

水稻 R7606、229A 系列优异资源的创制

邱东峰,张再君,辜大川,殷明珠,焦春海,杨金松

(湖北省农业科学院粮食作物研究所/粮食作物种质创新与遗传改良湖北省重点实验室,武汉 430064)

摘要:利用农业部《水稻品种鉴定 DNA 指纹方法》(NY/T1433-2007)推荐的 24 对 SSR 引物,对 32 个水稻恢复系和 13 个水稻保持系资源材料进行 DNA 多态性分析,利用遗传相似系数及其主要农艺性状的差异选择亲本进行种质创新,在中间世代利用 PCR-Acc I 分子标记对控制中等直链淀粉含量的基因型进行辅助选择,创制了一系列新的优异资源。结果显示,32 个水稻恢复系和 13 个水稻保持系资源材料的遗传相似系数变化范围分别为 0.5244~0.8415、0.4783~1,平均遗传相似系数分别为 0.6965、0.6542;选用其中的 R3076、中恢 8006、229 和巨凤 A/B 作为亲本,创制了恢复系 R7606 和细胞质雄性不育系 229A 系列资源,稻米品质检测结果表明,R7606 系列资源有 11 个品系达到国标二级稻米标准;229A 系列资源中则有 3 个品系达到国标一级,1 个品系达到国标二级标准。经田间观察和配组试验,结果显示 R7606 及 229A 系列资源农艺性状优良,配合力较好,可以作为杂交水稻育种的优良亲本。本研究还对水稻遗传改良和种质创新过程中,如何利用对水稻优异资源的评价,拓展创新资源的遗传背景和遗传多样性,促进水稻育种和生产可持续发展进行了讨论。

关键词:水稻;种质创新;资源评价;分子标记

Breeding of Elite Rice Lines R7606 and 229A

QIU Dong-feng, ZHANG Zai-jun, GU Da-chuan, YIN Ming-zhu, JIAO Chun-hai, YANG Jin-song

(Food Crop Institute, Hubei Academy of Agricultural Sciences/Hubei Key Laboratory of
Food Crop Germplasm and Genetic Improvement, Wuhan 430064)

Abstract: 24 SSR markers recommended by China National Rice Research Institute was adopted to analyze the polymorphisms of 32 restorer lines and 12 maintainer lines. Enhancement of germplasm was realized according to the differences in genetic similarity coefficient and agronomic traits. Molecular marker PCR-Acc I which could detect the amylose content in middle generations was utilized for assisted selection and new germplasm creation with high quality. The results showed the genetic similarity coefficient of the 32 restorer lines and 12 maintainer lines was from 0.5244 to 0.8415 with an average of 0.6965 and from 0.4783 to 1 with an average of 0.6542, respectively. Using R3076, Zhonghui 8006, 229, and Jufeng A/B as parents, new restorer line R7606 and cytoplasmic male sterile (CMS) line 229A were obtained. Based on the detection results of rice quality, 11 varieties of R7606 line and 1 of 229A line achieved grade II of national rice quality standard (GB/T 17891-1999) and 3 varieties of 229A achieved grade I. The result of field observation and hybrid testing experiments revealed that R7606 and 229A lines had elite agronomic traits and good general combining abilities, and could be utilized as parents in hybrid-rice breeding. It had also been discussed how to evaluate and apply excellent resources in rice genetic improvement and germplasm enhancement to expand the genetic background and diversity of germplasm resources and promote sustainable development of rice breeding and production.

Key words: rice; germplasm improvement; resources evaluation; molecular maker

收稿日期:2012-08-28 修回日期:2012-09-29 网络出版日期:2013-08-09

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20130809.1445.020.html>

基金项目:湖北省自然科学基金重点项目(2009CDA083)

第一作者主要从事水稻种质资源创新与利用、水稻遗传育种研究。E-mail: qdflec@163.com

通信作者:张再君,从事水稻杂种优势利用及植物发育遗传学研究。E-mail: zjzhang0459@yahoo.com.cn

水稻(*Oryza sativa* L.)是重要的粮食作物之一,全球近半人口以稻米为主食,人均四分之一的热量来自于稻米。长期以来,人们为解决温饱问题注重稻米产量的提高甚于稻米品质的改善。稻米品质主要包括加工品质、外观品质和蒸煮及食味品质等,其中直链淀粉含量是稻米品质的重要理化指标,其含量的高低与米饭的粘性、柔软性、光泽和食味品质密切相关,对米质优劣起决定性作用^[1]。稻米品质好坏直接影响到人们的生活水平和健康状况。因此,水稻遗传改良和种质创新过程中,需要创制优质、高产的新种质,在提高产量的同时兼顾稻米品质的改良。

