

水稻核心种质育种

Rice Core Germplasm Breeding

周少川/ZHOU Shao-chuan^{1,2}, 李 宏/LI Hong¹, 黄道强/HUANG Dao-qiang¹, 卢德城/LU De-cheng¹

- 1. 广东省农业科学院水稻研究所,广州 510640
- 2. 湖南农业大学农学院,长沙 410128

- 1. Rice Research Institute, Guangdong Academy of Agricultural Sciences, Guangzhou 510640, China
- 2. Agricultural School, Hunan Agricultural University, Changsha 410128, China

[摘要] 从核心种质的概念与核心种质育种、核心种质株型和品质理想模型构建、新型核心种质的创建、核心种质分子育种、特征次生物质标记辅助核心种质育种 5 个部分,概述了水稻核心种质育种从提出到完善的全过程,并进一步提出了水稻核心种质育种探索的重点。

[关键词] 核心种质,育种,水稻 **[中图分类号]** S603.6, S511, S5-033
[文献标识码] A **[文章编号]** 1000-7857(2005)11-0023-04

Abstract : The paper outlines the history from proposal to consummation of rice core germplasm breeding in five parts, including conception of core germplasm (CG) and core germplasm breeding, construction of ideal model of plant type and quality of CG, creation of new CG, molecular breeding of CG, CG breeding through aided selection by specific secondary metabolite. The approach to rice core germplasm breeding is advanced.

Key Words : core germplasm, breeding, rice **CLC Numbers :** S603.6, S511, S5-033
Document Code: A **Article ID :** 1000-7857(2005)11-0023-04

迄今为止,水稻育种学仅利用了约 5%的水稻种质资源,即取得了以矮化育种为标志的“绿色革命”和杂种优势利用为标志的两次重大突破,水稻种质资源学的重要性是毋庸置疑的,如何

应用现代科学,进一步利用水稻种质资源实现水稻育种的新突破,是当代水稻科技工作者的重任。优质稻核心种质育种理论提出和完善的目的在于:通过水稻育种学和水稻种质资源学的对

收稿日期:2005-07-12
基金项目:农业部 948 项目(2001-101、2001-103-03、2003-229),国家农业科技跨越计划项目(1999-05、2003-9)
作者简介:周少川,男,广州市五山路广东省农业科学院水稻研究所,研究员,主要从事水稻遗传育种研究;E-mail: xxs123@163.com

[3] Armour J A, Neumann R, Goberts, et al. Isolation of human simple sequence repeats Loci by hybridization selection [J]. *Human Molecular Genetics*, 1994, 3:559~565

[4] Tokuko ujino, Takayuki kawahara, Yoshihiko Tsumura et.al. Development and polymorphism of simple sequence repeat DNA markers for Shorea curtisii and other Dipterocarpaceae species [J]. *Heredity*, 1998,81:422~428

[5] Luchezar Karagyoov, Iveta G Kalchera, Verne M chapman. Construction of random small -insert genomic libraries highly enriched for simple sequence repeats [J]. *Nucleic Acids Research*, 1993,21(16): 3 911~3 912

[6] Lian chunlan, Zhou zhi-hua, Hogetsu T A simple method for developing microsatellite markers using amplified fragments of Inter-simple sequence repeat[J]. *J. Plant Res*, 2001,114:381~385

[7] C Lian, T Hogetsu. Development of microsatellite markers in black locust (Robinia pseudoacacia) using a dual-suppression-PCR technique[J]. *Molecular ecology notes*, 2002. 2,211~213

[8] Clark M S. Plant Molecular Biology-A laboratory manual[M]. New York:Springer, 1996. 3~6

[9] L. Tommasini, Batley J, Arnold G. M. et al. The development of multiplex simple sequence repeat (SSR) markers to complement distinctness, uniformity and stability testing of rape (Brassica

napus L.) varieties[J]. *Theor Appl Gene*, 2003, 106:1 091~1 101

[10] Szwec M C, Tadden A K, Kresovich S, et al. Identification of polymorphic, conserved simple sequence repeats (SSRs) in Cultivated Brassica species[J]. *Thero Appl Genet*, 1996, 93:534~538

[11] Vzunosami M I, Ecke W. Abundance, polymorphism and genetic mapping of microsatellites in oilseed rape (Brassica napus L.)[J]. *Plant Breeding*, 1999,118:323~326

[12] Plaschke J, Ganai M W, Rader M S. Detection of genetic diversity in closely related wheat using microsatellite markers[J]. *Thero Appl Gene*, 1995, 91:1 001~1 007

