

籼粳稻杂交衍生 RIL 系的苗期抗旱性评价

吕学莲^{1,2}, 白海波¹, 惠建¹, 田小燕³, 杨宸刚³, 马斯霜¹, 蔡正云², 李树华¹

(¹宁夏农林科学院农业生物技术研究中心, 银川 750002; ²宁夏大学农学院, 银川 750021;

³北方民族大学生物科学与工程学院, 银川 750021)

摘要:为鉴定籼粳稻杂交衍生系的苗期抗旱性,以课题组自育的高代抗逆品系 ZD15 为母本、籼稻品种 IR29 为父本,以及杂交衍生的重组自交系群体 120 份为试验材料,利用 PEG-6000 对各材料苗期进行干旱胁迫处理,测定根长、根冠比、地上部鲜重、地下部鲜重、地上部干重和地下部干重;利用 PEG-6000 对各材料芽期进行干旱胁迫处理,测定芽鞘长和芽长。采用主成分分析和隶属函数法对各材料的抗旱性进行综合评价,根据综合抗旱 D 值可将 122 份材料分成 3 类, D 值在 0.201~0.400 之间的有 33 份,属于不抗旱材料; D 值在 0.401~0.600 之间的有 79 份,属于中等抗旱材料; D 值在 0.601~0.800 之间的有 10 份,属于抗旱材料。利用 D 值进行逐步回归分析,结果表明根长、根冠比、地上部鲜重、地下部鲜重、地上部干重、地下部干重、芽鞘长和芽长 8 个性状均可作为水稻苗期抗旱性的评价指标。本研究筛选出的抗旱材料,可作为育种中间材料进一步培育,或作为育种资源加以利用,以丰富本区水稻育种的资源库。

关键词:水稻; 杂交衍生系; 苗期; 干旱胁迫; 综合抗旱性

Evaluation of Seedling Drought Resistance of RIL Derived from *Indica* Rice and *Japonica* Rice

LV Xue-lian^{1,2}, BAI Hai-bo¹, HUI Jian¹, TIAN Xiao-yan³, YANG Chen-gang³, MA Si-shuang¹,
CAI Zheng-yun², LI Shu-hua¹

(¹Agricultural Bio-Technology Centre of Ningxia Academy of Agriculture and Forestry Sciences, Yinchuan 750002;

²School of Agriculture, Ningxia University, Yinchuan 750021;

³College of Biological Science and Engineering of North Minzu University, Yinchuan 750021)

Abstract: This study attempted to identify the seedling drought resistance of RIL population from an *indica* and *japonica* crossing lines. A population of 120 recombinant inbred lines (RIL), which were derived from a cross between an elite *indica* cultivar IR29 and a drought-resistant *japonica* line ZD15, were used. An artificial drought stress was mimicked by PEG-6000 treatment. These parameters including the germ length and coleoptile length at germination stage, as well as the root length, root-shoot ratio, shoot fresh weight, root fresh weight, shoot dry weight and root dry weight at seedling stage, were measured. With the principal component analysis and membership function method, an objective comprehensive evaluation value (D value) of drought resistance was obtained. According to the D value, the 122 rice lines (or variety) were divided into three groups. The group I containing 33 lines with D value between 0.201 and 0.400, was a drought sensitive group. The group II containing 79 lines with D value between 0.401 and 0.600, was a moderate drought resistant group. The last group containing 10 lines with D value between 0.601 and 0.800, was a drought resistant group. Using stepwise regression and principal component analysis, these eight traits were selected

收稿日期: 2018-08-17 修回日期: 2018-10-08 网络出版日期: 2019-01-15

URL: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.4996.S.20190114.1448.001.html>

第一作者主要从事作物分子育种研究, E-mail: lvxuelian66@126.com

通信作者: 李树华, 研究方向为作物抗逆生理研究, E-mail: shuhua.l@163.com

基金项目:宁夏农林科学院科技创新先导资金项目(NKYJ-14-22);宁夏回族自治区农业育种专项(2018NYYZ03);宁夏回族自治区自然科学基金项目(NZ17266)

Foundation project: The Technology Innovation Guidance Funding Project of Ningxia Academy of Agriculture and Forestry Sciences (NKYJ-14-22), The Agricultural Breeding Special Projects of Ningxia (2018NYYZ03); The Natural Science Foundation of Ningxia (NZ17266)

to be evaluation indicators for drought resistance at seedling stage of rice. Taken together, the drought resistant lines selected in this study can be further cultivated as breeding intermediate materials, or used as breeding resources to enrich the rice breeding resource in Ningxia.

