



2017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

非
外
借

中国农业科学技术出版社



2017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

2017 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, 2017. 10

ISBN 978-7-5116-3277-7

I. ①2… II. ①中… ②国… III. ①水稻-产业发展-研究报告-中国-2017
IV. ①F326.11

中国版本图书馆 CIP 数据核字 (2017) 第 235340 号

责任编辑 崔改泵
责任校对 马广洋

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 北京地大天成印务有限公司
开 本 787mm×1 092mm 1/16
印 张 17.75
字 数 411 千字
版 次 2017 年 10 月第 1 版 2017 年 10 月第 1 次印刷
定 价 65.00 元

《2017 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 玲	王彩红
王超霞	方福平	史玉倩	冯金飞
冯 跃	朱智伟	朱德峰	向 镜
庄杰云	江 帆	纪 龙	杨仕华
李凤博	张玉屏	陈 超	陈正行
陈惠哲	邵雅芳	周锡跃	庞乾林
赵 艳	胡慧英	钱 前	徐春春
黄世文	曹珍珍	程式华	傅 强
鲁 英	樊叶杨	魏兴华	

前 言

2016年，全国水稻种植面积45 243.6万亩，比2015年减少80.0万亩；亩产457.4千克，降低2.1千克；总产20 693.4万吨，减产129.1万吨。水稻种植面积、单产和总产稳中略降。在国家调低早籼稻最低收购价格标准、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趋弱。据监测，2016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130.71元、137.28元和151.42元，其中，早籼稻收购价格同比下跌0.8%，中晚籼稻和粳稻收购价格同比上涨0.7%和1.4%。

2016年，世界稻谷产量7.11亿吨，比2015年增产840多万吨。其中，亚洲的印度、尼泊尔、菲律宾和泰国水稻均有不同程度增产；非洲北部水稻增产，但南部地区出现减产；南美洲几个水稻主产国稻谷产量下降，北美洲的美国稻谷产量达到创纪录的历史第二高。2016年，世界大米贸易量略有下降，国际大米市场价格先涨后跌，全年大米平均价格为每吨384.7美元，比2015年上涨了3.4%。

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、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。报告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

2017年6月

目 录

上篇 2016 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	9
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	25
参考文献	27
第三章 水稻栽培技术研究动态	30
第一节 水稻高产栽培理论与技术	30
第二节 水稻机械化生产技术	32
第三节 水稻肥水管理技术	34
第四节 水稻灾害防控及减灾技术	36
第五节 国外稻作技术研究进展	38
参考文献	39
第四章 水稻植保技术研究动态	43
第一节 国内水稻植保技术研究进展	43
第二节 国外水稻植保技术研究进展	57
参考文献	62
第五章 水稻转基因技术研究动态	76
第一节 国内水稻转基因技术研究进展	76
第二节 国外水稻转基因技术研究进展	86

参考文献	90
第六章 稻米品质与质量安全研究动态	95
第一节 国内稻米品质研究进展	95
第二节 国内稻米质量安全研究进展	98
第三节 国外稻米品质与质量安全研究进展	103
参考文献	108
第七章 稻谷产后加工与综合利用研究动态	112
第一节 国内稻谷产后加工与综合利用研究进展	112
第二节 国外稻谷产后加工与综合利用研究进展	119
参考文献	126
 下篇 2016 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	135
第一节 国内水稻生产概况	135
第二节 世界水稻生产概况	148
第九章 中国水稻种业发展动态	154
第一节 国内水稻种业发展环境	154
第二节 国内水稻种子生产动态	155
第三节 国内水稻种子市场动态	159
第四节 国内水稻种业企业发展动态	162
第十章 中国稻米质量发展动态	166
第一节 国内稻米质量情况	166
第二节 国内稻米品质发展趋势	174
第十一章 中国稻米市场与贸易动态	177
第一节 国内稻米市场与贸易概况	177
第二节 国际稻米市场与贸易概况	182
附表	188



