



周慧颖,余丽琴,刘进,等.粳稻种质资源籼粳属性鉴定及其对表型性状的影响[J].江西农业大学学报,2021,43(6):1211-1219.

ZHOU H Y, YU L Q, LIU J, et al. A study on *indica-japonica* attribute identification of *japonica* rice germplasm resources and its influence on phenotypic traits[J]. Acta agriculturae universitatis Jiangxiensis, 2021, 43(6): 1211-1219.

# 粳稻种质资源籼粳属性鉴定 及其对表型性状的影响

周慧颖,余丽琴,刘进,胡佳晓,黎毛毛\*

(江西省农业科学院 水稻研究所/江西省农作物种质资源研究中心,江西 南昌 330200)

**摘要:**【目的】针对当前江西省发展粳稻生产急需本土化优质粳稻品种的现状,为明确籼粳基因频率与表型性状之间的相关性,筛选出适用于江西粳稻育种的优质粳稻核心种质。【方法】利用30对InDel籼粳特异性标记对来自国内外的360份优异粳稻资源进行籼粳属性分析,并调查结实率、理论产量、粒型等8个表型性状,分析籼型基因频率与表型性状两者之间的相关性。【结果】360份优异粳稻资源中有典型粳稻312份、粳稻42份、偏粳型5份、偏籼型1份。籼型基因频率与表型性状的相关分析结果表明,籼型基因频率与4个表型性状呈极显著相关( $P<0.01$ ),与3个表型性状呈显著相关( $P<0.05$ ),说明粳稻种质资源籼粳属性与表型性状间存在高度的相关性。【结论】引入10%左右的籼型血缘可能有利于控制其对粳稻产量的负面作用,最终选取123份粳稻种质作为江西省粳稻育种核心亲本,为有效且合理地用粳稻资源用以改良水稻品种提供理论依据及育种材料。

**关键词:** 粳稻;籼粳基因频率;表型性状;育种核心种质

中图分类号:S511.032 文献标志码:A 文章编号:1000-2286(2021)06-1211-09

## A Study on *Indica-japonica* Attribute Identification of *Japonica* Rice Germplasm Resources and Its Influence on Phenotypic Traits

ZHOU Huiying, YU Liqin, LIU Jin, HU Jiaxiao, LI Maomao\*

(Rice Research Institute, Jiangxi Academy of Agricultural Sciences/Jiangxi Provincial Crop Germplasm Resources Research Center, Nanchang 330200, China)

**Abstract:** [Objective] In view of the current situation that local high-quality *japonica* rice varieties are urgently needed for the development of *japonica* rice production in Jiangxi, in order to clarify the correlation between *indica-japonica* gene frequency and phenotypic traits, the core varieties of high-quality *japonica* rice suitable for planting in Jiangxi Province were selected. [Method] 30 pairs of InDel molecular markers with *indica-*

收稿日期:2021-06-23 修回日期:2021-08-25

基金项目:国家重点研发计划项目(2016YFD0100101-11)、国家农作物种质资源平台项目(NICGR2021-077)、江西省农业科学院博士启动项目(20181CBS0030)和江西现代农业科研协同创新专项(JXXTCX202101)

Project supported by National Key Research and Development Program of China(2016YFD0100101-11), National Crop Germplasm Resources Center(NICGR2021-077), the Doctoral Program of Jiangxi Academy of Agricultural Sciences (20181CBS0030) and Collaborative Innovation Special Project of Jiangxi Modern Agricultural Research (JXXTCX202101)

作者简介:周慧颖, orcid.org/0000-0002-1640-9367, huiying510@163.com; \*通信作者:黎毛毛, 研究员, 博士, 主要从事水稻遗传育种和种质资源创制研究, orcid.org/0000-0002-8409-6518, lmm3056@163.com。

*japonica* specificity were used to analyze the *indica-japonica* attributes of 360 excellent *japonica* rice resources from home and abroad. And 8 phenotypic traits, such as seed setting rate, theoretical yield and grain shape, were investigated to analyze the correlation between *indica* gene frequency and phenotypic traits. [Result] Among the 360 excellent *japonica* rice resources, 312 were typical *japonica* rice, 42 were *japonica* rice, 5 were japonicaclinous rice and 1 was indicaclinous rice. Correlation analysis between *indica* gene frequency and phenotypic traits showed that *indica* gene frequency was extremely significantly correlated with 4 phenotypic traits ( $P < 0.01$ ) and was significantly correlated with 3 phenotypic traits ( $P < 0.05$ ), indicating that there was a high correlation between *indica-japonica* attributes and phenotypic traits of *japonica* rice germplasm resources. [Conclusion] The introduction of about 10% *indica* blood relationship may be beneficial to control its negative effect on the yield of *japonica* rice. Finally, 123 *japonica* rice germplasms were selected as the core parents for *japonica* rice breeding in Jiangxi Province, which provides theoretical basis and breeding materials for the effective and reasonable utilization of *japonica* rice resources to improve rice varieties.