Key words: rice; hybrid derived line; seedling stage; drought stress; comprehensive drought resistance

水稻是人类重要的粮食作物之一,其需水量极大,我国农业用水的 70% 主要用于水稻灌溉^[1-2]。中国水资源相对不足,难以满足稻作生产的需求,供水问题已成为制约水稻良性发展的主要瓶颈^[3]。宁夏位居西北半干旱、干旱区,平均占有水量较少,且 4-6 月份的降水量也仅占全年的 25%,而这个时期也正是宁夏水稻出苗和保苗的关键时期。因此,水稻苗期的供水形势凸显紧张。筛选和培育抗旱的水稻品种是解决这一问题的最有效途径^[4-5]。

水稻抗旱性是其对于干旱环境的一种适应性变化,包括形态抗性、生理生化抗性以及生长发育进程的改变等,是由多种因素相互作用构成的复杂的综合系统,而其中的每种因素都和抗旱性有一定的相关性,只是相关性大小有所不同而已^[6-7]。因此,在抗旱性鉴定时,仅通过单一的抗性指标对其鉴定是不全面的,而应该运用多种指标综合衡量。由于综合指标法全面考虑了各指标的贡献率大小,同时去除了重复的信息,具有科学、准确、全面的特点,因此,此方法已广泛应用于作物复杂性状的抗性鉴定及评价方面^[8-10]。

籼稻和粳稻是亚洲栽培稻的两个亚种,其遗传距离较远,二者在产量、稻米品质和抗逆性等方面有很大差别^[11]。据研究,籼粳交可以突破常规杂交,具有明显的超亲优势,杂交后代变异丰富,是一种丰富水稻核心种质和提高育种效率的有效途径^[12]。本研究以课题组自育的高代抗旱品系 ZD15(P2)与籼稻品种 IR29(P1)及其杂交衍生的重组自交系群体,共 122 份家系为材料,利用 PEG-6000 对其进行苗期干旱胁迫处理,通过测定各项抗旱相关指标,对各材料的综合抗旱性进行评价,以期筛选出抗旱性较强的材料进一步利用,同时丰富本区水稻育种的资源库。

1 材料与amp;方法

1.1 试验材料

试验于 2018 年在宁夏农林科学院农业生物技术研究中心进行。参试材料共 122 份,包括籼粳稻杂交衍生的 RIL 群体 F₆ 的 120 份家系及双亲, RIL 群体编号为 1~122,编号 122 是母本,为 ZD15

(P2),是通过将普通野生稻基因组 DNA 导入到宁夏栽培粳稻品种宁粳 23 中,对获得的导入后代进行跟踪分子鉴定和抗逆性(抗旱、耐盐和耐冷性)鉴定后,选取携带有普通野生稻片段且抗逆性强的导入后代进行常规选育,获得稳定的高代抗逆品系。编号 121 是父本,为籼稻品种 IR29(P1),对盐和冷敏感,前期也做过抗旱性鉴定,属于不抗旱品种。在本研究中,利用籼粳稻杂交的衍生系,期望可以筛选出抗旱性超亲的家系。

1.2 试验方法

1.2.1 种子处理 取各材料水稻种子,用自来水冲洗干净后,3% NaClO 浸泡消毒 30 min,蒸馏水冲洗 2 遍,备用。

1.2.2 抗旱指标选择 经前期反复试验验证,水稻幼苗在 20% PEG-6000 胁迫条件下,芽鞘性状、地上部及地下部生物量性状能较稳定的反映水稻的抗旱性。因此,本研究选取芽鞘性状、地上部及地下部生物量等性状作为抗旱指标进行研究。

1.2.3 芽鞘培养及性状测定 将育苗基质与 20% PEG-6000 的胁迫溶液按基质质量(kg):溶液体积(L)=1:1.2 的比例,搅拌均匀,以不加 PEG-6000 的蒸馏水作为对照,等质量分装于育苗盘中。各材料取消过毒的种子各 15 粒,均匀播种于每穴基质中,在 20℃左右暗室培养,处理和对照各设 3 次重复。待积温达到 150℃时,用直尺测量不同处理各材料的芽鞘长度和芽长,每种材料测 10 株,取平均值。

1.2.4 幼苗处理及性状测定 将萌发后的种子于 28~30℃人工气候箱光照培养。当幼苗长至 3~4 cm 时,挑选长势一致的幼苗播种于培养盒中,每个培养盒放 20 株幼苗,每个材料 6 个培养盒,向培养盒中加入 20 mL 1/2 改良霍格兰氏营养液进行培养。培养 10 d 后,向营养液中加入 20% PEG-6000 胁迫剂,对照为不加 PEG-6000 的营养液,每处理 3 次重复,继续放在培养箱培养,每天观察记录幼苗卷叶和死叶的面积情况,并更换营养液。胁迫 6 d 后,用直尺量取处理组和对照组幼苗苗高和主根长,并计算根冠比。取幼苗地上部分和地下部分,于干燥箱中 105℃杀青 10 min 后,72℃烘干 48 h 至恒重,用

电子天平称取每株幼苗地上部和地下部的生物量干重,并取平均值。

1.3 抗旱综合评价方法及公式

以上指标均换算成相对值 X ,即

$$X = \frac{X_i}{X_{ck}} \quad (1)$$

式中, X 表示测定指标的相对值, X_i 表示该指标在干旱条件下的测定值, X_{ck} 表示该指标在正常条件下的测定值。

隶属函数值 X_j 计算公式

$$X_j = \frac{X - X_{\min}}{X_{\max} - X_{\min}} \quad (2)$$

式中, X_j 表示第 j 个主成分的隶属函数值, X_{\min} 表示所有材料所测该指标的相对最小值, X_{\max} 表示所有材料所测该指标的相对最大值。