[13] Saghai Maroof MA, Biyashev R M, Yang G P et.al. Extraordinarily polymorphic microsatellite DNA in barely: species diversity, chromosomal location and population dynamics [J]. *Proc. Natl. Acad Sci, USA*, 1994, 91:5 466~5 470

[14] Lowe A J, C.Moule, M.Trick, Edwards K J. Efficient large-scale development of microsatellite for marker and mapping application in Brassica crop species[J]. *Theor Appl Genet*, 2003,122: 1 522~1 527

[15] Westman A L, Kresovich S. The potential for cross-taxa simple sequence repeat (SSR) amplication between Arabidopsis thaliana L. and crop Brassicas[J]. *Theor Appl Genet*, 1998, 96: 272~281

(责任编辑 胡春华)

接、现代技术与常规技术的有机结合,创建优质稻核心种质育种平台,实现水稻育种学的新突破。

1 核心种质的概念与核心种质育种

丰富的遗传资源为遗传研究和育种工作提供了大量的材料,然而众多的种质资源给保存、评价、鉴定和利用带来了困难。为了解决这一矛盾,澳大利亚 Frankel 于 1984 年提出了核心种质(Core Collection)的概念,并与 Brown(1989 年)将其进一步发展。所谓核心种质,是指用一定的方法选择整个种质资源的一部分,以最小的资源数量和遗传重复最大程度地代表整个遗传资源的多样性。未包含于核心种质中的种质材料并没有被遗弃,而是作为保留种质(Reserve Collection),从而方便于种质的保存、评价和利用。核心种质应具有以下特征。

- 1) 代表性。取样合理,代表尽可能多的生态和遗传多样性,但不是简单的代表和压缩。
- 2) 实用性。核心种质与保留种质规模大减且存在密切联系,可极大地提高对品种资源的保存、评价、利用效率。
- 3) 动态性。核心种质是当前和未来遗传研究和育种目标需要的重要材料来源和捷径,必须保持对核心种质和保留种质材料的动态交流和调整。
- 4) 有效性。核心种质应包括尽可能多的生态和遗传多样性。核心种质的有效性需经得起检验,代表性需通过评价。李自超等研究表明,表型保留比例、表型方差、表型频率方差、遗传多样性指数和变异系数等 5 个参数作为核心种质检验指标对核心种质的评价较为有效^[1-4]。

1992 年在巴西召开了关于核心种质的国际会议;1994 年我国在杭州召开了核心种质专题会议;1998 年 10 月我国启动“973”项目“农作物资源核心种质构建、重要新基因发掘与有效利用研究”,正式开展水稻核心种质研究。李自超等经多年努力,通过合理的取样策略从 60 000 余份中国稻种资源提取了 5 000 余份初级核心种质,然后在田间种植和详尽的室内外考种鉴定基础上,继续通过形态、生化及 DNA 分子标记等水平的聚类压缩,建立了约 1 500 份中国稻种资源核心种质和占原始资源 0.3% 的微核心种质。

1990 年,我国水稻育种界通力合作,完成了林世成、闵绍楷主编的《中国水稻品种及其系谱》,其中形成了一个重要结论:某一特定时期在水稻育种中必然会有某些优良种质及其衍生系统,或因其具有对环境条件的广泛适应性,或因其综合性状优良且配合力强,或因其携带特殊的有利基因,而被普遍应用于品种改良计划之中。及时发掘并利用自然界已有的或新创造出来的优良种质,是品种改良事业突飞猛进的保证^[5]。

1998 年,周少川、柯苇等在此基础上依据广东省优质稻育种实践,从“优良种质及其衍生系统”即俗称的“骨干亲本”发展到动态的核心种质,提出核心种质育种理论并逐步完善。

从育种学的角度,核心种质是指具有某些优良性状的育种材料中,控制某些优良性状的特殊基因群体或基因系统,在品种改良过程中,它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。

核心种质可用一级、二级、三级核心种质标志其动态变化,随着科学技术的发展,核心种质可逐步精确地量化^[6-8]。它们是种质资源学中重要的核心种质,是实现水稻育种学与水稻种质资源学对接的重要载体。目前,广东的优质稻核心种质已完成了从一级到六级核心种质的构建,衍生育成了近 30 个优质稻新品种,形成了当前广东省最主要的优质稻品种群^[9-12]。

