

水稻优良品种南粳46及其衍生品种特性分析

赵凌, 朱镇, 陈涛, 赵庆勇, 赵春芳, 张亚东, 王才林

(江苏省农业科学院粮食作物研究所/江苏省优质水稻工程技术研究中心/国家耐盐碱水稻技术创新中心华东中心, 南京 210014)

摘要: 南粳46是江苏省农业科学院育成的粳稻品种, 食味品质优良、抗条纹叶枯病、丰产性好。本研究采用系谱图法对南粳46的系谱来源及衍生品种进行了总结, 测定和分析了南粳46及20个衍生品种的主要农艺性状, 并进行重要功能基因的等位基因型分析。作为长江中下游地区首个优良食味粳稻品种, 南粳46被作为核心亲本广泛利用, 至2022年共衍生出3代29个品种, 分别在上海、安徽、湖北、江苏、辽宁、河北通过审定并推广应用, 衍生品种在江苏及周边地区优质稻生产中占据重要地位。测定及分析结果表明, 南粳46衍生品种在外观品质、籽粒理化特征和淀粉粘滞性特征值上存在较大的变异, 其次是米饭食味品质, 生育期、株高、产量相关性状和加工品质的变异范围最小。重要功能基因的等位型分析发现, 随着和南粳46不同等位型的品质基因数量的增加, 品种的米饭食味呈明显的下降趋势。在利用南粳46为核心种质的品种选育过程中, 应注重外观品质、籽粒理化特征和淀粉粘滞特性的选择, 其次是米饭品质性状和产量, 从而达到选育优良后代的目的。同时, 在选择亲本时还需要关注稻瘟病抗性基因的互补。

关键词: 水稻; 南粳46; 系谱; 衍生品种

Analysis on Characteristics of Rice Variety Nangeng 46 and Its Derived Varieties

ZHAO Ling, ZHU Zhen, CHEN Tao, ZHAO Qing-yong, ZHAO Chun-fang, ZHANG Ya-dong, WANG Cai-lin
(Institute of Food Crops, Jiangsu Academy of Agricultural Sciences/Jiangsu High Quality Rice Research and Development Center/
East China Branch of National Center of Technology Innovation for Saline-Alkali Tolerant Rice, Nanjing 210014)

Abstract: Nangeng 46 is a high-quality *japonica* rice variety developed by Jiangsu Academy of Agricultural Sciences and this variety shows good eating quality, resistance to stripe disease, and high yield. This study investigated a series of rice varieties derived from Nangeng 46 regarding to agronomic traits including yield, quality and disease resistance. Their allelotypes of important functional genes were genotyped based on single nucleotide polymorphism (SNP) markers. As the first good eating quality *japonica* variety in the middle and downstream valley of the Yangtze River, Nangeng 46, which serves as the parental line in the breeding programs, supported the development of 29 varieties in provinces Shanghai, Anhui, Hubei, Jiangsu, Liaoning, and Hebei, by 2022. The obvious variations on the appearance quality, physicochemical characteristics of grain and starch viscosity characteristics were observed among the offspring varieties, while the variations on the growth period, plant height, yield and processing quality were rather minor. The allelic analysis of important functional genes showed that *Wx* was the main gene affecting the taste of derived varieties rice. Along with the increase in the number of quality genes with different alleles from Nangeng 46, the taste quality gradually decreased. In the future, the breeding programs using Nangeng 46 as the parent, we would like to suggest the

收稿日期: 2022-11-10 修回日期: 2022-12-14 网络出版日期: 2023-01-18

URL: <https://doi.org/10.13430/j.cnki.jpgr.20221110001>

第一作者研究方向为水稻遗传育种, E-mail: zhaoling@jaas.ac.cn

通信作者: 王才林, 研究方向为水稻遗传育种, E-mail: clwang@jaas.ac.cn

张亚东, 研究方向为水稻遗传育种, E-mail: zhangyd@jaas.ac.cn

基金项目: 国家产业技术体系建设专项(CARS-01); 江苏省重点研发计划(BE2019375); 江苏省种业振兴揭榜挂帅项目(JBGS[2021]040)

Foundation projects: China Agriculture Research System(CARS-01); Jiangsu Science and Technology Development Program (BE2019375); Seed Industry Revitalization Project of Jiangsu Province(JBGS[2021]040)

selection with attention on appearance quality, grain physicochemical characteristics and starch viscosity characteristics. In addition, the deployment and complementarity of blast resistance genes should draw an attention in the future.

Key words: rice varieties; Nangeng 46; genealogy; derivatives

优异种质资源是水稻遗传育种的基础。引进外来种质资源能够扩大遗传变异,对品种改良和作物科学研究具有重要作用。国外优异水稻资源,特别是来自国际水稻所和日本资源的利用有效扩大了我国水稻品种的遗传基础,增加了遗传多样性,提高了产量,产生了巨大的社会和经济效益^[1-2]。日本的水稻品质改良走在世界前列,育成品种的食味和外观品质都极其出色。我国东北地区和日本生态条件相近,在国内较早引进日本优质资源,与当地品种配制杂交组合,先后育成了合江、龙粳等系列优质品种,同时还选出一批优质、抗病、农艺性状优良的中间材料作为优质资源再次育种应用,为东北地区水稻育种事业的发展做出了巨大贡献^[3]。

我国其他地区随后也相继引进日本优异资源进行品质改良。江苏省农业科学院1998年引进了关东194、一见钟情等多个日本优质粳稻资源,研究了垩白粒率、垩白度、透明度等外观品质改良的选择效果和食味品质改良的关键因素,明确抗条纹叶枯病、直链淀粉含量较低的优质资源关东194作为核心种质进行品质改良^[4]。关东194中编码水稻颗粒结合型淀粉合酶I的蜡质基因 *Waxy* (*Wx*) 在第4外显子上存在G/A的单碱基变异,其基因型为 *Wx^{mp}*^[5-6]。江苏省农业科学院利用关东194为父本,与江苏优质高产粳稻武香粳14号杂交,经数代外观与食味品质筛选和条纹叶枯病抗性分子标记辅助选择,于2008年育成了抗条纹叶枯病的优良食味粳

稻品种南粳46。

南粳46有效聚合了母本武香粳14号的稻瘟病抗性、高产和香味性状以及父本关东194的条纹叶枯病抗性和出色的食味品质,优质、高产、抗条纹叶枯病,2008年通过江苏审定,2009年通过上海审定,2021年又通过了江苏省扩区审定,是长江中下游地区首个通过审定的优良食味粳稻品种。之后一批南粳46的衍生品种育成并推广应用,为推进长江中下游及邻近地区的优质稻米产业化、促进供给侧结构性改革做出了重要贡献。本研究采用系谱图的方式将南粳46及其衍生品种的亲缘关系进行总结,分析衍生品种的特征特性,以期为今后的优良食味优质粳稻育种提供借鉴。

1 材料与方法

1.1 试验材料

试验材料为南粳46及29份衍生品种,其中子一代1份、子二代20份、子三代8份,种子由育成单位提供。

1.2 试验方法

1.2.1 系谱分析 以南粳46及29份衍生品种为对象进行系谱分析(表1)。在国家水稻数据中心的“中国水稻品种及其系谱、指纹数据库”(https://www.ricedata.cn/variety/index.htm)查询统计南粳46和其衍生品种的组合模式、亲本频次等信息,追溯原始亲本构成,绘制南粳46衍生系的系谱图。

表1 南粳46的衍生品种

Table 1 Varieties derived from Nangeng 46

序号 No.	品种名称 Variety	世代 Generation	系谱 Pedigree	审定地区 Released area	审定时间 Released year
1	青香软粳*	子一代	南粳46	上海	2014
2	嘉农粳6号*	子二代	南粳46/嘉农早香	上海	2017
3	金香软2号	子二代	南粳46/0923	上海	2017
4	皖垦粳2号*	子二代	武香粳14/南粳46	安徽	2017
5	盐粳765*	子二代	盐粳901/南粳46	辽宁	2017
6	嘉农粳3号*	子二代	嘉农早香/南粳46	上海	2019
7	闵粳366*	子二代	南粳46/寒丰	上海	2019
8	早香粳1号	子二代	南粳46/武运粳21号	江苏	2019
9	中科发928*	子二代	盐丰47/南粳46	河北	2019
10	徽粳719	子二代	南粳46/宁粳5号	安徽	2020

表 1 (续)

