2010年江西省水稻产业技术发展报告

2010NIAN JIANGXISHENG SHUIDAO CHANYE JISHU FAZHAN BAOGAO

主编：陈大洲

江西省农业科学院水稻研究所
国家水稻改良中心南昌分中心
江西省水稻区域创新中心
江西省农业科学院植保研究所
江西省农业科学院农业工程研究所
江西省农业经济研究所
国家水稻产业技术体系南昌综合试验站

江西科学技术出版社

2010年江西省水稻产业技术发展报告

顾　　问：颜龙安

编辑委员会：

主　任：杨兰根

副主任：谢金水

委　员：陈光宇　李　宁　余传元
廖元柱　乐美旺　刘光荣
叶厚专　李湘民

主　　编：陈大洲

副 主 编：刘光荣　叶厚专　李湘民
邓仁根

编 写 人 员：（按姓氏笔画排名）
万建林　束爱萍　沈显华
周开洪　廖家槐　黎毛毛

江西科学技术出版社

图书在版编目(CIP)数据

2010年江西省水稻产业技术发展报告/陈大洲主编. -南昌:江西科学技术出版社,2011.2
ISBN 978-7-5390-3853-7
Ⅰ.①2… Ⅱ.①陈… Ⅲ.①水稻-作物经济-经济发展-研究报告-江西省-2010 Ⅳ.①F326.11
中国版本图书馆CIP数据核字(2011)第004882号

国际互联网(Internet)地址:
http://www.jxkjcbs.com
选题序号:**ZK**2010580
图书代码:**X**10052-101

2010年江西省水稻产业技术发展报告 陈大洲主编

出版发行	江西科学技术出版社
社址	南昌市蓼洲街2号附1号
	邮编:330009 电话:(0791)6623491 6639342(传真)
印刷	江西省政府印刷厂
经销	各地新华书店
开本	787mm×1092mm 1/16
字数	100千字
印张	8
版次	2010年12月第1版 2010年12月第1次印刷
书号	ISBN 978-7-5390-3853-7
定价	14.00元

赣版权登字-03-2011-1
版权所有,侵权必究
(赣科版图书凡属印装错误,可向承印厂调换)

前　言

2010年，江西省气候异常，自然灾害频发、重发，给全省水稻生产造成严重威胁。在省委、省政府的坚强领导下，江西省的水稻生产最大限度地减轻了灾害损失。全省水稻科技工作者全力抓好稻田田间管理各项技术措施的落实，努力提高水稻单产水平，夺取全年水稻好收成，为实现连续7年水稻丰收提供了强有力的技术支撑。

本报告是在2009年江西省水稻产业技术发展报告的基础上，开展广泛调查研究和查阅国内外相关文献资料，认真回顾、总结和科学客观地评价水稻学科2010年的重要新进展和新成果；重点阐述了水稻学科在水稻品种资源研究、育种研究、高产栽培技术研究、植保技术研究和机械化技术研究等方面取得的新进展，以及在促进江西省水稻增产和农民增收等方面的贡献；分析了水稻学科发展现状、动态和趋势；江西省经济社会发展对水稻发展的战略需求，提出了明年水稻生产发展的建议。

2010年12月

目　录

第一章　水稻种质资源创新与利用研究动态 …… 1
第一节　水稻种质资源创新与利用研究进展 …… 1
第二节　水稻优异种质资源的发掘与利用研究进展 …… 3
第三节　水稻优异性状的遗传及基因定位与克隆研究进展 …… 9

第二章　水稻育种研究动态 …… 14
第一节　超级稻育种 …… 15
第二节　杂交水稻育种 …… 19
第三节　优质稻育种 …… 22
第四节　水稻转基因育种 …… 26
第五节　水稻分子育种 …… 30

第三章　水稻丰产栽培技术研究与应用 …… 34
第一节　我国水稻丰产栽培技术研究与应用 …… 34
第二节　江西水稻丰产栽培技术研究与应用 …… 38
第三节　江西水稻丰产存在的问题及建议 …… 40

第四章　水稻植保技术研究动态 …… 42
第一节　水稻重要病虫害及在江西的发生 …… 43
第二节　江西省水稻主要病虫害综合防治技术 …… 48
第三节　江西省水稻病虫害综合防治的发展方向 …… 52