广东优质稻核心种质具有以下特点。

- 1) 遗传基础广泛。综合了特青的超高产性能,青六矮 1 号优质高产抗病优良综合性状、早晚稻生态型间优势(香珍 288),粳

粳亚种间优势(粳籼杂交材料 677),以及国内外优质源材料七丝占、中粳 3588、中粳 9194、澳洲袋鼠丝苗、泰国茉莉香 105、IR36 和 28 占等的优质性状。

- 2) 配合力强。其基因系统具有较强的兼容和新陈代谢能力,能较好地与遗传距离较远的种质相结合,保持原有的优点,改良原有的不理想性状,利用它们育成的品种类型多、育种成效好。

- 3) 综合农艺性状优良,抗性好,可被重复利用且育种成效显著。

- 4) 发掘并融合新的高产和超高产源、优质源和抗源是核心种质升级的基础(图 1)。



图 1 核心种质兼容、升级、育种流程图

这种以实现水稻育种学与水稻种质资源学的对接、培育优良新品种为目标,通过现代技术和常规技术的有机结合,沿着核心种质的兼容、创新升级而展开的高效育种方法,我们称之为核心种质育种。通过近期的努力,我们已开始创建优质稻核心种质育种平台(图 2)。

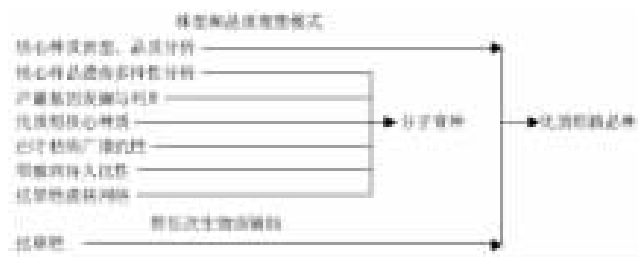


图 2 优质稻核心种质育种平台

2 核心种质株型和品质理想模型构建^[13-15]

应用数理统计软件,利用育种家丰富的育种经验,通过系统的田间设计和室内外考种和综合品质分析,我们建立了核心种质株型和品质理想模型指导育种实践,有效地缩减了育种规模,提高了育种效率。近年来我们共建立了 3 个核心种质衍生系统株型和品质理想模型。

2.1 青六矮 1 号→丰青矮→丰矮占 1 号→丰八占衍生系统株型和品质理想模型

在广州地区对青六矮 1 号→丰青矮→丰矮占→丰八占衍生系统的产量和品质综合改良应注重选择以下指标:单株有效穗数 6.4 穗以上、株高 91.4 cm 以上、穗长 22.4 cm 以上、每穗总粒数 170 粒以下、每穗实粒数 147 粒以下、着粒密度 76 粒/10cm 以下、千粒重 20 g 以上、倒三叶长 51.6cm 以上、粒长 5.75 mm 以上、长宽比 3.05 以上、垩白率 19.1% 以下、垩白度 5.5% 以下、直链淀粉含量 23.1% 以下、胶稠度 53.7 mm 以上。对于高代株系或品系,还应加强整精米率 46.9% 以上指标的筛选。这样的系统选择有利于在高产的基础上,同时获得优良的碾米品质、外观品质和蒸煮品质。倒三叶长与倒二叶长呈极显著正相关、与着粒密度呈显著负相关、与粒长呈显著正相关、与垩白率呈显著负相关、与垩白度呈极显著负相关、与胶稠度呈显著正相关、与直链淀粉含量呈显著负相关。它们是最重要的选择指标。

2.2 青六矮 1 号→绿珍占 8 号→绿源占 1 号衍生系统株型和品质理想模型

在广州地区早季对青六矮 1 号→绿珍占 8 号→绿源占 1 号

衍生系统产量和品质的综合改良选择指标如下:着粒密度 81.8 粒/10 cm 以上、株高 106.9 cm 以下、穗长 21.2 cm 以下、剑叶长 25.0 cm 以上、剑叶宽 1.88 cm 以下、倒二叶长 39.0 cm 以下、垩白粒率 24% 以下、垩白度 5% 以下、直链淀粉含量 19.6% 以下、胶稠度 50 mm 以上、千粒重 21.5 g 以下、粒型 3.09 以上。增加着粒密度是该衍生系统的最重要选择要点。

