



2016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

中国农业科学技术出版社



2016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

中国农业科学技术出版社

图书在版编目 (CIP) 数据

2016 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: 中国农业科学技术出版社, 2016. 10

ISBN 978-7-5116-2706-3

I. ①2… II. ①中… ②国… III. ①水稻-产业发展-研究报告-中国-2016
IV. ①F326.11

中国版本图书馆 CIP 数据核字 (2016) 第 186202 号

责任编辑 崔改泵

责任校对 贾海霞

出版者 中国农业科学技术出版社

北京市中关村南大街 12 号 邮编: 100081

电 话 (010) 82109194 (编辑室) (010) 82109704 (发行部)

(010) 82109709 (读者服务部)

传 真 (010) 82106650

网 址 <http://www.castp.cn>

经销者 各地新华书店

印刷者 北京富泰印刷有限责任公司

开 本 787mm×1 092mm 1/16

印 张 15

字 数 338 千字

版 次 2016 年 10 月第 1 版 2016 年 10 月第 1 次印刷

定 价 65.00 元

前 言

2015 年, 全国水稻种植面积 45 319.8 万亩, 比 2014 年减少 145 万亩; 亩产 459.5 千克, 提高 5.3 千克; 总产 20 824.5 万吨, 增产 173.8 万吨, 水稻单产和总产再创历史新高。在国家稻谷最低收购价政策稳定、全国水稻生产继续增产、国外低价大米进口增加等因素综合影响下, 国内稻米市场持续低迷。据监测, 2015 年 12 月, 早籼稻、晚籼稻和粳稻的月平均收购价格分别为每 50 千克 131.78 元、136.26 元和 149.36 元, 同比分别下跌 0.7%、0.9% 和 2.4%。

2015 年, 世界稻谷产量 7.02 亿吨, 比 2014 年减产 280 多万吨。其中, 非洲水稻增产, 亚洲的泰国、印度尼西亚、菲律宾、老挝等国家因出现干旱天气而产量下降, 澳大利亚由于灌溉用水不足, 稻谷减产较多。2015 年, 世界大米贸易量稳定增加, 国际市场价格下跌, 全年大米平均价格为每吨 372.1 美元, 比 2014 年下跌了 3.4%。

考虑稻谷精深加工及综合利用的重要性, 本年度报告新增了“稻谷产后加工与综合利用”章节。同时, 考虑“水稻育种研究动态”中不少内容与“中国水稻种业发展动态”重叠, 且水稻遗传学与育种学关系紧密, 本年度报告将“水稻育种研究动态”与“水稻遗传研究动态”合并为“水稻遗传育种研究动态”。本年度报告的前 5 章, 分别由中国水稻研究所种质保存与评价、基因定位与分子育种、高产生理、转基因生态、种质创新研究室组织撰写, 第六章和第十章由农业部稻米质检中心组织撰写, 第七章由江南大学食品学院组织撰写, 其余章节在中粮集团大米部、中种集团战略规划部、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下, 由稻作发展研究室完成撰写。此外, 报告还引用了大量不同领域学者和专家的观点, 在此表示衷心感谢!

囿于编者水平, 疏漏及不足之处在所难免, 敬请广大读者和专家批评指正。

编 者

2016 年 6 月

目 录

上篇 2015 年中国水稻科技进步动态

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	8
参考文献	11
第二章 水稻遗传育种研究动态	14
第一节 国内水稻遗传育种研究进展	14
第二节 国外水稻遗传育种研究进展	26
参考文献	29
第三章 水稻栽培技术研究动态	33
第一节 水稻高产栽培理论与技术	33
第二节 水稻机械化生产技术	35
第三节 水稻肥水管理技术	38
第四节 水稻抗灾栽培技术	39
第五节 国外稻作技术进展	40
参考文献	41
第四章 水稻植保技术研究动态	44
第一节 国内水稻植保技术研究进展	44
第二节 国外水稻植保技术研究进展	56
参考文献	58
第五章 水稻转基因技术研究动态	69
第一节 国内水稻转基因技术研究进展	69
第二节 国外水稻转基因技术研究进展	78

参考文献	81
第六章 稻米品质与质量安全研究动态	85
第一节 国内稻米品质研究进展	85
第二节 国内稻米质量安全研究进展	90
第三节 国外稻米品质与质量安全研究进展	96
参考文献	100
第七章 稻谷产后加工与综合利用研究动态	104
第一节 近年来国内外稻谷产后加工与综合利用研究进展	104
第二节 2015 年国内稻谷产后加工与综合利用研究进展	111
第三节 2015 年国外稻谷产后加工与综合利用研究进展	115
参考文献	118
 下篇 2015 年中国水稻生产、质量与贸易发展动态	
第八章 中国水稻生产发展动态	125
第一节 国内水稻生产概况	125
第二节 世界水稻生产概况	137
第九章 中国水稻种业发展动态	143
第一节 国内水稻种业发展环境	143
第二节 国内水稻种子生产动态	145
第三节 国内水稻种子市场动态	148
第四节 国内水稻种业企业发展动态	151
第十章 中国稻米质量发展动态	156
第一节 国内稻米质量概况	156
第二节 国内稻米品质发展趋势	164
第十一章 中国稻米市场与贸易动态	167
第一节 国内稻米市场与贸易概况	167
第二节 国际稻米市场与贸易概况	172
附表	177