**Keywords:** *japonica* rice; *indica-japonica* attribute; phenotypic trait; core breeding germplasm

【研究意义】长期以来,华南稻区以籼稻生产为主,东北稻区以粳稻生产为主,长江中下游沿江地区为籼、粳稻混栽区<sup>[1-2]</sup>。近年来,城市化的发展推动了南方城市粳米的消费,由于粳稻的耐寒性好、耐肥抗倒且增产潜力大,适合机械化生产,加之长江中下游沿江地区具有种植粳稻的传统和自然条件,恢复粳稻生产已成为该区域水稻转型生产的战略选择<sup>[3-5]</sup>。但非江西省培育并大面积推广的优质高产常规粳稻品种不适应江西省水稻高温生长环境,种植中表现生长量小、品质下降明显<sup>[6]</sup>。因此,江西省发展粳稻生产急需本土化的优质粳稻品种。实践证明,基于籼稻和粳稻亚种间的杂交育种理论,利用籼粳杂种优势<sup>[7]</sup>不仅能够提高粳稻的产量,对丰富粳稻的遗传构成也有重要意义<sup>[8-10]</sup>。因此,有必要利用高效的分子标记技术,分析检测品种的籼型或粳型基因频率与籼粳分类属性,为育种与判定品种类别提供理论指导。【前人研究进展】籼稻品种9311和粳稻品种日本晴全基因组测序的完成,为建立基于InDel分子标记的籼粳分类方法提供了重要工具<sup>[11-14]</sup>。王林友等<sup>[15]</sup>通过InDel分子标记法鉴别了育种上常用的48份籼粳及中间型材料的籼粳属性,并运用程式指数法对其准确性进行了验证,证明了InDel分子标记在稻种资源籼粳属性鉴定上的可行性。王明军等<sup>[16]</sup>利用34对InDel分子标记对来自云南的181份糯稻品种进行籼粳属性分析,再次表明InDel分子标记法能快速高效的鉴定云南糯稻品种的籼粳属性。【本研究切入点】在江西省实施晚稻“籼改粳”,既有利于提高日干物质产量的积累和稻米品质,又有利于充分利用后期光、温等土地利用资源的充分利用,提高了土地综合利用效率。同时,也可以适当延长双季稻中早稻生长的周期,早稻种植中迟熟的品种,提高双季早稻的生产率,进而达到双季高产<sup>[8]</sup>。随着我国水稻籼粳属性分析技术的不断完善,目前有关稻种资源的籼粳鉴定工作已取得长足的进展,但主要集中在部分地区资源的鉴定,其研究结果具有一定局限性,真正用于水稻品种鉴定与评价方面报道较少,尚未对适合江西省稻种资源的籼粳分化水平及籼粳基因频率与表型性状的相关性进行深入研究,籼型血缘的引入在提高产量的同时是否会对其品质有负面影响也需要进行深入探讨。【拟解决的关键问题】本研究利用30对InDel籼粳特异性标记对来自国内外收集和引种的360份优异粳稻资源进行籼粳属性鉴定,并调查其田间表现、产量和品质等8个表型性状,分析籼型基因频率与表型性状两者之间的相关性,并结合株型、产量、品质等性状,最终筛选出123份粳稻种质作为江西省“籼改粳”育种核心种质资源,为有效合理利用粳稻资源以及改良水稻品种提供了理论依据及育种材料。在江西省大力发展粳稻生产,提高粳稻的总产量及其品质,对于保证江西省人民“口粮”安全和维护社会稳定具有重要战略意义。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试材料

供试材料为2016—2019年收集的1 617份国内外粳稻资源,在江西省南昌、宜丰、上饶、抚州、萍乡

5个地区进行多年多点的适应性初步鉴定后,筛选出生育期适宜和株高适中的优异粳稻种质资源360份,包括北方粳稻、长江中下游优质粳稻、云贵川高原粳稻、日本优质粳稻等(图1),以日本晴和9311分别作为典型粳稻和典型籼稻的对照品种。