第五章　水稻机械化生产技术研究动态 …… 55
第一节　机械化育插秧技术动态 …… 56
第二节　机械化直播技术动态 …… 61
第三节　机械化抛秧技术动态 …… 62
第四节　水稻收获机械化技术发展动态 …… 63
第五节　稻谷烘干机械应用与发展动态 …… 65
第六节　稻米加工技术发展动态 …… 65

此为试读，需要完整PDF请访问：www.ertongbook.com

第六章　江西省水稻生产影响因素分析 …… 71
第一节　研究背景 …… 71
第二节　数据描述与计量模型 …… 72
第三节　结果与讨论 …… 74
第四节　结论与建议 …… 77

参考文献 …… 79

附　录 …… 91
附录 1　农业部超级稻品种确认办法 …… 91
附录 2　农业部认定的超级稻品种(2005~2010 年) …… 96
附录 3　江西省水稻品种权授权情况(2003~2010 年) …… 100
附录 4　2007~2010 年江西省审定的水稻品种 …… 102
附录 5　双季稻清洁生产技术规程 …… 116

第一章　水稻种质资源创新与利用研究动态

[摘要] 水稻是我国最重要的粮食作物。中国稻区辽阔，从南到北跨越热带、亚热带、暖温带、中温带和寒温带；稻作类型丰富，常规稻、杂交稻、籼稻、粳稻，灌溉稻、陆稻并存。我国水稻生产具有广泛的地域性和复杂的生态性，易遭受各种病虫害、草害、低温、高温、干旱、盐碱等生物和非生物胁迫的影响。因此，需要不同类型的遗传多样性、良好病虫抗性和广泛适应性的优良品种。近年来，农业生态环境的变化、人们生活水平的提高和社会消费需求日趋多样化，给水稻育种研究和生产不断提出了新的要求。水稻品种资源是水稻育种的基础，也是水稻育种的关键所在；国际上以“品种战、种子战、基因战”为焦点的种业竞争不断加剧，植物品种知识产权保护进一步强化，水稻种质资源的基础性、战略性地位日益凸现。因此，在大量收集和保存稻种资源的基础上，加强稻种资源的收集、保存（护）与评价等工作，开展种质资源创新与利用研究，挖掘具有重要应用价值的新种质、新基因，将对水稻育种、生产及可持续发展，保障粮食安全具有重要的科学和实践意义。

第一节　水稻种质资源创新与利用研究进展

辜琼瑶等（2007）研究认为，云南品种的软米基因是由 1 对隐性基因控制，控制软米基因与 *Wx* 基因等位。BAI 等（2009）研究表明，非香型水稻的遗传多样性比香型水稻更为丰富。李存龙等（2008）研究认为，培育品质优异且产量高的杂交稻，应积极开展云南香型软米杂种优势利用，充分挖掘云南香型软米水稻资源；软米和香味性状是由隐性基因控制，配组双亲必须具有香味和软米性状，控制香味性状的基因必须等位；云南香型软米类型多样，以其创建杂交稻亲本时，

须弄清其遗传背景，选择遗传简单并且等位的单隐性香味基因控制的香型软米水稻资源作香味基因供体。

稻谷在贮藏期间会发生陈化变质现象，造成稻谷的食用品质、营养价值下降；粮食部门主要采用气控、温调以及使用药剂来延缓稻谷的陈化及食用品质的劣变。前人研究表明，种子的脂肪氧化酶、谷壳的抗氧化防御体系、淀粉构成类型、休眠特性和不同的生理、生态类型，以及一些特殊性状如巨胚、甜胚乳、种皮颜色，都会影响种子的耐储藏特性。方康书等(2000)研究表明，耐藏性以恢复系种子最好，杂交种子中以籼型杂交稻种子耐藏性最差。沈圣泉(2005)、柳武革(2005)、任淦(2005)等分析表明，水稻耐储藏特性是受多基因控制的数量性状，且在不同老化程度时，所起作用的基因有所不同。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号和油籼两份耐贮藏的优良种质资源，试验结果表明，水稻自然老化和人工加速老化是受不同或不完全相同基因控制的两个不同性状。江铃等(2007)研究表明，W017能保持较高发芽率、品质变劣速度缓慢的原因之一，在于其种子能保持较高的淀粉酶活性水平。林玲娜等(2007)研究认为，不同水稻品种脂肪酸含量随贮藏时间的延长增加明显，但不同品种间存在显著的差异；早、中、晚季品种贮藏18个月脂肪酸平均值从大到小依次为：早稻＞晚稻＞中稻；筛选出长谷早占、早占316、1I优251等较耐贮藏的水稻品种。