序号 No.	品种名称 Variety	世代 Generation	系谱 Pedigree	审定地区 Released area	审定时间 Released year
11	皖垦粳 516*	子二代	南粳 46/徐稻 5 号	江苏	2020
12	沪早香 181*	子二代	南粳 46/苏沪香粳	上海	2020
13	鑫禾香软 1 号	子二代	沪香粳 106/南粳 46	上海	2020
14	早香玉*	子二代	南粳 46/软玉 3 号	上海	2020
15	苏秀 839*	子二代	SC9/南粳 46	江苏	2021
16	苏秀 823	子二代	SC9/南粳 46	国家	2021
17	上农软香 18*	子二代	光明粳 2 号/青香软粳	上海, 安徽	2019, 2020
18	毕粳 46	子二代	毕粳 43/南粳 46	贵州	2020
19	南粳 9308	子二代	南粳 9108/南粳 46	江苏	2021
20	金农粳 4 号*	子二代	青香软粳/沪香 12-258	上海	2020
21	晚粳 968	子二代	南粳 46/武育粳 3 号	安徽	2021
22	悦香粳 2 号*	子三代	南粳 46/金粳 818//沪早香粳 380	江苏	2021
23	徽粳 809	子三代	南粳 46//宁粳 4 号/镇稻 14	安徽	2021
24	沪软 1212*	子三代	金丰/大华香粳//南粳 46	上海, 安徽	2017, 2020
25	武育粳 33 号*	子三代	武粳 15/武运粳 23 号//南粳 46	湖北	2015
26	长农粳 1 号*	子三代	南粳 46//武运粳 3 号/武香粳 1 号	湖北	2015
27	沪早香软 1 号*	子三代	南粳 46/广陵香粳//广陵香粳	上海	2017
28	武科粳 7375*	子三代	南粳 46//武运粳 30 号/武运粳 31 号	江苏	2021
29	青香软 526*	子三代	嘉 04-08 选系/南粳 46//青角 301	上海	2020

*: 进行基因组测序、SNP 分型和农艺性状测定分析的品种

*: Varieties for genome sequencing, SNP typing and agronomic traits analysis

1.2.2 农艺性状考察 南粳 46 和 20 个衍生品种于 2021 年种植于江苏省农业科学院南京试验基地。土壤全氮含量 1.40 g/kg, 速效磷 14.1 mg/kg、速效钾 112.8 mg/kg。5 月 10 日播种, 6 月 15 日人工移栽。每品种种植 5 行, 每行 7 株, 单本栽插, 行株距 16.67 cm×16.67 cm。管理措施按常规栽培要求实施。

南粳 46 及衍生品种考察及分析的农艺性状主要包括: 全生育期、株高、产量及其构成因素(每公顷有效穗、每穗粒数、结实率、千粒重、生产试验产量)、抗性(稻瘟病和条纹叶枯病)、加工品质(整精米率)、外观品质(垩白粒率、垩白度)、籽粒理化特性(直链淀粉含量、蛋白质含量、胶稠度)、籽粒淀粉粘滞性、米饭食味品质等。

田间种植品种成熟后收取连续 3 个单株进行籽粒淀粉粘滞性和米饭食味品质测定。淀粉粘滞性变化采用 RVA 黏度测定仪(Tecmaster, Perten, 瑞典)进行, 参照美国谷物化学家协会 AACC61-01 和 61-02 操作规程, 用 TCW (Thermal cycle for windows) 配套软件进行参数设置^[7]。所得一级测量参数峰值黏度(PV, peak viscosity)、热浆黏度(TV, though viscosity)、最终黏度(FV, final viscosity)、糊化温度(PaT, pasting temperature)、峰值时间(PeT,

peak time)由仪器自动读出。二级参数崩解值(BD, breakdown viscosity)=PV-TV, 消减值(SB, setback viscosity)=FV-PV。每个样品测定 2 次重复, 取平均值为性状表型值。

米饭食味值测定: 称取 30.0 g 精米, 按 1:1.3 的米水比例添加蒸馏水, 室温浸泡 30 min, 利用米饭食味仪(STA-1A, 日本佐竹)测定米饭外观、硬度、黏度、平衡度和综合食味值。品种的全生育期、株高、产量及其构成因素、抗性、整精米率、外观品质、籽粒理化特性等其他性状的数据从品种审定公告中获取。

1.2.3 SNP 位点发掘及 PCR 验证 选取 20 个衍生品种及南粳 46 的幼苗叶片, 由深圳华大基因股份有限公司利用 BGISEQ-500/MGISEQ-2000 平台进行全基因组重测序。对测序得到的序列过滤后运用 BWA 软件与参考基因组进行比对^[8], 使用 GATK 软件(<https://www.broadinstitute.org/gatk/>)查找样品相对于参考基因组日本晴之间的 SNP 和 Indel 位点, 用 Breakdancer 软件检测样品与参考基因组之间的 SV 位点^[9], 用 Control-FREEC 软件查找样品相对于参考基因组的拷贝数变异区域^[10], 使用 Annovar 软件注释变异位点, 并统计基因的上下游区域、外显子、内含子、基因间区中变异位点的数量, 同时判断位

于外显子区域的突变是否会导致蛋白质序列发生变化^[11]。

根据南粳46及其亲本的重要性状,选择重要农艺性状的主效或关键基因、且在衍生品种中编码区存在非同义突变SNP位点的基因进行等位型分析。品质相关基因有编码颗粒结合型淀粉合成酶的 *Waxy* 基因 (*Wx*, *LOC_Os06g04200*), 编码可溶性淀粉合酶 (Soluble starch synthase) 的 *SSIIa* (*LOC_Os06g12450*)、*SSIIb* (*LOC_Os02g51070*)、*SSII-1* (*LOC_Os10g30156*)、*SSIIIa* (*LOC_Os08g09230*)、*SSIV-1* (*LOC_Os01g52250*), 淀粉分支酶基因 *SBE1* (*LOC_Os06g26234*)。抗性基因有稻瘟病抗性基因 *Pi-b* (*LOC_Os02g57305*)、*Pi-t* (*LOC_Os01g05620*)、*Pi-d2* (*LOC_Os06g29810*)、*Pi-21* (*LOC_Os04g32850*) 和条纹叶枯病抗性基因 *Stv-b'* (*LOC_Os02g57305*) 等。此外,还包括抽穗期基因 *Hd1* (*LOC_Os06g16370*)。当基因等位型和南粳46相同时命名为 *Hap*⁴⁶, 和对照日本晴相同时命名为 *Hap*^{Nip}, 与南粳46和日本晴均相同时命名为 *Hap*^{Nip-46}。其他类型的等位型用第一次出现的品种代号表示。

通过PCR扩增和电泳验证稻米品质主效基因 *Wx* 的分型结果。利用四引物扩增受阻突变PCR技术检测 *Wx*^{mp}^[12]。PCR扩增反应程序: 94 °C 预变性 5 min; 94 °C 30 S, 65 °C 40 S, 72 °C 1 min, 30个循环; 72 °C 延伸 10 min, 4 °C 下保存待用。PCR扩增产物经 1.5% 琼脂糖凝胶电泳分离, 溴化乙锭染色后于紫外灯下观察, 采用BioRAD凝胶成像仪采集数据。引物序列为: 正向外引物 *Wx-mp-O-F*: 5'-ATGTTGTGTCTCTGTGTTTGCAGGC-3'; 反向外引物 *Wx-mp-O-R*: 5'-GTAGATCTTCTCACCGGTCTTTCCCAA-3'; 正向内引物 *Wx-mp-I-F*: 5'-GGGTGAGGTTTTCCAT TGCTACAATCG-3'; 反向内引物 *Wx-mp-I-R*: 5'-GT CGATGAACACACGG TCGACTCAAT-3'。

2 结果与分析

2.1 南粳46及其衍生品种的系谱分析

南粳46的母本武香粳14是由常州市武进区稻麦育种场和江苏省农业科学院从京58和248-5/254-13//武香粳9号的杂交后代中选育而成的高产品种, 分蘖性中等偏强, 株型较好, 抗倒性强, 带有稻瘟病抗性基因 *Pi-b*, 对稻瘟病抗性较好; 中抗白叶枯病, 中感纹枯病, 不抗条纹叶枯病^[13]。南粳46的父本关东194由日本国家作物科学研究所1991年选育而成, 2003年定名为乳玉王妃 (Milky Princess)^[14]。关

东194携带抗条纹叶枯病基因 *Stv-b'*, 对条纹叶枯病表现较强抗性。关东194的亲本之一科272是使用化学突变剂N-甲基-N-亚硝基脲处理越光得到的低直链淀粉含量突变体, 其胚乳中的低直链淀粉含量由 *Wx* 的等位基因 *Wx*^{mp} 控制, 编码区第473位存在一个SNP突变, 使得精氨酸突变为组氨酸^[15-16]。

南粳46作为长江中下游首个优良食味粳稻品种迅速推广应用, 其食味品质得到了生产者和消费者的一致认同^[17]。育种者利用南粳46作为亲本进行粳稻品质改良, 衍生出了一批优质品种。在国家水稻数据中心 (<https://www.ricedata.cn/variety/index.htm>) 查询品种审定信息并进行分析, 发现至2022年10月育种工作者利用南粳46共育成29个水稻品种通过审定。其中上海通过审定13个(次)、江苏和安徽各6个(次)、湖北2个(次), 国家、辽宁、河北和贵州各审定1个(表1)。育成衍生品种的数量随着时间的推移增长, 2014年育成第一个衍生品种青香软粳, 2017年有6个衍生品种、2020年共有10个衍生品种通过审定。上海市2020年共审定了14个水稻品种, 除去3个杂交稻组合, 剩余11个常规粳稻品种中就有5个南粳46衍生品种, 分别为金农粳4号、青香软526、沪早香181、鑫禾香软1号、早香玉。直接或间接利用南粳46作为亲本育成审定推广品种在江苏及周边地区优质稻品种选育中占据相当重要位置。预计今后几年, 具有南粳46血缘的水稻品种会越来越多。