各综合指标权重 W_j

$$W_j = \frac{P_j}{\sum_{j=1}^n P_j} \quad (j=1, 2, \dots, n) \quad (3)$$

式中, W_j 表示第 j 个主成分在所有主成分中的重要程度, P_j 表示各材料第 j 个综合指标贡献率。

综合抗旱能力 D_j 值越高,说明该材料综合抗旱能力越强。

$$D_j = \sum_{j=1}^n X_j W_j \quad (j=1, 2, \dots, n) \quad (4)$$

式中, D_j 表示综合抗旱评价价值。

1.4 数据处理及分析方法

测定的所有数据经 Excel 统计整理后,利用 SPSS 软件进行主成分分析,计算综合抗旱值 D 。再利用 D 值进行逐步回归分析,进行抗旱指标的选择。

2 结果与分析

2.1 干旱胁迫对水稻苗期生长的影响

对 122 份材料根长、根冠比、地上部鲜重、地下部鲜重、地上部干重、地下部干重、芽鞘长和芽长的平均相对值分析见表 1。各指标的变异系数在 25.87%~54.72% 之间,说明受干旱胁迫后,群体内各性状变异丰富,变异范围很广。根长、地下部鲜重、地下部干重和芽鞘长的相对值变幅分别为 55.4%~177.6%、12.5%~156.3%、25.3%~137.9% 和 6.7%~213.1%,平均值分别为 98.8%、61.2%、72.4% 和 113.4%,说明旱胁迫对以上性状的抑制率在各材料中表现不一,有些材料在旱胁迫条件下以上生长指标甚至有增加的趋势。根冠比的相对值变幅为 123.4%~397.6%,均大于 100%,说明干旱对地上部生长的影响大于对地下根系生长的影响;地上部鲜重、地上部干重和芽长的相对值变幅分别为 7.8%~98.0%、14.5%~87.4% 和 5.2%~97.1%,平均值分别为 39.4%、47.9% 和 57.1%,均小于 100%,说明干旱胁迫严重抑制了水稻幼苗地上部鲜重、地上部干重和芽长的生长。

表 1 干旱胁迫条件下水稻苗期各指标相对值分析

Table 1 Analysis of relative value of phenotypic traits in rice seedling stage under drought stress (%)

项目 Item	根长 RL	根冠比 RSR	地上部 鲜重 SFW	地下部 鲜重 RFW	地上部 干重 SDW	地下部 干重 RFW	芽鞘长 CL	芽长 GL
变幅 Variation range	55.4~177.6	123.4~397.6	7.8~98.0	12.5~156.3	14.5~87.4	25.3~137.9	6.7~213.1	5.2~97.1
平均 Average	98.8	264.0	39.4	61.2	47.9	72.4	113.4	57.1
标准差 Standard deviation	25.57	74.73	20.07	33.50	15.23	21.92	45.11	20.08
变异系数 Variation coefficient	25.87	28.30	50.91	54.72	31.80	30.28	39.36	35.07

RL: Root length, RSR: Root shoot ratio, SFW: Shoot fresh weight, RFW: Root fresh weight, SDW: Shoot dry weight, RFW: Root dry weight, CL: Coleoptile length, GL: Germ length. The same as below

2.2 干旱胁迫下水稻幼苗各指标的相关分析

对模拟干旱胁迫下各水稻幼苗 8 个性状的相对值进行相关性分析(表 2)。各指标间均存在不同程度的相关性,大部分指标间的相关性达到极显著水平,其中,地上部鲜重和地下部鲜重、芽鞘长和芽长

及地下部干重和地上部干重之间的相关系数较大,分别为 0.715、0.676 和 0.667,这些性状之间的显著相关性表明,各指标信息之间存在重叠,适合采用主成分分析法对各指标进行降维,把多指标转化为少数的综合指标。

表 2 干旱胁迫条件下水稻苗期各指标的相关分析

Table 2 Correlation analysis of phenotypic traits in rice seedling stage under drought stress

相关系数 Correlation coefficient	根长 RL	根冠比 RSR	地上部鲜重 SFW	地下部鲜重 RFW	地上部干重 SDW	地下部干重 RFW	芽鞘长 CL
根冠比 RSR	0.252**						
地上部鲜重 SFW	0.401**	-0.152					
地下部鲜重 RFW	0.442**	0.093	0.715**				
地上部干重 SDW	0.502**	-0.446**	0.522**	0.340**			
地下部干重 RFW	0.452**	-0.231*	0.352**	0.590**	0.667**		
芽鞘长 CL	0.138	-0.167	-0.028	-0.179*	0.230*	0.063	
芽长 GL	-0.076	-0.238**	-0.188*	-0.199*	0.147	0.089	0.676**