水稻种子中的蛋白质含量为5%～12%，这在禾本科作物中为最少。依据蛋白质的溶解特性，水稻种子贮藏蛋白可分为4种：溶于水的清蛋白，溶于稀盐溶液的球蛋白，溶于醇溶液的醇溶蛋白和溶于稀酸或稀碱溶液的谷蛋白；其中谷蛋白是水稻种子最主要的贮藏蛋白，大约占总蛋白质的80%。富含谷蛋白的PBII易被人体胃蛋白酶消化，并且易于被人体吸收，食用谷蛋白含量较高的大米会加重肾脏病人的肾脏负担。近年来，随着肾脏病患者和并发肾脏机能损害的糖尿病患者人数的不断增加，低谷蛋白含量食品的市场需求越来越大，培育低谷蛋白含量的品种已成为了水稻育种的一个热点。目前，低

谷蛋白含量水稻种子的选育大多是通过转基因或人工诱变的方法得以实现的,但通过这些方法获得的低谷蛋白水稻品种在实际应用中存在一定的局限性。为此,人们开展了自然条件下形成的低谷蛋白突变体的筛选。江绍玫等(2003)通过对国内外水稻品种种子的全蛋白分析,筛选到W3660、W204及W379 3个自然品种。王艳平等(2008)利用3000份供试材料经考马斯亮蓝G-250法测定,从中选出了73份谷蛋白含量较低的材料。将这些材料和低谷蛋白含量对照品种一起再用考马斯亮蓝G-250法测定其谷蛋白含量,从中选出了花壳糯、晚黄籼、洋粳、三红籼、冷水糯、迟白谷、长毛谷、一柱香、41220、细老鼠牙等10份谷蛋白含量与对照近似的材料。田孟祥等(2010)为提高低谷蛋白基因Lgc1分子标记辅助选择的准确性,根据其突变体在两个谷蛋白基因*GluB4*和*GluB5*间的碱基缺失,设计出了Lgcl基因的插入缺失标记InDel-Lgcl-A和InDel-Lgel-B。利用InDel标记对W3660(Lgcl低谷蛋白品种1/南粳46(谷蛋白正常品种)的F_2分离群体和13份水稻品种进行检测验证。依据其PCR扩增产物的电泳带型,可准确地区分出低谷蛋白纯合基因、谷蛋白正常纯合基因和杂合基因型3种带型,且3种带型与其植株或品种相应的蛋白性状表现完全一致,表明这两对InDel标记可用于Lgcl低谷蛋白基因资源的鉴定以及分子辅助育种。

江西省农业科学院水稻所利用东乡野生稻的野败恢复基因转移到栽培稻中,已筛选出强优势组合,2010年参加了晚稻江西省预试。利用与东乡野生稻03B保持系杂交、回交后代,选育成了野败型恢复系(R7329)。

第二节　水稻优异种质资源的发掘与利用研究进展

新中国成立以来,我国通过各种途径引进国外水稻种质,其中9963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应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66700公顷和在6670~66700公顷之

间的国外常规品种数分别为 22 个和 81 个，具有国外胞质雄性不育和/或国外强恢复系血缘、年种植面积超过 40 万公顷的杂交水稻组合 33 个，一大批国外引进种质已成为不同时期我国高产、优质和多抗水稻育种的骨干亲本。据不完全统计，60 年来，因直接和间接利用国外引入水稻种质而增产的稻谷超过 773 亿公斤，产生了巨大的经济效益和社会效益。因此，加强国外水稻种质资源的引入，对于丰富我国稻种资源宝库，增加遗传多样性，防止遗传脆弱性，保证我国粮食安全意义重大。