从南粳46衍生育成品种的系谱图发现, 南粳46的子一代品种仅有青香软粳, 是上海市青浦区农业技术推广服务中心从南粳46中系统选育而成的粳型常规稻品种。截止到2022年10月共育成20个子二代衍生品种通过审定, 其中南粳46做母本育成的子二代衍生品种有9个: 金香软2号、嘉农粳6号、闵粳366、徽粳719、皖垦粳516、沪早香181、早香玉、晚粳968等。南粳46作为父本育成的子二代衍生品种有嘉农粳3号、鑫禾香软1号、盐粳765、中科发928、皖垦粳2号、苏秀839、苏秀823等。由青香软粳又衍生育成子二代品种上农软香18和金农粳4号。南粳46作为基本亲本和其他品种复交育成的子三代衍生品种有沪软1212、武育粳33号、长农粳1号、沪早香软1号、青香软526和武科粳7375等(图1)。

2.2 南粳46及其衍生品种的特征特性分析

南粳46属中熟晚粳稻, 在苏南地区种植一般全生育期165 d左右。株高110 cm左右, 株型紧凑, 分蘖性较强。穗型较大, 每穗总粒数140~150粒, 结实

率90%左右,千粒重25~26 g。区域试验两年平均单产9.1 t/hm²,比对照武运梗7号增产5.6%。中抗白叶枯病,抗稻瘟病ZA5、ZB21、ZD7、ZF1小种。经江苏省农科院植保所在条纹叶枯病重发区靖江和姜堰田间种植鉴定,2006年条纹叶枯病穴发病率2.6%~6.5%,感病对照穴发病率57.3%~75.0%;2007年穴发病率4.02%~14.86%,感病对照穴发病率63.9%~71.4%,表现抗条纹叶枯病。南梗46品质

非常出色。经农业部食品质量检测中心检测,其糙米率81.5%~85.5%,精米率70.5%~77.0%,整精米率62.0%~71.2%,垩白粒率14%~28%,垩白度1.0%~4.0%,胶稠度76~82 mm,直链淀粉含量9.0%~11.0%,达国标二级优质稻谷标准。米饭食味品质极佳,米饭外观、粘度、平衡度都在9分以上,综合食味值达88.1分(表2),多次获得江苏省和全国优质米评比第一名和“金奖大米”等荣誉称号。

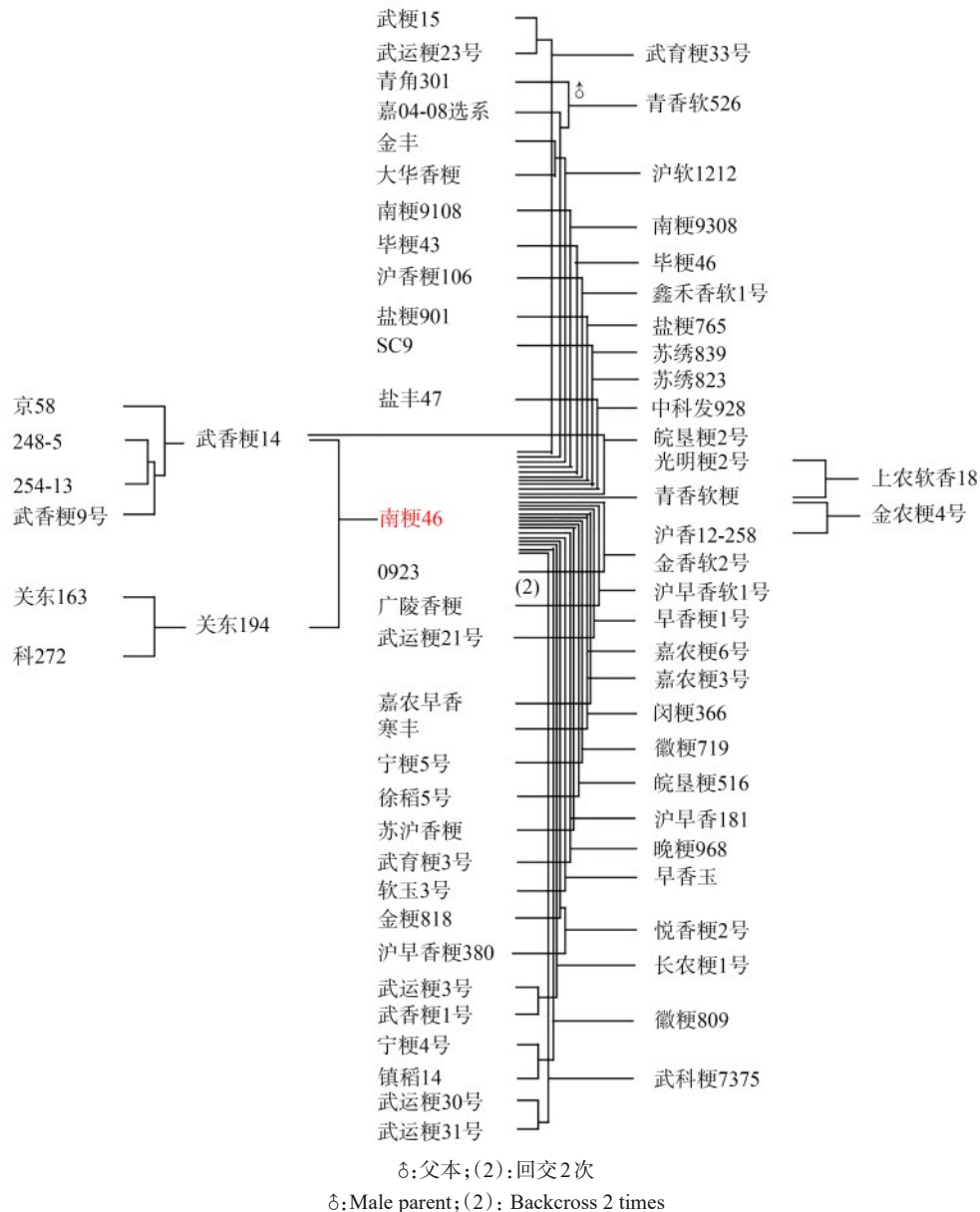


图1 南梗46及其衍生品种系谱
 Fig. 1 The pedigree of derived varieties from Nangeng 46

南梗46及其20个衍生品种的全生育期在124~165 d,平均为149.4 d,变异系数为8.3%;株高为78.9~110.1 cm,平均为96.3 cm,变异系数为8.3%;结实率为82.3%~95.5%,平均为91.4%,变异系数为

3.9%;千粒重为23.6~28.8 g,平均为26.6 g,变异系数为5.5%。生产试验产量为6.9~11.2 t/hm²,平均为9.3 t/hm²,变异系数为11.2%(表2)。

