

张金霞, 黄金华, 李 畅, 等. 水稻恢复系广亲和基因和恢复基因分子标记鉴定及农艺性状分析[J]. 江苏农业科学, 2026, 54(2): 79–85.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2026.02.011

水稻恢复系广亲和基因和恢复基因分子标记鉴定及农艺性状分析

张金霞¹, 黄金华¹, 李 畅², 孙建权¹, 胡秀明¹, 殷春渊¹, 王和乐¹, 张倩倩¹, 张玉红¹, 刘贺梅¹

(1. 新乡市农业科学院, 河南新乡 453002; 2. 新乡工程学院, 河南新乡 453700)

摘要:为了培育花粉量大、恢复力强、配合力高、农艺性状优异的杂交粳稻恢复系,并为建立高产优质抗逆杂交粳稻育种体系提供核心亲本资源,利用“籼粳架桥”方法,筛选遗传背景差异较大的种质材料进行杂交,从而导入籼稻遗传成分,对不同亚种以及不同生态型中的有利基因进行重组,利用广亲和基因(*S5-n*)和育性恢复基因(*Rfla*)分子标记对 200 份水稻恢复系材料进行 PCR 扩增检测,同时结合表型性状进行综合评价,系统考察播始历期、株高、单株有效穗数、穗长、每穗着粒数、每穗实粒数、千粒重、每穗着粒密度以及结实率等关键农艺性状。结果表明,在 200 份材料中,有 80 份同时含有广亲和基因(*S5-n*)和育性恢复基因(*Rfla*),综合农艺性状分析,最终筛选出产量高(单株实粒重 >46 g)、结实率高(>80.0%)以及含有目标基因的新恢复系材料 7 份,可作为杂交组合的父本资源。通过建立分子标记-表型性状综合评价体系可显著提升恢复系选育效率,为杂交粳稻恢复系新品系的选育及亲本组配提供较好的遗传信息,为培育广适性杂交粳稻新品种提供优良的种质资源。

关键词:水稻;恢复系;广亲和基因;恢复基因;分子标记;农艺性状

中图分类号:S188;S511.03 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2026)02-0079-06

在全球的粮食体系中,水稻生产占据着极为关键的地位,超过半数的世界人口以此为主要食物。我国既是水稻生产大国,也是消费大国,水稻生产对于我国粮食安全至关重要,必须始终确保中国人的饭碗稳稳地端在自己手中^[1]。然而,在耕地资源趋紧与消费需求升级的双重压力下,水稻育种亟需向优质高效方向转型。根据国家统计局发布的数据,2024 年全国稻谷播种面积约 2 900 万 hm^2 ,总产量达 20 753.5 万 t ^[2],占全年粮食总产量的 1/3。

在农业产业升级与乡村全面振兴计划的双重驱动下,我国稻作生产体系正经历深刻转型。品种改良方向已由单纯追求高产转向品质优化、稳产保障与资源效率协同提升的新范式。育种实践表明,杂交稻的遗传优势主要源自亲本材料的遗传互补,特别是恢复系与不育系的协同效应^[3]。然而,不育

系创制周期漫长且技术要求严苛,聚焦于培育具有多重抗逆特性与高配合力的恢复系材料成为突破杂种优势利用瓶颈的关键着力点。

在杂交稻遗传改良体系中,恢复系是多种优良品质性状的载体,直接影响三系配套系统的育种效能。杂交稻育性恢复能力受复杂的多基因互作网络调控,涉及主效基因与微效数量性状基因座(QTL)的级联互作,这种遗传网络不仅受制于基因座间的显隐关系,也与表观修饰及环境因子的动态响应密切相关^[4-5]。近年来,杂交稻育种技术不断发展,对兼具抗病性强、品质优异及配合力高的新型恢复性材料的需求日益迫切,这已成为突破优质杂交稻研发瓶颈的关键环节。

恢复基因(fertility restorer gene, *Rf*)是调控包台型细胞质雄性不育恢复系育性恢复能力的主效基因,相较于籼稻,粳稻种质资源中具有强效育性恢复基因(*Rf*)的材料较少,育种者通过籼粳亚种间杂交实施基因引入,然而种间杂交引发的遗传重组常导致后代群体性状分离显著、遗传稳定性不足,特别是恢复基因渗入效率低等难题^[6-7]。随着分子育种技术的发展,目前已建立起基于 *Rf* 基因连锁标记的筛选体系,通过共显性标记追踪技术显著提升基因型鉴定效率。以生产应用较广的包台型细胞质