上篇

2016 年

中国水稻科技进展动态

第一章 水稻品种资源研究动态

2016 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。中国科学院遗传与发育生物学研究所储成才研究组与加利福尼亚大学及华大基因合作,对全球 203 份微核心种质进行了低深度重测序,鉴定到一个新的驯化关键性状——种皮颜色 QTL 位点;美国纽约大学研究人员带领的研究小组对 93 个非洲稻地方品种进行了全基因组重测序,并对耐盐性状进行了全基因组关联分析 (Genome-wide association study, GWAS)。遗传多样性研究方面,应用全基因组测序和芯片扫描手段分析水稻地方品种的群体结构和遗传多样性成为资源研究热点。基因鉴定方面,日本科学家应用 GWAS 方法成功鉴定到 4 个影响水稻重要农艺性状的新基因;中国科学院上海生命科学研究院植物生理生态研究所国家基因中心韩斌研究组、黄学辉研究组联合中国水稻研究所杨仕华研究组,应用 GWAS 方法鉴定出了控制水稻杂种优势的主要基因位点,利用该研究成果,科研人员有望进一步优化水稻品种的杂交改良,选育出更加高产、优质和多抗的种质资源。

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

亚洲栽培稻是世界上最重要也是最古老的粮食作物之一,其起源问题一直备受关注。中国科学院遗传与发育生物学研究所储成才研究组与加利福尼亚大学、华大基因合作在亚洲稻群体结构和演化研究上取得新进展 (Wang et al., 2016)。研究人员通过对 203 份微核心种质进行低深度重测序,系统研究了亚洲稻的群体结构并用于重要农艺性状的全基因组关联分析,鉴定到一个在水稻驯化中被人工选择的关键性状——控制种皮颜色的新主效 QTL 位点,研究人员发现目前已克隆的控制种皮颜色基因能解释粳稻和籼稻的种皮颜色变异,而新鉴定的位点特异存在于水稻 *aus* 亚群,暗示 *aus* 有着相对独立于粳稻和籼稻的驯化历史。

水稻栽培是一个远比我们所知更为古老的活动。浙江省文物考古研究所和加拿大多伦多大学合作 (Zheng et al., 2016),在中国发现了最古老的驯化水稻证据——9 000 多年以前的水稻碎片,并阐述了水稻驯化的起源与人类农业活动历史。研究人员在长江下游一个沟渠中发现了古代驯化水稻的碎片,并观察到大约 30% 的水稻植株材料主要是叶基、外皮和叶表皮,显示出“栽培水稻植株以生产耐用和适合人类食用的大米”的迹象,这一发现表明水稻驯化所持续的时间远比最初认为的时间更长,而且这些水稻具有

梗稻的特征但不发达,表明水稻驯化经历了一个持续选择,落粒性不断降低、梗稻特征逐渐明显的漫长过程,起始时间可以追溯到距今一万年以前。

目前,普遍认为栽培稻是由普通野生稻 (*Oryza rufipogon* Griff.) 人工驯化而来。Zhang 等 (2016) 对东乡野生稻和日本晴在全基因组水平比较了 Illumina 测序 reads,基于两者比较基因组分析和结构变异结果定位了在水稻驯化过程中丢失和可获得基因;研究人员进一步对 1 591 个日本晴可获得基因和 206 个东乡野生稻丢失基因进行了多重注释分析,发现栽培稻的光合磷酸化和氧化磷酸化系统在驯化过程中能同时适应环境变化。研究证实转座因子对野生稻向栽培稻的基因组进化有很大贡献。

朱元军 (2016) 基于江西省万年县野生稻到栽培稻植硅石和花粉完整驯化遗传的考古发现,提出了万年县是中国稻作的起源地之一,阐述了稻的起源学说,为研究中国栽培稻起源提供了重要证据。

栽培稻从野生稻驯化而来,野生稻具有长芒,而栽培稻为短芒或完全无芒。Jin 等 (2016) 鉴定了一个主效基因 *GAD1*, 编码一个小的分泌信号肽,调控水稻驯化中一些关键性状的变化,导致每穗粒数增加、籽粒变短和无芒等栽培稻的表型特征。该研究结果为揭示信号肽分子在植物发育中的功能提供了一个有用范例,能够帮助阐明水稻驯化的分子机制。