上篇

2015 年

中国水稻科技进展动态

第一章 水稻品种资源研究动态

2015 年,国内外科学家在水稻起源和驯化相关基因研究上取得新进展。如中国科学院植物研究所种康团队与中国水稻研究所钱前团队等合作,发现了水稻感受低温的重要 QTL 基因 *COLD1* 及其人工驯化选择的 SNP 赋予粳稻耐寒性的新机制;中国科学院植物研究所葛颂团队以野生稻为材料,从基因组水平上分析了 *O. rufipogon* 和 *O. nivara* 的群体遗传结构,探讨了 *O. nivara* 的起源。在基因鉴定方面,南京农业大学和中国农业科学院作物科学研究所万建民团队在水稻抗褐飞虱研究方面取得重要进展,研究成果发表在国际权威刊物《Nature Biotechnology》;中国科学院遗传与发育生物学研究所储成才团队通过图位克隆技术从籼稻中克隆出高氮利用效率基因 *NRT1.1B*;中国科学院上海生命科学研究院植物生理生态研究所林鸿宣团队经过多年努力成功克隆了作物中第一个抗高温的数量性状基因位点 (QTL),揭示了植物细胞响应高温的新机制。

第一节 国内水稻品种资源研究进展

一、栽培稻的起源与驯化

通过分析基因功能和等位基因多样性来研究栽培稻的驯化已成为热点。中国科学院植物研究所种康研究组与中国水稻研究所钱前研究组等合作从粳稻中鉴定了一个耐冷的数量性状位点 *COLD1* (Ma et al., 2015)。过表达 *COLD1^{jp}* 能显著提高水稻的耐寒性,而缺失或低表达 *COLD1^{jp}* 的水稻株系对冷敏感。*COLD1* 编码一个 G 蛋白信号调节因子,定位于质膜和内质网。感觉出低温时,*COLD1* 与 G 蛋白 α 亚基 RGA 互作,激活 Ca^{2+} 通道,而后增强 G 蛋白 GTP 酶活性。该实验分析了 127 个不同水稻品种和野生稻中 *COLD1* 基因序列,发现了 7 个 SNP 位点,其中,粳稻特异的 SNP2 影响了 *COLD1* 蛋白活性而赋予粳稻耐寒性。该成果揭示了在人工驯化选择栽培稻的耐寒过程中获得了来自于中国野生稻的 SNP2 位点,该位点决定了粳稻和籼稻对低温感知的灵敏性差别并赋予了水稻耐寒性的新机制。

Oryza rufipogon 和 *Oryza nivara* 是物种形成早期阶段两个初期的物种,其形态、生活史特征和生境偏好均有区别,这为研究生态物种形成提供了一个独特的模型。中国科学院植物研究所葛颂研究组对覆盖栽培稻近缘野生种 *O. rufipogon* 和 *O. nivara* 的整个地理区域的 26 个野生种群的 12 个细胞核和 2 个叶绿体基因座进行了全基因组测序 (Liu et al., 2015)。运用群体遗传学、系统发生生物地理学和物种分布模型在 *O. rufipogon* 内部检测到 4 个遗传上截然不同的群组,分析发现遗传群组 and 物种属性或地理区域间均

无相关性。物种分布模型显示 *O. rufipogon* 历史分布范围的巨大改变证明了地方种群的重重复定殖和消亡是由于第四季冰川期间多重循环引起的并可能是形成 *O. rufipogon* 复杂的种群遗传结构的主要因素。另外, 研究人员发现气象因素在 *O. nivara* 的适应、存留和扩张中扮演重要角色; 基于 *O. nivara* 种群的遗传模式和动力学推测 *O. nivara* 可能多次独立起源于不同的 *O. rufipogon* 种群。

从长、刺芒到短、光芒的转变, 是水稻驯化过程中一个关键事件。中国农业大学孙传清研究组发现野生稻的长、刺芒受到 4 号染色体上 1 个主效基因 *LABA1* 调控, 它编码一个细胞分裂素激活酶 (Hua et al., 2015)。栽培稻中 *LABA1* 的移码缺失会减少芒原基中的细胞分裂素的浓度, 破坏了芒刺形成和芒的伸长。序列分析表明, 栽培稻中 *labal* 等位基因周围约 800kb 区域的核苷酸多样性较低, 并发生选择性清除。单倍型分析表明 *labal* 等位基因起源于粳稻亚种, 通过基因渗入移进籼稻基因库中, 表明这个位点在水稻早期驯化中经过人工选择。该研究对 *LABA1* 的鉴定不但为研究水稻驯化提供了新线索, 还阐明了芒发育的分子机理。