收稿日期:2025-02-18

基金项目:河南省科技攻关计划(编号:232102110256);河南省现代农业产业技术体系项目(编号:HARS-22-03-G1);河南省重点研发专项(编号:231111110500)。

作者简介:张金霞(1987—),女,河南开封人,硕士,助理研究员,从事作物分子育种技术研究。E-mail:zjx_cau@126.com。

通信作者:刘贺梅,硕士,研究员,从事水稻育种与高产栽培研究。E-mail:s6202991@126.com。

雄性不育系 (boro II type cytoplasmic male sterile lines, CMS-BT) 为例,其育性恢复特性由单显性核基因调控^[8-9],这为建立分子设计育种技术体系提供了理想模型,推动恢复系创制从经验育种向精准定向改良转型。

广亲和种质资源的开发和利用有效突破了籼粳亚种杂交的生殖隔离屏障,显著改善了杂交后代的育性水平^[7]。研究显示,广亲和性的遗传基础是由 S5 位点的等位变异造成的,在该基因座上存在 S5-n(广亲和型)、S5-j(粳型)与 S5-i(籼型)等 3 类复等位基因,其组合模式对杂种育性表现起着决定性作用,若基因型为 S5-i/S5-j,带有 S5-j 的雌配子会出现程序性败育;含有 S5-n 的杂合型 (S5-n/S5-i 或者 S5-n/S5-j) 却能够让育性保持正常,这种配子体选择机制使得 S5-n 成为介导籼粳生殖兼容性的关键遗传元件;除 S5 外,基因组中 S1-S44、Sa-Se 等多个基因/QTL 网络协同调控亚种间杂种不育,但 S5 通过调控胚囊发育过程发挥关键作用^[10-12]。Guo 等通过分子设计育种技术,在

籼稻遗传背景中系统置换 Sb、Sc、Sd、Se、S5 基因座的等位基因,将原始 S-i 型改造为 S-n 型,成功创制出具有广谱亲和特性的工程材料,该种质与籼、粳测验种杂交时,F₁ 代小孢子育性恢复至 85% 以上,结实率提升至 (78.6 ± 3.2)%,充分证实多基因协同改造方法切实有效^[13]。

1 材料与方法

1.1 试验材料

试验材料为新乡市农业科学院水稻研究所引进的水稻恢复系种质资源以及在河南新乡和海南经过多年系谱法选育已至稳定的水稻恢复系后代材料(表 1)。水稻种子在播种前使用咪鲜胺药物稀释液浸泡 2~3 d,于 2024 年 5 月初播种于新乡市农业科学院试验基地,在秧龄达 4 叶 1 心期(秧龄 40 d) 时进行单苗移栽,株行距为 16 cm × 25 cm,每份材料按 5 行 × 10 株种植,小区群体规模为 50 株/个,设置 3 次生物学重复。在试验区四周种植宽度统一的保护行,田间水肥管理等栽培措施与大田一致。

表 1 2024 年 200 份水稻恢复系材料来源

编号	材料名称	编号	材料名称	编号	材料名称
R1	JX20	R21	18S142	R49 ~ R54	(14BR99//JR3/津稻 88R) - 1 - 6
R2	津稻 88R	R22	长恢 1 号	R55	(JR3/津稻 88R//F18) - 1
R3	JXR42	R23	F48	R56	(JR3/津稻 88R//F18) - 2
R4	JXR47	R24	明恢 63	R57	21R3/272//粳稻 21
R5	JR3 - 1	R25	桂恢 1561	R58	(籼 R/21R5) - 1
R6	JR3 - 2	R26	(JR3/津稻 88R) - 1	R59	(籼 R/21R5) - 2
R7	JR3 - 3	R27	(JR3/津稻 88R) - 2	R60	(籼 R/21R5) - 3
R8	JXR63	R28	(JR3/津稻 88R) - 3	R61 - R75	(籼 R//京稻 7 号/JR3) - 1 - 15
R9	新恢 18P012	R29 - R37	(津稻 88R/JR3) - 1 - 9	R76 - R93	(14BR99//JR3/津稻 88R) - 1 - 18
R10	中恢 7217	R38	(JR3/津稻 88R) - 4	R94 - R100	(14BR99/HR48 - 1) - 1 - 7
R11	SAAS - 15	R39	(JR3/津稻 88R) - 5	R101 - R110	(9311/Xa23//21R3) - 1 - 10
R12	新恢 18F059	R40	(JR3/京稻 7 号 R) - 1	R111	(21R3/272//粳稻 21) - 1
R13	旱恢 3025	R41	(JR3/京稻 7 号 R) - 2	R112	(21R3/272//粳稻 21) - 2
R14	R8209	R42	JR3 选 - 1	R113	(21R3/272//粳稻 21) - 3
R15	R8209 中选	R43	JR3 选 - 2	R114 - R143	(21R3/272//籼 R) - 1 - 30
R16	14BR98	R44	(盐丰 47/JR3) - 1	R144 - R166	(津稻 88R/JR3) - 10 - 32
R17	F18	R45	(盐丰 47/JR3) - 2	R167 - R190	(JR3/津稻 88R) - 6 - 29
R18	14BR99	R46	(14BR99/JXR42) - 1	R191	(JR3/京稻 7 号 R) - 3
R19	18S11	R47	(14BR99/JXR42) - 2	R192 - R200	JR3 选 - 3 - 11
R20	SAAS - 2	R48	(14BR99/JXR42) - 3		