杂草稻已在很多国家被发现，在国内也在很多地方出现，给水稻生产造成了严重危害。关于它的起源之谜，国内外众说纷纭。胡子诚等(2010) 分析表明，杂草稻的形态特征和生理特性在很多方面与“西北粳”相似，例如落粒性强、米红色、具有较强的耐低温发芽特性、幼苗生长旺盛等等; 但也有不同之处，即杂草稻颖壳深棕色，千粒重较低，耐肥性和抗病性较强; 分析认为杂草稻很可能是由“西北粳”和现代改良粳稻品种杂交，其后代经过自然选择和人工选择而成。

随着工业化进程的加剧，人类大量使用氯氟烃等化学物质引起了臭氧层的衰减，从而导致到达地球表面的有害紫外线辐射，特别是紫外线 - B(UV - B，280 ~ 320 纳米) 辐射大为增强，严重威胁着地球的生态平衡，这已成为全球性的重大问题。UV - B 辐射增强对植物影响极为广泛，如严重影响植物生长发育、形态结构、生理生化过程和基因表达等，最终影响产量与品质。曾正明等(2009) 以紫外线 - B 辐射增强下稻谷产量的变化作为指标，对参试材料进行了耐紫外线能力的鉴定，从 100 份材料中筛选出 IR78545 - 57 - 2 - 1 - 3、IR73688 - 82 - 3、金 23B、Tetep、Kurukaruppa 等 5 份耐紫外线 - B 的材料。

王奉斌等(2009) 在 3、6、9、12 和 l5g/L 等 5 个 NaC1 单盐浓度下，对 40 份新疆引进或自育的水稻种质资源研究表明，发芽率、芽长、根长、根数均随盐浓度升高呈下降趋势，高浓度盐溶液显著抑制水稻种子的发芽率，延迟种子发芽时间，抑制生育进程，但材料间有较大差异; 筛选出芽期极端耐盐品种 6 份。孙海波等(2008) 对 3 个水稻与

旱稻杂交组合 F_1 代进行花药培养，结合田间水、旱处理，筛选抗旱性强的水稻种质资源。3 个组合共获得 108 份花培材料，对其中 68 份进行抗旱性鉴定，45 份表现抗旱，抗旱植株获得率为 66.18%。其中，抗旱性级别为 1 级、3 级、5 级，分别为 4.41%、17.65%、44.12%，这些材料将为抗旱育种拓宽种质资源。

魏海燕等(2010) 研究结果表明，齐穗后的不同时期，氮高效基因型水稻的超氧化物歧化酶(SOD)、过氧化物酶(POD) 和过氧化氢酶(CAT) 活性均显著高于氮低效基因型，而膜脂过氧化产物丙二醛(MDA) 的含量却显著低于氮低效基因型水稻。与氮低效基因型相比，氮高效基因型水稻生育后期剑叶中用于清除活性氧自由基的 SOD、POD、CAT 活性较高，能有效阻止高浓度氧的积累和膜脂过氧化作用，降低 MDA 的含量，因而降低叶片的衰老进程，在维持较长光合功能期的同时能增强物质积累，促进植株对氮肥的吸收和利用。程建峰等(2010) 研究表明，水稻氮吸收效率(NAE) 随氮水平增加先升后降，以中氮(0.177 克/公斤，以纯氮计) 为最高；水稻氮利用效率(NUE) 和氮收获指数(NHI) 随氮水平增加而下降。水稻 NAE 随生育期推进而上升，水稻 NUE 的大小则为拔节期 > 抽穗期 > 成熟期 > 孕穗期。基因型和氮水平对水稻 NAE、NUE 和 NHI 的影响达极显著水平，以氮水平影响最大，基因型次之。基因型 × 氮水平互作对 NAE 和 NUE 的影响达极显著水平，而对 NHI 无显著影响。NAE 和 NUE 的基因型差异均以拔节期最大，这一时期为水稻高 NAE 和 NUE 基因型鉴定与筛选的最佳时期。

以农垦 58S 为代表的光温敏雄性核不育水稻，在适宜水稻生长的季节中，育性随光温条件的季节变化，顺次表现为可育—不育—可育的育性变化规律，具有长光高温或高温条件下不育、短光低温或低温条件下可育的育性表现特点。黎世龄等(2006) 发现和研究了与农垦 58S 相反、与 IVA 等不同的另一类光温敏雄性核不育水稻，其育性随光温条件的季节变化，顺次表现为不育—可育—不育的育性变化规律，具有短光条件下不育、长光条件下可育的育性表现特点，称之为