张华丽等 (2015) 对 90 份两系杂交稻光温敏核不育基因进行了鉴定和演化分析, 结果表明, 1993—2012 年中国两系杂交稻中不育基因的利用经历了从光敏到温敏的演化过程, 携带 *RNZ^m* 的不育系所配制组合及推广面积在生产中的应用迅速增加, 2012 年温敏不育系配制的杂交稻已占两系杂交稻面积的 95% 以上, 形成了以携带 *RNZ^m* 的不育系为主的局面。该研究结果明晰了中国两系水稻不育系携带的光温敏不育基因及其与品种系谱之间存在的 inconsistency, 从光敏不育系杂交后代中选育出了温敏不育水稻, 且携带 *RNZ^m* 的不育系已在两系杂交稻生产中占绝对主导地位。

二、遗传多样性与资源鉴定

邓宏中等 (2015) 利用 98 对 SSR 标记对 202 份中国地方品种和选育品种的遗传多样性进行了比较分析。结果共检测到 1 350 个等位基因, 每个位点等位基因数变化范围为 3~39 个, *Nei* 基因多样性指数变化范围为 0.125~0.955, 多态信息量 (*PIC*) 变化范围为 0.122~0.953, 稀有等位基因数 913 个。研究发现, 栽培稻地方品种和选育品种遗传多样性差异明显, 地方品种等位基因数、*Nei* 基因多样性指数、多态信息量、稀有等位基因数和等位基因丰度 ($Na=1219$, $He=0.747$, $PIC=0.710$, $Nr=756$, $Rs=8.50$) 均高于选育品种 ($Na=919$, $He=0.704$, $PIC=0.650$, $Nr=529$, $Rs=7.01$)。各染色体组水平的遗传多样性分析表明, 选育品种仅在 1 号染色体上的遗传多样性高于地方品种, 进一步分析显示选育品种的遗传改良在基因组水平上具有区间特异性。

水稻是最早驯化的作物种类之一。由于自然和人为选择, 其遗传多样性一直在下降。Cui 等 (2015) 首次分析了在农家保护下云南 27 年驯化过程中水稻基因组核苷酸的变异和模式。研究人员利用 10 个细胞核位点对 1980 年和 2007 年收集的 600 份高多样

性水稻品种进行了大规模测序,分析显示 27 年的驯化过程中,水稻品种的遗传多样性水平未发生显著改变,表明遗传多样性在农家保护下得以成功保持。方差分析显示农家保护可以为地方品种的持续性分化和变异提供机会。因此,动态保护措施(如农家保护)应该鼓励和加强,尤其是在作物遗传多样性中心。

卢代华等(2015)利用 35 对 SSR 引物对 23 份稻曲病不同抗性的水稻品种进行了遗传多样性分析,结果共获得 288 条多态性条带。研究发现,23 个参试品种对稻曲病的抗性表现出明显差异,病穗率范围为 8.20%~75.93%,最高和最低病穗率之间相差 67.73 个百分点,病情指数范围为 2.19~52.67,最高和最低病情指数相差 50.48。聚类分析结果表明,在遗传相似系数为 0.75 时,23 个供试品种可分为 5 类。

为探讨 *orfH79* 在水稻资源中的遗传及变异,段世华等(2015)对来自不同国家的 124 份水稻材料进行 *orfH79* 特异性 PCR 检测。结果表明,HL-CMS 基因 *orfH79* 及其同源序列在稻种资源中具较高频率的分布(14.5%)。DNA 序列分析显示 HL-CMS 基因 *orfH79* 及其同源序列和 BT-CMS 基因 *orf79* 具有非常保守的遗传特性(97%)。基于 *orfH79* DNA 序列的聚类分析显示 18 份含 *orfH79* 的水稻材料被分成了 4 个类群。多肽 ORFH79 的氨基酸序列变异分析表明,HL-CMS 胞质在稻种资源中产生了明显的遗传分化,至少存在 3 种以上变异类型。研究结果为新型水稻 CMS 胞质的发掘与培育提供了理论和实验依据。

云南是世界公认的亚洲栽培稻遗传多样性和起源中心之一。为了解云南哈尼族当前栽培稻的遗传多样性和群体结构,刘承晨等(2015)利用 118 对 SSR 分子标记对 47 份云南哈尼族水稻材料进行了遗传多样性和群体结构分析,结果共检测到 255 个等位变异,变幅为 2~4 个,平均每个标记 2.161 个。基因多样性指数变异范围为 0.043~0.0656,平均 0.303。*PIC* 变异范围 0.042~0.583,平均 0.256。通过遗传相似系数及基于数学模型的群体结构分析均将供试材料分为偏粳和偏籼 2 个类群。该研究表明云南哈尼梯田现有栽培水稻以偏粳水稻为主。