表2 南粳46及其衍生品种的农艺性状

Table 2 Agronomic characteristics of Nangeng 46 and its derived varieties

编号 No.	品种名称 Variety	全生育期(d) Growth period	株高(cm) Plant height	每公顷有效穗(万) Effect panicles per ha	产量及构成因素 Yield and components			抗性 Resistance		加工/外观品质 Processing/appearance quality			理化特征 Physicochemical properties			
					每穗粒数 No. of grain per panicle	结实率(%) Seed-setting	千粒重(g) 1000-seed weight	生产试验产量(t/hm ²) Yield	稻瘟病抗性 Blast resistance	条纹叶枯病抗性 Resistance to stripe disease	整精米率(%) Rate of milled rice	垩白粒率(%) Rate of chalky kernel	垩白度(%) Chalkiness	胶稠度(mm) Gel consistency	直链淀粉含量(%) Amylose content	蛋白质含量(%) Protein content
V1	南粳46	164.5	110.1	327	133.3	94.0	26.1	10.4	中感	中抗	66.8	20	2.4	93	9.0	7.4
V2	沪软1212	156.0	107.4	330	134.2	89.4	25.5	8.7	发病轻	0.37%	70.3	12	2.1	86	8.3	7.1
V3	沪早香181	141.5	96.2	332	116.9	89.8	26.5	8.6	较重	-	73.9	13	1.2	72	10.2	7.6
V4	沪早香软1号	130.0	86.0	308	115.0	92.0	26.5	6.9	-	-	62.7	12	1.9	73	12.0	7.7
V5	嘉农粳6号	163.6	96.8	324	131.4	92.7	26.0	9.8	-	-	75.8	37	5.5	78	8.9	7.4
V6	青香软粳	153.0	95.0	360	115.0	93.0	28.0	9.3	发病轻	0.44%	74.0	54.25	12.0	87	9.3	7.4
V7	盐粳765	156.0	100.1	-	132.5	83.4	26.9	10.6	抗穗瘟	-	72.0	29	4.0	84	14.9	6.4
V8	悦香粳2号	146.7	86.8	372	127.1	92.3	25.4	9.3	中抗	中感	75.3	19	4.5	78	14.8	7.1
V9	武育粳33号	124.8	88.9	-	117.5	82.3	28.1	8.2	中感	抗	68.4	19	4.1	60	17.1	7.1
V10	武科粳7375	156.7	99.8	335	128.1	93.4	26.9	10.3	中感	中感	75.1	21	4.5	90	11.7	7.6
V11	中科发928	165.0	105.6	387	107.7	91.3	24.4	8.5	中感	抗	51.8	40	5.0	86	12.0	7.1
V12	青香软526	157.2	108.2	336	113.9	95.5	28.8	10.1	中感	-	77.1	21	2.7	78	9.1	7.1
V13	上农软香18	156.7	93.1	335	117.3	93.3	28.3	9.9	发病轻	-	72.4	-	8.9	76	10.1	7.6
V14	闵粳366	159.1	97.7	306	123.7	94.8	26.9	9.2	发病轻	-	76.7	21	3.1	75	9.0	7.6
V15	金农粳4号	156.7	100.2	318	133.2	94.3	28.4	10.2	中抗	发病轻	74.1	31	3.0	79	15.3	7.6
V16	早香玉	144.3	96.2	315	145.1	94.0	23.6	8.9	-	-	67.9	20	5.2	68	10.0	7.6
V17	皖皇粳516	157.1	97.6	318	136.3	91.1	26.8	11.2	中感	中感	69.8	20	5.2	72	14.0	7.6
V18	嘉农粳3号	145.0	99.5	344	117.6	88.9	24.1	8.7	发病轻	0.21%	69.5	-	-	76	9.9	7.6
V19	皖皇粳2号	135.5	90.3	336	128.1	89.5	27.7	8.0	中抗	-	73.6	47	6.3	88	15.6	7.6
V20	长农粳1号	124.0	87.6	338	113.9	83.0	28.1	8.3	感	发病轻	66.0	58	8.4	69	9.1	7.6
V21	苏秀839	144.6	78.9	335	140.3	93.3	25.8	9.7	中感	中感	75.0	糯	糯	-	1.4	7.6
平均值	Average	149.4	96.3	302.5	125.1	91.4	26.6	9.3			70.9	27.5	4.7	78.4	11.0	7.6
变异系数(%)	CV	8.3	8.3	6.1	8.2	3.9	5.5	11.2			8.2	51.6	56.9	10.7	23.8	7.6

表2(续)

编号 No.	品种名称 Variety	米饭食味品质 Eating quality of rice					淀粉粘滞性 RVA parameters						
		外观 Appearance	硬度 Hardness	黏度 Stickiness	平衡度 Balance	食味值 Taste value	峰值黏度(cp) Peak viscosity	热浆黏度(cp) Though viscosity	最终黏度(cp) Final viscosity	崩解值(cp) Breakdown viscosity	消减值(cp) Setback viscosity	峰值时间(min) Peak time	糊化温度(℃) Pasting temperature
V1	南粳46	9.1	5.6	9.7	9.2	88.1	2495	1305	1190	1892	-452	6.3	71.0
V2	沪软1212	6.9	6.4	7.5	7.1	73.1	2822	1503	1319	2084	-738	5.9	74.5
V3	沪早香181	6.7	6.6	7.9	7.1	73.0	3273	1972	1301	2511	-762	6.3	76.7
V4	沪早香软1号	6.2	6.8	7.4	6.6	72.0	3609	1694	1915	2279	-1330	5.5	79.1
V5	嘉农粳6号	8.5	5.9	9.1	8.7	84.0	3037	1442	1595	1951	-1086	5.7	73.7
V6	青香软粳	8.9	5.7	9.7	9.1	87.5	2924	1583	1341	2126	-798	5.9	73.7
V7	盐粳765	6.0	6.8	6.5	6.1	67.1	3278	1580	1698	2470	-808	5.7	82.3
V8	悦香粳2号	5.3	7.2	6.2	5.6	63.5	2728	2038	690	2978	250	6.7	75.9
V9	武育粳33号	6.1	7.1	7.4	6.4	68.6	2819	2018	801	2873	53.5	6.6	74.8
V10	武科粳7375	7.6	6.4	8.6	7.8	77.8	3103	1940	1163	2542	-561	6.27	73.7
V11	中科发928	8.0	5.9	8.3	8.1	79.3	2424	1637	787	3044	620	6.1	80.8
V12	青香软526	8.8	5.8	9.5	8.9	86.2	3545	1832	1712.5	2339	-1206	5.8	74.8
V13	上农软香18	8.1	6.0	8.7	8.4	80.9	2569	1440	1129	2025	-544	5.9	73.6
V14	闵粳366	8.5	5.8	8.7	8.5	82.0	2955	2062	893	2596	-359	6.2	77.6
V15	金农粳4号	8.9	5.6	9.0	8.8	85.4	1555	465	1090	632	-923	3.6	71.2
V16	早香玉	7.3	6.4	8.1	7.5	75.4	3412	1918	1494	2490	-922	5.9	74.5
V17	皖皇粳516	7.8	6.0	8.1	7.8	77.8	2786	2036	750	2920	134	6.7	74.5
V18	嘉农粳3号	7.6	6.1	8.3	7.9	78.1	3390	1455	1935	2020	-1370	5.7	73.6
V19	皖皇粳2号	7.0	6.5	8.0	7.3	74.3	2907	1812	1095	2831	-76	6.3	73.7
V20	长农粳1号	8.5	5.8	9.0	8.7	84.2	3114	1686	1428	2231	-883	6.0	72.8
V21	苏秀839	7.9	6.3	8.8	8.2	80.0	1505	479	1026	648	-857	3.8	74.4
平均值	Average	7.6	6.2	8.3	7.8	77.9	2869.0	1614.1	1254.9	2261.0	-600.8	5.8	75.1
变异系数(%)CV		14.4	7.7	11.4	13.2	8.9	19.3	27.5	29.7	28.4	89.2	13.5	3.8

-:未查询到相关性或不能计算平均值

-:No characters was acquired or the average cannot be calculated

衍生品种的品质性状中整精米率和胶稠度的变异范围稍小,整精米率在51.8%~77.1%,平均为70.9%,变异系数为8.2%;胶稠度在60~93 mm,平均为78.4 mm,变异系数为10.7%。其他品质性状,特别是外观性状的垩白粒率和垩白度变异范围较大。垩白粒率12%~58%,平均为27.5%,变异系数为51.6%;垩白度在1.2%~12%之间,平均为4.7%,变异系数为56.9%。除苏秀839为糯稻品种,胚乳直链淀粉含量为1.4%左右外,其他19个衍生品种和南粳46的直链淀粉含量在8.3%~17.1%,平均为11.5%,变异系数为23.8%。衍生品种中武育粳33号、悦香粳2号、盐粳765、皖垦粳2号、金农粳4号、皖垦粳516等6个品种为常规粳稻品种,胚乳直链淀粉含量在15%~17%之间;其余14个衍生品种胚乳直链淀粉含量较低(低于12%)。

从米饭食味的角度来分析,所有品种中南粳46的米饭食味值最高,为88.1分,其他20个衍生品种的食味平均值为77.9分。其中,盐粳765、悦香粳2号、武育粳33号的米饭食味值在60~70分之间,80分以上的品种有嘉农粳6号、青香软粳、青香软526、上农软香18、闵粳366、金农粳4号和长农粳1号。糯稻品种苏秀839的食味值也达到了80分。米饭食味值的参数中,硬度的变异系数较小,外观、黏度和平衡度的变异幅度较大,变异系数均超过了11%。南粳46的米饭外观最好,达到了9.1分,其次为青香软粳和金农粳4号(8.9分)。平衡度最出色的品种还是南粳46(9.2分),其次为青香软粳(9.1分)。

从淀粉粘滞性参数分析,20个衍生品种和南粳46的峰值黏度在1505~3609 cp之间,平均为2869.0 cp;热浆黏度在465~2062 cp,平均为1614.1 cp;最终黏度在690~1935 cp,平均为1254.9 cp。峰值时间的范围在3.6~6.7 min,平均为5.8 min;糊化温度的范围在71.0~82.3 °C,平均为75.1 °C。二级参数的变异范围较大,崩解值在632~3044 cp,平均2261.0 cp,变异系数28.4%;消减值的范围为-1370~620 cp,平均为-600.8 cp。21个品种中金农粳4号和苏秀839的峰值黏度、热浆黏度、最终黏度和峰值时间均比较低。

