



2018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



2018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

2018 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, 2018. 10

ISBN 978-7-5116-3837-3

I. ①2… II. ①中… ②国… III. ①水稻-产业发展-研究报告-中国-2018
IV. ①F326.11

中国版本图书馆 CIP 数据核字 (2018) 第 192440 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 19
字 数 438 千字
版 次 2018 年 10 月第 1 版 2018 年 10 月第 1 次印刷
定 价 65.00 元



《2018 年中国水稻产业发展报告》 编委会

主 编 程式华

副主编 方福平

主要编写人员（以姓氏笔画为序）

于永红	万品俊	王 春	王 玲
王彩虹	方福平	冯 跃	冯金飞
朱智伟	庄杰云	江 帆	纪 龙
李凤博	杨仕华	张振华	陈中督
陈正行	陈 超	邵雅芳	周锡跃
庞乾林	胡慧英	钱 前	徐春春
黄世文	曹珍珍	章秀福	程式华
傅 强	鲁 英	褚 光	魏兴华

前 言

2017年，全国水稻种植面积45 264.0万亩，比2016年略减1.8万亩；亩产首次突破460千克，达到460.8千克，提高3.3千克；总产20 856.0万吨，增产148.8万吨，单产和总产齐创历史新高。在国家稻谷最低收购价格全面下调、国内稻谷库存充裕、国外低价大米继续大量进口等因素综合影响下，国内稻米市场走势平稳偏弱。据监测，2017年12月份，早籼稻、晚籼稻和粳稻的月平均收购价格分别为每50千克131.84元、137.39元和149.64元，其中早籼稻、晚籼稻收购价格同比上涨0.9%和0.1%，粳稻收购价格同比下跌1.2%。

2017年，世界稻谷产量7.17亿吨，比2016年增产180多万吨，增幅0.3%，再创历史新高。其中，亚洲的印度、中国、泰国、菲律宾、柬埔寨等水稻生产均有不同程度增产，非洲的喀麦隆水稻生产也实现历史性突破，南美洲的委内瑞拉水稻减产明显，美国水稻略有增产，欧洲地区水稻生产保持稳定。2017年，世界大米贸易量达到4 685万吨，比2016年增长15.9%；国际大米市场价格先涨后跌，全年大米平均价格为每吨379.8美元，比2016年上涨7.4%。

本年度报告的前五章，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、稻作营养、转基因生态、基因资源挖掘研究室组织撰写，第六章和第十章均由农业农村部稻米及制品质量监督检验测试中心组织撰写，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有限公司大米部、中国种子集团有限公司战略规划部、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，我们在此表示衷心感谢！

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

2018年6月

目 录

上篇 2017 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	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	27
第三章 水稻栽培技术研究动态	31
第一节 水稻高产优质栽培理论与技术	31
第二节 水稻机械化生产技术	33
第三节 水稻肥水管理技术	35
第四节 国外稻作技术研究进展	37
参考文献	38
第四章 水稻植保技术研究动态	41
第一节 国内水稻植保技术研究进展	41
第二节 国外水稻植保技术研究进展	53
参考文献	56
第五章 水稻基因组编辑技术研究动态	67
第一节 基因组编辑技术在水稻中的研究进展	67
第二节 基因组编辑技术在水稻基础研究及育种上的应用	74
参考文献	79

第六章 稻米品质与质量安全研究动态	84
第一节 国内稻米品质研究进展	84
第二节 国内稻米质量安全研究进展	88
第三节 国外稻米品质与质量安全研究进展	94
参考文献	99
第七章 稻谷产后加工与综合利用研究动态	104
第一节 国内稻谷产后加工与综合利用研究进展	104
第二节 国外稻谷产后加工与综合利用研究进展	120
参考文献	134
 下篇 2017 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	145
第一节 国内水稻生产概况	145
第二节 世界水稻生产概况	158
第九章 中国水稻种业发展动态	164
第一节 国内水稻种业发展环境	164
第二节 国内水稻种子生产动态	166
第三节 国内水稻种子市场动态	169
第四节 国内水稻种业企业发展动态	172
第十章 中国稻米质量发展动态	177
第一节 国内稻米质量情况	177
第二节 国内稻米品质发展趋势	185
第十一章 中国稻米市场与贸易动态	188
第一节 国内稻米市场与贸易概况	188
第二节 国际稻米市场与贸易概况	193
附表	200