全基因组关联分析是解析作物表型多样性遗传基础的有效工具,已广泛应用于大规模发掘水稻地方品种中的遗传资源和重要功能基因。Lu 等(2015)运用载有 5291 个 SNP 标记的芯片,对 523 份稻种资源的株型相关性状进行了全基因组关联分析,结果在两种环境下分别鉴定到 126 个和 172 个显著性位点,分别解释了 34.45%和 39.09%的表型变异。其中,有 16 个位点在两环境下共同检测到,并且在 200kb 范围内,预测到了 423 个候选基因。已知基因(*NAL1*、*Rc*)和一些新的位点显示了一定的多效性及基因连锁效应。最后,找到了 37 份优良品种可作为株型改良的育种供体亲本。

为筛选苗期抗稻瘟病的种质资源,为水稻苗期稻瘟病抗性改良提供种质材料,邱先进等(2015)分别在湖北恩施、咸丰和利川对从国际水稻所引进的一套遗传多样性丰富的粳稻种质资源进行稻瘟病鉴定。结果表明,核心种质在 3 个地点的叶瘟均表现出丰富的遗传变异,恩施、咸丰和利川分别筛选到 7 份、33 份和 6 份苗期抗稻瘟病种质资源,多个环境下均抗稻瘟病的有 6 份,其中,IR122284 和 IR121225 在 3 个地点均高抗稻

瘟病。

冯爱卿等 (2015) 采用病区病圃鉴定以及室内抗谱测定方法, 对来自 45 个国家和地区 1 659 份水稻资源进行稻瘟病质量抗性和数量抗性评价。结果表明, 表现高抗的材料 (0~1 级) 有 292 份, 占 17.6%; 抗 (2 级) 的材料有 68 份, 占 4.1%; 中抗 (3 级) 的材料有 208 份, 占 12.5%。筛选出 BG1222 等 27 份广谱抗瘟性资源, 具有较高的质量抗性水平, 其抗性频率均达 90% 以上。对部分重点资源进行数量抗性评价, 筛选出 BR27 等 14 份数量抗性较好的材料。该研究为华南地区抗病育种提供了重要的资源材料以及基本数据, 对抗瘟新基因的挖掘以及丰富本地区抗病资源具有重要意义。

黄永兰等 (2015) 在不施氮和施氮 180 千克/公顷水平下对 45 份水稻种质的氮吸收与利用等相关性状进行分析, 将参试品种分为双高效型、高氮高效型、低氮高效型和双低高效型等 4 种类型; 研究发现, 青马早和陆财早不论是在低氮还是高氮水平下均表现出氮高效利用特性, 为典型氮高效型; 广陆矮 4 号在低氮水平下表现出氮高效利用特性, 适于低氮条件种植, 为典型耐低氮型; 早 89-01 和早籼 152 在高氮水平下表现出氮高效利用特性, 适于高氮条件种植。

田又升等 (2015) 利用 PEG-6000 高渗溶液模拟干旱条件, 对 33 份水稻种质资源萌发期抗旱性进行了综合鉴定, 以各抗旱指标的隶属函数进行模糊聚类分析, 根据抗旱性强弱分为四大类, 其中, XS-13-12 和 XS-13-9 为高度抗旱品种 (系), XS-13-2、A218、XS-13-11 等 11 份水稻材料为抗旱品种 (系), 稻花香、SN1204、XS-13-13 等 14 份水稻材料为中等抗旱品种 (系)。1043、SN9903、XS-13-4 等 6 份水稻材料为干旱敏感品种 (系)。

胡标林等 (2015) 为了鉴定东乡野生稻及其后代群体的耐低氮性, 对低氮和正常氮两种处理下东乡野生稻回交重组自交系 (BILs) 10 个产量相关性状进行了综合评价、主成分分析和模糊隶属函数分析, 结果表明, 株系 116、143 和 157 耐低氮性强, 可作为耐低氮性遗传研究和水稻耐低氮育种的中间材料, 采用逐步回归分析法建立了耐低氮性最优回归方程, 筛选到单株产量等 5 个性状相对值可作为全生育期耐低氮性的综合评价指标。

覃宝祥等 (2015) 为筛选出在苗期和孕穗期都具有强耐冷性的种质以供水稻耐冷研究与育种利用, 利用人工低温胁迫对 20 份苗期耐冷的普通野生稻染色体片段代换系进行了孕穗期耐冷性鉴定评价。结果表明, 在 20 份代换系材料中, 孕穗期耐冷性表现强 (3 级)、中 (5 级) 和弱 (7 级) 级别的材料为 2 份、15 份和 3 份; 所鉴定出的 2 份抗性 3 级材料 (DC907 和 DC866) 不但可以作为苗期耐冷性抗源, 同时也可以作为孕穗期耐寒性抗源。