从审定公告中获取了衍生品种的稻瘟病和条纹叶枯病抗性信息。南粳46对稻瘟病具有一定的抗性,田间表现中感稻瘟病,衍生品种中长农粳1号感稻瘟病,其他品种对稻瘟病的抗性为中感到抗,沪软1212、青香软粳、盐粳765、悦香粳2号、上农软香18、闵粳366、金农粳4号、嘉农粳3号、皖垦粳2号

的稻瘟病田间危害轻,抗性较好。南粳46中抗条纹叶枯病,其他衍生品种对条纹叶枯病的抗性表现为中感到抗。金农粳4号、长农粳1号、中科发928、武育粳33号田间表现为对条纹叶枯病免疫或者抗。

以上分析结果表明,南粳46衍生品种全生育期、株高、产量构成因素和整精米率的变异系数均小于10%。生产试验产量的变异系数为11.2%。外观品质性状变异幅度最大,垩白粒率、垩白度的变异系数超过了50%。理化特征中直链淀粉含量的变异系数为23.8%,大于胶稠度。米饭食味值的变异系数为8.9%,其他4个食味品质二级指标中米饭硬度的变异幅度最小,为7.7%,米饭外观的变异系数最大,为14.4%。淀粉粘滞性的7个指标变异幅度不同,消减值的变异系数达到了89%,而糊化温度的变异系数仅3.8%。

2.3 南粳46及其衍生品种重要功能基因的等位型分析及PCR验证

对南粳46及20个衍生品种进行全基因组重测序共获得232.69 G原始数据,经过过滤最终得到231.06 G高质量的可用数据,平均测序深度为30.5015×。样本clean reads与日本晴参考基因组的比对率在98.71%~99.58%之间。共产生9,812,415个SNP,平均每个品种具有490,621个SNP。

根据编码区存在非同义突变SNP位点的情况对重要功能基因进行等位型分型(表3)。作为具有优良食味的核心种质,南粳46中调控品质性状的主效基因*Wx*的基因型为*Wx^m*,20个衍生品种中携带*Wx^m*的品种共有13个,分别为沪软1212、沪早香181、沪早香软1号、嘉农粳6号、青香软粳、武科粳7375、中科发928、青香软526、上农软香18、早香玉、嘉农粳3号、长农粳1号、闵粳366。剩余品种中除了苏秀839为隐性突变基因型*wx*外,其他6个品种和日本晴一样,均为*Wx^b*基因型。苏秀839和日本晴相比,在Ex6+62 bp有一个非同义突变。具备*Wx^m*基因型的13个品种直链淀粉含量从8.3%到14.9%,说明还存在其他直链淀粉含量相关基因的基因型差异。

品质相关基因*SSIIa*、*SSIIb*、*SSIIIa*、*SSIV-1*、*SBE1*、*SSII-1*在南粳46衍生品种中的基因型也不尽相同。除北方粳稻品种盐粳765和中科发928外,南方粳稻品种的*SSIIIa*基因型均和南粳46相同,和日本晴相比共有13个非同义突变的SNP位点。南粳46的*SSIIb*基因和日本晴相比在Ex8+779 bp有一个非同义突变,沪早香181、嘉农粳6号、悦香粳2号、武育

粳33号、武科粳7375、上农软香18、金农粳4号、早香玉、皖垦粳516、皖垦粳2号、长农粳1号的 *SSIIb* 基因型和南粳46相同,其他品种的 *SSIIb* 基因和日本晴相比编码区没有发生非同义突变。南粳46和日本晴的 *SSIIa* 基因在第8染色体上存在2个非同义突变的SNP位点, Ex8+733 bp(A/G)和865 bp(C/T), 据此将20个品种分为3种基因型,其中 *SSIIa*⁴⁶ 在 Ex8+865 bp 存在非同义突变, *SSIIa*⁷² 在2个位点均存在非同义突变。只有长农粳1号为 *SSIIa*^{Nip}, 盐粳

765为 *SSIIa*⁴⁶, 其余18个衍生品种均为 *SSIIa*⁷²。南粳46和日本晴中 *SBE1* 和 *SSII-1* 基因的编码区不存在发生非同义突变的SNP位点,可以推测为相同的等位型。仅有5个衍生品种在 *SBE1* 存在4个非同义突变SNP,7个衍生品种在 *SSII-1* 的 Ex1+269 bp 具有(T/C)的非同义突变。除了青香软粳等4个衍生品种的 *SSIV-1* 和日本晴为相同的基因型外,其余品种和南粳46的基因型一样,均在 Ex5+27 bp 存在一个非同义突变。

表3 南粳46及其衍生品种的重要基因的等位型

Table 3 Haplotypes of important genes in Nangeng 46 and its derived varieties

序号 No.	品种名称 Variety	<i>Hdl</i>	<i>Wx</i>	<i>SSIIa</i>	<i>SSIIb</i>	<i>SSIIIa</i>	<i>SSIV-1</i>	<i>SBE1</i>	<i>SSII-1</i>	<i>Stv-b'</i>	<i>Pi-b</i>	<i>Pi-t</i>	<i>Pi-21</i>	<i>Pi-d2</i>
V1	南粳46	Nip-46	<i>Wx</i> ^{mp}	46	46	46	46	Nip-46	Nip-46	46	46	46	46	Nip-46
V2	沪软1212	V2	<i>Wx</i> ^{mp}	V2	Nip	46	46	Nip-46	Nip-46	46	Nip	46	46	Nip-46
V3	沪早香181	V2	<i>Wx</i> ^{mp}	V2	46	46	46	Nip-46	Nip-46	Nip	46	46	Nip	Nip-46
V4	沪早香软1号	V2	<i>Wx</i> ^{mp}	V2	Nip	46	46	Nip-46	V4	Nip	Nip	46	46	Nip-46
V5	嘉农粳6号	V2	<i>Wx</i> ^{mp}	V2	46	46	46	Nip-46	Nip-46	Nip	Nip	46	46	Nip-46
V6	青香软粳	V2	<i>Wx</i> ^{mp}	V2	Nip	46	Nip	Nip-46	Nip-46	46	46	46	46	Nip-46
V7	盐粳765	V7	<i>Wx</i> ^b	46	Nip	Nip	46	V7	V4	46	46	Nip	46	V7
V8	悦香粳2号	V2	<i>Wx</i> ^b	V2	46	46	NIP	V7	Nip-46	46	46	46	46	V7
V9	武育粳33号	Nip-46	<i>Wx</i> ^b	V2	46	46	46	Nip-46	V4	46	46	Nip	46	Nip-46
V10	武科粳7375	Nip-46	<i>Wx</i> ^{mp}	V2	46	46	46	Nip-46	Nip-46	Nip	46	46	46	Nip-46
V11	中科发928	V7	<i>Wx</i> ^{mp}	V2	Nip	Nip	46	Nip-46	Nip-46	Nip	46	46	Nip	Nip-46
V12	青香软526	V2	<i>Wx</i> ^{mp}	V2	Nip	46	46	Nip-46	Nip-46	46	Nip	46	Nip	Nip-46
V13	上农软香18	Nip-46	<i>Wx</i> ^{mp}	V2	46	46	46	Nip-46	Nip-46	Nip	46	46	46	Nip-46
V14	冈粳366	Nip-46	<i>Wx</i> ^{mp}	V2	Nip	46	46	Nip-46	Nip-46	Nip	Nip	Nip	Nip	Nip-46
V15	金农粳4号	Nip-46	<i>Wx</i> ^b	V2	46	46	46	Nip-46	V4	Nip	46	46	Nip	Nip-46
V16	早香玉	V2	<i>Wx</i> ^{mp}	V2	46	46	Nip	V7	Nip-46	Nip	46	46	46	V7
V17	皖垦粳516	Nip-46	<i>Wx</i> ^b	V2	46	46	Nip	V7	Nip-46	Nip	46	Nip	Nip	V7
V18	嘉农粳3号	V2	<i>Wx</i> ^{mp}	V2	Nip	46	46	Nip-46	V4	Nip	Nip	Nip	Nip	Nip-46
V19	皖垦粳2号	Nip-46	<i>Wx</i> ^b	V2	46	46	46	Nip-46	V4	46	46	46	46	Nip-46
V20	长农粳1号	Nip-46	<i>Wx</i> ^{mp}	Nip	46	46	46	Nip-46	Nip-46	Nip	46	46	Nip	Nip-46
V21	苏秀839	V2	<i>wx</i>	V2	Nip	46	46	V7	V4	46	Nip	46	Nip	V7

基因等位型和南粳46相同时命名为描述为46,和日本晴相同时命名为Nip,与南粳46和日本晴均相同时命名为Nip-46。其他类型的等位型用第一次出现的品种代号表示

46 and Nip indicated that the haplotype of gene is the same as Nangeng46 or Nipponbare, respectively. Nip-46 indicated that the haplotype of gene is the same as Nangeng46 and Nipponbare. Other types of haplotype are represented by the first occurrence of the variety code