上篇

2017 年

中国水稻科技进展动态

第一章 水稻品种资源研究动态

2017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。中国科学院地质与地球物理研究所吕厚远学科组与国内同行合作,揭示出距今约1万年前水稻在长江下游地区开始驯化,进一步确立了我国早期水稻驯化在世界农业起源中的重要地位。浙江大学联合中国水稻研究所研究揭示了水稻去驯化过程遗传变异及杂草稻对环境适应的进化机制,为杂草稻防治奠定了理论基础。中国科学院遗传与发育生物学研究所储成才研究组与丹麦哥本哈根大学、美国加州大学伯克利分校课题组合作,通过对已发表的大量野生稻和栽培稻基因组数据进行深入挖掘,发现野生稻基因组中有人工选择驯化的痕迹,证实有大量栽培稻基因流入野生稻群体。基因鉴定方面,四川农业大学陈学伟团队在 *Cell* 主刊发表了《一个转录因子的天然变异赋予水稻对稻瘟病的广谱抗性》的研究论文,为攻克稻瘟病构建了新路径。中国农业大学李自超团队在水稻孕穗期耐冷基因克隆与进化研究中取得新进展,发现编码作物中十分保守的蛋白激酶基因 *CTB4a*,能够提高水稻生殖生长期的耐冷性,在低温条件下保持较高花粉育性,从而提高结实率和产量。

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

稻作农业为中华文明的繁荣和发展提供了重要的物质和文化基础,关于水稻是何时、何地、在什么环境下开始驯化等问题历来是国际学术界关注的热点。中国科学院地质与地球物理研究所新生代地质与环境重点实验室吕厚远学科组与国内同行合作,利用植硅体¹⁴C测年和形态鉴定新方法,揭示出距今约1万年前水稻在长江下游地区开始驯化,进一步确立了我国早期水稻驯化在世界农业起源中的重要地位 (Zuo et al., 2017)。

普通野生稻 (*Oryza rufipogon*) 一直被认为是亚洲栽培稻的祖先,是水稻驯化研究的重要依据之一,也是水稻改良过程中的重要种质资源。如何更加有效地保护野生稻资源,并从中挖掘出一些重要基因资源历来是人们面对的重要科学问题。中国科学院遗传与发育生物学研究所储成才研究组和丹麦哥本哈根大学、美国加州大学伯克利分校课题组合作,通过对已发表的大量野生稻和栽培稻基因组数据的深入挖掘 (Wang et al., 2017),发现野生稻基因组中有着人工选择驯化的痕迹,从而巧妙地证实有大量栽培稻基因流入野生稻群体。研究证明当前的野生稻应被视为一个“杂种群”,而非一个独立物种,它通过广泛的基因流和栽培稻联系在一起,随着栽培稻共同演化。这一发现也告

减人们，实施更加科学的野生稻资源保护已经刻不容缓。

去驯化是一个普遍的演化现象，是指已经驯化的作物返回到其野生祖先类似的形态。杂草稻是一个剖析去驯化过程分子机制很好的模式植物。中国水稻研究所与浙江大学合作对中国四个代表性地区 155 份杂草稻和 76 份当地栽培稻种质基因组进行测序，平均覆盖度达到 18.2 倍，并进行了群体遗传学分析。Qiu 等（2017）研究发现，我国杂草稻均起源于栽培稻，但江苏、广东、辽宁和宁夏回族自治区（以下简称宁夏）杂草稻群体起源方式为独立去驯化起源。7 号染色体 6.0~6.4Mb 区间发现的决定水稻种皮颜色基因 *Rc* 和一串富集编码水稻过敏性蛋白的相关基因。该区域可能为水稻去驯化形成杂草稻起到重要作用。研究结果加深了对作物驯化和去驯化进化遗传机制的认识，对理解杂草稻环境适应机制、制定合理水稻栽培措施也具有重要的理论指导意义。