此为试读，需要完整PDF请访问：www.ertongbook.com

短光敏雄性核不育水稻。从籼稻 B3 与红粳配组的 F_1 代异地结实率差异发现了水稻短光敏雄性不育现象;利用异地异季光温条件及人工控光选择,从杂种分离群体中定向选择育成短光敏雄性不育系宜 DS1;以宜 DS1 为基因供体与紫圭杂交转育,育成籼型短光敏雄性不育系 D38S。研究表明,宜 DS1 和 D38S 具有短光不育、长光可育的育性转换特性,在 23 ~28℃的光敏温度范围内,短于 13 小时的光照诱导不育,长于 13.5 小时的光照诱导可育,光长主导育性转换。

王士梅等(2010)以广占 63S 为母本,与含苯达松敏感基因的农林 8 号为父本进行杂交回交,育成含苯达松敏感基因籼型光温敏核不育系绿敏 S。该不育系表型与广占 63 相似,但对苯达松敏感,故其种子纯度较易保证。

水稻白叶枯病和褐飞虱是水稻的主要病虫害,利用优良的抗性基因培育抗性基因聚合系,对于防治稻白叶枯病和稻褐飞虱具有重要意义。阳海宁等(2010)通过回交与分子标记辅助选择相结合的方法,将水稻抗白叶枯病基因 *Xa*23 和抗褐飞虱基因 *Bph*3 分别导入主栽杂交水稻品种的保持系先 B、天 B、盟 B、龙特甫 B 和桂 B 中,获得了稳定的单抗性基因导入系 l436 份和双抗性基因聚合系 144 份。人工接种鉴定结果显示,*Xa*23 导入系和 *Xa*23*Bph*3 聚合系对抗稻白叶枯水平达到中抗和接近高抗的水平(1.1 ~3.0 级),*Bph*3 导入系和 *Xa*23*Bph*3 聚合系抗褐飞虱水平达中抗到抗的级别(3.2 ~4.0 级)。农艺性状分析显示多数抗性基因聚合系的株高、剑叶长宽度、每穗粒数、结实率、千粒重等主要农艺性状与受体差异不显著,只有少数聚合系有 l ~2 个性状的差异。SSR 标记分析表明,抗性基因聚合系的遗传背景回复率达 89.6% ~97.8%,等位性位点纯合度达 95.6% ~99.9%。成功地获得抗稻白叶枯病和稻褐飞虱基因的聚合系,这些抗性改良保持系具有良好的应用前景,并为建立完善的分子设计育种平台提供了重要育种材料基础。2009 年年底,中国科学家在水稻稻飞虱抗性研究方面取得了令人瞩目的突破。由武汉大学何光存教授领导的课题组和国内外多位科学家合作,经过十多年不懈的研究,先后在 NAs 和 Proteomics 发表文章,宣布克隆了水稻抗褐飞虱基因