二、遗传多样性与资源筛选

比较水稻地方品种与国外引进品种、选育品种的遗传多样性和结构,可以为选育良种亲本提供可靠依据,有助于改变我国现有选育品种遗传基础狭窄的现状。单核苷酸多态性 (SNP) 具有密度高、分布均匀的特点,已成为一种成熟有效的遗传变异检测技术,广泛应用于遗传多样性结构研究以及分子育种。Xu 等 (2016) 应用一套载有 5 291 个 SNP 位点的全基因组芯片对 471 份中国籼稻品种进行了基因分型,结果将地方品种、引进品种和改良品种分为 3 个亚群。遗传多样性分析结果表明,地方品种的多态信息含量 (PIC) 和遗传多样性 (GD) 最高,并且 72% 的 SNPs 标记在地方品种亚群内的最小等位基因频率 (MAF) ≥ 0.2 ,明显高于其他两个亚群,方差分析表明亚群内的遗传分化高达 90.61%。

云南省是世界公认的亚洲栽培稻遗传多样性和起源中心之一。李闯等 (2016) 利用 51 对 SSR 标记对云南哈尼梯田当前栽培的 111 份水稻材料进行多态性检测,并分析其群体结构。聚类分析表明,供试材料主要分为偏粳类群及偏籼类群两大类。通过基因测序,研究人员分析了稻米糊化温度控制基因 *ALK* 的序列多样性,发现其可分为 10 种单倍型。关联分析结果表明,所选水稻样品稻米的糊化温度主要由 *ALK* 基因 3 个 SNP 位点组合控制。其中, A - GC 和 G - TT 两种组合主要控制低 ($< 66^{\circ}\text{C}$) 和中低 ($66 \sim 70^{\circ}\text{C}$) 糊化温度, G - GC 组合主要控制中高 ($70 \sim 74^{\circ}\text{C}$) 和高 ($> 74^{\circ}\text{C}$) 糊化温度。SNP₃₄₀₂ T 类型与高、中高糊化温度有关。绝大多数偏籼类品种的 *ALK* 基因含有 G - GC

组合,因此都倾向于高糊化温度。上述研究结果对水稻分子育种和种质资源保护研究有一定参考价值。Cui等(2016)利用10个非关联的核基因位点对1980年和2007年收集于云南农场保存的600份高遗传多样性水稻品种进行测序,历时分析显示,在过去27年的驯化进程中品种的遗传多样性水平无显著改变,表明遗传多样性在农场保存条件下被成功保持。群体结构显示水稻地方品种被划分为籼稻和粳稻两个亚群,方差分析显示农场保存为地方品种持续分化和变异提供了机会。因此,动态保护措施如农场保存应该被鼓励和加强,尤其在作物遗传多样性中心。

为了解和拓宽宁夏(宁夏回族自治区简称宁夏,全书同)水稻种质资源的遗传基础,李振姣等(2016)利用10个表型性状对从国外或外地引进的269份水稻种质资源进行表型评价和遗传多样性分析,并进行不同性状间遗传相关分析和聚类分析。遗传多样性分析结果显示,质量性状的多样性指数(H')平均为0.34,数量性状的多样性指数平均为1.99。根据UPGMA聚类法,以欧式距离0.84为阈值,将参试材料分为四大类,第一类为粒数型品种,第二类早熟、结实率较高,第三类是来自日本的矮秆品种,大部分聚在第四类,为中间型。对不同地理来源的种质资源材料进行聚类,结果表明外引水稻种质资源表型遗传多样性丰富,亲缘关系较远,可丰富和拓宽宁夏水稻种质资源的遗传多样性。