近年来, 水稻黑条矮缩病严重影响我国水稻生产, 亟须培育高抗黑条矮缩病的水稻新品种。方先文等 (2015) 通过对保存的 2 000 份水稻地方品种连续两年设置两个试验点的黑条矮缩病抗性鉴定, 初步筛选出连续两年没有发病的资源 38 份。对这 38 份中农艺性状较好的 6 份粳稻资源进行人工室内接虫鉴定, 获得高抗水稻黑条矮缩病的水稻资源 1 份。该研究为水稻黑条矮缩病抗病育种和抗性基因的定位、克隆奠定了材料基础。

三、有利基因发掘与鉴定

褐飞虱 (BPH) 是最具破坏性的水稻害虫, 严重威胁水稻产量。Liu 等 (2015) 报道了 *Bph3* 的分子克隆和特征, 它是 30 多年前水稻中鉴定的一个抗 BPH 位点。研究人员证实 *Bph3* 是一个由 3 个编码质膜凝集素受体激酶 (OsLecRK1 - OsLecRK3) 组成的基因簇。通过转基因技术或分子标记辅助选择策略将 *Bph3* 基因导入易感水稻品种中, 能显著增强水稻对 BPH 和白背飞虱的抗性。该研究结果表明, 这些凝集素受体激酶基因一起发挥作用, 赋予水稻广谱持久的抗虫性, 并为水稻抗虫品种的分子选育提供资源。Wang 等 (2015) 利用图位克隆方法将一个抗性基因位点精细定位在 6 号染色体短臂 24kb 的区域内。通过遗传分析和转基因实验克隆了 *BPH29*, 它是一个包含 B3 DNA 结合结构域的抗性基因。该研究对 *BPH29* 的克隆与鉴定为植物和昆虫互作的分子机理提供了更深的理解, 并且能够促进水稻抗虫品种培育。

全球变暖会导致作物减产, 利用抗高温基因进行耐热作物育种是重要方法。Li 等 (2015) 鉴定了非洲稻中一个主要抗高温的数量性状位点 *TT1*, 它编码一个参与泛素化蛋白降解的 26S 蛋白酶体 $\alpha 2$ 亚基。泛素化组学分析表明, *OsTT1* 通过更有效降解有毒变性蛋白以及维持高温应答过程, 进而保护植物细胞。在水稻进化过程中, *TT1* 变异受到气候温度的选择, 对当地气候环境适应性具有重要作用。研究人员发现, 过表达 *OsTT1* 能够显著提高水稻、拟南芥以及高羊茅的耐热性。

籼稻比粳稻具有更高的硝酸盐吸收活性, 但是活性的分子机制仍不清楚。Hu 等 (2015) 报道了一个硝酸盐转运蛋白基因 *NRT1.1B* (*OsNPF6.5*) 的变异会导致硝酸盐利用差异。系统进化分析揭示了籼稻和粳稻间 *NRT1.1B* 的差异。籼稻 *NRT1.1B* 的选择标记表明, 在水稻驯化过程中发生了硝酸盐利用的差异。利用近等基因系和转基因株系进行田间试验证实, 携带籼稻 *NRT1.1B* 等位基因的粳稻品种能够显著提高产量和硝酸盐利用效率。研究发现 *NRT1.1B* 基因的差异能够解释籼稻和粳稻之间硝酸盐利用的差异, 籼稻 *NRT1.1B* 能够潜在提高粳稻的硝酸盐利用效率 (NUE)。

株型是一个复杂的重要农艺性状, 决定谷物产量, 是水稻驯化和改良过程中人工选择的主要目标。Zhao 等 (2015) 报道了对水稻 *PAY1* 基因的遗传鉴定和功能分析, 它会影响水稻株型和产量。*PAY1* 过表达转基因植株每穗粒数是对照的 2 倍, 因而单株产量比对照高 38%。*PAY1* 通过影响生长素极性运输和改变内源吲哚-3-乙酸分布, 进而改善水稻株型。此外, 利用分子标记辅助背景选择, 与受体亲本相比, 将 *PAY1* 基因渗入水稻优良栽培种中后能够显著提高产量。研究表明, *PAY1* 是一个新的改良水稻理想株型以及培育高产品种的有利遗传资源。

作为危害性最大的病害之一, 纹枯病会造成水稻严重减产。Wang 等 (2015) 将 *OsPGIP1* 原核表达并纯化, 通过 Western 杂交进行验证。酶活性实验表明, *OsPGIP1* 会抑制纹枯病菌 PGase 的活性。田间试验接种纹枯病菌后发现转基因水稻对纹枯病的抗性

显著增强,而且转基因植株对纹枯病的抗性与体内 *OsPGIP1* 表达水平是一致的。该研究结果揭示了 *OsPGIP1* 的功能以及它对纹枯病抗性的机理,能加快抗纹枯病抗性育种。