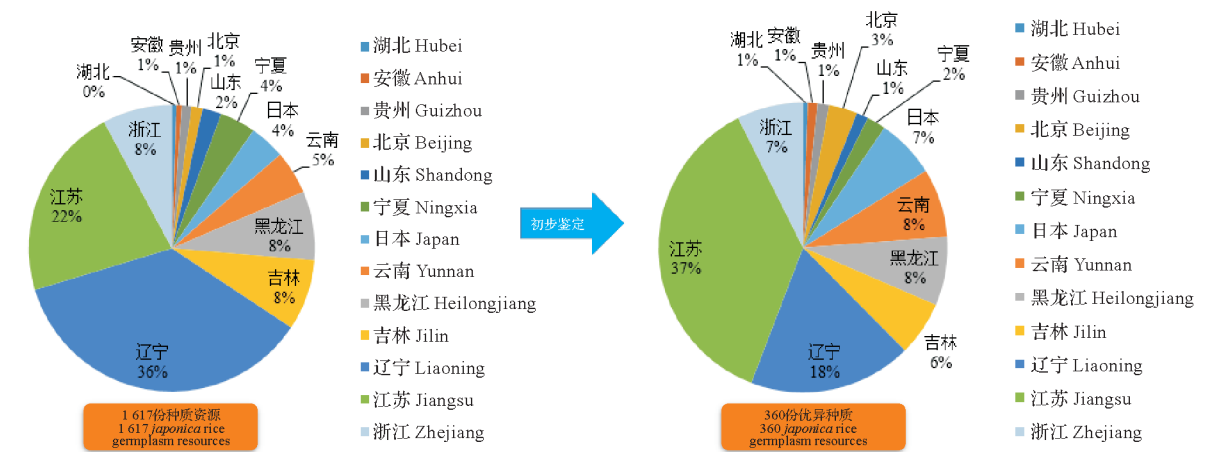


图1 360份粳稻种质资源分布情况  
Fig.1 Geographical distribution of 360 japonica rice germplasm resources

1.2 田间试验设计及统计

试验材料于2019年在江西萍乡试验基地种植,采用随机区组设计,3次重复,每区8行,每行28株,株行距16.5 cm×26.4 cm,双本插。5月21日播种,6月16日移栽,田间管理同常规水稻大田生产。调查单株有效穗数(个)、穗长(cm)、每穗粒数(粒)、结实率(%)、千粒质量(g)、理论产量(t/hm<sup>2</sup>)、粒长(mm)和粒型(长宽比),具体调查方法按照韩龙植等<sup>[17]</sup>主编的“水稻种质资源描述规范和数据标准”。所有表型性状数据使用Excel 2010软件处理和绘制图表,用SPSS20.0计算其均值、标准差、方差和变异系数并进行相关分析。

1.3 基因组DNA的提取和分子标记分析

在每个品种中间行取幼苗的嫩叶2片,采用CTAB法<sup>[18]</sup>分别提取各基因组DNA。参考卢宝荣等<sup>[19]</sup>选择均匀分布于12条染色体且具有较高籼粳特异性的34对InDel分子标记,委托江西鼎国生物科技有限公司合成。PCR扩增体系参考刘进等<sup>[20]</sup>的方法,选择10 μL反应体系,PCR产物利用8%聚丙烯酰胺凝胶电泳进行分离,电泳完毕硝酸银染色后作带型分析。

1.4 数据分析

以典型籼稻9311和典型粳稻日本晴DNA的PCR电泳结果为对照,在各InDel位点上,样品电泳条带位置与9311位置一致的,记为纯合籼稻基因型(II);样品电泳条带位置与日本晴一致的,记为纯合粳稻基因型(JJ);样品电泳条带位置出现既与籼稻9311位置相同又同时与粳稻日本晴条带置相同的,记为籼/粳稻杂合基因型(IJ)。根据所有InDel位点上各样品的基因型数据来计算其籼粳基因频率(F),计算公式<sup>[21]</sup>如下:

籼型基因频率  $F_i = (2 \sum_i X_{ii} + \sum_j X_{ij}) / 2N$  (1)

粳型基因频率  $F_j = (2 \sum_j X_{jj} + \sum_i X_{ij}) / 2N$  (2)

式(1)(2)中, $X_{ii}$ 为纯合籼稻基因型(II), $X_{jj}$ 为纯合粳稻基因型(JJ), $X_{ij}$ 为籼粳稻杂合基因型(IJ), $N$ 为籼粳特异InDel分子标记数目。根据被检测样品在多个InDel位点上的籼粳基因频率,参照栽培稻籼粳属性的判别标准(表1)来判定参试品种的籼粳属性<sup>[21]</sup>。