在广州地区晚季对青六矮 1 号→绿珍占 8 号→绿源占 1 号衍生系统产量和品质的综合改良指标如下:结实率 76.3% 以上、穗长 23.5 cm 以上、剑叶长 30.6 cm 以上、倒二叶长 42.3 cm 以下、倒二叶宽 1.35 cm 以上、倒三叶长 46.3 cm 以上、倒三叶宽 1.09 cm 以上、株高 95 cm 以下、有效穗数 308 穗/m² 左右、每穗总粒数 187.6、千粒重约 21 g、整精米率 66.7% 以上、垩白粒率 24% 以下、垩白度 5% 以下、胶稠度 50 mm 以上、直链淀粉含量 21% 左右。结实率、穗长、剑叶长、倒二叶宽和倒三叶宽是该系统重要的选择指标。

2.3 丰八占衍生系统株型和品质理想模型

丰八占衍生系统的综合产量和品质选择在早季选种圃较有利。丰八占衍生系统早季的理想模式如下:株高 102 cm 以上、穗长 22.6 cm 以下、有效穗数 307 穗/m²、每穗总粒数 146 粒左右、每穗实粒数 116 粒左右、着粒密度 64.5 粒/10 cm 左右、千粒重 21.31 g 左右、倒三叶长 52.3 cm 以上、粒型 3.3 以上、剑叶长 27.8 cm 以下、倒二叶长 44.2 m 以下、垩白率 9%、垩白度 2.5% 以下、直链淀粉含量 15.0%~17.0%、胶稠度 71 mm 以上。选择长倒三叶、长粒型、低垩白粒率和垩白度,适当提高株高,选择较短穗长和剑叶长有利于产量和品质的综合提高。

3 新型核心种质的创建

近年来,针对重要的育种目标,我们创建了如下核心种质。

3.1 食味核心种质

系统的研究表明:① 华南籼稻早季食味品质首先应注重优良食味品质资源筛选和利用,食味品质育种可从低世代开始对胶稠度 50 mm 以上、直链淀粉含量 15%~17%、垩白度 1%~5%、粒型 2.9~3.3 指标加强选择,在改良蒸煮、外观品质的同时提高食味品质;② 华南籼稻晚季食味品质育种应注重优异食味品质和胶稠度资源的筛选利用,食味品质育种可从低世代开始加强选择具有胶稠度 50 mm 以上、直链淀粉含量 16%~20%、垩白粒率 30% 以下、垩白度 5% 以下、粒型 3.0~3.5 的新品系。在改良蒸煮、外观品质的同时提高食味品质^[16-17]。可见,华南籼稻食味品质育种需要食味品质资源创新。

1998 年,我们以丰澳占(丰青矮/澳洲袋鼠丝苗)为轮回亲本、美国优良品种 Lemont 为非轮回亲本,经 3 次回交、5 次自交育成广东省当前食味最好的优质香稻美香占 2 号,紧接着以美香占 2 号为食味一级核心种质,育成一批优质稻苗头品系。美香占 2 号衍生品系品质性状大部分指标达国标一级,难能可贵的是大部分衍生品系具有中等直链淀粉含量和理想的食味品质。这表明澳洲、美国稻血缘的渗入对于我国水稻品种的品质改良是富有成效的^[19]。

3.2 超级优质稻核心种质

经过长达 20 年的中间材料创制,我们实现了早晚稻生态型和籼粳血缘的渗透,最后应用丰华占(丰八占/华丝占)与黄新占杂交育成超级优质稻核心种质黄华占,其全部品质指标达国标一级、产量潜力 750 kg、抗稻瘟病和白叶枯病(图 3)。

3.3 白叶枯病广谱抗性核心种质

白叶枯病是我国沿海地区水稻重要病害,为了赶在白叶枯病强毒型菌爆发前育成抗白叶枯病优质稻新品种,加强材料和技术储备,我们与中国农科院合作开展白叶枯病广谱抗性育种^[18],创建白叶枯病广谱抗性核心种质(图 4)。



图 3 创建超级优质稻核心种质流程图

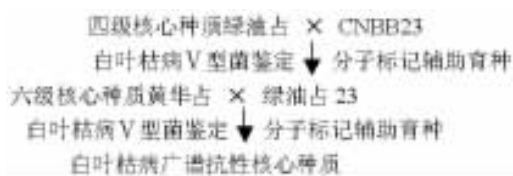


图 4 创建白叶枯病广谱抗性核心种质流程图

3.4 稻瘟病持久抗性核心种质

三黄占 2 号具有优异的稻瘟病持久抗性,而且能在三系杂交稻上表达^[20-22],但一直未能在生产上得到很好的利用,主要原因是其稻瘟病持久抗性机理复杂,并与高直链淀粉含量、基部节间过长存在不良连锁。通过多学科合作,目前已基本明晰了三黄占 2 号稻瘟病持久抗性机理,建立了重组自交系和回交自交系,打破不良连锁,初步创建了稻瘟病持久抗性核心种质。