Xiao 等 (2015) 利用耐冷性品种东乡野生稻为供体亲本,冷敏感籼稻品种为轮回亲本,构建了一个由 151 个 BC_2F_1 个体组成的定位群体。利用叶片渗透势 (LOP) 和植株存活率 (PSR) 作为耐冷指标在 2 号染色体长臂端检测到 2 个主效 QTL,进一步将 *qLOP2* 和 *qPSR2-1* 精细定位在 RM221-RS8 标记之间约 39.3kb 的范围内。该研究发现了一个新的提高水稻耐冷性的位点,为进一步解释植物耐冷性的分子机理提供了基础。

从野生稻中发掘抗病基因,将有利于培育抗病谱广且抗病能力强的水稻新品种。李定琴等 (2015) 通过抗性鉴定和 PCR 分析,检测云南野生稻中的抗白叶枯病基因。结果表明,云南野生稻对 2 个代表性白叶枯病菌 Y8 和 PXO99 具有不同程度抗性,疣粒野生稻甚至达到免疫程度。功能标记检测结果显示,元江普通野生稻含 *Xa23* 和 *Xa3/Xa26* 基因或其同源基因,景洪普通野生稻中含 *Xa1*、*Xa3/Xa26* 和 *Xa27* 基因或同源基因,药用野生稻含 *Xa3/Xa26* 基因或同源基因,而疣粒野生稻含有 *Xa27* 抗性基因。该研究结果为进一步发掘和克隆云南野生稻中的抗白叶枯病新基因提供了理论参考。

第二节 国外水稻品种资源研究进展

一、栽培稻的起源与驯化

为了研究亚洲栽培稻起源,Silva 等 (2015) 编制了一个广泛的考古学数据库,数据库考古学证据来自东亚、东南亚和南亚等 400 个地点。利用该数据集比较了栽培稻起源的一些模型并推测了栽培稻最有可能起源的区域和随后向外的传播。此外,研究人员也与其他源自遗传学、考古学和历史语言学文献中假想的地理起源做了比较,结果表明,与所有可用的考古学证据相符合的模型是一个双起源模型,有两个中心集中在长江中下游。

为了研究美国杂草稻的进化机制,Qi 等 (2015) 利用一个籼稻品种分别与美国当地发现的由两个独立种族进化而来的有代表性的杂草稻品种杂交构建了两套重组自交系群体 S 和 B,结合 SNP 遗传连锁图谱对杂草稻性状进行了 QTL 定位比较,并对候选基因进行测序发现,一些杂草稻性状如芒长、颖壳颜色和果皮颜色均受贡献率较大的单个位点控制。然而,一些复杂数量性状包括抽穗期、穗长和落粒性均由多个 QTL 控制,表明 S 和 B 群体之间或以往杂草稻的研究没有相同遗传基础。候选基因测序结果表明,定位到的 27 个 QTL 中有 8 个显示因果遗传基础。上述发现揭示,尽管水稻驯化过程中存在遗传瓶颈,但在这种作物中有丰富的遗传变异允许农业杂草通过多种遗传机制进化。

染色体片段置换系 (CSSLs) 是一种强大的工具,可用于 QTL 定位、分析基因间互

作和为图位克隆工程提供初始材料。Subudhi 等 (2015) 构建了覆盖全基因组的以栽培稻 Bengal 为背景、美国杂草稻 PSRR-1 为供体亲本的 CSSL 文库。大部分 CSSLs 携带杂草稻单个片段, 供体亲本基因组平均渗入片段 2.8%。研究人员对一些农艺性状和驯化性状进行了 QTL 定位, 并与包含相同杂草稻品种为亲本的 2 套重组自交系定位到的 QTL 进行了比较。结果发现, 主效 QTL 在 CSSL 和 RIL 间是一致的, 但新的和额外的 QTL 在 CSSL 群体中被检测到。3 个主效株高 QTL 在第 1、第 4 和第 8 染色体上在 CSSL 群体中被检测到, 但后 2 个 QTL 在 RIL 群体中未被检测到。研究人员认为, 杂草稻高水平的落粒性和种子休眠性可能是由于很多微效 QTLs 导致。该研究中鉴定到一些具有值得利用的农艺性状如长穗、长籽粒和高粒重的 CSSLs 可用于水稻育种。因为杂草稻是许多似杂草和农艺学特性的基因库, 该 CSSL 文库将作为有价值的资源用于发现潜在的遗传多样性来提高作物产量及通过克隆和鉴定基因解释植物驯化过程。