1.2 水稻叶片 DNA 的提取

在水稻分蘖期至拔节初期,采集植株顶部新展开叶片,分别装在小号自封袋中,放入加有冰袋的

冻存盒中暂时存储,随后存放于 -80 °C 超低温冰箱中。将叶片组织在液氮中充分研磨后,采用十六烷基三甲基溴化铵 (CTAB) 法提取 DNA。

1.3 SSR 引物

利用 *Rfla*、*S5-n* 位点的简单重复序列 (SSR) 功能性分子标记检测材料的恢复性和广亲和性,引物(表 2)由生工生物工程(上海)股份有限公司合成。*Rfla* 位点的引物对有恢复基因 *Rfla* 的材料

DNA,能够扩增出 1 145 bp 的片段,而对不带 *Rfla* 的材料 DNA 扩增出 571 bp 片段;*S5-n* 位点引物对广亲和基因型能够扩增出 441 bp 的片段,而对非亲和型扩增出 577 bp 的片段。

表 2 分子标记引物信息

基因	引物名称	引物序列(5'→3')	含相应基因扩增的片段长度(bp)/ 不含相应基因扩增的片段长度(bp)	退火温度 (°C)	参考文献
<i>S5-n</i>	<i>S5-n</i>	F: ATCAACCCATTTCCTTTCCT; R: ATACGCTCGATCGGATTAAC	441/577	55	[14]
<i>Rfla</i>	<i>Rfla</i>	F: CTGATGATCGAGGAGGAGGTA; R: TAACGGCTTCCATCCTACT	1 145/571	55	[15]

1.4 PCR 扩增

配制 10 μL 的 PCR 扩增体系: $2 \times \text{Taq mix}$ 酶 5 μL , 左右引物各 0.5 μL , DNA 1 μL , ddH₂O 3 μL 。PCR 反应条件: 94 $^{\circ}\text{C}$ 预变性 5 min; 94 $^{\circ}\text{C}$ 变性 30 s, 55 $^{\circ}\text{C}$ 退火 40 s, 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 45 s, 34 个循环; 72 $^{\circ}\text{C}$ 延伸 10 min, 最后在 4 $^{\circ}\text{C}$ 停止。PCR 扩增完成后取 5 μL 产物, 在浓度为 1.0% 的琼脂糖凝胶上于 180 V 下电泳 30 min 后, 用凝胶成像仪拍照记录, 将基因型条带信息记录在 Excel 中。

1.5 农艺性状考察

播种后, 调查水稻始穗期(群体中有 10% 抽穗, 计算播始历期); 待穗部完全抽出高度不再显著变化时, 测定株高(主茎高度, 地面茎基部至穗顶)、单株有效穗数(有效分蘖数 ≥ 10 个/穗), 重复 3 次, 计