不同的地理、生态、人文环境形成了丰富多样的水稻种质资源。稻种资源是水稻品种改良的物质基础,然而,当前稻种资源在水稻育种实践中的利用率偏低,许多育成品种遗传基础变窄、遗传背景趋于单一^[2],并引起了大量基因的丢失,大大降低了品种的遗传多样性和对病虫害及不利环境的抵御能力,致使水稻产量一直徘徊不前。品种遗传基础狭窄不利于水稻育种进步和生产发展。如何利用丰富的稻种资源进行种质创新是当前水稻种质资源研究所面临的重要课题。随着分子生物学技术的发展,较多的研究停留在稻种资源的DNA多态性评价上^[3-10],而这些评价在资源创新

上的应用价值却未曾被挖掘;同时,水稻育种已经发展到分子标记辅助选择与农艺性状选择相结合的高级育种阶段,种质资源的评价必须满足分子标记辅助选择育种的实际需要。在稻米品质改良中已有较为成熟的分子标记辅助手段,蔡秀玲等^[11]根据 *Wx* 基因第 1 内含子的剪接效率与第 1 内含子中 +1 位置的单核苷酸(即与 5'外显子相邻的那个碱基)多态性直接有关的特性,定位了一个 PCR-*Acc* I 分子标记,该分子标记位于 *Wx* 基因内部,而且与稻米直链淀粉含量完全连锁,可用于水稻育种中早期世代对直链淀粉含量的检测,并已获得成功应用^[12-14]。本研究利用农业部《水稻品种鉴定 DNA 指纹方法》(NY/T1433-2007)推荐的 24 对 SSR 引物对 45 份籼型中稻材料进行多态性分析,并利用这些评价结合其农艺性状的差异,选用其中部分种质进行杂交改良,通过 PCR-*Acc* I 分子标记辅助选择,创制了一系列新的优异资源,并对其应用价值进行初步研究。

1 材料与方法

1.1 供试材料

本研究选用 45 份籼型中稻材料,其中 1~32 为恢复系,33~45 为保持系材料,44 为细胞核基因相同而细胞质不同的巨风 A 和巨风 B(表 1)。

表 1 供试材料及来源

Table 1 Accession name and source of germplasms materials

编号 Serial No.	种质名称 Accession	来源 Source	编号 Serial No.	种质名称 Accession	来源 Source	编号 Serial No.	种质名称 Accession	来源 Source
1	丰香恢	安徽	16	蜀恢 527	四川	31	桂朝 2 号	湖北
2	扬稻 6 号	江苏	17	镇恢 084	江苏	32	广恢 308	广东
3	成恢 448	四川	18	南恢 11	四川	33	天丰 B	广东
4	CNR-152	浙江	19	成恢 047	四川	34	K17B	四川
5	明恢 63	福建	20	R7954	浙江	35	03B	江西
6	Q28	湖北	21	M15	浙江	36	新 18B	湖北
7	辐恢 838	四川	22	中恢 8006	浙江	37	植 B	广东
8	C57	湖北	23	泸恢 17	四川	38	园 B	广东
9	南恢 397	四川	24	R288	广东	39	巨风 2B	湖北
10	测 258	广西	25	广恢 998	广东	40	赣香 B	江西
11	R253	广西	26	R9113	福建	41	Q4B	重庆
12	绵恢 725	四川	27	中恢 128	江苏	42	229	湖北
13	明恢 86	福建	28	恩 142-2	湖北	43	鄂早 18	湖北
14	R3076	湖北	29	香 5	湖北	44	巨风 A/B	湖北
15	中江 728	江苏	30	盐农	江苏	45	金 23B	湖北

1.2 试验方法

1.2.1 分子试验及分子评价 叶片 DNA 提取、PCR-*Acc* I 分子标记检测方法参照参考文献[14]。利用农业部《水稻品种鉴定 DNA 指纹方法》(NY/T 1433-2007)推荐的 24 对引物,对提取的叶片 DNA 进行 PCR 扩增,利用 6% 的聚丙烯酰胺凝胶电泳分离。

根据 PAGE 凝胶电泳的结果,在相同迁移率位置上,有带记为 1,无带记为 0,缺失记为 2。将 0、1、2 数字矩阵用 NTedit 软件处理。然后用 NTsys 软件处理数据进行品种间遗传相似系数(GS)的计算,由获得的数据矩阵,采用非加权配对算术平均法(UP-GMA, unweighted pair-group method with arithmetic means)绘制品种间遗传关系树状图。