卫海滨等(2016)利用高通量测序获取SNP标记技术对上海市农业生物基因中心99个水稻抗旱种质进行全基因组重测序,分析其遗传多样性和遗传基础。结果表明,在所有SNPs位点中,多态性比率为68.98%,SNPs标记密度在12条上分布范围为4.5~6.2个SNP/kb;邻接法构建系统发育树将99个品种划分为籼稻和粳稻两个类群。综合SNPs和进化分析结果表明,99个抗旱种质在DNA水平上的差异呈现两个极端,遗传距离分布范围较大,具有较宽遗传基础和丰富的遗传多样性。

为确定广西(广西壮族自治区简称广西,全书同)普通野生稻遗传多样性中心,构建普通野生稻核心种质资源,薛艳霞等(2016)利用24对SSR标记分析来自郁江流域、红水河流域、南流江流域和桂北山区的普通野生稻623份材料的遗传多样性;采用逐步聚类法构建10%和5%的广西普通野生稻核心种质,24个SSR位点共检测到114个等位基因,平均等位基因数为4.75,平均有效等位基因数为3.0001。4个区域的多样性指数郁江流域最高,表明其为广西普通野生稻多样性中心。广西普通野生稻资源5%的核心样本共31份,其中,邕宁居群有14份,扶绥居群有12份,分别占本居群分析样本的5.76%和18.75%,是核心样本的主要来源。研究认为上述多样性中心和居群值得特别关注和重点保护。

为评估黑龙江省水稻品种的遗传基础,张科等(2016)利用62对SSR标记对黑龙江省近年审定的73个常规稻品种进行遗传多样性分析。结果表明,在62个SSR位点中,共检测到142个等位基因,平均每个标记2.3个。供试品种间两两遗传相似系数平均值为0.759,96.4%的品种间遗传相似系数为0.66~0.86,表明供试品种的亲缘关系较近。聚类分析将这些品种分为6个类群,类群间的差异主要表现在生育期和米质方

面。研究结果表明,黑龙江近年审定水稻品种的遗传基础狭窄,在育种中需引入新的种质资源,加强种质资源创新,丰富水稻品种的遗传多样性。

为了解水稻幼苗镉吸收动力学特性的遗传多样性,王龙等(2016)在水培条件下,对 24 份水稻品种幼苗耐镉特性和镉离子(Cd^{2+})吸收动力学特性进行研究。结果表明,水稻幼苗根系生物量和镉含量均存在广泛遗传差异,且水稻根系和地上部对 Cd^{2+} 的吸收存在不同的阻控机制, Cd^{2+} 吸收特性和转运效率在基因型间有丰富的遗传多样性。研究认为根系 $F_{\max}$ 小且地上部线性方程斜率 b 也小的基因型多为根系 Cd 积累低和 Cd 转运率低的低积累种质资源。

STV11 是从籼稻 Kasalath 中鉴定的条纹叶枯病抗性基因,毛艇等(2016)基于 PCR 设计了检测 STV11 的功能标记 *qstv11*,并利用该标记对 299 份试验材料进行了基因型分析和抗病性鉴定。结果表明,*qstv11* 能够较好区分抗感基因型,且在测试材料中与条纹叶枯病抗性整体呈现共分离,共筛选到 STV11-R(抗)型材料 31 份。该研究为辽宁地区水稻条纹叶枯病育种提供了理论参考。

为鉴定云南稻种资源对水稻白叶枯病的抗性情况,余腾琼等(2016)采用水稻白叶枯病强致病型菌株 BD8438、CN9404 和 X_1 接种云南野生稻和地方稻种质资源,以病斑长度大于 6 厘米为感病分界线,共鉴定出来源于云南不同种植生态区的 186 份地方稻抗性材料和 22 个野生稻抗病居群。野生稻对水稻白叶枯病的抗病能力比地方稻强,其中,疣粒野生稻抗性最强,药用野生稻次之,普通野生稻相对较差。上述结果为水稻抗白叶枯病育种提供了抗性资源。