h14，初步阐述了其介导的抗性机理，并从蛋白质组学水平对稻飞虱抗性机理进行分析研究(Du B et al，2009； Wei Z et al，2009) 。高利军等(2010) 利用 71 个广西地方菌株检测地谷对稻瘟病菌的抗性，并利用地谷中 *Pi* – *d*2 基因与广恢 998 等位基因在基因组序列上一个碱基的差异，设计出以抗病基因本身序列为引物的基因标签 M – Pid2，通过分析地谷与广恢 998 的 F_2 群体的基因型与对稻瘟病抗感分离的吻合度来验证该标签的准确性，用 M – Pid2 扩增 62 份水稻种质验证该标签的特异性。结果表明，地谷能抗 71 个地方稻瘟病菌株中的 59 个菌株，抗性频率达 83.1%。用 M – Pid2 扩增地谷与广恢 998 的 F_2 群体的基因型与其对稻瘟病的抗感分离完全吻合；用 M – Pid2 扩增 62 份水稻种质，仅在地谷中扩增出 629bp 特异条带。从而确认抗稻瘟病基因 *Pi* – *d*2 为地谷的主效抗稻瘟病基因，且在广西有育种利用价值；标记 M – Pid2 能准确用于抗稻瘟病基因 *Pi* – *d*2 的辅助选择。*Xa*14 是一个高抗菲律宾白叶枯病生理小种 5 的显性基因，位于水稻第 4 染色体长臂末端。鲍思元等(2010) 利用 775 株 IRBB14/IR24 F_2 群体中的 145 株高感群体，将基因 *Xal*4 限定在 SSR 标记 HZR970 – 8 和 HZR988 – 1 之间，与两个分子标记的距离各为0.34厘米，并找到了在该群体中与基因共分离的 HZR645 – 4、HZR669 – 2、HZR669 – 5 和 HZR669 – 7 四个 SSR 标记。利用 763 株 IRBB14/珍珠矮 F_2 中 158 株高感群体，将基因 *Xa*14 限定在分子标记 HZR648 – 5 与 RM280 之间的区段，找到与基因紧密连锁的 SSR 标记 HZR648 – 5，与基因的距离为 1.90 厘米。将两个 F_2 群体的定位结果进行整合，表明 Xal4 位于分子标记 HZR970 – 8 和 HZR988 – 1 之间的 3 个 BAC 克隆上，并与这两个标记紧密连锁。CHEN 等(2010) 研究表明，转 *Pi* – *d*2 基因水稻的 9 个高代株系对来自四川的 39 个稻瘟病菌株表现不同的抗性，抗病频率最高达 91.7%；4 个转基因早代纯合株系对来自中国农业科学院的 58 个菌株中的 81.48% 以上菌株表现抗性，具有广谱抗性特点。稻瘟病菌粗毒素筛选结果表明，来自转基因植株的幼胚愈伤组织诱导率随培养基中粗毒素浓度提高而降低，粗毒素浓度达到 40% 时，幼胚愈伤诱导率为 19.33%。受体对照幼胚愈伤绀织诱导率为 5%。田

间诱发条件下,转基因株系在大田的穗瘟发病率为 0% ~50%,抗性较受体对照大幅度提高。

桑贤春等(2010) 利用 EMS 诱变育成优良籼型恢复系缙恢 10 号,从其后代中鉴定出一个白色条斑花叶突变体 st(t),在三叶期开始表现白斑,拔节期白斑变为不规则线状,一直保持到成熟。突变体叶绿素含量明显下降,类胡萝卜素含量显著升高。遗传分析表明该性状受一对隐性核基因调控,利用 1500 株西农 1A/st(t) 的 F_2 隐性定位群体,最终把 st(t) 基因定位在第 6 染色体 SSR 标记 RM19745 和 RM19762 之间,遗传距离分别为 0.07 厘米和 0.27 厘米,根据 93l1 基因组序列推测,两标记之间的物理距离约为 345 kb。吴建国等(2010) 以抗病品种宜香 2292 为材料,采用高效液相色谱技术(HPLC) 和 Real - time PCR 技术研究了水稻矮缩病毒(Rice dwarf virus,RDV) 胁迫下水稻内源赤霉素(G)、生长素(IAA) 和脱落酸(ABA) 的动态变化。结果表明,受 RDV 侵染后,病株体内 GA3 含量显著低于健株,在显症后的第 1 天和第 10 天最为明显,分别较健株低 6.28 和 5.92 倍;IAA 含量呈现波动变化,但病株体内的 IAA 含量始终较健株低,在显症后的 10 天最为明显,比健株低 3.58 倍;与 GA3 和 IAA 相反,病株体内 ABA 的含量始终高于健株,显症后的第 1 天和第 13 天最为明显,分别较健株高 2.29 和 2.84 倍。Real - time PCR 定量检测了植物内源激素相关基因 mRNA 的表达,结果显示,GA3 代谢相关的氧化还原酶基因表现为下调,而 IAA 和 ABA 代谢相关的 Cullin - 1 和 P - glycoprotein 1 基因表现出不同程度的上调。以上结果表明:水稻矮缩病的症状表现可能与病株体内的植物内源激素失调有关。欧阳元龙等(2010) 用 RT - PCR 方法从感染水稻黑条矮缩病毒(rice black - streaked dwarf virus) 水稻中克隆该病毒的外壳蛋白基因 S10,然后将此外壳蛋白基因再亚克隆到原核表达载体 PET - 32a 中构建成重组原核表达载体 pET32a - CP。将重组表达载体转化大肠杆菌 BL21(DE3),经 IPTG 诱导,Ni + NTA 亲和柱纯化获得分子量约为 76 kD 含硫氧还蛋白的融合蛋白。以纯化的重组蛋白为抗原免疫兔子制备 RBSDV 外壳蛋白的多克隆抗体,并用制备的多克隆抗