1.2.2 新种质创制 依据各品种的遗传相似系数,以低于 0.7 且低于平均数的材料,结合主要农艺性状的差异进行选择,以 R3076 为母本、中恢 8006 为父本进行杂交,后代通过系谱法选择, F_4 利用与直链淀粉含量紧密连锁的分子标记 PCR-*Acc* I 进行辅助选择,创制 R7606 系列品系;以巨风 A/B 和 229 为亲本,通过回交转育,经分子标记 PCR-*Acc* I 选择,创制 229A 三系不育系列品系。

1.2.3 直链淀粉含量测定 参照优质稻谷 GB/T17891-1999 的品质分析方法,由农业部食品质量监督

检验测试中心(武汉)分析测试样品的直链淀粉含量。

1.2.4 农艺性状调查 株系材料和杂交组合按小区种植,单本移栽,每个小区种植 400 株,株行距为 16.67 cm × 23.33 cm,田间管理按常规方式。成熟后每小区各取 10 株考种,调查每株成穗数、每株总颖花数、结实率、千粒重和单株重等农艺性状。

2 结果与分析

2.1 45 份水稻资源的分子评价

利用农业部《水稻品种鉴定 DNA 指纹方法》(NY/T1433-2007)推荐的 24 对 SSR 引物,分别对 32 份水稻恢复系资源和 13 份保持系资源进行 DNA 多态性分析,遗传相似系数变化范围分别为 0.5244 ~ 0.8415、0.4783 ~ 1,平均遗传相似系数分别为 0.6965 和 0.6542,按遗传相似系数分别将其进行聚类分析(图 1、图 2)。

图 1 中,在遗传相似系数 0.69 处将 32 份恢复系资源分为 4 类。丰香恢、扬稻 6 号、盐农和 R3076 都是两系恢复系且衍生于 BG90-2,共处于第 I 类;成恢 448、恩 142-2、中恢 8006、中恢 128、明恢 63、辐恢 838、南恢 11、成恢 047、泸恢 17、蜀恢 527、明恢 86、广恢 998、R9113、CNR-152、C57、R288、中江 728、镇恢 084、南恢 397、测 258、R253 均是生产上应用较