研究水稻地方品种基因多样性可为优质种质资源保护和选育新品种提供理论依据。敖雁等(2016)以太湖地区 511 份水稻品种为供试材料,选用 19 个与淀粉合成相关基因内分子标记对淀粉品质基因进行检测,并与 86 份育成品种作比较。结果表明,地方品种粳稻的平均多态信息含量(PIC)为 0.172 6,略高于育成品种粳稻的平均 PIC 值 0.110 1。根据优质米国家标准,在直链淀粉含量、糊化温度和胶稠度等性状上,共筛选到 67 个品种在 1 个性状上达到一级标准,95 个品种在 2 个性状上达到一级标准,4 个品种在 3 个性状上都达到一级标准。这些品种可用于今后的品质育种。

曾崇华等(2016)以 HD9802S/Kasalath 杂交衍生的 30 个 F_5 和 F_7 代家系为材料,对亲本、家系中高组织培养力相关的 QTL(*qSv1* 和 *qScl-1*)进行检测,结果发现亲本和家系均含有这 2 个 QTL,并选出 9K18 和 9K19 两个组织培养力高的家系,其组织培养力分别为 51.07% 和 54.80%,显著高于亲本 HD9802S(26.88%) 和 Kasalath(27.12%),且农艺性状优于 Kasalath。该研究为籼稻转基因育种提供了具有优良农艺性状和高培养力的受体材料。

黎毛毛等(2016)对江西 27 份籼型早稻材料在抽穗扬花期的耐热性进行了鉴定评价。结果表明,在高温胁迫下不同品种间的结实率和结实率降低差异均达到极显著水平,其中 R66、洪早籼 1 号、R402 在高温胁迫下结实率分别为 76.8%、73.2% 和 70.9%,分别降低 8.5%、13.0% 和 5.8%,均与耐热水稻种质 Nagina 22 相似,认为这

3 个品种的耐热性较强；研究发现香优早、早香玉、莲香早在自然条件和高温胁迫下垩白粒率均小于 10%，垩白度均小于 1%，认为这 3 个品种可作为耐热水稻品种在优质稻育种中加以利用。

王迎超等（2016）利用高效液相色谱法，测定了 108 份水稻种质材料籽粒中 γ -氨基丁酸含量，分析了不同种质材料间 γ -氨基丁酸含量差异，并以 γ -氨基丁酸含量差异较大的高粱稻-1 和宁农黑梗配制了 F_2 群体，测定双亲和 F_2 群体 γ -氨基丁酸含量。结果表明，108 份种质籽粒中 γ -氨基丁酸含量变异范围为 2.39~12.03 毫克/100 克，平均含量为 (6.30 ± 1.99) 毫克/100 克； F_2 单株籽粒中 γ -氨基丁酸含量总体呈偏正态分布，且呈明显的超亲分离，表明水稻籽粒中 γ -氨基丁酸含量是由多基因控制的数量性状遗传。

潘世驹等（2016）以浓度为 40 毫摩尔/升 $\text{Na}_2\text{CO}_3 + \text{NaHCO}_3$ 对 121 份水稻材料进行幼苗耐碱能力筛选，筛选出强耐碱类型的 79 份材料中芽长有 28 份，根长有 12 份，根数有 41 份材料优于长白 9 号；其中，13G028 幼苗期耐碱能力最强，13G031 和 13G145 耐碱能力较强，这 3 个自育品系可作为耐碱亲本材料应用。

为发掘水稻尤其是籼稻耐冷基因资源，促进水稻耐冷育种，周新桥等（2016）以丽江新团黑谷和桂 99 分别为耐、感对照，从南方稻区 150 份材料中初筛出 18 份作为供试材料进行水稻苗期耐冷种质资源筛选研究。结果表明，梗 44 耐冷性强，其次是苗 110、2-139、华占；源宝占和苗 108 耐冷能力中等；耐冷性强的种质中华占、2-319 为籼稻，苗 110 为籼梗交后代，可应用于籼稻耐冷育种。