** 与 * 分别表示在 0.01 和 0.05 水平差异显著。下同

** and * mean significance at the 0.01 and 0.05 level, respectively. The same as below

2.3 主成分分析

利用 SPSS 软件对 8 个指标的相对值进行主成分分析(表 3), 特征值大于 0.6 的主成分有 4 个, 这 4 个主成分的贡献率分别为 37.911%, 25.067%, 14.524% 和 8.359%, 累积贡献率达到 85.861%, 涵盖了所有指标的大部分信息, 损失的信息也很少。因此, 可以用这 4 个独立的主成分代表原来的 8 个指标。这 4 个主成分分别命名为: CI1、CI2、CI3 和 CI4, 表 3 中的特征向量即各主成分单项指标的系数。各主成分表达式分别为:

$$CI1=0.392X1-0.123X2+0.444 X3+0.445X4+0.469X5+0.462X6+0.055X7-0.013X8$$

$$CI2=-0.087X1-0.386X2-0.147X3-0.270X4+$$

$$0.234X5+0.084X6+0.569X7+0.603X8$$

$$CI3=0.511X1+0.708X2-0.127X3+0.045X4-0.150X5-0.052X6+0.378X7+0.224X8$$

$$CI4=-0.289X1+0.007X2+0.641X3+0.342X4-0.267X5-0.456X6+0.282X7+0.172X8$$

以上 4 个主成分表达式中, 第 1 主成分对应的地上部鲜重、地下部鲜重、地上部干重和地下部干重的特征向量较大, 这 4 项可综合概括为植株生物量指标; 第 2 主成分对应的芽鞘长和芽长的特征向量较大, 可综合概括为地上部生长指标; 第 3 主成分对应的根长和根冠比的特征向量较大, 可综合概括为地下部生长指标; 第 4 主成分对应的地上部鲜重的特征向量较大, 可概括为地上生物量指标。

表 3 各主成分的特征值、特征向量、贡献率及累积贡献率

Table 3 The eigenvalues, power vector, contribution rate, cumulative contribution rate and of principal components

主成分 Main component	特征值 Eigenvalues	特征向量 Power vector								贡献率 (%) Contribution rate	累积贡献率 (%) Cumulative contribution rate
		根长 RL	根冠比 RSR	地上部鲜重 SFW	地下部鲜重 RFW	地上部干重 SDW	地下部干重 RFW	芽鞘长 CL	芽长 GL		
主成分 1 CI1	3.033	0.392	-0.123	0.444	0.445	0.469	0.462	0.055	-0.013	37.911	37.911
主成分 2 CI2	2.005	-0.087	-0.386	-0.147	-0.270	0.234	0.084	0.569	0.603	25.067	62.978
主成分 3 CI3	1.162	0.511	0.708	-0.127	0.045	-0.150	-0.052	0.378	0.224	14.524	77.502
主成分 4 CI4	0.669	-0.289	0.007	0.641	0.342	-0.267	-0.456	0.282	0.172	8.359	85.861

2.4 抗旱性综合评价

根据主成分结果求得各综合指标的隶属函数值, 结合权重, 求得各材料综合抗旱能力 D 值, 根据 D 值对各材料的综合抗旱性进行评价。由表 4 可以看出, 各材料的综合抗旱 D 值最小为 0.22, 最大为 0.75。根据 D 值, 可将 122 份材料分成 3 类, D 值在 0.201~0.400 之间的有 33 份材料, 属于不

抗旱材料; D 值在 0.401~0.600 之间的有 79 份材料, 属于中等抗旱材料; D 值在 0.601~0.800 之间的有 10 份材料, 属于抗旱材料。亲本 IR29(P1) 的 D 值为 0.47, 属于中等抗旱材料, 亲本 ZD15(P2) 的 D 值为 0.65, 属于抗旱材料, 后代中有 3 份材料的 D 值高于 P2, 说明籼粳稻杂交存在超亲优势。