粒形大小是影响粮食产量最重要的因素之一，筛选大粒品种是植物驯化的主要目标，而非洲栽培稻籽粒通常比其祖先品种巴蒂野生稻小。Wu 等（2017）克隆了非洲稻 4 号染色体控制粒长的数量性状基因座 *GL4*，它能调控外颖和内颖纵向细胞的伸长。*GL4* 还能像其亚洲稻中的同系物 *SH4* 基因一样，调控种子落粒性。研究结果表明，*GL4* 基因中的单核苷酸多态性（SNP）突变，提前产生终止密码子，导致在非洲稻驯化中种子变小、种子不落粒。该研究结果使人们对非洲稻多样化的驯化有了更加深入的了解，也能够为增加谷物产量，从而满足西非粮食需求提供支持。

古稻实物遗存是探寻水稻起源驯化最直接的实物证据，也是古稻粒形分析的基础。公婷婷等（2017）通过对中国现已出土古稻实物遗存及其考古遗址进行归纳总结，并借助前人积累的古稻粒形基础数据，对中国现有不同时空分布的古稻粒形进行整合分析，探寻水稻驯化过程中古稻的粒形变化规律，以揭示中国水稻起源地及其传播方向。结果表明，距今 7 000 年左右，人类开始有意识地对水稻籽粒形状进行选择，且与粒长相比，粒宽可能更早引起先民注意；长江中下游是中国水稻的起源中心，水稻在该地区起源后，逐步向南北两个方向传播，因南北气候条件差异，促进了水稻的籼粳分化。

二、遗传多样性与遗传结构

曹应江等（2017）利用 47 个根据已报道的 QTL 位点或者已被精细定位或克隆的与水稻产量性状基因紧密连锁的产量位点标记，对来自中国、印度和越南等国家的 58 份水稻恢复系进行遗传多样性分析。结果表明，在中国恢复系和国外材料中，47 个产量位点标记中分别有 36 个和 47 个具有多态性，分别检测到 90 个和 131 个等位基因；聚类分析显示，参试资源聚为三大类群，中国资源多聚在第 I 类群的 1、2、3 亚群，越南资源多聚在第 I-4 亚群，孟加拉国资源多聚在第 III-3 亚群；由此表明，中国资源遗传基础较为狭窄，而其他国家的恢复系具有较远的亲缘关系。

刘丹等（2017）利用 88 对籼粳特异分子标记对从我国东北三省收集的 35 份杂草稻和 36 份栽培稻遗传基础及籼粳分化进行研究，结果共检测到 156 个等位基因。遗传多

样性分析表明,东北地区杂草稻多样性水平略高于当地栽培稻;遗传结构和聚类分析结果表明,东北地区杂草稻与栽培稻具有较近的亲缘关系,均存在一定程度的籼粳分化;进一步对籼粳血缘进行相对量化分析发现,东北三省籼型基因型频率变化趋势为:辽宁杂草稻(0.062) > 辽宁栽培稻(0.058) > 吉林栽培稻(0.048) > 黑龙江杂草稻(0.041) > 吉林杂草稻(0.024) > 黑龙江栽培稻(0.020)。

雷启义等(2017)利用8对AFLP引物对从黔东南侗族地区收集的95个香禾糯农家品种进行了遗传多样性分析,共检测到707个位点,其中多态性位点为619个,占87.55%,Shannon-Weiner多样性指数为0.3738,基因多样性指数为0.2446,遗传相似系数为0.7121~0.9958。研究结果表明,黔东南地区香禾糯农家品种遗传多样性总体水平较高,特别是传统耕作文化保护较好的侗寨内,其遗传背景差异较大。香禾糯种质资源的多样性形成,在很大程度上与黔东南地区复杂多变的自然环境有关,还与该地区少数民族的传统耕作制度和民族传统文化延续密切相关。

张云等(2017)利用58个SSR标记对26个中国水稻两用核不育系的遗传多样性进行分析,共检测到191个等位基因。Nei's遗传多样性指数变幅为0.0740~0.6716,Shannon信息指数在0.1630~1.2245,遗传相似系数变幅为0.470~0.970;在遗传相似系数0.470处将供试材料聚为籼型和粳型两类。该研究表明,中国水稻两用核不育系遗传基础狭窄,同源性较高;但粳型和籼型群系间在基因位点上具有较大的遗传差异,说明中国的两系杂交水稻骨干亲本的杂种优势利用仍有较大空间。