稻曲病近年来逐步上升为世界多个水稻产区主要病害之一。为筛选稻曲病抗性品种，黄富等（2016）通过在四川省进行 3 年病圃筛选试验，从 843 份水稻材料中鉴定出 179 份完全不感稻曲病的抗性材料和 2 份高感材料。再选取 36 份材料进行多点多期播种，进一步验证其稻曲病抗感性。结果表明，有 3 份材料在所有试验中均不感稻曲病，18 份偶发稻曲病呈现高抗，感病品种蒲江 6 号仍表现高感。研究人员用 450 对 SSR 引物对其中 35 份材料与蒲江 6 号进行多态性分析，发现 12 份材料与蒲江 6 号的多态性达 10% 以上，ITAT144 最高，泸香 90-2 和 Domsia-2 其次，并选择这些材料与蒲江 6 号杂交构建基因定位和克隆群体。

肖娟等（2016）对来自不同地域的 60 个水稻品种在高氮和低氮水平下培养，对其生物量及氮含量测定并将其分为 4 种类型，即高氮高生物量型、高氮低生物量型、低氮高生物量型、低氮低生物量型。重复筛选出 8 份在生物量、氮含量等方面差异显著的水稻品种，进一步分析发现，不同籼稻和粳稻品种在氮素吸收与利用方面存在显著差异，尤其在氮素的吸收效率方面籼稻明显高于粳稻品种。通过设置不同氮素水平，结合不同品种生物量变化以及氮吸收利用的差异鉴定出苗期氮利用高效型品种南恢 511。

三、有利基因发掘与鉴定

为了鉴别出控制水稻谷粒大小性状的基因，Si 等（2016）在不同的水稻种群（包含

热带粳稻和温带粳稻)中完成了对谷粒大小的 GWAS 研究,发现了编码植物特异性转录因子 OsSPL13 的一个主效数量性状位点 *GLW7*,证实高水平表达 *OsSPL13* 与热带粳稻大谷粒相关。进一步分析表明,在热带粳稻中 *GLW7* 的大谷粒等位基因是在人工选择下来自籼稻品种的基因渗入。

谷粒形状是水稻产量和品质的关键决定因子,但对于控制水稻粒形基因的认知仍很有限。Feng 等 (2016) 运用载有 5 291 个 SNP 标记的芯片,对从全球收集的 469 份多样性水稻材料的粒形性状进行了全基因组关联分析。4 个粒形性状共定位到 47 个 SNPs 位于 27 个显著性位点上,共预测到 424 个候选基因。其中,已克隆基因 *GS3* 和 *qSW5* 在粒长和粒宽性状上显示出非常强的效应。与以往报道的粒形 QTLs 相比较,发现了 11 个新的位点。该研究结果揭示除了 *GS3* 和 *qSW5* 外,多个新位点和机制参与决定水稻谷粒形状。这些发现为理解水稻粒形的遗传调控和分子标记辅助选择育种提供了有价值的信息。

Zhou 等 (2016) 通过全基因组分析和比较干旱胁迫下与正常浇水水稻的芯片数据进行的 mRNA 分析,鉴定了一个新基因 *OsAHL1*,它包含 AT-hook 基序和一个 PCC 结构域。结果表明,*OsAHL1* 具有避旱性和耐旱性,能够极大提高水稻植株的抗旱性。功能研究表明,*OsAHL1* 调控干旱条件下根的发育,进而增强避旱性,参与氧化胁迫响应,还调控水稻叶片的叶绿素含量。*OsAHL1* 特异与启动子或内含子富含 A/T 序列的区域结合,进而直接调控多个胁迫相关下游基因的表达。

粒形、穗长和落粒性等农艺性状在粮食产量和收割中发挥重要作用。Sun 等 (2016) 报道了对 *PT2* 的克隆和功能分析,它是一个来自籼稻品种 Chuandali (CDL) 的新基因。*PT2* 是 *OsGRF4* 的同义基因,它编码一个生长调控因子,正向调控粒形和穗长,负向调控种子落粒性。*OsGRF4* 的高表达与大粒、长穗以及较低落粒性相关。*OsGRF4* 调控两个细胞分裂素脱氢酶前体基因 (*CKX5* 和 *CKX1*),导致生长素水平提高,可能会影响穗部性状。*OsGRF4* 较高的储存能力和适度的种子落粒性可应用于水稻高产育种和机械收割。该研究结果为研究穗部生长的分子机制提供了进一步的理解。