算平均值; 收获后, 每份材料选取 3 株进行风干、脱粒、谷粒风净、称重, 考察穗长、每穗着粒数、每穗实粒数、千粒重、每穗平均着粒密度、结实率等性状。

1.6 数据处理与分析

数据采集均采用 3 点取样法, 利用 SPSS 26.0 进行数据统计与方差分析。

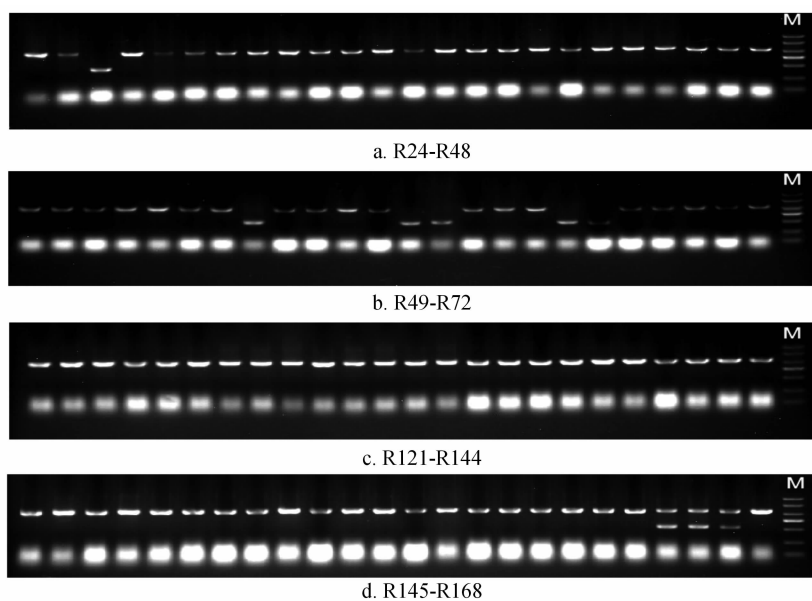
2 结果与分析

2.1 恢复基因(*Rfla*)检测

对 200 份引进的恢复系材料和杂交后代进行恢复基因检测和分析, 共筛选出 173 份含有恢复基因的材料, 部分电泳结果见图 1。

2.2 广亲和基因(*S5-n*)检测

对 200 份引进的恢复系材料和杂交后代进行广



a、b、c、d 中的 M 分别为 2 000、1 500、1 000、750、500、250、100 bp; 下同

图 1 部分恢复系材料的恢复基因(*Rfla*)PCR 扩增结果

亲和基因检测和分析,部分电泳结果见图 2。通过分子标记检测,共筛选出 80 份含有广亲和基因和恢复基因的材料(表 3)。

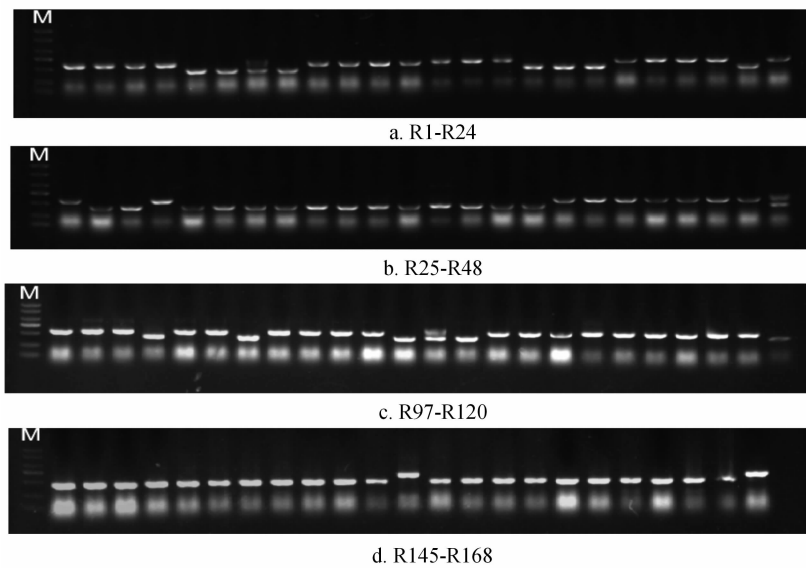


图2 部分引进和自育恢复系材料的广亲和基因(*S5-n*)分子标记检测

表 3 80 份含有恢复基因(*Rf1a*)和广亲和基因(*S5-n*)的恢复系材料

2024 年编号	材料来源
R5	JR3 - 1
R6	JR3 - 2
R7	JR3 - 3
R8	JXR63
R16	14BR98
R17	F18
R18	14BR99
R23	F48
R26	JR3/津稻 88R
R27	JR3/津稻 88R
R29 ~ R37	津稻 88R/JR3
R38	JR3/津稻 88R
R39	JR3/津稻 88R
R40	JR3/京稻 7 号 R
R41	JR3/京稻 7 号 R
R49 ~ R53	14BR99//JR3/津稻 88R
R55	JR3/津稻 88R//F18
R64	粳 R//京稻 7 号/JR3
R76 ~ R93	14BR99//JR3/津稻 88R
R103	9311/Xa23//21R3 早
R108 ~ R110	9311/Xa23//21R3 早
R120	21R3/272//粳 R
R145 ~ R155	津稻 88R/JR3
R157 ~ R166	津稻 88R/JR3
R190	(JR3/津稻 88R) - 10
R191	(JR3/京稻 7 号 R) - 3
R195	JR3 选
R197 ~ R199	JR3 选