梁新霞等(2017)利用27对SSR标记对云南普通野生稻的2个自然群体进行遗传多样性和起源分析,结果发现我国其他省份材料与东南亚材料的遗传多样性较高,云南元江材料的遗传多样性最低。亲缘关系分析结果表明,云南元江材料与我国其他省份普通野生稻之间关系较近,云南景洪普通野生稻与缅甸的普通野生稻关系最近,且云南元江和景洪的普通野生稻遗传结构之间存在明显差异,说明云南普通野生稻属于中国与东南亚普通野生稻的过渡类型,为水稻起源地的“印度阿萨姆”学说提供了科学依据。

陈敬等(2017)利用47对SSR标记结合表型鉴定对长江上游138个水稻亲本进行了遗传多样性分析,结果共检测到94个等位基因,其中有效等位基因数67.05个,占71.33%,Nei's遗传多样性指数变幅为0~0.51,供试材料可分为恢复系类群和保持系类群,与生产上利用的保持系和恢复系高度一致。该研究表明,利用SSR标记能详细了解长江上游杂交水稻亲本遗传多样性信息,并有效区分恢复系和保持系。

苏龙等(2017)采用25对SSR标记对广西境内收集的1610份药用野生稻材料进行遗传多样性和聚类分析,共检测到等位变异181个,有效等位基因数Ae范围为1.0094~2.2674,期望杂合度He范围为0.0093~0.5591,Shannon多样性指数I在0.0393~0.9296。结果显示在12个药用野生稻地理居群中指数高的居群分布于梧州市和南宁市两地,因此确定了这两地为广西药用野生稻的遗传多样性中心。研究发现,在进行药用野生稻大居群聚类分析时,SSR引物适宜数量应多于21对,最低不得少于10对。

朱名海等 (2017) 采用 AFLP 标记对南繁核心和非核心区共 60 个稻瘟病菌菌株的遗传多样性和群体遗传结构进行了比较分析。聚类分析表明, 几乎所有菌株都聚在同一个谱系里, 且该谱系没有明显亚群; 群体遗传结构分析表明, 核心区群体的多态性位点百分率、Shannon 信息指数和基因流分别为 87.89%、0.273 8 和 4.289 7, 均高于非核心区群体的 81.37%、0.270 3 和 3.589 2; 而核心区群体的 Nei's 基因多样性指数和基因分化系数分别为 0.165 7 和 0.104 4, 低于非核心区群体的 0.166 2 和 0.122 3。这些结果表明, 核心区和非核心区菌株都存在丰富的遗传多样性, 不同群体间均存在较多的基因交流, 但遗传变异均主要来自群体内; 相比之下, 核心区菌株的遗传多样性和遗传分化程度较高。

李刚等 (2017) 利用 14 个稻瘟病抗性基因相关分子标记对江苏省 49 个水稻主导品种进行了基因型鉴定和遗传多样性分析。14 对引物共检测出 35 份等位变异, 多态性信息含量变幅为 0~0.537 5; 不同品种出现抗性基因的标记为 2~8 个, 39 个品种出现 5 个以上抗性基因标记 (占 79.6%)。聚类结果显示, 49 个品种被聚为 3 个大类, 但较分散, 表明种质资源交流频繁, 有利基因的共享率较高。

张优等 (2017) 对 2015 年采自东北水稻主产区的 132 株水稻纹枯病菌菌株进行了致病力测定和 SRAP 分析, 其中 112 株为多核菌株, 20 株为双核菌株。SRAP 聚类分析结果表明, 112 株多核菌株遗传相似性系数在 0.52~0.97, 在 78% 遗传相似水平下, 划分为 15 个群组; 20 株双核菌株的遗传相似性系数在 0.65~0.90, 在 80% 遗传相似水平下, 划分为 7 个群组, 群体遗传多样性较为丰富。选用辽星 1 号对所有菌株进行致病性测定, 结果 77.27% 的菌株具有强致病性, 8.33% 的菌株具有中等致病性, 14.39% 的菌株具有弱致病性。