目前迫切需要鉴定更多的褐飞虱 (BPH) 抗性基因,才能够培育具有褐飞虱抗性的水稻品种。Ren 等 (2016) 利用生物信息和 DNA 测序方法,从水稻品种 Ptb33 中鉴定了一个新的 BPH 抗性基因,LOC_Os06g03240 (MSU LOCUS ID),位于第 6 号染色体短臂,将其命名为 *Bph32*。该基因编码一个独特的短串联重复 (SCR) 结构域蛋白,将 *Bph32* 转基因渗入到一个感病水稻品种中能够显著提高对 BPH 的抗性。表达分析表明,在 BPH 侵染 2 小时和 24 小时后,*Bph32* 在叶鞘高度表达,这是 BPH 飞落和取食的主要部位,表明 *Bph32* 主要抑制 BPH 的取食。该研究为评定水稻防卫反应中抵御害虫的一个有价值基因提供了信息。

陈天晓等 (2016) 以 8 个不同亲本构建了遗传上互相关联的多亲本高代互交系 (MAGIC) 群体,接种我国白叶枯病强致病力 V 型菌系 (GD-V) 和弱致病力 II 型菌系 (C2),关联分析定位白叶枯病抗性 QTL,共检测到 7 个白叶枯病抗性 QTLs, *QBbr11* -

1 和 QBbr11-2 受遗传背景影响较小,具有一定的育种应用价值。研究表明,MAGIC 群体可以将遗传研究和育种应用有机结合,是遗传研究和开展标记辅助育种的理想群体。

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

由于人类对常规基因的选择,导致芒性状在亚洲栽培稻和非洲栽培稻中丢失。但无芒性状的潜在分子机制仍不清楚。Bessho-Uehara 等(2016)分离并分析了一个之前未鉴定的 EPFL 家族成员,命名为 RAE2,并鉴定了一个它必需的加工酶基因 SLP1。在水稻小穗中,RAE2 前体被 SLP1 特异剪切,成熟的 RAE2 肽段进而诱导穗部芒的伸长。RAE2 序列多样性分析鉴定了一个高度变化的富含 GC 区域,该区域包含多个独立突变,引起的蛋白长度变化会破坏 RAE2 蛋白的功能,导致亚洲稻无芒的表型。另外,非洲栽培稻尽管也具有无芒的表型,但保留了有功能的 RAE2 等位基因。该研究结果阐明了 RAE2 在芒发育中的功能,为亚洲栽培稻和非洲栽培稻独立的驯化历史提供了线索。

为了解非洲水稻的起源,Andel 等(2016)收集了苏里南首都帕拉马里博(Maroon)市场的非洲水稻并进行繁殖,对其基因组进行测序,与代表了西非 *O. glaberrima* 多样性的 109 份水稻品种的基因组进行比较,聚类分析了 1 649 769 个单核苷酸多态性(SNPs)。结果表明,苏里南样本表现为一个象牙海岸地方种的姐妹系,并没有显示亚洲水稻渗入迹象。然而,荷兰人从加纳、贝宁和中非地区带走大量奴隶,奴隶船长的日志记录了沿西非海岸线航行时购买食物作为补给,为遗传相似性模式提供了一种可能的解释。该研究证实了利用基因组学了解大量未记载的移民群体的农作物文明史。美国纽约大学研究人员带领的研究小组对 93 个非洲稻地方品种进行了全基因组重测序,并对耐盐性状进行了 GWAS 分析,研究表明非洲水稻 *O. glaberrima* 大约在 3 000 年前在西非地区由祖先野生稻 *O. barthii* 独立驯化而来;*O. glaberrima* 可以较好适应西非的生长环境,并对生物和非生物胁迫产生显著耐受力(Meyer et al., 2016)。