2.3 农艺性状分析

在经过恢复基因、广亲和基因分子标记辅助选择以及结合田间表现,淘汰田间表现差的材料后,选取 46 份恢复系材料,进行农艺性状考察和室内考种。

由表 4 可知,46 份材料的播始历期变幅为 91 ~ 108 d,平均值为 98.4 d,最大的是 R23,最小的是 R29、R34,播始历期小于 96.5 d 的占 36.96%。株高的变化范围为 92.67 ~ 137.53 cm,平均值为 112.1 cm,其中有 11 份材料高于 120.0 cm,有 23 份低于 110.0 cm。单株有效穗数的变幅为 6.33 ~ 13.00 个,平均值为 9.3 个,超过或等于 10.0 个的材料占 32.61%。穗长差异较大,变幅为 17.17 ~ 32.05 cm,平均值为 25.5 cm,其中 89.13% 的材料超过 22.0 cm。千粒重的变幅为 15.96 ~ 24.54 g,平均值为 19.7 g,有 15 份材料超过 20 g,占比为 32.61%,千粒重最大的是 R7,最小的是 R41。每穗着粒数的变幅为 131.75 ~ 381.17 粒,平均值为 227.0 粒,小于 180 粒的材料有 9 份,占比为 19.57%,超过 230 粒的有 19 份,占比为 41.30%。每穗实粒数的变幅为 108.22 ~ 301.50 粒,平均值为 186.9 粒,超过 173 粒的占 63.04%,最多的是 R82。每穗着粒密度的变幅为 5.47 ~ 14.16 粒/cm,平均值 8.9 粒/cm,大于 8.5 粒/cm 的材料占 47.83%。结实率的变幅为 70.52% ~ 92.68%,平均值为 82.5%,其中结实率超过 85% 的材料有 13 份,最大的是 R27,最小的是 R53。

表 4 农艺性状调查结果

编号	播始历期 (d)	株高 (cm)	单株有效穗数 (个)	穗长 (cm)	每穗着粒数 (粒)	每穗实粒数 (粒)	千粒重 (g)	每穗着粒密度 (粒/cm)	结实率 (%)	单株实粒重 (g)
R5	92	99.50	10.33	25.85	226.17	191.67	19.81	8.75	84.75	23.28
R7	105	108.30	7.67	17.17	142.40	112.00	24.54	8.29	78.65	27.59
R8	105	98.47	9.00	24.10	131.75	119.50	22.60	5.47	90.70	20.45
R16	102	106.03	9.33	22.90	223.00	184.00	22.25	9.74	82.51	19.41
R17	104	108.77	6.33	23.58	321.67	274.00	20.54	13.64	85.18	26.93
R18	102	101.93	6.33	23.20	265.17	210.67	19.80	11.43	79.45	24.80
R23	108	98.33	9.33	20.06	196.88	172.75	21.37	9.81	87.75	34.53
R26	97	109.17	10.67	25.93	205.78	179.11	18.63	7.93	87.04	30.18
R27	94	106.80	9.67	29.12	177.50	164.50	19.70	6.10	92.68	18.97
R29	91	109.90	8.00	23.09	206.88	182.75	18.03	8.96	88.34	25.45
R30	92	93.03	11.00	24.00	189.75	174.00	18.69	7.91	91.70	25.97
R31	99	115.87	9.67	28.84	205.73	184.73	17.52	7.13	89.79	35.40
R32	92	105.07	9.33	24.49	205.29	169.29	18.33	8.38	82.46	21.10
R33	92	103.70	8.67	25.34	235.25	202.50	19.57	9.28	86.08	31.29
R34	91	106.43	7.67	26.78	265.50	235.25	18.29	9.92	88.61	34.32
R35	101	122.40	8.33	26.58	163.30	124.80	18.80	6.14	76.42	23.66
R36	101	120.53	9.33	27.80	207.67	156.00	19.48	7.47	75.12	18.98
R37	99	120.60	9.33	31.12	239.20	201.00	17.69	7.69	84.03	35.19
R38	94	102.10	7.67	30.26	242.38	198.25	19.21	8.01	81.79	30.42
R39	94	107.60	9.00	24.36	225.75	185.13	17.43	9.27	82.00	25.93
R40	95	108.67	8.67	25.81	252.44	209.56	17.77	9.78	83.01	32.85
R41	95	92.67	9.67	30.13	261.00	198.36	15.96	8.66	76.00	34.03
R49	97	100.53	9.00	20.34	157.11	132.89	17.93	7.72	84.58	21.41
R50	98	103.70	7.67	20.74	173.14	140.00	18.40	8.35	80.86	18.26
R51	98	107.33	8.33	20.37	140.00	108.22	18.61	6.87	77.30	18.22
R52	102	104.17	7.67	25.57	164.22	137.78	18.76	6.42	83.90	23.43
R53	102	124.17	10.00	23.98	255.56	180.22	21.19	10.66	70.52	34.46
R55	99	102.20	7.67	25.76	173.38	147.13	17.76	6.73	84.86	21.14
R64	99	117.27	10.33	26.64	237.00	199.33	21.51	8.90	84.11	46.41
R76	93	115.93	8.33	22.50	301.00	261.64	19.63	13.38	86.92	55.38
R77	97	124.80	11.67	28.69	326.56	272.22	21.52	11.38	83.36	53.36
R78	94	116.90	10.00	25.87	267.20	208.50	22.03	10.33	78.03	41.22
R79	102	113.93	11.00	24.68	304.38	226.50	19.80	12.34	74.41	35.80
R80	107	137.53	12.33	23.67	194.33	168.67	19.95	8.21	86.79	50.90
R81	99	110.93	10.33	24.32	184.83	137.50	21.59	7.60	74.39	40.67
R82	99	117.03	8.67	28.02	381.17	301.50	18.31	13.60	79.10	32.44
R84	95	126.93	9.00	27.65	216.90	178.30	21.68	7.84	82.20	38.74
R85	94	121.50	10.33	30.49	229.17	176.67	21.49	7.52	77.09	45.17
R86	96	118.33	12.33	26.69	201.63	147.13	18.65	7.56	72.97	21.91
R87	104	112.07	10.00	23.23	328.88	281.13	19.07	14.16	85.48	38.21
R88	105	131.67	13.00	23.84	244.33	206.33	19.55	10.25	84.45	48.00
R89	99	119.47	8.00	25.13	278.29	225.43	17.86	11.07	81.01	27.44
R90	105	127.83	9.33	29.52	210.77	173.15	20.92	7.14	82.15	46.53
R91	105	119.10	8.00	25.47	197.90	159.60	19.62	7.77	80.65	30.80
R92	96	115.63	8.67	32.05	291.83	244.67	21.69	9.11	83.84	31.97
R93	97	123.50	11.33	28.02	190.29	154.36	21.54	6.79	81.12	47.11
最大值	108	137.53	13.00	32.05	381.17	301.50	24.54	14.16	92.68	55.38
最小值	91	92.67	6.33	17.17	131.75	108.22	15.96	5.47	70.52	18.22
平均值	98.4	112.10	9.30	25.50	227.00	186.90	19.70	8.90	82.50	32.00