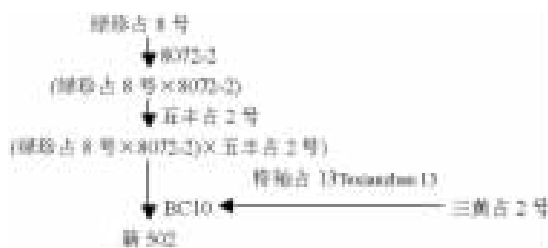


图 5 创建稻瘟病持久抗性核心种质流程图

4 核心种质分子育种

1999 年开始,我们选用了来自全球不同国家和地区的 50 个优良品种,以产量和熟度为目标构建了丰矮占 1 号近等基因导入



图 6 优质稻抗旱育种流程图

系 2 542 份。目前已从 2 542 份近等基因导入系中筛选出水稻抗旱材料 106 份,经重复筛选出抗旱材料 39 个组合 76 份。初步筛选出耐低氮导入系 86 份、水稻田间耐低磷导入系 54 份。目前正在加紧产量近等基因导入系高产基因的发掘与累加,以及抗旱近等基因导入系的基因累加和优质稻的抗旱育种。

5 特征次生物质标记辅助核心种质育种

孔垂华等研究表明:水稻化感品种 PI312777 与丰华占产生和释放的化感物质(多酚、黄酮和羟基脲酸)显著高于非化感品种华粳 1 号,而且在 6 叶期植株中的化感物质含量达最大值。水稻化感品种在植株地上部分合成化感物质并经根部分泌到环境中,根组织并不产生化感物质。稗草 (*Echinochloa crus-galli* L. Beauv.)能诱导水稻产生和释放更多的化感物质^[23]。水稻化感系数与农艺性状相关不显著^[24]。在广东省自然科学基金重点项目资助下,经多学科合作,我们应用高效液相色谱(HPLC)技术分析测定水稻化感系数和田间鉴定相结合的方法开展水稻抗草育种,已将水稻抗草基因融入广东优质稻核心种质丰丝占等衍生材料。

6 水稻核心种质育种探索的重点

6.1 超级稻育种

可以通过下列途径开展超级稻育种:①通过连续不断改良,实现生态型间、地理远缘、亚种间和种间育种材料血缘渗透,使理想株型与优势利用相结合,创建接近理想模式的超级稻核心种质;②利用核心种质探索高光效育种,实现华南低温弱光型和美国高温强光型有机结合;③利用核心种质通过异源多倍体实现种间育种材料理想株型与优势利用相结合。蔡得田等已将丰矮占 1 号/巴蒂野生稻(*O. barthii*)杂种 F1 完全不育幼穗培养加倍后形成 DTS34 四倍体,其四倍体具有较强大的营养优势,并且能够有 35%左右的结实率。经与四倍体梗稻品种,尤其是与 PMeS 品系多倍体(具高结实率特点)杂交后,从中已选育出结实率 69%~92%的株系,展现出良好的种间杂种多倍体双重优势,为水稻育种拓宽了道路。

6.2 核心种质分子数据库的建立

从图 1、图 2 可见,分子育种在核心种质育种中占据重要位置,贾继增等已规划出下面技术路线:①利用核心种质开展深入的表型组学(Phenomics)研究;②利用核心种质构建近等基因导入系、近等基因系、重组近交系等群体,开展基于作图的基因发掘研究;③利用最新的分子标记技术如 Ecotilling 和多样性阵列技术,进行核心种质等位基因多样性研究与连锁不平衡和关联分析;④用核心种质做材料构建全长 cDNA 文库构建,使种质资源库变成真正的基因库^[25]。

当前我们正在加紧对上述提到的稻瘟病持久抗性、白叶枯病广谱抗性、抗旱性和产量性状的分子育种研究,试图实现分子技术和常规技术的结合与突破。

6.3 核心种质特征次生物质的建立

水稻品种的抗逆性是稳产和实现绿色化生产的前提,特征次生物质辅助抗逆性的选择有效便利,是值得重视的研究领域。

参考文献(References)

[1] Frankel O H. Genetic perspectives of germplasm conservation [A]. In: Arber W., Illmensee K, Peacock W J, Starlinger P, ed. Genetics Manipulation: Impact on Man and Society. Cambridge [M]. Cambridge University Press, U K. 161~170