二、遗传多样性与遗传结构

遗传多样性是作物改良计划中变异的主要来源。Nachimuthu 等 (2015) 利用全基因组范围内的 61 对 SSR 分子标记评价了 192 份收集的水稻种质资源, 包括地方品种、改良品种和来自多样性起源中心的外来株系材料的遗传变异和群体结构。结果共检测到 205 个等位基因, PIC 值为 0.756。利用基于模型和基于距离的方法对种群结构进行分析, 发现这些种质资源可分为 2 个不同的亚种。研究人员基于上述群体结构和遗传相关性分析, 选择了 150 份水稻核心种质用于性状的关联分析。

Roy 等 (2015) 分析了印度东北部 107 份香稻地方品种的遗传多样性和群体结构, 结果显示, 40 个 SSR 标记共检测到 322 个等位基因, 平均每个位点检测到 8.03 个等位基因; 平均基因多样性为 0.67。群体结构分析显示, 印度东北部香稻可划分为 3 个遗传不同的种群: P1, 来自阿萨姆邦的 *joha* 水稻品种和来自米佐拉姆邦和锡金邦的 *tai* 水稻品种; P2, 来自曼尼普尔邦的 *chakhao* 水稻种质; P3, 来自那加兰邦的香稻品种。3 个种群之间成对遗传分化系数变化从 0.223 (P1 vs P2) 到 0.453 (P2 vs P3)。参照全球水稻品种分类, 籼粳两个亚种在印度东北部种质中被鉴定到。来自阿萨姆邦、曼尼普尔邦和锡金邦的香稻品种被划分为籼亚种, 而那加兰邦的水稻品种与粳亚种存在紧密关联。米佐拉姆邦的 *tai* 水稻品种和少数收集于曼尼普尔邦山区的 *chakhao* 水稻品种未能区分开。

Salgotra 等 (2015) 利用 40 对微卫星标记分析了 141 份收集于喜马拉雅山西北部不同地理来源的巴斯马蒂水稻品种的遗传多样性和群体结构。结果检测到 112 个等位基因, 最大和最小等位基因数分别为 5 个和 2 个。最大和最小信息量引物 RM206 和 RM213 的 PIC 值分别为 0.63 和 0.17。多数成对品种间的遗传相似系数介于 0.2~0.9, 所有可能组合的平均值为 0.6, 表明在所选择基因型中遗传多样性适中。基于遗传距离的聚类分析将所有基因型分为 4 个亚群, 而基于模型的聚类方法将所有基因型分为 5 个

亚群。该研究中不同的基因型和微卫星标记的多态性特征可用于未来分子育种计划中鉴定不同重要经济性状的数量性状位点。

三、资源鉴定与有利基因发掘

种子休眠的自然变异受到多个基因控制,在主要作物或者模式植物中作为数量性状位点进行了定位。Ye 等 (2015) 将控制水稻胚乳强制休眠 QTL-qSD1-2 定位在 20kb 的区域内,包含 *OsGA20ox2*,对于萌发具有加性效应。这个赤霉素 (GA) 合成基因自然发生或者诱导的功能缺失突变会增强种子休眠并导致株高变矮。研究人员认为 qSD1-2 通过 GA 调控的脱水作用机制控制主要休眠。水稻绿色革命基因 *OsGA20ox2* 等位基因分布与籼稻和粳稻亚种相关。但该研究没有提供证据表明原始籼稻和常规粳稻等位基因可能驯化相关位点在株高和种子休眠中的功能差异,因此这个农业重要基因的进化机制仍需要更广泛的讨论。

大部分重要农艺性状是由数量性状位点 (QTL) 决定的,包括对病原菌的抗性。对 QTL 控制抗病基因的鉴定,有助于培育高效持久的抗病品种。一些防卫应答基因已经作为 QTL 控制的抗病性种质资源,成功用于抵御一些水稻毁灭性病害。Tonnessen 等 (2015) 鉴定并分析了一个突变体株系,突变体中苯丙氨酸脱氨酶基因家族中的 *OsPAL4* 第二个外显子有 750 个碱基缺失。*OsPAL4* 与 2 号染色体上另外 3 个 *OsPAL* 基因成簇存在,共同形成水稻白叶枯病和纹枯病的抗性 QTL。*OsPAL4* 突变会增加 *OsPAL2* 的表达,而不连锁的 *OsPAL6* 的表达量则会降低。*OsPAL6* 位于一个水稻稻瘟病抗性 QTL 位点,在 *ospal4* 突变体中被下调,解释了突变体对稻瘟病菌更敏感。研究结果表明,*OsPAL4* 和 *OsPAL6* 是 QTL 控制抗性的关键基因,同时也是提高水稻广谱抗性的潜在育种靶标基因。