根据对46份水稻新恢复系的恢复基因和广亲和基因检测结果以及主要农艺性状考察结果,对其进行综合评价,筛选其中产量高(单株实粒重>46 g)、结实率高(>80.0%)以及含有目标基因的新恢复系材料,共筛选出R64、R76、R77、R80、R88、R90、R93等7份优质新恢复系,可作为杂交配组的父本材料,进一步筛选配合力高的恢复系。

3 讨论

杂种优势的形成是双亲遗传物质协同表达的结果。作为父本,恢复系需具备优良的株型、高效的光合效能及抗逆性。研究显示,杂交稻的单株生物量、株高、茎秆强度及穗部发育潜能等性状主要遗传于父本^[16]。现代育种实践强调构建杂种优势群,通过全基因组关联分析筛选具有高遗传互作效能的恢复系种质,能够显著提升优良组合的配组成功率^[17]。恢复系与不育系的基因组互作存在显性互补与超显性双重机制^[18],这要求育种者必需建立多维度配合力评价体系。

现代遗传改良体系的核心在于分子水平的种质创新,该技术体系涵盖基因组解析、功能元件挖掘及遗传网络重构等关键环节^[19]。当前的主要技术路径有分子标记辅助选择,通过连锁标记实现目标基因检测;基因编辑方法,可对特定基因进行定向修饰;全基因组选择预测模型,可实现多性状协同改良^[20]。本研究利用已克隆的*Rfla*、*S5*位点上的SSR标记对恢复系材料进行分子标记鉴定,初筛获得80份含有*Rfla*和*S5-n*的材料,结合田间长势和农艺性状,筛选出46份农艺性状优良、含有目标基因的恢复系,可为后续的亲本组配、配合力分析等提供种质资源。