体建立了可靠、灵敏、特异的检测 RBSDV 的免疫捕获 RT－PCR 及 Dot－blot ELISA 方法，为该水稻病毒病的诊断提供技术支持。

第三节　水稻优异性状的遗传及基因定位与克隆研究进展

徐梅珍等(2010) 以东乡野生稻为材料，同时以 2 种普通栽培稻协青早 B 和农大 288 为对照，对比检测它们在各个生长时期叶片中的可溶性糖含量、游离脯氨酸含量、可溶性蛋白含量、POD 活性、CAT 活性、丙二醛(MDA) 含量。在各个生长时期东乡野生稻叶片可溶性蛋白、可溶性糖和游离脯氨酸含量均维持在较高的浓度；过氧化物酶也保持较高的活性；叶片组织中丙二醛含量波动不大，较对照水稻品种高。张成良(2010) 采用沙培法，应用主基因多基因混合遗传模型分析了低温胁迫下强耐冷的东乡野生稻与 2 个冷敏感籼稻所配组合 6 个世代材料苗期根系形态性状的遗传，发现东乡野生稻最长不定根长的遗传属于 1 对加性主基因＋加性－显性多基因遗传，不定根数为 2 对显性－加性－上位性主基因遗传。其中主基因的遗传力都不是很高，表明环境对水稻根系耐冷性的遗传有着不可忽视的影响。李玲龙等(2010) 从 8℃低温诱导的东乡野生稻幼叶中提取总 RNA，以总 RNA 为模板，利用 SMART 技术合成第 1 链，再经 LD－PCR 扩增合成第 2 链后，将获得的双链 eDNA 与双元表达载体 YPL3 连接，重组质粒电转入大肠杆菌，成功构建了东乡野生稻 cDNA 文库。经测定，原始文库滴度平均为 4.4×107 cfu/毫升，平均插入片段约 1 kb，重组率为 100%，符合 cDNA 文库构建要求，为后续利用酵母功能互补技术筛选东乡野生稻有利基因奠定了基础。

黎毛毛等(2010) 利用碱消值差异显著的大粒粳稻 DLI15 与小粒粳稻 XL005 杂交获得 F2 群体，检测到与碱消值相关的 QTL 3 个，qADV3、qADV5 和 qADV11，分别位于第 3、第 5 和第 11 染色体的 RM14870－RM1284、RM3838－RM3351 和 RM1812－RM332 区间，其基因作用方式为显性或超显性。Li Maomao 等(2010) 共检测到与粒

形性状相关的 QTL 16 个，分布于第 2、3、5 和 12 染色体上。其中，qGW2、qGT2、qRLW2 和 qGWT2 均位于第 2 染色体上的 RM12776 – RM324 区间，对表型变异的贡献率分别为 40.89%、33.43%、13.82% 和 12.51%。分析认为，第 2 染色体 RM12776 – RM324 区间是分别与粒宽、粒厚、长宽比和千粒重相关的 4 个主效 QTL 的共同标记区间，与其相邻的 2 个标记(RM12776 和 RM324) 应在分子标记辅助选择育种中探讨其利用价值。

