂草稻幼苗期耐旱性的初步筛选与评价. 北方水稻, 40 (1): 11 - 14, 53.
- 高东, 毛如志, 朱有勇. 2010. 水稻地方品种与改良品种内部遗传异质性的比较分析. 分子植物育种, 8 (3): 432 - 438.
- 蒋家月, 吴跃进, 张从合, 等. 2010. 不同进化阶段稻种资源储藏特性初步研究. 杂交水稻, 25 (1): 70 - 72.
- 王雨辰, 杜娟, 曾亚文, 等. 2010. 云南稻粳亚种间功能性成分含量差异. 植物遗传资源学报, 11 (2): 175 - 178.
- 魏兴华, 汤圣祥, 余汉勇, 等. 2010. 中国水稻国外引种概况及效益分析. 中国水稻科学, 24 (1): 5 - 11.
- 徐大勇, 钟环, 周峰, 等. 2010. 中梗水稻品种资源的遗传多样性 II: 黄淮稻区近期育成品种的 SSR 多样性比较. 江苏农业学报, 26 (1): 15 - 21.
- 玄英实, 姜文洙, 刘宪虎, 等. 2010. 中国东北地区水稻主要栽培品种的遗传多样性分析. 植物遗传资源学报, 11 (2): 206 - 210.
- 于萍, 李丽, 侯丽媛, 等. 2010. 太湖粳稻同名地方品种的遗传差异. 植物遗传资源学报, 11 (5): 535 - 539.
- 赵庆勇, 张亚东, 朱镇, 赵凌, 陈涛, 王才林. 2010. 30 个粳稻品种 SSR 标记遗传多样性分析. 植物遗传资源学报, 11 (2): 218 - 223.
- Agrama H. A. and Yan W. G. 2010. Genetic diversity and relatedness of rice cultivars resistant to straighthead disorder. Plant Breeding, 129: 304 - 312.
- Ali M L, Paul L. Sanchez, Si-bin Yu, et al. 2010. Chromosome segment substitution lines: a powerful tool for the introgression of valuable genes from *Oryza* wild species into cultivated rice (*O. sativa*). Rice, 3: 218 - 234.