三、资源筛选与有利基因发掘

四川农业大学陈学伟团队在世界顶级期刊 *Cell* 主刊发表了题为《一个转录因子的天然变异赋予水稻对稻瘟病的广谱抗性》的研究论文, Li 等 (2017) 通过大数据分析 with 遗传、生化、病理等实验方法和技术手段相结合, 发现了编码 C₂H₂ 类转录因子的基因 *Bsr-d1* 的启动子自然变异后对稻瘟病具有广谱持久的抗病性。该等位变异在提高抗病性的同时, 对产量性状和稻米品质没有明显影响, 因而具有十分重要的应用价值。该研究挖掘了对稻瘟病的新型广谱高抗的水稻遗传资源, 阐明了新型广谱持久抗病的分子机理。

Zhang 等 (2017b) 克隆了一个水稻孕穗期耐冷相关 QTL——CTB4a, 编码一个保守的富含亮氨酸重复序列受体样激酶。单倍型分析表明, 耐冷单倍型 Tej-Hap-KMXBG 是在温带粳稻驯化过程中在特定的低温环境中产生, 广西普通野生稻中含有部分功能 SNP。研究发现 CTB4a 与 AtpB 互作, 通过介导冷胁迫下 ATP 的含量提高植株应对低温的能力, 从而提高花粉育性, 增加结实率和产量。CTB4a 的克隆不但为水稻

耐冷理论研究积累经验和数据,而且为水稻耐冷品种选育提供线索,加速抗逆育种进程、改良低温等不利条件下水稻品种高产稳产性,对解决低温造成的粮食减产问题具有重要科学意义。

Zhang 等 (2017a) 以 432 份籼稻品种为材料,利用载有 5 291 个 SNP 标记的芯片,对籼稻发育期耐淹性状进行了全基因组关联分析,3 个性状共检测到 22 个显著性 SNP 位点,对关联信号最强的位点进行单倍型分析,发现存在一种单倍型与水稻耐淹表型显著相关。结合表达谱数据分析,发现 LOC_Os06g03520 在淹水条件下表达量升高 (约 507 倍),是最优候选基因。对随机抽取的 51 份籼稻品种进行测序分析,发现 hap. 2 与表型高度一致。该研究为分离水稻发芽期耐淹基因提供了基础,并为改良水稻发芽期耐淹特性提供了理论指导。

李旭升等 (2017) 利用 3 000 份重测序中的 1 217 份核心种质资源,通过病圃自然诱发鉴定和苗期人工接种鉴定,综合评价和筛选优异的稻瘟病抗源。自然诱发鉴定结果显示共筛选到 144 份抗苗瘟、叶瘟和穗瘟的抗病种质。选用稻瘟病综合抗性较好的 34 份材料以 30 个不同来源的稻瘟病菌株苗期接种,鉴定显示有 17 份材料的抗性频率 $\geq 70\%$ 、抗谱较广。结合病圃鉴定、人工接种鉴定和农艺性状考察,鉴定出 7 份稻瘟病抗性强、抗谱广且农艺性状较好的优异抗源材料 IRGA411-1-6-1F-A、YJ30、金早 47、泉珍 10 号、YN1353-3、云粳 23 和 IRAT1047,可作为抗源亲本用于稻瘟病抗性基因挖掘和品种抗稻瘟病性改良。

朱其松等 (2017) 建立了较完善的水稻黑条矮缩病毒田间循环体系,利用该体系对 108 份山东地方水稻种质资源、40 份山东自育水稻品种及 679 份引进水稻种质资源进行黑条矮缩病田间抗性鉴定,初步获得圣稻 17、圣稻 18、圣稻 22、临稻 21、阳光 800 等 5 份中抗自育品种及宁粳 6 号、Kanyakumari 29、Vietnam 160、Madurai 25、连粳 7 号等 6 份中抗引进种质资源。