李克磊等(2010) 对粳稻中花 l1 转基因后代矮秆多分蘖突变体分析表明，该矮秆多分蘖突变体表型受 1 对隐性核基因控制，因其与突变体 htdl 具有相类似的表型，故将该基因命名为 *htd*2。利用籼粳杂交 F_2 群体将突变基因定位在第 3 染色体 RM6038 和 RM5444 标记区间，与 2 个标记的遗传距离分别为 1.4 厘米和 2.1 厘米，两个标记之间的物理距离大约为 400 kb。小穗簇生稻是发生于水稻穗部的一种突变体，复粒稻属于簇生稻的一种类型。为了进一步明确复粒稻中所含簇生基因 CL 的遗传机理，田翠等(2010) 利用复粒稻与日本晴、R8258、H103、泸恢 99 配制的杂交组合分析表明，簇生性状在 F1 群体表现部分显性，F_2 群体出现 3∶1 显隐性状分离，这表明该性状受 1 对不完全显性基因控制。利用 Gramene 数据库查得均匀分布于 12 条染色体上的 695 对 SSR 标记对复粒稻与日本晴、复粒稻与 R8258 两个杂交组合的 F_2 群体进行了分析，发现第 6 染色体的 RM454、RM20300、RM7434 和 RM162 与 CL 基因连锁。根据 Gramene 网站上这几个引物已测得的遗传位点，将 cl 基因定位于 RM20300 和 RM7434 之间。陈仁霄等(2010) 以半矮秆广亲和粳稻亲本 02428 为父本，半矮秆突变体 02428ha 为母本进行杂交，从其 F6 稳定群体中筛选到 3 个双矮品系; 以 3 个双矮品系为亲本，分别与南京 6 号、南京 l1 号及培矮 64S 杂交进行遗传分析，结果表明，3 个双矮品系的矮生性状均受两对隐性半矮秆基因控制，其中 1 对基因与半矮秆基因 *sdl* 等位，另 1 对为与 *sdl* 不等位的隐性半矮秆基因 *sd* – *h*(*t*) 。张涛等(2010) 对籼稻品种泸恢 H103 经航天诱变获得的叶片早衰突变体分析表明，该早衰叶突变体表现的特点是: 抽穗期前心叶抽出时，先前

抽出的倒4叶片就开始变黄衰老，抽穗初期时先前抽出的倒3叶表现衰老，抽穗后期先前抽出的倒2叶表现衰老，灌浆期剑叶表现衰老，完全成熟时剑叶完全衰老死亡。利用该突变体分别与其野生型泸恢H103、R527、R602杂交，获得F_1及其衍生的F_2群体，对早衰叶突变体进行遗传分析表明，由一隐性核基因*psl*2控制叶片早衰。游小庆等(2010)以恢复系缙恢10号为试验材料，经过EMS诱变，对水稻叶突变研究表明，群体中发现一个窄叶突变体，表现为叶片变窄、节间变细、结实率降低。成熟期的功能叶片宽度为野生型的74.69%，倒一、二、三节的宽度分别为野生型的45.10%、57.38%、74.63%，总叶脉数为野生型的67.36%。遗传分析表明，该突变性状受1对隐性核基因控制，利用SSR标记将其定位在第3染色体长臂RM14379和RM14427之间，遗传距离分别为2.1厘米和3.0厘米。因与nal7位于相同的染色体区段，暂命名为*nal*7(*t*)。Huang等(2010)研究表明，*DEP*1基因会发生一种突变，突变后的基因能够促进细胞分裂，减少花序节间长度、增加每穗粒数，从而增加产量。在许多高产品种中含有突变的*DEP*1基因。该基因同样在小麦和大麦穗发育中起着重要作用。

水稻苗期冷害是导致水稻减产的重要因素之一。为了发掘新的耐冷基因、诠释其耐冷分子机制并应用分子育种的手段提高水稻苗期耐冷性，前期已通过Northern表达分析，从已构建的水稻苗期低温诱导表达正向抑制差减eDNA文库中，发现了一个受低温诱导上调表达的功能未知的C2H2型锌指结构域蛋白新基因(特命名为OsCO1)。通过RT-PCR的方法从水稻中克隆了该基因，构建了其植物过表达载体，并通过农杆菌介导转入水稻基因组中，获得了其过表达转基因水稻株系，为进一步研究该基因的功能探讨其在水稻耐冷分子育种中的应用价值奠定了基础(孙琦等，2010)。促分裂原活化蛋白激酶是生物体内信号转导的重要组分，受多种生物及非生物胁迫的刺激活化。梁卫红等(2010)利用RT-PCR方法克隆了水稻促分裂原活化蛋白激酶基因*OsMPK*14的cDNA序列(GenBank登录号为GQ265780)。序列比对和分析显示，*OsMPK*14基因位于水稻第5

此为试读，需要完整PDF请访问：www.ertongbook.com