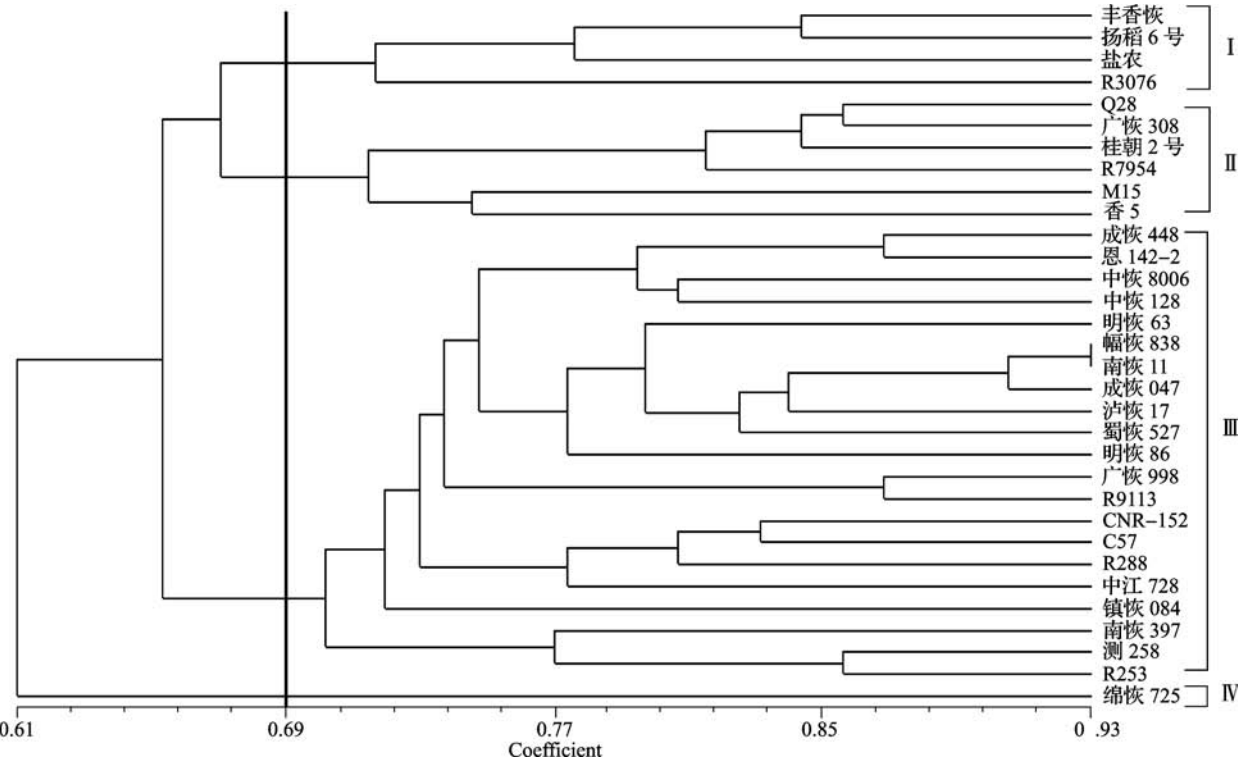


图 1 32 个恢复系资源的聚类图

Fig. 1 Dendrogram of 32 restore lines based on the 24 pairs of SSR primers

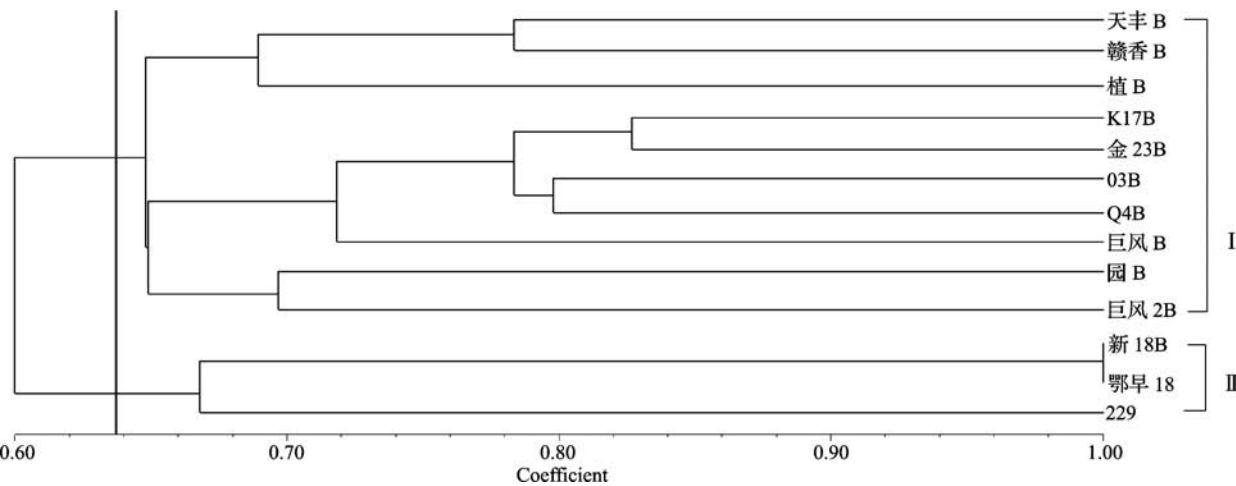


图 2 13 个保持系资源的聚类图

Fig. 2 Dendrogram of 13 maintainer lines based on the 24 pairs of SSR primers

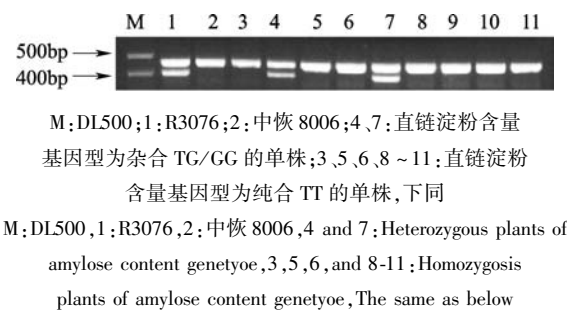
广的三系恢复系, 衍生于圭 630, 共处于第Ⅲ类; Q28、广恢 308、桂朝 2 号、R7954、M15、香 5 共处于第Ⅱ类, 其中桂朝 2 号是推广面积较大的常规中稻品种, 香 5 仅能恢复两系不育系, 介于第Ⅰ类与第Ⅲ类之间; 绵恢 725 来源于广亲和系培矮 64, 单独处于第Ⅳ类。综合分析可以看出 R3076 和中恢 8006 的系谱来源明显不同, 应用上对三系不育系的恢复性也不同, 这些差异可利用分子标记技术在 DNA 水平上区分开来。

图 2 中, 在遗传相似系数 0.64 处将 13 份保持系资源分为 2 类。第Ⅰ类为生产上应用的三系不育系的保持系, 第Ⅱ类为常规稻品种(系), 其中新 18B 来源于鄂早 18, 差异较小, 229 是自育品系, 与当前应用的保持系相似度极低。