陈灿等 (2017) 采用人工接种鉴定方法分别在苗期和孕穗期对广西野生稻进行稻瘟病混合菌株接种,调查不同野生稻材料对叶瘟和穗颈瘟的抗性级别,结果从普通野生稻中鉴定出抗叶瘟材料 188 份、抗穗颈瘟材料 9 份;从药用野生稻中鉴定出抗叶瘟材料 73 份、抗穗颈瘟材料 5 份;从普通野生稻和药用野生稻中分别鉴定出兼抗叶瘟和穗颈瘟材料 9 份和 4 份。研究表明,贵港和梧州等地是广西野生稻抗稻瘟病材料最多的地区。

孙爱伶等 (2017) 以 9311 为受体、普通野生稻为供体的染色体片段置换系群体为材料,在后熟不同时间检测群体种子休眠性,对种子休眠性进行 QTL 定位分析,共检测到 14 个 QTL,分布在 8 条染色体上。进一步利用家系 Q14 与 9311 的 F_2 群体验证了第 7 染色体标记 RM180 和 RM21323 之间存在的一个效应较大的 QTL $qSD-7-2$,该位点可解释 33.53% 的表型变异,表明该位点是一个控制普通野生稻种子休眠性的主效 QTL,且能稳定遗传。该研究为野生稻种子休眠基因的精细定位及克隆奠定了基础,也为培育强休眠性籼稻品种提供了育种材料。

洪登伟等 (2017) 以 1 100 份具有丰富遗传背景的水稻品系为试验材料,采用针刺

法进行多生育期、多个强致病力细菌性条斑病菌菌株重复接种抗性筛选鉴定。结果共初筛到 14 份抗病材料,复筛获得 9 份中抗以上的材料,其中 3 份材料(RL6、RL9 和 RL14)在水稻的 3 个生育期对多株水稻细条病菌菌株具有抗性,尤其 RL6 表现出对多菌株的广谱抗性,且抗性水平高;6 份材料在单个生育期对水稻细菌性条斑病具有抗性。该研究为培育水稻抗细菌性条斑病品种提供了优质抗源。

郭辉等(2017)利用人工气候箱对收集的广西野生稻资源进行苗期耐冷性鉴定,在桂北高寒山区自然低温条件下进行宿根期耐冷性评价。结果筛选苗期 1 级耐冷材料广西普通野生稻 20 份,广西药用野生稻 1 份,普通野生稻花培株系 92 份;宿根期 3 级耐冷材料广西普通野生稻 43 份,药用野生稻 2 份,普通野生稻花培株系 5 份;耐冷性较强的直立或半直立种质 8 份;研究发现来自桂北的野生稻苗期耐冷性最强,来自桂南的野生稻宿根期耐冷性表现最强。该研究筛选出的材料可用于耐冷性育种及抗逆机理研究。

秦钢等(2017)为获得抗白叶枯病兼抗细条病抗源,对 285 份水稻材料进行了人工接种鉴定和分子标记分析。结果表明,获得对强毒型白叶枯病 V 型表现为抗的材料有 9 份,中抗 7 份;对于细条病菌 JZ-8 菌株,高抗 2 份,抗 31 份,中抗 50 份;对于细条病菌 JZ-4 菌株,高抗 16 份,抗 68 份,中抗 100 份;对白叶枯病菌和至少一个以上细条病菌株抗性达到中抗以上水平的兼抗材料有 9 份。兼抗材料具有优良的农艺性状,其中 2 份材料含有兼抗基因 *xa5*,其他 7 份不含该基因,属于另一类兼抗性。

王会民等(2017)结合前人对东乡野生稻耐冷性定位结果,以东乡野生稻为供体亲本,协青早 B 为受体亲本,结合分子标记,回交构建近等基因系,再用耐冷近等基因系与协青早 B 杂交加自交获得 F_2 群体作为试验材料,对耐冷主效 QTL-*qCT10* 进行分离鉴定,将其界定在第 10 染色体上 InDel10-9 与 InDel10-22 标记间 224.5kb 范围内,是一个新主效耐冷 QTL。该研究结果有助于进一步探明东乡野生稻耐冷性遗传机制,为培育耐冷水稻品种打下基础。