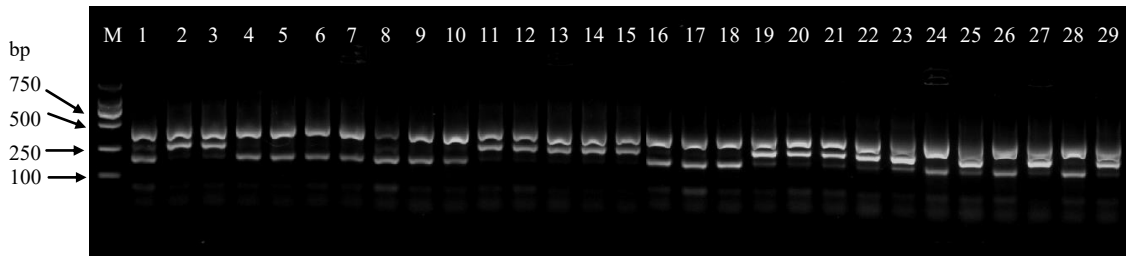
南粳46具有条纹叶枯病主效抗性基因 *Stv-b'*, 20个衍生品种中沪软1212、青香软粳、盐粳765、悦香粳2号、武育粳33号、青香软526、皖垦粳2号和苏秀839的 *Stv-b'* 基因型和南粳46一致,和日本晴相比在353 bp、843 bp和1328 bp存在3个非同义突变。其他品种的基因型和日本晴一致。南粳46的稻瘟病抗性基因 *Pi-b*、*Pi-t*、*Pi-21* 和日本晴的基因型不同, *Pi-d2* 的基因型和日本晴相同。南粳46的 *Pi-b* 基因型具有稻瘟病抗性,而 *Pi-t*、*Pi-d2* 和 *Pi-21* 的基

因型不具有稻瘟病抗性。从衍生品种的基因型看,青香软粳、盐粳765、悦香粳2号、武育粳33号、武科粳7375、中科发928、皖垦粳2号和长农粳1号等含有抗性基因 *Pi-b*。除了盐粳765、武育粳33号等5个品种外,其余品种的 *Pi-t* 基因型都和南粳46相同。*Pi-d2* 也是类似的分布,只有盐粳765、悦香粳2号等5个品种的基因型和南粳46不相同。

南粳46中抽穗期主效基因 *Hdl* 的基因型和日本晴一致,20个衍生品种中武育粳33号、武科粳

7375、上农软香18、闽粳366、金农粳4号、皖垦粳516、皖垦粳2号、长农粳1号的*Hdl*的基因型和日本晴及南粳46一致。沪软1212和沪早香181、沪早香软1号等10个品种的*Hdl*等位型和日本晴及南粳46不一致,在Ex1+533 bp存在1个SNP位点(C/T)。中科发928和盐粳765则为另外一种基因型,和日本晴及南粳46相比在编码区存在9个非同义突变。

为进一步验证基因型分型的结果,在分蘖盛期对衍生品种进行*Wx*基因的分子检测(图2)。*Wx*基因的扩增产物呈现2种类型的条带,即*Wx^{mp}*基因型:南粳46和关东194的带型(439 bp和292 bp);*Wx^b*基因型:武育粳33号等江苏常规粳稻的带型(439 bp和200 bp)。经统计,20个衍生品种中共检测到具有*Wx^{mp}*带型的品种13个,具有*Wx^b*带型的品种6个,与利用SNP对*Wx*分型的结果一致。



M:DL2000;1:武香粳14;2:关东194;3:V1(南粳46);4-10:江苏常规粳稻品种(*Wx^b*);11-29:V2-V20

M: DL2000; 1: Wuxiangeng14; 2: Guandong 194; 3: V1 (Nangeng46); 4-10: Jiangsu common japonica rice (*Wx^b*); 11-29: V2-V21

图2 南粳46及其衍生品种*Wx^{mp}*基因的分子检测

Fig.2 Detection of *Wx^{mp}* genotype in Nangeng 46 and it's derived varieties

将南粳46衍生品种的米饭食味值和品质相关基因的基因型联合分析,发现食味值80分以上的7个品种中,除金农粳4号为*Wx^b*外,其他6个品种都为*Wx^{mp}*。上农软香18、嘉农粳6号和长农粳1号都只有*SSIIa*的基因型和南粳46不一致。青香软526和闽粳366都是*SSIIa*和*SSIIb*的基因型不同于南粳46。金农粳4号和青香软粳均有3个品质相关基因的基因型和南粳46不同,其中金农粳4号除*Wx^b*外,*SSIIa*和*SSII-1*的基因型和南粳46不同,而青香软粳*SSIIa*、*SSIIb*和*SSIV-1*的基因型都不同于南粳46。米饭食味值低于70分的3个品种都为*Wx^b*基因型,其中盐粳765除*Wx*外,还有*SSIIb*、*SSIIIa*、*SBE1*、*SSII-1*等4个的基因型和南粳46不同;悦香粳2号还有*SSIIa*、*SSIV-1*、*SBE1*等3个的基因型和南粳46不同;武育粳33号则还有*SSIIa*和*SSII-1*基因型和南粳46不同。

进一步分析20个衍生品种品质相关基因不同等位型对米饭食味值的效应发现,7个基因中只有*Wx*的两个等位型*Wx^{mp}*和*Wx^b*间品种米饭食味值差异显著($P=0.041$),其他基因的不同基因型间米饭食味值差异均不显著,再次验证了*Wx*基因是影响稻米食味值的主效基因。南粳46是本研究所有品种中米饭食味值最高的品种,按照和南粳46品质相关基因型不同的基因数量进行分组,分析不同组别米饭食味的平均值可以发现,随着和南粳46不同基因

型的基因数量的增加,品种的米饭食味值呈明显的下降趋势。从表4可以看出,有8个品种和南粳46存在3个品质相关基因的基因型差异,其平均米饭食味值为78.1,低于有1个和2个基因差异的品种的平均食味值(80.0和80.4),但是高于4个基因不同的品种食味值(70.7)。这一结果说明需要对多基因进行多重调控达到精准改良食味品质性状、提高育种效率的目的。

3 讨论

3.1 日本种质资源在我国水稻育种中的作用

水稻遗传育种的理论和实践表明选用遗传基础较宽广、不含相同祖先亲本品种进行杂交育种,有利于优异性状基因的聚合,能够较好地达到预期育种目标。日本水稻资源大多品质优秀、植株较矮小、分蘖较多、中抗稻瘟病、结实率高。利用日本资源进行育种可显著提高品种品质,还能拓宽遗传基础,加之生态远缘有较强的杂种优势,是我国育种工作者首选的引进资源。早期很多日本资源被引进后直接推广应用,如在东北地区大面积推广的丰锦、秋光、京引127、藤系138、空育131、富士光等^[18-22]。我国自1980年开始粳稻的品种改良研究,引进的日本水稻资源更多被作为核心种质进行利用。

水稻核心种质是指具有某些优良性状的育种

材料,在品种改良过程中,核心种质能够沿着育种目标置换和扩充基因群体,直至全面符合育种目标。黄华占、绿珍占8号、松93-8等核心种质都在我国水稻育种中发挥了重要的作用^[23]。利用核心种质时,明确优良性状互补的亲本能够快速选育出核心优异品种,进而衍生出系列新品种。黑龙江省从1956年开始引进并利用日本资源进行品种改良,以藤系138衍生育成的绥粳3号于1999年通过审定。绥粳3号具有配合力高、优质、高产、多抗等特性,至2019年以绥粳3号为亲本共成功选育出30个新品种^[24]。以日本品种松前等育成了绥粳4号,此后以

绥粳4号衍生出了23个新品种。绥粳3号和4号为寒地水稻优质化育种发挥了极其重要的作用^[25-26]。南粳46本身带有日本粳稻血缘,育种工作者普遍以地方高产抗病品种,如嘉农早香、广陵香粳、武运粳23号、宁粳5号等作为亲本和南粳46进行杂交、回交或者复交,然后通过系统选育将南粳46的低直链淀粉含量基因和条纹叶枯病抗性基因导入育成品种中,成功实现抗性和品质的突破。可以预测,在今后一段时间内南粳46的衍生品种还将继续增加,应用范围还将进一步扩大。

表4 衍生品种品质相关基因型的差异及食味值

Table 4 Haplotypes of quality genes in derived varieties and its taste value

基因个数 No. of genes	和南粳46基因型不同的品质基因 Different quality genes from Nangeng 46	品种数量 No. of varieties	米饭食味平均值(分) Average of taste value
1	<i>SSIIa</i>	5	80.0
2	<i>SSIIa</i> , <i>SSIIb</i>	3	80.4
3	<i>Wx</i> , <i>SSIIa</i> , <i>SSII-1</i> <i>SSIIa</i> , <i>SSIIb</i> , <i>SSII-1</i> <i>SSIIa</i> , <i>SSIIb</i> , <i>SSIIIa</i> <i>SSIIa</i> , <i>SSIIb</i> , <i>SSIV-1</i> <i>SSIIa</i> , <i>SSIV-1</i> , <i>SBE1</i>	8	78.1
4	<i>Wx</i> , <i>SSIIa</i> , <i>SSIV-1</i> , <i>SBE1</i>	2	70.7
5	<i>Wx</i> , <i>SSIIb</i> , <i>SSIIIa</i> , <i>SSII-1</i> , <i>SBE1</i>	1	67.1