[2] Brown A H D. The case for core collections[A]. In: Brown A H D, Frankel O H., Marshall R D, Williams J T, eds. The Use of Plant Genetic Resources [M]. Cambridge University Press, U K, 1989. 136~156

[3] 李自超,张洪亮,孙传清,王象坤.植物遗传资源核心种质研究现状与展望[J].中国农业大学学报,1999,4(5):51~62

[4] 崔艳华,邱丽娟,常汝镇,吕文河.植物核心种质研究进展[J].植物遗传资源学报,2003,4(3):279~284

[5] 林世成,闵绍楷主编.中国水稻品种及其系谱[M].上海:上海科学技术出版社,1991

[6] 周少川,柯苇,陈建伟,等.谈育种学中的优良种质及其衍生系统[J].广东农业科学,1998年增刊:1~5

[7] 周少川,柯苇,李宏,等.优质稻核心种质创建的实践与探讨,21世纪水稻遗传育种展望——水稻遗传育种国际学术讨论会文集[C].北京:中国农业科技出版社.182~186

[8] 周少川,李宏,卢德城,等.优质稻核心种质育种的进展与研究重点[J].作物研究,2005,18(4):192~196

[9] 周少川,柯苇,李宏,陈国荣,谢振文.2000,优质稻核心种质绿珍占 8 号的创建与利用[J].中国水稻科学,2002,14(3):170~172

[10] 周少川,缪若维,李宏,等.优质稻核心种质丰八占 1 号的创建与利用,农业结构调整与农业产业化[M].北京:中国农业科技出版社,2000.567~568

[11] 李宏,周少川,黄道强,卢德城,王家生,缪若维.核心种质育种理论应用实例——优质稻新品种丰丝占的育成,中国稻米[J].2005,1:19~20

[12] 卢德城,周少川,李宏,黄道强,缪若维.核心种质育种理论的应用——优质稻新品种丰富占 1 号的选育[J].广东农业科学,2005,1:27~28

[13] 周少川,王家生,李宏,黄道强,谢振文,卢德城.优质稻核心种质青六矮 1 号及其衍生品种的性状相关性研究[J].作物学报,2003,29(1):97~104

[14] 周少川,李宏,黄道强,卢德城,王家生.优质稻核心种质绿珍占 8 号及其衍生系统的株型和品质理想模式研究[J].中国水稻科学,2004,18(5):407~414

[15] 周少川,李宏,黄道强,等.优质稻核心种质丰八占衍生系统的育种成效和理想株型模式研究[J].中国青年农业科学学术年报,(2004),1~10

[16] 周少川,李宏,王家生,黄道强,谢振文,卢德城.华南籼稻早造稻米蒸煮、外观和碾米品质与食味品质的相关性研究[J].作物学报,2002,28(3):397~400

[17] 周少川,李宏,王家生,黄道强,谢振文,卢德城.华南籼稻晚造稻米蒸煮、外观和碾米品质与食味品质的相关性研究[J].杂交水稻,2002,17(2):53~55

[18] 李宏,周少川,黄道强,等.美国特异水稻种质的利用[J].中国青年农业科学学术年报,2004.11~14

[19] 潘海军,王春连,赵开军,章琦,樊颖伦,周少川,朱立煌.水稻抗白叶枯病基因 Xa23 的 PCR 分子标记定位及辅助选择[J].作物学报,2003,29(4):501~507

[20] S C Zhou, X Y Zhu, Q Y Yang. A variety with durable resistance to rice blast[J]. *IRRN*, 1998, 23(1): 14~15

[21] 周少川,朱小源,江雁芳,杨祁云,柯苇,缪若维,伍尚忠.稻瘟病持久抗性在三系杂交稻上的导入,中国水稻科学,1999,13(2):69~72

[22] 周少川,朱小源,江雁芳,杨祁云,柯苇,缪若维,伍尚忠.稻瘟病持久抗性在三系杂交稻上的导入续报[J].中国水稻科学,2000,14(2):79~82

[23] 孔垂华,徐效华,胡飞,等.以特征次生物质为标记评价水稻品种及单植株的化感潜力[J].科学通报,2002,47(3):203~206

[24] 周少川,孔垂华,李宏,等.水稻品种化感特性与农艺性状的关系[J].应用生态学报,2005.16(4):737~739

[25] 贾继增,黎裕.植物基因组学与种质资源新基因发掘[J].中国农业科学,2004,37(11):1585~1592

(责任编辑 肖庆山)