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

Brozynska 等(2017)报道了两种澳大利亚野生 A 基因组生物类群即普通野生稻群体(简称 A 类群)和南方野生稻群体(简称 B 类群)的基因组草图。研究人员对这两种生物类群进行测序并组装整合了长短读数高通量测序数据,为更广泛的水稻基因库创建了基因组平台。研究人员分析了 A 基因组进化中的 4 643 个基因,结果表明,与驯化的栽培稻相比,澳大利亚一年生南方野生稻和相关的多年生类群基因组序列的差异最大(约 300 万年)。混合检验显示了可能渗入澳大利亚 A 类群尤其是来自亚洲尼瓦拉野生稻或籼稻分支大约在 160 万年前出现了分化。这些结果证明,澳大利亚北部可能是稻属 A 基因组的多样性中心,并暗示这里也可能是稻属 A 基因组的起源中心,而且代表了一

种重要的水稻改良资源。

减少种子落粒性是作物驯化的一个重要步骤。亚洲栽培稻和非洲栽培稻是分别独立起源于亚洲普通野生稻和非洲野生稻的两个栽培稻种。*c* 基因的单核苷酸多态性导致了亚洲栽培稻的非落粒性，但是非洲栽培稻非落粒性的遗传机制尚不清楚。Win 等 (2017) 采用关联分析方法分析了 *SH3/SH4* 在 AA 基因组水稻中的编码序列，同时在亚洲栽培稻遗传背景下利用图位克隆方法证明突变引起了非落粒性。研究人员发现非洲栽培稻种子落粒性是由于单个 SNP 缺失造成了缩短的 *SH3/SH4* 蛋白。该 SNP 的鉴定为作物落粒性的分子基础提供了新的见解，同时也可能促进对非洲水稻驯化历史的调查。

杂草稻与栽培稻是同一物种，也是一种侵染全球水稻的有害杂草。其形成和群体选择性或者适应性特征目前知之甚少。He 等 (2017) 用 30 份杂草稻、30 份地方种和 10 份野生稻样本的整个基因组数据调查了韩国杂草稻的系统发育、群体结构和选择性特征。系统发育树和祖先推理研究结果显示，韩国杂草稻的遗传距离与野生稻较远，与栽培稻接近。此外，537 个基因显示出与一些适应性性状近代的正向或双向选择相一致。该研究表明，韩国杂草稻起源于现代籼稻/粳稻或者粳稻/粳稻的杂交而非野生稻。此外，杂草稻尽管是水稻田中的一种有害杂草，但是同时含有许多未开发的性状或者单倍型，可能是一种改善栽培稻的有利遗传资源。

一些有助于栽培稻驯化性状的基因已经被鉴定。这些基因包括落粒性基因 *Sh4*、红色果皮基因 *Rc*、匍匐生长基因 *PROG1*、刺芒基因 *LABA1*。这些基因突变产生的驯化等位基因，或在栽培稻中是不变的，或是与表型性状严格相关变化的。这种观察形成了当前水稻驯化的基础为驯化表型设想单一起源的模型。这样的模型假定驯化等位基因在野生稻中不存在或者罕见，在栽培下出现并通过杂交渐渗传遍到所有水稻群组。Civan 等 (2017) 通过野生稻和栽培稻的全基因组测序数据检验了之前的两种设想，发现 *rc* 和 *laba1* 等位基因在野生稻中有广泛的地理分布，频率分别高达 13%~15%。这些结果与之前在野生稻群体中观察 *prog1* 和 *sh4* 驯化等位基因的结果是一致的。

二、遗传多样性与遗传结构

Sahu 等 (2017) 利用 42 个多态性 InDel 标记，基于 “InDel 分子指数” 将印度恰蒂斯加尔邦地区的 188 份水稻地方品种和两个当地品种区分为籼稻和粳稻基因型。研究表明，104 份水稻地方种和 3 个测试籼稻品种 Swarna、Mahamaya 和 Rajeshwari 具有籼型遗传结构，另有 60 份地方种被归为接近籼稻类型。研究发现 Kalajeera、Kapri、Tulsimala 三个水稻地方种接近粳稻类型，21 份地方种为中间类型。STRUCTURE、AMOVA、PCA 和聚类分析结果进一步验证了 “InDel 分子指数” 计算结果。研究表明，可以根据消费者和大米贸易商的需求，利用当地适应的地方品种中的这种显著的遗传分化来开发更高产和株型更好的粳稻类型。