表4 各材料的综合指标值(CI)及D值

Table 4 The Comprehensive index and D value of different materials

编号 No.	综合 指标 1 CI1	综合 指标 2 CI2	综合 指标 3 CI3	综合 指标 4 CI4	D 值 D value	编号 No.	综合 指标 1 CI1	综合 指标 2 CI2	综合 指标 3 CI3	综合 指标 4 CI4	D 值 D value
1	0.86	-0.54	2.58	0.06	0.35	40	1.92	-0.66	3.13	-0.23	0.55
2	1.03	0.29	2.14	0.45	0.48	41	0.81	-0.78	3.06	0.28	0.36
3	0.80	0.33	2.20	0.22	0.42	42	2.11	-0.46	2.72	0.45	0.64
4	0.83	0.23	3.03	0.24	0.46	43	1.92	-0.83	3.69	0.42	0.61
5	1.23	0.65	2.04	0.07	0.52	44	1.92	-0.58	3.76	0.63	0.66
6	0.68	0.37	2.28	0.16	0.40	45	1.77	-0.26	2.83	0.70	0.62
7	1.17	0.15	2.73	-0.02	0.48	46	2.09	0.06	2.85	0.38	0.69
8	1.50	-0.07	1.72	-0.18	0.46	47	1.93	-0.42	2.43	0.29	0.58
9	1.50	-0.93	3.13	-0.03	0.46	48	1.79	-0.42	3.42	0.14	0.59
10	1.14	0.24	1.98	0.08	0.46	49	1.48	-0.46	2.35	0.18	0.48
11	0.82	-0.14	3.27	0.11	0.42	50	0.63	-0.45	2.50	-0.13	0.30
12	1.31	0.37	2.39	0.14	0.53	51	1.28	0.23	2.84	-0.03	0.51
13	0.95	0.10	2.61	0.10	0.44	52	1.50	0.03	2.10	-0.11	0.49
14	1.61	0.41	2.02	0.16	0.57	53	0.60	-0.26	3.66	0.23	0.40
15	1.27	0.51	1.87	0.34	0.53	54	1.39	0.61	2.45	0.20	0.58
16	0.95	-0.29	1.72	0.06	0.35	55	2.02	0.69	3.02	0.41	0.75
17	1.52	-0.32	2.28	0.24	0.50	56	1.27	-0.68	4.04	-0.02	0.48
18	1.49	0.06	2.58	0.14	0.54	57	0.84	-0.39	2.94	-0.02	0.37
19	1.34	0.59	2.93	0.29	0.59	58	0.90	0.02	2.37	0.02	0.40
20	0.85	0.79	2.43	0.35	0.50	59	1.32	0.61	1.77	0.02	0.51
21	0.88	0.32	3.64	0.18	0.50	60	1.07	0.54	2.85	0.03	0.51
22	1.44	0.09	3.13	0.14	0.56	61	0.23	-0.07	3.64	0.31	0.35
23	1.50	0.58	2.92	0.04	0.60	62	0.91	0.42	2.54	0.11	0.46
24	0.85	-0.49	2.36	-0.10	0.33	63	1.15	-0.53	3.71	0.21	0.47
25	0.93	-0.08	2.77	0.28	0.44	64	1.23	0.27	2.35	0.13	0.50
26	0.60	-0.21	2.54	0.02	0.33	65	1.12	-0.18	2.72	-0.09	0.43
27	1.03	-0.08	2.46	0.51	0.46	66	1.18	-0.20	2.46	-0.14	0.43
28	1.00	0.82	2.91	0.51	0.57	67	0.72	0.44	1.79	0.13	0.39
29	1.49	0.45	2.45	0.49	0.60	68	0.17	-0.61	3.36	0.13	0.26
30	1.21	0.36	2.68	0.36	0.54	69	0.98	0.48	2.66	0.08	0.48
31	1.34	-0.23	3.37	0.21	0.52	70	0.50	-0.21	3.76	0.28	0.39
32	1.48	-0.25	2.30	0.37	0.51	71	0.76	0.39	2.39	0.20	0.43
33	1.08	-0.79	3.17	-0.15	0.38	72	0.97	-0.29	3.39	0.09	0.44
34	1.00	-0.55	2.85	0.20	0.40	73	1.43	-0.41	2.99	-0.21	0.47
35	1.15	0.67	2.02	0.17	0.51	74	0.62	-0.51	2.80	-0.06	0.31
36	1.41	0.87	2.32	0.49	0.62	75	0.53	-0.59	3.43	0.07	0.32
37	1.45	0.23	2.02	0.69	0.57	76	0.72	0.78	2.89	0.44	0.50
38	0.80	-0.20	3.99	0.35	0.47	77	0.95	0.29	2.94	0.24	0.49
39	1.14	0.46	2.58	0.28	0.53	78	1.02	0.22	2.41	0.02	0.45

表 4(续)

编号 No.	综合 指标 1 CI1	综合 指标 2 CI2	综合 指标 3 CI3	综合 指标 4 CI4	D 值 D value	编号 No.	综合 指标 1 CI1	综合 指标 2 CI2	综合 指标 3 CI3	综合 指标 4 CI4	D 值 D value
79	1.02	0.48	3.14	0.23	0.52	101	0.89	-0.09	2.37	0.22	0.41
80	1.20	-0.30	2.00	0.17	0.43	102	1.56	-0.06	1.44	0.56	0.52
81	0.95	-0.40	2.14	-0.11	0.35	103	1.46	-0.57	3.14	0.16	0.50
82	0.83	-0.01	2.22	0.04	0.38	104	1.20	-0.49	3.28	-0.04	0.45
83	0.34	-0.50	3.24	0.12	0.29	105	1.61	-0.85	3.71	-0.02	0.51
84	0.26	-0.99	3.15	0.02	0.22	106	1.43	0.04	2.01	0.51	0.53
85	1.19	-0.53	3.93	0.30	0.50	107	0.98	-0.65	3.25	0.12	0.40
86	0.30	-0.34	3.36	0.27	0.32	108	1.49	-0.17	2.93	0.10	0.53
87	0.13	-0.61	3.66	0.19	0.27	109	1.27	-1.04	3.49	0.25	0.44
88	1.13	0.30	3.04	0.11	0.51	110	1.26	-1.02	3.07	0.11	0.41
89	0.73	-0.06	2.56	0.09	0.38	111	0.67	-0.72	3.66	0.21	0.36
90	1.08	-0.17	2.79	-0.04	0.43	112	1.10	0.23	1.70	0.06	0.43
91	0.75	-0.17	2.85	0.18	0.39	113	0.92	-0.31	2.00	-0.10	0.35
92	1.15	-0.11	2.85	-0.07	0.45	114	0.59	-1.04	3.04	-0.08	0.26
93	1.25	0.58	2.65	0.15	0.55	115	0.33	-1.01	2.97	0.16	0.23
94	0.58	-0.75	3.29	-0.10	0.30	116	1.18	0.15	2.02	0.21	0.47
95	0.89	-0.20	2.43	-0.02	0.38	117	1.14	-0.16	2.13	0.16	0.43
96	1.03	-0.88	3.55	-0.05	0.39	118	1.01	-0.05	1.93	0.04	0.40
97	1.27	-0.78	3.28	0.74	0.50	119	0.69	-1.67	3.09	0.17	0.24
98	0.74	-0.67	3.67	0.60	0.41	120	1.09	-0.72	3.30	-0.09	0.40
99	1.43	-0.89	3.65	0.59	0.52	121(P1)	1.81	-1.34	2.89	0.10	0.47
100	1.10	-1.50	2.80	0.05	0.31	122(P2)	1.40	-0.61	0.92	0.24	0.65