本研究筛选出的46份新恢复系具有丰富的遗传多样性,可根据不同育种目标和方向加以利用。在46份新恢复系材料中,播始历期在95 d以下的材料有15份,如R29、R33、R34等生育期较短,可作为早中熟品种在光照充足地区利用。株高低于100 cm的材料有5份,如R30、R41等可在矮化育种中应用,选育矮秆品种,提高植株抗倒能力。水稻产量主要构成要素是单株有效穗数、每穗着粒数和结实率,单株有效穗数在11个及以上的有7份,分蘖能力较强;每穗着粒数超过230粒的有19份,占比为41.30%,属于密穗型材料。结实率方面,所有材料均超过70.0%,结实能力较强,有13份材料结

实率超85%,其中R8、R27、R30结实率超过90%,产量潜力较大。通过单株实粒重的结果来评估这批材料的实际产量,有26份材料的单株实粒重高于30.0 g,占比为56.52%。R76、R77、R80这3个材料表现最好,其单株实粒重均突破50.0 g,属于高产材料。结合优良不育系,可广泛测配杂交,根据不同育种目标和方向加以利用。

4 结论

本研究利用水稻恢复基因分子标记(*Rfla*)和广亲和基因标记(*S5-n*)对200份水稻恢复系材料进行检测,结合播始历期、株高、单株有效穗数、穗长、每穗着粒数、每穗实粒数、千粒重、每穗着粒密度以及结实率等农艺性状考察结果,筛选出46份遗传多样性丰富的恢复系材料。下一步还需要将这些材料的配合力、抗病性、品质性状结合田间试验进行考察研究。

参考文献:

- [1] 顾晓振,米铁柱,刘佳音,等. 中国杂交粳稻育种研究进展[J]. 杂交水稻,2021,36(4):1-5.
- [2] 国家统计局. 国家统计局农村司副司长魏锋华解读粮食生产情况[EB/OL]. (2024-12-13)[2025-02-17]. https://www.stats.gov.cn/sj/sjjd/202412/t20241213_1957743.html.
- [3] 隋国民. 杂交粳稻研究进展与发展策略[J]. 辽宁农业科学,2018(1):51-55.
- [4] 杨紫涵,安增旭,吴殿星,等. 水稻雄性不育的研究和应用进展[J]. 核农学报,2025,39(3):531-545.
- [5] 张泽霖,叶晴,胡霞菲,等. 水稻环境敏感型雄性核不育相关基因研究进展[J]. 杂交水稻,2025,40(2):1-7.
- [6] 李真. 不同年代及生态类型杂交稻的遗传特性研究[D]. 芜湖:安徽师范大学,2024.
- [7] 蔡华镇. 籼粳杂交种优势利用及其稻米耐贮性分析[D]. 福州:福建农林大学,2023.
- [8] 栾鑫. 水稻CMS恢复基因的等位变异与分子设计育种[D]. 广州:华南农业大学,2019.
- [9] 赵国龙,林春晶,金东淳,等. 主要农作物细胞质雄性不育系育性恢复基因研究进展[J]. 生物技术通报,2020,36(1):116-125.
- [10] 王小菁,萧浪涛,董爱武,等. 2016年中国植物科学若干领域重要研究进展[J]. 植物学报,2017,52(4):394-452.
- [11] 郭洁,刘少隆,周新桥,等. 水稻籼粳杂种不育性的遗传机理及杂种优势利用[J]. 广东农业科学,2022,49(9):53-65.
- [12] 窦杨凡,耿涵,但志武,等. 水稻籼粳亚种及种间杂交不育基因分子研究进展[J]. 生物资源,2022,44(3):267-274.
- [13] Guo J, Xu X M, Li W T, et al. Overcoming inter-subspecific hybrid sterility in rice by developing *indica*-compatible *japonica* lines[J]. Scientific Reports,2016,6:26878.

徐芳媛,艾明军,马帅国,等. 269 份春小麦苗期抗旱种质筛选与评价[J]. 江苏农业科学,2026,54(2):85-95.
doi:10.15889/j.issn.1002-1302.2026.02.012

269 份春小麦苗期抗旱种质筛选与评价

徐芳媛^{1,2}, 艾明军^{1,2}, 马帅国^{1,2}, 翟云龙^{1,2}, 文卿琳^{1,2}

(1. 塔里木大学农学院,新疆阿拉尔 843300; 2. 南疆干旱区特色作物遗传改良与高效生产兵团重点实验室,新疆阿拉尔 843300)