由于南粳46在江苏中部和北部种植生育期推迟,江苏省农业科学院利用相同的亲本育成了成熟期提前1周的超级稻品种南粳9108,适宜江苏苏中及宁镇扬丘陵地区和上海市种植,产量潜力更大,2013年和2014年百亩方实收产量均超过800 kg/667 m²,2016年被农业部列为长江中下游主导品种。据江苏省种子管理站统计,南粳9108累计种植面积超过4000万亩,成为江苏省单一品种年种植面积最大的水稻品种。

我国于1996年正式启动超级稻育种计划,目的是推动育成产量比现有品种大幅度提高、兼顾品质和抗性的水稻新品种,确保粮食安全。在超级稻育种中,研究者广泛使用外引日本资源进行品质改良的策略。日本优质粳稻血缘的渗入对于提高我国超级粳稻的品质发挥了重要作用。截至2022年,经农业部确认冠名超级稻的常规粳稻品种共26个^[27]。查询分析它们的系谱可以发现,除苏垦118是利用江苏本地品种育成,武育粳27号有国际水稻所IR2061的血统外,其他24个粳型超级稻品种都或多或少含有日本品种血缘。其中南粳9108、南粳52、南粳5718、南粳3908和南粳5055含有关东194的血

缘,盐粳15号、镇稻11、镇稻18号和连粳7号含有月之光的血缘;宁粳7号、南粳0212、楚粳37号含有日本农林系列品种的血缘;黑龙江超级粳稻品种龙粳21、龙粳31和龙粳39含有藤系138的血缘;辽星1号、北粳1705含有丰锦的血缘。

3.2 利用南粳46进行品种改良的建议

总体上说,南粳46衍生品种各项特性的变异系数中,外观品质>淀粉粘滞性特征值>籽粒理化特征>米饭食味品质>产量>生育期和株高>产量构成因素,表明南粳46衍生品种在外观品质、籽粒理化特征和淀粉RVA谱上还存在较大的变异,其次是米饭食味品质。生育期、株高和产量相关性状是育种工作者最关注的性状,后代选择压力大,因此变异幅度小。在利用南粳46做为核心种质的过程中,应注重外观品质、淀粉特性和籽粒理化特征的选择,其次是米饭品质和产量,从而达到选育优良后代的目的。

总结长江中下游地区南粳46作为核心种质的利用现状可以发现,种质资源的高效利用必须建立在精准鉴定的基础上。需要明确核心种质的亲缘关系及系谱,进一步分析遗传基础及基因型,了解

其特征特性及丰产性。近年来江苏省育成品种的亲缘关系较近,遗传背景相似度高,遗传多样性不够丰富^[28-29]。利用南粳46进行杂交组合选配时需要考虑其与当地品种在综合性状上的互补,并尽量采用远缘杂交、籼粳交或复交等多种手段,防止遗传单一性,显著提高新品种的综合特性。

稻瘟病是我国目前长江中下游水稻生产中流行较广、危害最大的病害,其抗性机制复杂,选育具有持久广谱抗性的新品种是防治稻瘟病最有效的方法。研究发现长三角地区粳稻的抗稻瘟病基因 *Pi-b* 的分布频率较高, *Pita*、*Pi5*、*Pi2* 和 *Pi-km* 可以作为今后改良粳稻稻瘟病抗性的主要基因^[30]。南粳46携带抗性基因 *Pi-b*,田间对稻瘟病具有一定抗性。在利用南粳46做亲本进行品种改良时,需要注意稻瘟病抗性基因的互补,可以适当引入新的抗性基因,同时加大对后代品系的抗性筛选和鉴定。

稻米品质是由多种基因控制的数量性状。目前研究认为 *Wx* 基因是控制稻米直链淀粉含量及品质形成的主要因素,其表达受基因型和环境因素的影响^[31-32]。在进行稻米品质改良时,除对 *Wx* 基因进行重点选择外,不仅需要关注其他淀粉合成相关基因以及相应调控因子的效应,深入探索各基因间的互作效应,还应该加强新资源的挖掘以及 *Wx* 其他等位基因 *Wx^{op}*、*Wxⁱⁿ*、*Wx^{mv}* 的利用,进一步增强优良食味品种的遗传多样性。

参考文献

- [1] 魏兴华, 汤圣祥, 余汉勇, 王一平, 袁筱萍, 徐群. 中国水稻国外引种概况及效益分析. 中国水稻科学, 2010, 24(1): 5-11
Wei X H, Tang S X, Yu H Y, Wang Y P, Yuan X P, Xu Q. Beneficial analysis on introduced rice germplasm from abroad in China. Chinese Journal of Rice Science, 2010, 24(1): 5-11
- [2] 黄炳超, 周汉钦, 朱小源, 曾列先, 张扬, 肖汉祥, 杨健源, 杨祁云. 国际水稻遗传评价圃资源在广东的试验和评价利用. 植物遗传资源学报, 2006, 7(2): 148-152
Huang B C, Zhou H Q, Zhu X Y, Zeng L X, Zhang Y, Xiao H X, Yang J Y, Yang Q Y. Evaluation and utilization of the gerplasm resources from International network for genetic evaluation of rice in Guangdong province of China. Journal of Plant Genetic Resources, 2006, 7(2): 148-152
- [3] 苏京平, 孙林静, 马忠友, 王春敏, 范俊山, 孙玥, 闫双勇, 王胜军, 刘学军. 京津唐区国审粳稻品种情况及其系谱分析. 天津农学院学报, 2015, 22(3): 7-13
Su J P, Sun L J, Ma Z Y, Wang C M, Fan J S, Sun Y, Yan S Y, Wang S J, Liu X J. Analysis of pedigree and characteristics of national registered Japonica rice in Jingjintang rice region. Journal of Tianjin Agricultural University, 2015, 22(3): 7-13
- [4] 王才林, 张亚东, 朱镇, 陈涛, 赵庆勇, 周丽慧, 姚姝, 赵凌, 李余生. 水稻优质抗病高产育种的研究与实践. 江苏农业学报, 2012, 28(5): 921-927
Wang C L, Zhang Y D, Zhu Z, Chen T, Zhao Q Y, Zhou L H, Yao S, Zhao L, Li Y S. Studies and practices on the development of japonica rice varieties with good quality, disease resistance and high yield. Jiangsu Journal of Agricultural Science, 2012, 28(5): 921-927
- [5] 赵春芳, 岳红亮, 田铮, 顾明超, 赵凌, 赵庆勇, 朱镇, 陈涛, 周丽慧, 姚姝, 梁文化, 路凯, 张亚东, 王才林. 江苏和东北粳稻米理化特性及 *Wx* 和 *OsSSIIa* 基因序列分析. 作物学报, 2020, 46(6): 878-888
Zhao C F, Yue H L, Tian Z, Gu M C, Zhao L, Zhao Q Y, Zhu Z, Chen T, Zhou L H, Yao S, Liang W H, Lu K, Zhang Y D, Wang C L. Physicochemical properties and sequence analysis of *Wx* and *OsSSIIa* genes in japonica rice cultivars from Jiangsu province and northeast of China. Acta Agronomica Sinica, 2020, 46(6): 878-888
- [6] 张昌泉, 冯琳皓, 顾铭洪, 刘巧泉. 江苏省水稻品质性状遗传和重要基因克隆研究进展. 遗传, 2021, 43(5): 425-441
Zhang C Q, Feng L H, Gu M H, Liu Q Q. Progress on inheritance and gene cloning for rice grain quality in Jiangsu province. Hereditas, 2021, 43(5): 425-441
- [7] Bao J, Xia Y. Genetic control of the paste viscosity characteristics in indica rice (*Oryza sativa* L.). Theoretical and Applied Genetics, 1999, 98: 1120-1124
- [8] Li H, Durbin R. Fast and accurate short-read alignment with Burrows-Wheeler transform. Bioinformatics, 2009, 25 (14) : 1754-1760
- [9] McKenna A, Hanna M, Banks E, Sivachenko A, Cibulskis K, Kernysky A, Garimella K, Altshuler D, Gabriel S, Daly M, DePristo M A. The genome analysis toolkit: A MapReduce framework for analyzing next generation DNA sequencing data. Genome Research, 2010, 20(9) : 1297-1303
- [10] Boeva V, Popova T, Bleakley K, Chiche P, Cappo J, Schleiermacher G, Janoueix-Lerosey I, Delattre O, Barilots E. Control-FREEC: A tool for assessing copy number and allelic content using next generation sequencing data. Bioinformatics, 2012, 28(3): 423-425
- [11] Wang K, Li M, Hakonarson H. ANNOVAR: Functional annotation of genetic variants from high-throughput sequencing data. Nucleic Acids Research, 2010, 38(16): 164
- [12] 陈涛, 骆名瑞, 张亚东, 朱镇, 赵凌, 赵庆勇, 周丽慧, 姚姝, 王才林. 利用四引物扩增受阻突变体系 PCR 技术检测水稻低直链淀粉含量基因 *Wx-mq*. 中国水稻科学, 2013, 27(5): 529-534
Chen T, Luo M R, Zhang Y D, Zhu Z, Zhao L, Zhao Q Y, Zhou L H, Yao S, Wang C L. Detection of *Wx-mq* gene for low-amylose content by tetra-primer amplification refractory mutation system PCR in rice. Chinese Journal of Rice Science, 2013, 27(5): 529-534
- [13] 王才林, 张亚东, 朱镇, 赵凌, 陈涛, 林静. 优质水稻新品种南粳46的选育与应用. 中国稻米, 2008(3): 38-40
Wang C L, Zhang Y D, Zhu Z, Zhao L, Chen T, Lin J. Breeding and application of a new high quality rice variety