2.5 水稻苗期抗旱鉴定指标的筛选

为简化鉴定程序,筛选对抗旱 D 值有显著影响的指标,利用已得到的抗旱 D 值和性状之间的关系

构建回归方程。对因变量 D 值的正态检验结果见表 5。偏度系数为 0.009,峰度系数为 0.084,均小于 1,说明因变量 D 值符合正态分布,适合进行回归分析。

表 5 D 值正态检验结果

Table 5 Normal test of D value

项目 Item	最大值 Max.	最小值 Min.	均值 Mean	标准差 SD	偏度 Skewness	峰度 Kurtosis
D 值 D Value	0.75	0.22	0.457	0.101	0.009	0.084

各性状与 D 值的相关分析表明(表 6), 8 个性状与 D 值均达到极显著相关,其中根冠比与 D 值是极显著负相关,其余 7 个性状为极显著正相关。以 D 值为因变量,各性状为自变量,进行逐步回归分析,构建的最优回归方程为: $Y=0.095+0.051X_1-0.018X_2+0.147X_3+0.074X_4+0.106X_5+0.061X_6+0.103X_7+0.084X_8$, 式中 X_1 、 X_2 、 X_3 、 X_4 、 X_5 、 X_6 、 X_7 和 X_8

分别代表根长、根冠比、地上部鲜重、地下部鲜重、地上部干重、地下部干重、芽鞘长和芽长。直接通径系数分别为 0.130、-0.211、0.293、0.247、0.160、0.133、0.429 和 0.165,其显著性检测均小于 0.01,表明这 8 个性状对综合抗旱 D 值的影响极显著。因此,在水稻苗期的抗旱性鉴定中,以上 8 个性状都应作为抗旱性评价的指标。

表6 各性状与D值的相关性分析

Table 6 The correlation coefficients between 8 traits and D value

相关系数 Correlation coefficient	根长 RL	根冠比 RSR	地上部鲜重 SFW	地下部鲜重 RFW	地上部干重 SDW	地下部干重 RFW	芽鞘长 CL	芽长 GL
D值 D value	0.35**	-0.45**	0.64**	0.53**	0.76**	0.64**	0.58**	0.42**

3 讨论

作物的抗旱性,指作物能够适应干旱环境,在干旱条件下能够生存并且形成一定产量的能力^[13]。作物应对干旱的机制非常复杂,且不同品种对干旱的响应程度也有很大差别^[14]。作物受到干旱胁迫后,会有一系列生理生化反应,从而导致在形态上也有很大差别^[15]。水分胁迫会引起细胞膨压下降,代谢失调,叶片气孔关闭,叶绿体和光合酶系统受到损伤,光合作用和蒸腾作用下降,渗透调节能力和抗氧化能力提高,有抗逆蛋白产生。伴随的外在形态表现为:叶片萎蔫、卷曲,叶片和茎的幼嫩部分下垂,分蘖力下降,地上部分和地下部分生长明显受到抑制,干物质积累缓慢,最终植株死亡^[16-17]。抗旱的品种(系)在一定的干旱条件下,会调动一系列生理生化的防御反应,降低或减少干旱对其造成的损失^[18-20]。因此,可以通过抗旱性鉴定,将不同品种或材料的抗旱能力大小进行鉴定评价,从而为抗旱育种提供优异种质和资源。

苗期是水稻抗旱性鉴定的关键时期,在此时期鉴定,不仅省时、省力、省空间、可操作性强,还不容易受到外界环境的影响,从而试验结果更加准确可靠。在宁夏,直播稻几乎占据了整个水稻生产,而水稻直播后的苗期阶段又是各种作物争相用水的高峰期,在同等灌溉条件下,苗期抗旱性强的水稻可以抵抗一定的干旱,从而存活并能够正常生长甚至结实形成产量,而苗期不抗旱的水稻有可能得不到保苗而干旱死亡。因此,苗期抗旱性强的材料在苗期干旱的情况下保苗率较高,此时期的抗旱性对水稻整个生育时期起着决定性作用。据孟宪梅等^[21]研究表明:水稻不同生育时期之间的互作达到极显著差异。在植物抗旱的形态结构中,根系是重要的性状之一,根系表面积越大,吸水能力越强^[22]。因此,发达的根系与其抗旱能力呈正相关性。但是,在重度干旱条件下,根系生长会被抑制甚至停止^[23]。在本研究的根系性状中,大部分材料的根长、根冠比、地