摘要:新疆作为我国小麦主产区之一,春小麦种质资源匮乏。为进一步加强新疆春小麦种质资源的收集与利用,特别是对适用于新疆地区种植的抗旱性春小麦品种挖掘。以新疆春小麦主栽区耐旱品种新春 6 号为对照,选取 232 份国外引进春小麦品种(系)及 36 份宁春系列品种为试验材料,在苗期设置 15% 聚乙二醇溶液模拟干旱胁迫以及蒸馏水对照 2 个处理,测定发芽指标与形态学指标等 19 个指标。通过聚类分析、主成分分析、隶属函数分析法进行综合性抗旱评价。综合评价分析结果表明,可将 269 份材料分为 5 类:极抗旱材料 37 份、抗旱材料 44 份、中度抗旱材料 60 份、干旱敏感材料 78 份及干旱高度敏感材料 50 份。总体来看,与干旱敏感材料相比,极抗旱品种(系)在苗期的形态指标差异较大;干旱处理显著降低小麦的发芽势、发芽率、活力指数等指标,表明干旱对小麦幼苗的生长发育有明显抑制作用。本研究筛选出的 37 份极抗旱材料,可作为后续春小麦抗旱研究的试验材料,为新疆地区春小麦抗旱品种的选育提供参考,对高效培育抗旱高产小麦种质资源具有重要意义。

关键词:春小麦;ICARDA;抗旱性;苗期;聚类分析;主成分分析;隶属函数

中图分类号:S512.1+20.37 **文献标志码:**A **文章编号:**1002-1302(2026)02-0085-11

干旱作为全球气候变化背景下日益严峻的自然灾害之一,对农业生产构成巨大威胁^[1-3]。小麦作为全球重要的粮食作物,干旱不仅会影响其生长发育,还会直接影响产量与品质^[4]。我国新疆地区虽光热资源丰富,适宜小麦种植,但干旱半干旱的

气候条件限制了当地小麦生产潜力的充分发挥。新春 6 号作为新疆春小麦主栽区广泛种植的耐旱品种^[5],耐旱性虽强,但面对日益加剧的干旱胁迫,仍需进一步筛选和优化抗旱种质资源。前人在春小麦抗旱研究中已取得诸多进展,筛选出多项可用于小麦苗期抗旱性鉴定的有效指标^[6-7]。多年来,新疆农业科研工作者已成功培育出一批抗旱性强的春小麦品种,如新春 21 号、新早 688、新春 6 号等。然而,针对新疆特定环境条件下的抗旱种质筛选,仍需进一步加强春小麦种质资源的收集与利用,特别是加强对具有特殊抗旱性状的品种发掘。因此,筛选抗旱春小麦品种,是应对新疆春小麦抗旱品种种质资源匮乏的可行途径。本研究以新春 6 号为对照,采用聚乙二醇(PEG-6000)模拟干旱胁迫^[8],对 268 份试验材料进行苗期抗旱性综合评价,通过严格筛选,确定了一批具备良好抗旱特性的春小麦

收稿日期:2025-02-07

基金项目:新疆生产建设兵团科技计划/科技创新人才计划(编号:2023CB009-08);塔里木大学重大培育项目(编号:TIDZKZD202103);旱区作物生物学国家重点实验室开放课题(编号:CSBAA202209);国家自然科学基金(编号:31560368)。

作者简介:徐芳媛(1995—),女,新疆北屯人,硕士研究生,研究方向为小麦抗逆种质筛选。E-mail:1144378467@qq.com。

通信作者:文卿琳,博士,教授,硕士生导师,研究方向为小麦抗逆种质筛选及高产栽培示范,E-mail:wendinglin@nwsuaf.edu;马帅国,硕士,讲师,研究方向为作物逆境高产生理生态,E-mail:1105956083@qq.com。

[14]陈涛,骆名瑞,张亚东,等. 粳稻 BT 型细胞质雄性不育恢复基因功能标记的开发与应用[J]. 中国水稻科学,2013,27(3):259-264.

[15]杨杰,王军,曹卿,等. 水稻广亲和基因 SS-n 的功能标记开发及其应用[J]. 作物学报,2009,35(11):2000-2007.

[16]袁明,瞿礼嘉,王小菁,等. 2013 年中国植物科学若干领域重要研究进展[J]. 植物学报,2014,49(4):347-406.

[17]卞中,曹东平,庄文妹,等. 水稻分子设计育种启示:传统与现代相结合[J]. 遗传,2023,45(9):718-740.

[18]雷东阳. 稻米外观品质性状遗传及其杂种优势分析[D]. 长沙:湖南农业大学,2008.

[19]范贝贝,李瑾,冯献. 农业强国目标下作物育种科技与装备创新:态势、挑战与路径[J]. 科技导报,2023,41(16):23-31.

[20]中国农业科学院农业信息研究所. 农业大数据研究进展(2024)[J]. 农业大数据学报,2024,6(4):433-468.