2.2 恢复系 7606 和细胞质雄性不育系 229A 系列资源创制

结合主要农艺性状的差异, 根据图 1 的聚类分析结果, R3076 和中恢 8006 分别归为不同的类, 遗传相似系数为 0.6829, 低于 0.7 且低于平均数 0.6965, 说明这 2 个品种遗传差异明显, 可利用二者进行杂交改良。利用系谱法选育恢复系, 在 F₄ 利用 PCR-Acc I 分子标记对控制中等直链淀粉含量的基因型进行筛选, 选择标记基因型纯合的单株(含 460 bp 纯合带, TT 基因型, 如图 3 中 3、5、6、8、9、10、11 泳道所示), 选取的单株经加代选择至 2011 年获得 R7606 系列品系。

自育品系 229 农艺性状优良, 配合力强。根据图 2 聚类分析结果, 巨风 B 与 229 分别归为不同的类, 遗传相似系数 0.4783, 低于 0.7 及平均数 0.6542, 结合田间农艺性状的观察, 可知这 2 个品种遗传差



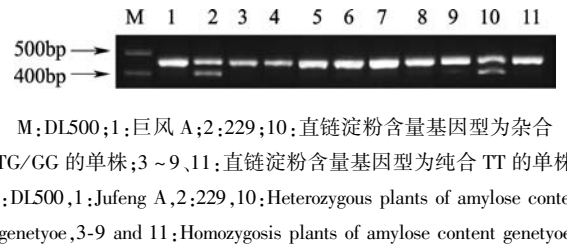
M:DL500;1:R3076;2:中恢 8006;4、7:直链淀粉含量基因型为杂合 TG/GG 的单株;3、5、6、8~11:直链淀粉含量基因型为纯合 TT 的单株, 下同

M:DL500,1:R3076,2:中恢 8006,4 和 7:Heterozygous plants of amylose content genetyoe,3,5,6, and 8-11:Homozygosis plants of amylose content genetyoe,The same as below

图 3 利用 PCR-Acc I 标记筛选 R7606 优异株系

Fig. 3 Determination of the PCR-Acc I molecular maker in individuals of R7606

异较大。选用 229 作为父本分别与巨风 A、巨风 B 杂交, 并以巨风 A/229 后代为母本, 以巨风 B/229 后代为轮回父本, 进行回交选育, 同时巨风 B/229 后代进行连续自交。成对回交 6 代后, 利用 PCR-Acc I 分子标记筛选, 如图 4 所示, 获得具有中等直链淀粉含量的 229A 系列品系。



M:DL500;1:巨风 A;2:229;10:直链淀粉含量基因型为杂合 TG/GG 的单株;3~9、11:直链淀粉含量基因型为纯合 TT 的单株
M:DL500,1:Jufeng A,2:229,10:Heterozygous plants of amylose content genetyoe,3-9 and 11:Homozygosis plants of amylose content genetyoe

图 4 PCR-Acc I 筛选 229A 株系

Fig. 4 Determination of the PCR-Acc I molecular maker in individuals of of 229A

田间观察结果显示, R7606 系列资源表现出优良的农艺性状, 穗大粒多(平均 293 粒/穗), 丰产性好等。对其稻米品质进行检测结果见表 2, 表明 R7606 系列资源有 17 个品系达到国家优质稻谷标

准,其中有 11 个品系达到国标二级,部分品系 (R7606-270)直链淀粉含量达国标一级米指标;配组试验结果显示,R7606 系列品系配合力较好,且有部分品系可以恢复细胞质雄性不育系,可以作为“三系法”和“两系法”杂交水稻育种的优质恢复系。229A 系列品系具有分蘖力强,柱头外露率高(63%,

其中双边外露 30%),播始历期长(75 ~ 85 d)等优良农艺性状,宜于安排杂交制种父母本播差期,异交结实率高;稻米品质检测结果显示 229A 系列品系中有 3 个品系达到国标一级,1 个品系达到国标 2 级标准;配组试验结果显示其一般配合力较高,可恢复性良好,可以作为“三系法”杂交水稻育种的优良不育系。