二、遗传多样性与遗传结构

Reig-Valiente 等(2016)收集了 217 份主要栽培在温带地区的水稻品种。这些品种包含现代精英品种和传统地方品种,有着广泛的遗传多样性可为水稻育种者所用。基于一个覆盖水稻基因组 2 697 个 SNPs 标记的芯片扫描所有品种,并对其中 14 份有代表性的品种进行全基因组测序获得测序数据。群体结构和遗传关联分析显示,基于籽粒类型和品种起源,在温带水稻群体中有一个强烈的亚结构,树状图也支持群体结构的分析结果。研究数据表明,基因流发生相对较高,且提高了种植在偏远地区品种的混合比

例,可能受到地方育种活动的青睐。该研究结果显著扩大了当前温带水稻品种可获得的遗传资源,能够为今后关联定位研究提供有价值的工具。

分析作物的遗传多样性和群体结构对于育种计划和遗传资源保护非常重要。Sorkheh 等 (2016) 利用 AFLP 标记和表型性状分析了 47 份多样化起源水稻品种的遗传多样性和群体结构。这 47 种基因型包括 4 个群体即伊朗本地品种、伊朗改良品种、国际水稻所水稻品种和世界水稻种质,应用 10 对引物对这些品种进行了分析。共检测到 221 个等位基因,多态信息含量 (PIC) 值从 0.32 到 0.41。UPGMA 聚类将所有 47 种基因型聚为 3 大类群。个体间遗传相似系数阈值为 0.54 到 0.94。遗传树状图显示伊朗本地品种与其他群体聚类较远。方差分析显示种群内最大比例 84% 的变化显示出水稻的近亲自然交配,表明伊朗本地品种 (地方种) 可能有独特的基因,可用于未来育种计划。

褐飞虱 (BPH) 是水稻种植区最具破坏性的害虫。BPH 抗性等位基因信息和种质资源可以提高褐飞虱抗性育种计划品种抗性。Ramkumar 等 (2016) 以 260 份高遗传多样性的水稻品种或育种株系为材料,利用 5 个主效褐飞虱抗性基因 (*Bph10*、*Bph13*、*Bph18*、*Bph20*、*Bph21*) 的基因特异标记进行筛选。结果表明,有 137 份品种至少拥有一个褐飞虱抗性基因。*Bph10* 最主效,*Bph20* 分布最少。研究发现同时携带 2 个和 3 个不同抗性基因的品种。研究人员基于 PCR 开发了与 *Bph18* 紧密连锁的共显性标记,相比 *Bph18* 的 CAPS 标记更加廉价和省时。该标记可应用于分子标记辅助选育褐飞虱抗性品种。

为探讨东南亚水稻亲本间的遗传多样性,从夕汉等 (2016) 以东南亚 62 份籼型水稻亲本为材料,选择 29 对水稻功能基因标记以及平均分布于 12 条染色体上的 77 对 SSR 引物进行遗传多样性和聚类分析。结果表明,32 对多态性引物在 62 份水稻材料中检测到 201 个等位基因,每个位点等位基因数 (N_a) 变异范围为 2~12,有效等位基因数 (N_e) 变异范围为 1.067~5.399,多态信息含量 (PIC) 变异范围为 0.061~0.789。聚类分析表明,在遗传相似系数为 0.805 处,东南亚水稻亲本被分为 6 大类,同一国家大多数品种聚为一类。研究表明东南亚各国水稻品种间的亲缘关系较近,遗传多样性程度较低。研究结果为水稻育种亲本选配、新种质资源的创制以及杂种优势利用等提供了科学依据。

三、有利基因鉴定和发掘

全基因组关联分析 (GWAS) 已成为鉴定影响作物农艺性状基因的有力手段,但由于经常受到群体结构和连锁不平衡程度大的影响,导致其基因鉴定功效受阻。Yano 等 (2016) 基于全基因组测序进行全基因组关联分析,继而通过估计核苷酸多态性对候选基因的影响进行候选基因筛选,鉴定出水稻中影响农艺性状的重要基因。应用这种方法,鉴定了 4 个影响农艺性状的新基因,检测到有些不能在标准的 SNP 分析中发现的