下部鲜重和地下部干重在旱胁迫条件下的相对值均大于1,说明对这些材料来说,无论是在生长量还是干物质积累方面,干旱胁迫促进了地下部的生长。进一步可以推断,植物干旱环境下,会调整其生理状态,使自身更快适应新的环境,减少损伤。

水稻的抗旱性是复杂的数量性状,是一系列生理生化反应及形态指标相互作用的结果^[24-25]。不同品种应对干旱的方式不同,某一具体指标对干旱的反应也不尽相同,所以,仅凭单一指标衡量水稻的抗旱性是不够准确的。同时,抗旱性是多种指标相互作用的结果,各指标之间存在相互重叠,各占一定的比例,因此,应对各指标进行综合评价,这样获得的抗旱性才是全面准确的。本研究选取了根长、根冠比、地上部鲜重、地下部鲜重、地上部干重、地下部干重、芽鞘长和芽长8个性状的相对值作为主要指标,相关性分析表明,大部分性状间的相关性很强,都能达到极显著水平,说明各指标信息之间存在着相互重叠,通过主成分分析可以将这些冗余信息剔除掉,简化为几个可以代替大部分性状的综合指标,根据各自对抗旱性的贡献大小进行综合评价各材料的抗旱性,可以全面反映各材料的抗旱能力大小。鉴定的122份群体材料中,综合抗旱D值在0.22~0.75之间,2个亲本的D值分别为0.47和0.65,有3份材料的综合D值高于双亲,说明这3份材料的综合抗旱能力超过双亲,表明籼粳稻杂交超亲优势明显,是丰富水稻核心种质的有效方法。利用综合抗旱D值进行回归分析表明,本研究中所测定的8个性状均可作为水稻苗期抗旱性鉴定的指标,筛选到的10份抗旱材料将作为抗旱育种的资源或种质加以利用和培育,有望育成新的抗旱品种。

参考文献

- [1] 田又升,谢宗铭,吴向东,王志军,叶春秀,张国丽. 水稻种质资源萌发期抗旱性综合鉴定. 干旱地区农业研究, 2015, 33(4): 173-180
Tian Y S, Xie Z M, Wu X D, Wang Z J, Ye C X, Zhang G L. Identification of drought tolerance of rice germplasm during germination period. Agricultural Research in the Arid Areas,