表 2 R7606 和 229A 系列品系的稻米品质检测结果

Table 2 Test results of rice quality of R7606 and 229A series lines

品系名称	国标等级	糙米率 (%)	整精米率 (%)	粒型长/宽 Length/ width	垩白粒率 (%)	垩白度 (%)	直链淀粉 含量(%)	胶稠度 (mm)	碱消值级 Alkali spreading value level	透明度级 Transparency level
Name of lines	GB class	Brown rice rate	Milled rice rate		Chalky grain rate	Chalky degree	Amylose content	VGel consistency		
R7606-102	3	78.0	66.9	3.2	5	0.6	15.7	90	6.0	1
R7606-106	3	77.7	60.8	3.1	14	1.4	15.8	90	6.0	1
R7606-110	3	77.3	59.8	3.2	17	1.4	15.2	90	6.0	1
R7606-181	3	78.5	63.2	3.4	13	0.8	15.2	88	6.0	1
R7606-198	2	77.0	63.1	2.9	14	1.0	16.6	85	6.0	1
R7606-205	2	76.9	62.7	3.1	8	0.6	16.1	87	6.0	1
R7606-220	2	79.2	64.8	3.0	13	1.7	16.0	90	4.0	1
R7606-227	2	78.6	66.7	3.1	10	0.8	16.2	84	4.5	1
R7606-270	2	77.3	61.5	3.0	16	1.3	17.6	78	6.7	1
R7606-271	2	76.0	61.7	3.2	8	1.0	16.6	88	6.0	1
R7606-289	2	79.4	68.5	3.0	6	0.3	16.2	89	6.2	1
R7606-291	3	77.9	63.8	3.0	9	0.5	15.6	88	6.5	1
R7606-295	2	80.0	68.8	3.0	9	0.6	16.1	88	5.7	1
R7606-298	2	79.8	66.4	3.0	5	0.3	16.0	89	5.2	1
R7606-301	3	79.6	67.7	3.0	7	0.4	15.4	82	6.0	1
R7606-567	2	77.2	57.3	3.1	13	1.6	16.0	88	6.0	1
R7606-577	2	78.0	65.6	3.1	4	0.3	16.4	85	5.5	1
229B-31	2	80.3	67.6	3.0	18	1.1	17.4	87	5.7	1
229B-33	1	79.8	68.2	3.0	5	0.2	17.2	87	6.0	1
229B-49	1	79.6	68.4	3.1	10	0.5	17.2	85	5.7	1
229B-54	1	79.1	66.7	3.0	7	0.5	17.2	87	6.0	1
229B-63	3	79.4	68.3	2.9	22	1.3	17.4	87	6.0	1
229B-71	3	80.6	66.3	2.8	24	1.2	18.0	82	5.8	1
229B-85	/	79.6	64.8	3.0	35	2.4	16.2	88	6.0	1

由农业部食品质量监督检验测试中心(武汉)分析测试

Tested by the ministry of agriculture food quality supervision and testing center (Wuhan)

2.3 创新资源的评价与初步应用

2.3.1 创新资源的分子标记检测 利用与直链淀粉含量紧密连锁的分子 PCR-Acc I 检测 R7606 和 229A 系列品系,结果表明创制的新种质直链淀粉基因型均为纯合(含 460 bp 纯合带,TT 基因型),表明其直链淀粉含量均低于 20%^[11],这与表 2 中实际稻米检测结果一致。

2.3.2 创新资源的主要农艺性状考查 将创制的 R7606 系列资源品系按小区种植,与 R3076 和中恢 8006 进行品比试验,成熟后每小区各取 10 株考种,

调查每株成穗数、每株总颖花数、结实率、千粒重和单株重等农艺性状,结果示于表 3,从中可以看出,R7606 部分品系单株重超过亲本 R3076 和中恢 8006,作为一季中稻表现出较好的产量潜力,生产上结合稻米品质优良的特性,可以优选出部分品系进行优质米开发与利用。

2.3.3 创新资源配制组合农艺性状表现 以创新种质为部分亲本材料配制的组合在 2011 年夏进行优势初步观察,以丰两优香 1 号为对照,考种结果如表 4 所示。

表 3 R7606 部分品系的主要农艺性状考查

Table 3 Databases of testing main agronomic traits of R7606

品系名称 Name of combinations	成穗数 Panicle number	总颖花数 Spikelet per panicle	结实率(%) Seed setting rate	千粒重(g) 1000-grain weight	单株重(g) Weight per plant	单株理论产量(g) Expected yield of per plant
中恢 8006	8	160.3	85.2	26.9	29.6	29.4
R3076	6	269.3	81.1	23.7	31.8	31.1
R7606-270	7	259.3	88.9	25.1	39.2	40.5
R7606-577	7	277.6	86.1	24.7	40.8	41.3
R7606-220	6	248.8	85.5	29.8	39.1	38.0
R7606-301	8	261.5	87.8	25.1	45.2	46.1
R7606-205	8	255.9	85.8	25.9	43.7	45.5