Muhamad 等 (2017) 采用基于 SNP 和 SSR 标记的邻接法分析了印度尼西亚栽培稻和普通野生稻的遗传结构, 结果表明印度尼西亚栽培稻与普通野生稻独立分开。该研究中栽培稻品种分为籼稻和热带粳稻两大类。SSR 和 SNP 标记显示籼稻和热带粳稻之间存在高分化值和遗传距离, 研究还发现 4 个 SNP 标记和 1 个 SSR 标记在籼稻和热带粳稻分化中起作用。有趣的是, 研究发现普通野生稻的遗传多样性指数 (H) 比栽培稻低, 但当栽培稻被分为两类时, 普通野生稻的 H 是最高的, 热带粳稻的 H 是最低的。近亲交配系数 (F_{st}) 证据表明, 种间和种内的基因流可能是其中一种印度尼西亚水稻种质资源在种内和栽培稻种间通过非对称模式多样化和分化的机制。

Wang 等 (2017) 按照双亲分离群体 QTL 定位的方法, 采用亚群特异全基因组关联分析方法对两种不同的种质资源在两个关键的发育时间点绘制了水稻茎非结构性碳水化合物 (NSC) 的遗传结构蓝图。共鉴定到 26 个 QTL, 其中 3 个在多环境下能检测到分别与成熟期淀粉, 成熟期蔗糖和抽穗期 NSC 相关。他们标记 *OsH XK6* (水稻己糖激酶), *ISA2* (异淀粉酶) 和一系列串联的糖转运蛋白。该研究为更深入的分子调查验证潜在的水稻茎 NSC 候选基因提供了基础, 并在未来其他农艺草地物种的比较研究中至关重要。

三、资源鉴定与有利基因发掘

Pb1 被分类为数量抗稻瘟病基因, 不具有真菌特异性。Pb1 介导的抗性在生育后期发展。然而, 一些栽培品种, 如 Kanto209 (K209)、Satojiman, 尽管有 Pb1, 但在生殖生长期不会对稻瘟病产生抗性。Inoue 等 (2017) 在 K209 全抽穗期接种稻瘟病菌后, 发现 Pb1 下游 WRKY45 基因的表达受到弱诱导。使用 K209 与 Koshihikari Aichi SBL 杂交的 Golden Gate SNP 芯片遗传分析发现, 在水稻基因组中至少有 4 个与抗性相关的区域。第 7 染色体相关 QTL 定位验证了在水稻基因组 22~23Mbp 区域 Pb1 抗性的存在。该研究为更有效地利用 Pb1 介导的抗性创建了一条选择最优的 QTL 路径。

Jena 等 (2017) 通过分子标记辅助选择方法构建了以感病籼稻品种 IR24 为遗传背景的一套包含 25 个近等基因系携带 9 个单抗基因和 16 个多抗基因聚合系。研究人员利用每个抗性基因的连锁 DNA 标记对褐飞虱抗性基因的渗入区域进行了前景选择和确认。研究发现, 与携带单个抗性基因的近等基因系相比, 携带 2~3 个聚合基因的近等基因系显示出更强的抗性水平。利用高密度 SNP 标记的背景基因型检测发现, BC_3F_5 近等基因系最多可恢复 IR24 基因组的 82.0%~94.2%。近等基因系 6 个主要农艺性状数据可与 IR24 相比。这些新构建的近等基因系对于褐飞虱抗性育种将是新的遗传资源, 而且对于监控不同国家水稻种植过程中新出现的褐飞虱生物型方面也是有价值的基因资源。

Lee 等 (2017) 采用双亲分离群体 QTL 定位和全基因组关联分析方法分析了锌胁迫 QTL 位点和候选基因。两种方法在第 3、第 6 和第 12 染色体上共检测到 3 个锌胁迫 QTL, 另外关联分析在第 1 和第 9 染色体上检测到两个强效应的新的 QTL 位点。研究