- Nanjing 46. *China Rice*, 2008(3):38-40
- [14] Sato H, Imbe T, Nemoto H, Akama Y, Horisue N, Ohta H, Hirabayashi H, Ideta O, Ando I, Suto M, Numaguchi K, Takadate M, Hirasawah H, Sakai M, Tamura K, Naoki N. "Milky Princess", a new rice cultivar with low-amylose content in endosperm. *Bulletin National Institute Crop Science*, 2008, 9:63-79
- [15] Yang J, Wang J, Fan F J, Zhu J Y, Chen T, Wang C L, Zheng T Q, Zhang J, Zhong W G, Xu J L. Development of AS-PCR marker based on a key mutation confirmed by resequencing of *Wx-mp* in Milky Princes and its application in japonica soft rice (*Oryza sativa* L.) breeding. *Plant Breeding*, 2013, 132:595-603
- [16] Zhang C, Zhu J, Chen S, Fan X, Li Q, Lu Y, Wang M, Yu H, Yi C, Tang S, Gu M, Liu Q. *Wx^{lv}*, the ancestral allele of rice *Waxy* gene. *Molecular Plant*, 2019, 12:1157-1166
- [17] 赵春芳, 岳红亮, 黄双杰, 周丽慧, 赵凌, 张亚东, 陈涛, 朱镇, 赵庆勇, 姚姝, 梁文化, 路凯, 王才林. 南粳系列水稻品种的食味品质与稻米理化特性. *中国农业科学*, 2019, 52(5): 909-920
Zhao C F, Yue H L, Huang S J, Zhou L H, Zhao L, Zhang Y D, Chen T, Zhu Z, Zhao Q Y, Yao S, Liang W H, Lu K, Wang C L. Eating quality and physicochemical properties in Nanjing rice varieties. *Scientia Agricultura Sinica*, 2019, 52(5): 909-920
- [18] 吕彬. 日本水稻资源在优势育种中的利用. *黑龙江农业科学*, 1999(3):72-73
Lv B. Utilization of Japanese rice resources in heterosis breeding. *Heilongjiang Agricultural Science*, 1999(3):72-73
- [19] 马瑞. 黑龙江省外引水稻资源的利用及思考. *中国稻米*, 2011, 17(5):32-34
Ma R. Utilization and thinking of introduced rice resources in Heilongjiang province. *China Rice*, 2011, 17(5):32-34
- [20] 郭桂珍, 刘才哲, 丛文春, 周广春. 日本稻种资源在吉林省水稻常规育种上的利用. *吉林农业科学*, 2002, 27(6):21-26
Guo G Z, Liu C Z, Cong W C, Zhou G C. Utilization of Japanese rice resources in conventional breeding in Jilin province. *Journal of Jilin Agricultural Sciences*, 2002, 27(6): 21-26
- [21] 万建民. 中国水稻遗传育种与品种系谱:1986-2005. 北京:中国农业出版社, 2010:361
Wan J M. Chinese rice genetic breeding and variety pedigree: 1986-2005. Beijing: China Agriculture Press, 2010:361
- [22] 李海明, 胡瑞法. 国外稻种资源对我国水稻生产的贡献. *浙江大学学报:农业与生命科学版*, 2008, 34(1):65-72
Li H M, Hu R F. Contribution of foreign germplasm to rice production in China. *Journal of Zhejiang University: Agriculture and Life Science*, 2008, 34(1):65-72
- [23] 周少川, 柯苇, 缪若维, 李宏, 黄道强, 王重荣. 水稻核心种质育种理论体系的创建与应用. *中国水稻科学*, 2021, 35(6): 529-534
Zhou S C, Ke W, Miao R W, Li H, Huang D Q, Wang C R. Creation and application of the breeding theory based on rice core germplasm. *Chinese Journal of Rice Science*, 2021, 35(6): 529-534
- [24] 聂守军, 张广彬, 高世伟, 谢树鹏, 刘宝海, 史冬梅. 寒地水稻核心种质绥粳3号的创新与利用. *北方水稻*, 2012, 42(1):31-33
Nie S J, Zhang G B, Gao S W, Xie S P, Liu B H, Shi D M. Innovation and utilization on collection named Suijing3 in cold region. *North Rice*, 2012, 42(1):31-33
- [25] 刘立超, 谢树鹏, 门龙楠, 符强. 绥粳系列水稻品种系谱及衍生品种. *黑龙江农业科学*, 2019(6):4-6
Liu L C, Xie S P, Meng L N, Fu Q. Genealogy and derivatives of sui-jing series rice varieties. *Heilongjiang Agricultural Science*, 2019(6):4-6
- [26] 张科, 魏海锋, 卓大龙, 张晓敬, 张帆, 周永力, 黎志康. 黑龙江省近年审定水稻品种基于SSR标记的遗传多样性分析. *植物遗传资源学报*, 2016, 17(3):447-454
Zhang K, Wei H F, Zhuo D L, Zhang X J, Zhang F, Zhou Y L, Li Z K. Genetic diversity analysis of registered rice (*Oryza Sativa* L.) varieties in Heilongjiang province based on SSR markers. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2016, 17(3): 447-454
- [27] 国家水稻数据中心. 可冠名超级稻的水稻品种.(2022-09) [2022-11-10]. <http://www.ricedata.cn/variety/superice.html>
China Rice Data Center. Chinese super rice varieties. (2022-09) [2022-11-10]. <http://www.ricedata.cn/variety/superice.html>
- [28] 吴锦泉, 张小强, 胡忠磊, 徐庆龙, 华鹤良. 利用SSR标记分析江苏水稻联合体试验品系遗传多样性. *农业与技术*, 2020, 40(20):26-29
Wu J Q, Zhang X Q, Hu Z L, Xu Q L, Hua H L. Analysis of genetic diversity of Jiangsu rice consortium test lines by SSR markers. *Agriculture and Technology*, 2020, 40(20):26-29
- [29] 罗兵, 孙海燕, 杨志刚, 沈宗根, 汤俊, 端木银熙. 基于SSR标记的太湖稻区常规粳稻DNA指纹图谱构建及遗传相似性分析. *南方农业学报*, 2015, 46(1):9-14
Luo B, Sun H Y, Yang Z G, Shen Z G, Tang J, Duanmu Y X. DNA fingerprints construction and genetic similarity analysis of conventional japonica rice from Taihu Lake area based on SSR markers. *Journal of Southern Agriculture*, 2015, 46(1):9-14
- [30] 闫影, 王凯, 周锋利, 张丽霞, 胡泽军, 曹黎明, 吴书俊. 长三角地区粳稻种质的稻瘟病抗性基因鉴定及其抗性评价. *核农学报*, 2022, 36(1): 14-23
Yan Y, Wang K, Zhou F L, Zhang L X, Hu Z J, Cao L M, Wu S J. Identification and resistance evaluation of rice blast resistance genes in Japonica rice germplasm in Yangtze river delta. *Journal of Nuclear Agricultural Sciences*, 2022, 36(1): 14-23
- [31] 朱霁晖, 张昌泉, 顾铭洪, 刘巧泉. 水稻 *Wx* 基因的等位变异及育种利用研究进展. *中国水稻科学*, 2015, 29(4):431-438
Zhu J H, Zhang C Q, Gu M H, Liu Q Q. Progress in the allelic variation of *Wx* gene and its application in rice breeding. *Chinese Journal of Rice Science*, 2015, 29(4):431-438
- [32] 于梅梅, 陶权丹, 华杰, 王时超, 计文, 刘岩, 刘康伟, 张建祥, 于恒秀. 香软米水稻的研究进展. *江苏农业科学*, 2019, 47(10):11-15
Yu M M, Tao Q D, Hua J, Wang S C, Ji W, Liu Y, Liu K W, Zhang J X, Yu H X. Research progress of aromatic soft rice. *Jiangsu Agricultural Sciences*, 2019, 47(10):11-15