表 4 创新资源配制的组合考种结果

Table 4 Databases of testing the hybrid consituted with innovative resources

组合名称 Name of combinations	成穗数 Panicle number	总颖花数 Spikelet per panicle	结实率(%) Seed setting rate	千粒重(g) 1000-grain weight	单株重(g) Weight per plant	单株理论产量(g) Expected yield of per plant
204S/7606-506	8	213.9	86.2	25.8	35.4	38.1
Y58S/7606-511	7	266.9	81.9	24.4	36.8	37.3
广占 63S/7606-532	8	202.8	82.3	26.7	35.9	35.7
18A/7606-191	8	216.5	87.6	26.5	38.4	40.2
229A/7606-207	9	189.8	92.5	27.8	39.3	43.9
15S-1/7606-271	8	221.5	87.8	24.1	33.3	37.5
丰两优香 1 号(CK)	8	168.9	85.8	27.9	31.5	32.3

由表 4 可以看出,R7606 系列品系所配制的组合,结实率均高于 80%,考种单株重均超过 33 g,比对照略高,基本具备生产利用的价值;其中 229A/7606-207 组合,成穗数较多,结实率和单株产量均表现突出。不仅说明 229A 可恢复性好,可以配制强优势组合,而且可以看出 R7606 系列品系具有细胞质雄性不育系的恢复能力。

3 讨论

3.1 水稻资源的分子评价与种质创新结合

作物种质资源是品种改良的物质基础,利用丰富的稻种资源进行种质创新是当前水稻种质资源研究所面临的重要课题。随着分子生物学技术的发展,水稻品种改良已经发展到分子标记辅助选择与农艺性状选择相结合的高级阶段,因此,种质资源的评价必须满足分子辅助选择的实际需要,进行分子辅助评价并量化的指导种质资源的创新。有研究表明,分子标记技术可以在 DNA 水平上将作物种质有效区分开来,而且分子标记技术的分析结果与系谱分析结果吻合性较高^[15]。在水稻种质资源研究工作中,不断挖掘我国优异的稻种资源和引进新的种质资源,拓宽育

种材料的遗传基础,提高品种的遗传多样性,是水稻品种改良中防止遗传脆弱性的有效途径。因此,遗传多样性的研究对于作物新品种的选育具有重要意义^[10,16]。长期以来,对水稻种质资源的多样性研究多停留于多样性指标的数据分析,没有一个量化的标准,结论通常是分组分类等,虽然对杂交组合配制有一定的指导作用,但对资源创新工作的指导甚少,因此不能更好地服务于水稻品种改良和生产发展。

本研究在对 45 份水稻资源进行分子标记辅助评价的基础上,结合各水稻资源的遗传相似系数及其主要农艺性状的差异,选用适当的材料作为亲本进行种质创新。所选用材料的遗传相似系数小于 0.7 且小于平均遗传相似系数,这是对亲本材料的遗传背景进行的初步量化,既克服了传统育种中选择亲本材料的盲目性,又兼顾了亲本材料的遗传多样性。

3.2 分子标记辅助选择提高效率

在进行资源创新的中间世代利用可检测水稻直链淀粉含量的 PCR-Acc I 分子标记进行辅助选择,创制了新的优异恢复系 R7606 系列资源和细胞质雄性不育系 229A 系列资源。通过对其稻米品质分析结果可以看出,创新资源的稻米品质明显改善,分别达到

国标 2 级和 1 级优质稻米标准,验证了这一分子标记的有效性,同时提高了选择效率,也解决了传统育种中对稻米品质尤其是直链淀粉含量不易选择的难题,这与周屹峰等^[12]的研究一致,说明 PCR-Acc I 分子标记在对中等直淀粉含量的资源选择中效果明显。

3.3 分子标记应用于育种实践

在过去的 20 年中关于 QTL 发现的报道迅速增加^[17],但是能够成熟运用于水稻种质资源创新的分子标记数量尚显不足,远不能满足当前水稻育种和生产发展的需要。因此分子标记的研究应注意与育种实践相结合,选用生产上大面积应用的品种或材料进行分子标记的研究,以缩短分子标记研究与育种应用的距离,建立分子标记辅助育种与常规育种相结合的技术体系,提高定向育种的效率和水平。本研究成功利用与直链淀粉含量基因紧密连锁的 PCR-Acc I 分子标记进行中等直淀粉含量的资源创制和选择,只是从米质方面的应用,还需要利用更多可操作的如抗病、耐冷等方面的分子标记对种质资源进行改良和完善。