- 2015, 33(4): 173-180
- [2] Munasinghe M, Adam H P. Genetic and root phenotype diversity in Sri Lankan rice landraces may be related to drought resistance. *Munasinghe and Price Rice*, 2016, 9(24): 1-13
- [3] 翟伟, 胡小荣, 周红立, 陶梅. 旱稻的抗旱性及遗传改良研究现状. *植物遗传资源学报*, 2010, 11(4): 394-398
Zhai W, Hu X R, Zhou H L, Tao M. Research status on drought resistance and genetic improvement in upland rice. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2010, 11(4): 394-398
- [4] Nguyen T T T, Klueva N, Chamareck V, Aarti A, Magpantay G, Millena A C M, Pathan M S, Nguyen H T. Saturation mapping of QTL regions and identification of putative candidate genes for drought tolerance in rice. *Molecular Genetics and Genomics*, 2004, 272: 35-46
- [5] Gomez S M, Boopathi N M, Kumar S S, Ramasubramanian T, Zhu C S, Jeyaprakash P, Senthil A, Babu R C. Molecular mapping and location of QTLs for drought-resistance traits in indica rice (*Oryza sativa* L.) lines adapted to target environments. *Acta Physiologiae Plantarum*, 2010, 32: 355-364
- [6] 杨瑰丽, 杨美娜, 李帅良, 曲志恒, 黄明, 陈志强, 王慧. 水稻萌芽期抗旱指标筛选与抗旱性综合评价. *华南农业大学学报*, 2015, 36(2): 1-5
Yang G L, Yang M N, Li S L, Qu Z H, Huang M, Chen Z Q, Wang H. Screening and comprehensive evaluation of drought resistance indices of rice at germination stage. *Journal of South China Agricultural University*, 2015, 36(2): 1-5
- [7] Goswami A, Banerjee R, Raha S. Drought resistance in rice seedlings conferred by seed priming. *Protoplasma*, 2013, 250: 1115-1129
- [8] 张芳, 颜安, 任毅, 杨卫君, 耿洪伟. 新疆冬小麦萌发期抗旱性综合评价. *植物遗传资源学报*, 2019, 20(1): 100-112
Zhang F, Yan A, Ren Y, Yang W J, Geng H W. Evaluation on drought resistance of winter wheat cultivars in Xinjiang. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2019, 20(1): 100-112
- [9] 胡标林, 扬平, 万勇, 李霞, 罗世友, 罗向东, 谢建坤. 东乡野生稻 BILs 群体苗期抗旱性综合评价及其遗传分析. *植物遗传资源学报*, 2013, 14(2): 249-256
Hu B L, Yang P, Wan Y, Li X, Luo S Y, Luo X D, Xie J K. Comprehensive assessment of drought resistance of BILs population derived from dongxiang wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.) at seedling stage and its genetic analysis. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2013, 14(2): 249-256
- [10] Zhang F T, Cui F L, Zhang L X, Wen X F, Luo X D, Zhou Y, Li X, Wan Y, Zhang J, Xie J K. Development and identification of an introgression line with strong drought resistance at seedling stage derived from *Oryza sativa* L. mating with *Oryza rufipogon* Griff. *Euphytica*, 2014, 200: 1-7
- [11] 张洪程, 张军, 龚金龙, 常勇, 李敏, 高辉, 戴其根, 霍中洋, 许轲, 魏海燕. “黏改粳”的生产优势及其形成机理. *中国农业科学*, 2013, 46(4): 686-704
Zhang H C, Zhang J, Gong J L, Chang Y, Li M, Gao H, Dai Q G, Huo Z Y, Xu K, Wei H Y. The productive advantages and formation mechanisms of “Indica rice to japonica rice”. *Scientia Agricultura Sinica*, 2013, 46(4): 686-704
- [12] 孙惠敏, 夏米, 陈清玲, 张凯歌, 司二杰, 郑卓. 基于 InDel 分子标记的 20 个水稻品种的籼粳属性分析. *井冈山大学学报: 自然科学版*, 2016, 37(6): 100-106
Sun H M, Xia M, Chen Q L, Zhang K G, Si E J, Zheng Z. Indica-japonica composition analysis of 20 rice varieties based on indel molecular markers. *Journal of Jinggangshan University: Natural Science*, 2016, 37(6): 100-106
- [13] Jain A, Balaravi P, Shenoy V. Assessment of yield based selection under managed field stress condition for breeding for rice yield improvement under drought. *Biologia*, 2013, 68(4): 569-576
- [14] Lee H, Cha J, Choi C, Choi N, Ji H S, Park S R, Lee S, Hwang D J. Rice WRKY11 plays a role in pathogen defense and drought tolerance. *Rice*, 2018, 11(5): 1-12
- [15] Li N, Kong L, Zhou W H, Zhang X, Wei S T, Ding X H, Chu Z H. Overexpression of *Os2H16* enhances resistance to phytopathogens and tolerance to drought stress in rice. *Plant Cell Tiss Organ Cult*, 2013, 115: 429-441
- [16] Chintakovid N, Maipoka M, Phaonakrop N, Mickelbart M V, Roytrakul S, Chadchawan S. Proteomic analysis of drought-responsive proteins in rice reveals photosynthesis-related adaptations to drought stress. *Acta Physiologiae Plantarum*, 2017, 39(240): 1-13
- [17] Fang Y J, Xiong L Z. General mechanisms of drought response and their application in drought resistance improvement in plants. *Cellular and Molecular Life Sciences*, 2015, 72: 673-689
- [18] Li X M, Han H P, Chen M, Yang W, Liu L, Li N, Ding X H, Chu Z H. Overexpression of *OsDT11*, which encodes a novel cysteine-rich peptide, enhances drought tolerance and increases ABA concentration in rice. *Plant Molecular Biology*, 2017, 93: 21-34
- [19] Xiang D J, Man L L. *EhEm1*, a novel Em-like protein from *Eutrema halophilum*, confers tolerance to salt and drought stresses in rice. *Molecular Breeding* 2018, 38(17): 1-15
- [20] Joo J, Choi H J, Lee Y H, Kim Y K, Song S I. A transcriptional repressor of the ERF family confers drought tolerance to rice and regulates genes preferentially located on chromosome 11. *Planta*, 2013, 238: 155-170
- [21] 孟宪梅, 黄义德, 李奕松, 周可金, 武立权, 黄木易. 水稻若干生理指标与品种抗旱性关系的研究. *安徽农业大学学报*, 2003, 30(1): 15-22
Meng X M, Huang Y D, Li Y S, Zhou K J, Wu L Q, Huang M Y. Studies on some physiological indices and drought resistance among different rice cultivars. *Journal of Anhui Agricultural University*, 2003, 30(1): 15-22
- [22] Kanbar A, Shashidhar H E. Participatory selection assisted by DNA markers for enhanced drought resistance and productivity in rice (*Oryza sativa* L.). *Euphytica*, 2011, 178: 137-150
- [23] Yu Y W, Yang D X, Zhou S R, Gu J T, Wang F R, Dong J G, Huang R F. The ethylene response factor OsERF109 negatively affects ethylene biosynthesis and drought tolerance in rice. *Protoplasma*, 2017, 254: 401-408
- [24] Wang L L, Yu C C, Chen C, He C L, Zhu Y G, Huang W C. Identification of rice Di19 family reveals *OsDi19-4* involved in drought resistance. *Plant Cell Reports*, 2014, 33: 2047-2062
- [25] Hadiarto T T, Tran L S P. Progress studies of drought-responsive genes in rice. *Plant Cell Reports*, 2011, 30: 297-310