谷类作物中,稻谷的铁含量最少,生物学限制因素是水稻对铁毒性的耐受性。Ruenphayak 等 (2015) 利用反向和正向遗传筛选鉴定快中子辐射诱导的 4 500 株 M_1 株系对铁毒性的耐受性。在正向筛选中,基于幼苗对 300 毫克/千克铁的反应,筛选到 5 株高耐受性和 4 株高敏感型突变体。反向筛选基于 7 个铁稳态基因编码序列的多态性,通过变性高效液相色谱技术,揭示了 *OsFRO1* 的一种突变形式 *MuFRO1*。与野生型相比,*MuFRO1* 突变体在营养阶段对铁耐受,籽粒的铁含量增加 21%~30%。所有的 5 个对铁高耐受性的突变体与 *MuFRO1* 具有相同的单倍型,表明 *OsFRO1* 在水稻铁稳态中的重要作用。快中子辐射形成极度耐铁的突变体,能够忍受低地水稻生长环境中不同水平的铁毒性。反向和正向筛选得到的突变体表明 *OsFRO1* 在幼苗对铁毒性的耐受性中发挥重要作用。*MuFRO1* 突变体能够提高东南亚高铁土壤条件下水稻产量。

受全球气候变暖影响,热胁迫将成为未来水稻产量下降最重要的原因之一。在开花期,水稻小穗对热胁迫最敏感。早晨开花 (EMF) 性状通过避开白天开花时遭遇热胁迫,进而缓解开花时期热诱导的小穗不育。Hirabayashi 等 (2015) 构建了以籼稻为遗传

背景, 包含来自药用野生稻的 EMF 位点的近等基因系 (NILs)。在 3 号染色体上检测到一个控制开花时间 (FOT) 的稳定数量性状位点 (QTL)。将该 QTL 命名为 qEMF3, 它能够使温带气候日本种植的栽培稻南京 11 和热带气候菲律宾种植的栽培稻 IR64 的开花时间提前 1.5~2.0 小时。在温度升高的条件下, NILs 的早晨开花性状使植株到达导致小穗不育的温度临界值 35℃ 之前完全开花, 缓解热诱导的小穗不育。对热带和亚热带地区推广的栽培稻品种开花时间进行量化, 并没有发现任何检测的栽培稻含有 EMF 性状, 这表明 qEMF3 具有提高推广栽培稻品种 FOT 的潜力, 进而抵御未来气候变暖条件下开花时遭受的热胁迫。该研究第一次报道利用野生稻作为遗传资源, 通过分子辅助育种, 检测水稻的 EMF 性状。

气候变化对作物生产和粮食安全产生负面影响。理解耐热性的遗传机理并培育耐热品种对适应全球气候变暖十分重要。Ye 等 (2015) 在先前研究的基础上将一个在开花阶段遭受高温胁迫时影响水稻小穗育性的 QTL *qHTSF4.1* 定位到大约 1.2 Mb 范围内, 但是即使发展并扫描了 BC₅F₂ 大群体, 也没有鉴定到更进一步的重组。QTL 区域内的序列高度保守, 同一基因家族的大量基因成簇存在于这个区域内。在所有回交群体中, *qHTSF4.1* 均能够增加小穗育性。利用 24 个水稻品种对这个结果进行验证。在高温条件下, 大部分含有该 QTL 的水稻品种表现出一定程度的耐热性。在 IR64 较干净背景的 BC₅F₂ 群体中, *qHTSF4.1* 能够增加小穗约 15% 的育性。这可能是一个增强水稻开花阶段耐热性的重要资源。

参 考 文 献

- 邓宏中, 王彩红, 徐群, 等. 2015. 中国水稻地方品种与选育品种的遗传多样性比较分析[J]. 植物遗传资源学报, 16 (3): 433-442.
- 段世华, 郑卓, 颜红宇, 等. 2015. HL-CMS 基因 orfH79 在稻种资源中的遗传多态性研究[J]. 江西农业大学学报, 37 (1): 27-33.
- 方先文, 张云辉, 张所兵, 等. 2015. 抗黑条矮缩病水稻品种资源的筛选与鉴定[J]. 植物遗传资源学报, 16 (6): 1168-1171.
- 冯爱卿, 杨健源, 陈深, 等. 2015. 水稻资源对稻瘟病质量抗性 & 数量抗性评价[J]. 广东农业科学, 42 (12): 27-32.
- 胡标林, 李霞, 万勇, 等. 2015. 东乡野生稻 BILs 群体耐低氮性表型性状指标筛选及其综合评价[J]. 应用生态学报, 26 (8): 2346-2352.
- 黄永兰, 黎毛毛, 芦明, 等. 2015. 氮高效水稻种质资源筛选及相关特性分析[J]. 植物遗传资源学报, 16 (1): 87-93.
- 李定琴, 陈玲, 李维蛟, 等. 2015. 云南 3 种野生稻中抗白叶枯病基因的鉴定[J]. 作物学报, 41 (3): 386-393.
- 刘承晨, 赵富伟, 吴晓霞, 等. 2015. 云南哈尼梯田当前栽培水稻遗传多样性 & 群体结构分析[J]. 中国水稻科学, 29 (1): 28-34.