参考文献

- [1] 钱前,程式华. 水稻遗传学和功能基因组学[M]. 北京:科学出版社,2005:70
- [2] 程本义,吴伟,夏俊辉,等. 利用微卫星标记分析浙江省近年来主要水稻品种的遗传多样性[J]. 中国水稻科学,2009,23(5):551-554
- [3] 肖小余,王玉平,张建勇,等. 四川省主要杂交稻亲本的 SSR

- 多态性分析和指纹图谱的构建与应用[J]. 中国水稻科学,2006,20(1):1-7
- [4] 华蕾,袁筱萍,余汉勇,等. 我国水稻主栽品种 SSR 多样性的比较分析[J]. 中国水稻科学,2007,21(2):150-154
- [5] 韩龙植,曹桂兰. 中国稻种资源收集、保存和更新现状[J]. 植物遗传资源学报,2005,6(3):359-364
- [6] 李丹婷,农保选,夏秀忠,等. 东南亚稻种资源收集与鉴定评价[J]. 植物遗传资源学报,2012,13(4):622-625
- [7] 陈成斌,赖群珍,徐志建,等. 广西野生稻种质资源保护利用现状与展望[J]. 植物遗传资源学报,2009,10(2):338-342
- [8] 陈峰,朱其松,徐建第,等. 山东地方水稻品种的农艺性状与品质性状的多样性分析[J]. 植物遗传资源学报,2012,13(3):393-397
- [9] 刘传光,张桂权. 用 SSR 标记分析 1949-2005 年华南地区常规粳稻主栽品种遗传多样性及变化趋势[J]. 作物学报,2010,36(11):1843-1852
- [10] 李红宇,侯昱铭,陈英华,等. 用 SSR 标记评估东北三省水稻推广品种的遗传多样[J]. 中国水稻科学,2009,23(4):383-390
- [11] 蔡秀玲,刘巧泉,汤述翥,等. 用于筛选直链淀粉含量为中等的籼稻品种的分子标记[J]. 植物生理与分子生物学学报,2002,28(2):137-144
- [12] 周屹峰,赵霏,任三娟,等. 利用 Wx 基因功能性标记选育中等直链淀粉含量优质水稻保持系[J]. 浙江大学学报:农业与生命科学版,2010,36(6):602-608
- [13] 陈圣,倪大虎,陆徐忠,等. 利用分子标记技术降低协优 57 的直链淀粉含量[J]. 中国水稻科学,2008,22(6):597-602
- [14] 侯立恒,夏明元,戚华雄,等. 利用 Wx 基因分子标记辅助选择技术培育中等直链淀粉含量的水稻恢复系[J]. 中国农学通报,2009,25(14):32-36
- [15] 张涛,郑家奎,徐建第,等. 香稻品种的遗传多样性研究[J]. 中国农业科学,2008,41(3):625-635
- [16] 魏兴华,袁筱萍,余汉勇,等. 我国常规稻主栽品种的遗传变异分析[J]. 中国水稻科学,2009,23(3):237-244
- [17] Xu Y B, Crouch J H. Marker-assisted selection in plant breeding: From publications to practice[J]. Crop Sci,2008,48:391-407

欢迎订阅 2014 年《中国水稻科学》、《水稻科学(英文版)》

《中国水稻科学》(ISSN 1001-7216,CN 33-1146/S)为中国水稻研究所主办的全国性学术期刊,主要报道以水稻为研究对象的未经发表的原始论文。所设栏目包括研究报告、研究简报、研究快报、研究简讯、实验技术、学术专论、文献综述等。读者对象为国内外从事水稻科研、教学、生产和管理的有关人员。同时,还办有姊妹刊《Rice Science》(水稻科学,英文版)(ISSN 1672-6308,CN 33-1317/S)。

《中国水稻科学》为中文核心期刊、中国科学引文索引数据库核心期刊,中国科技核心期刊,也是国内外 20 余种数据库和检索期刊的文献源。曾两度被评为全国优秀科技期刊,荣获第三届国家期刊奖(百种重点期刊),并入选中国期刊方阵双百期刊、中国精品科技期刊和百种中国杰出学术期刊。

双月刊,大 16 开,112 页,每期定价 20.00 元(全年 120.00 元),邮发代号 32-94,国外代号 Q6533。读者可在各地邮政局订阅,也可向编辑部订阅。《水稻科学(英文版)》为双月刊,大 16 开,48 页,每期定价 10.00 元(全年 60.00 元),自办发行,请读者直接向编辑部订阅。

地址:(310006)杭州市体育场路 359 号中国水稻研究所内

电话:0571-63370278(63371017)

E-mail:cjrs@263.net;crnn@fy.hz.zj.cn