为了检测各样品由InDel分子标记所揭示的遗传亲缘关系,以“0,1”建立统计数据库,每一对InDel分子标记检测一个位点,每一条多态性条带为一个等位基因,在相同位置上,有带记为“1”,无带记为“0”,条带缺失记为“9”。同时以InDel条带赋值为变量,用统计分析软件SPSS25.0对各样品数据库进行

主成分分析(principal componentanalysis,PCA),获得所有研究材料各主成分的特征向量值,然后用 Excel 软件依据第一和第二主成分的特征向量的平均分量值作平面散点图。

表 1 按照籼型(*Fi*)或粳型(*Fj*)基因频率鉴定籼稻或粳稻的 InDel 分类标准

Tab.1 InDel classification standards based on *indica* (*Fi*) gene frequencies and *japonica* (*Fj*) gene frequencies

| 籼稻基因型频率<br>Gene frequencies of <i>indica</i> type | 粳稻基因型频率<br>Gene frequencies of <i>japonica</i> type | 栽培稻的籼粳类型<br><i>Indica-japonica</i> type of cultivated rice |
|---------------------------------------------------|-----------------------------------------------------|------------------------------------------------------------|
| ≤0.1                                              | ≥0.90                                               | 典型粳稻 Typical <i>japonica</i>                               |
| 0.11~0.25                                         | 0.75~0.89                                           | 粳稻 <i>Japonica</i>                                         |
| 0.26~0.39                                         | 0.61~0.74                                           | 偏粳 Japonicaclinous                                         |
| 0.40~0.60                                         | 0.40~0.60                                           | 中间类型 Intermediate type                                     |
| 0.61~0.74                                         | 0.26~0.39                                           | 偏籼 Indicaclinous                                           |
| 0.75~0.89                                         | 0.11~0.25                                           | 籼稻 <i>Indica</i>                                           |
| ≥0.90                                             | ≤0.10                                               | 典型籼稻 Typical <i>indica</i>                                 |

2 结果与分析

2.1 供试材料的籼粳等位基因频率和属性鉴定

筛选出在扩增粳稻种质资源时带型分化明显的 30 对 InDel 分子标记,360 份粳稻种质资源均可扩增出 2 条特异性条带,含 3 种带型,即籼稻特异性条带(II)、粳稻特异性条带(JJ)和籼粳杂合型条带(IJ),说明筛选出 30 对 InDel 引物具有较强的籼粳特异性。计算每份资源的籼稻型基因频率(*Fi*),并按照表 1 进行资源的籼粳属性分类,结果表明,在 360 份粳稻种质资源中,籼型成分集中分布于 0~10%,有典型粳稻 312 份,占 86.67%;粳稻 42 份,占 11.67%;偏粳 5 份,占 1.39%;偏籼 1 份,品种盐恢 559(图 2)。因此,所鉴定的粳稻种质资源中基本都是含有粳型基因频率的粳型稻(典型粳稻、粳稻和偏粳),这些品种没有或引入了极少量的籼型血缘。

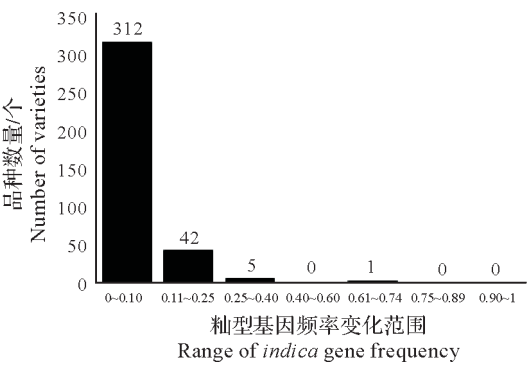


图 2 360 份粳稻种质资源的籼型基因频率分布情况  
Fig.2 *Indica* gene frequency of 360 *japonica* rice germplasm resources

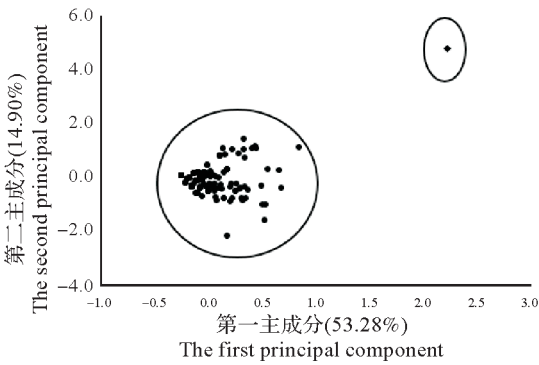


图 3 360 份粳稻种质资源的主成分分析散点图  
Fig.3 The scatter plotting of principal component analysis (PCA) of the 360 *japonica* rice germplasm resources

2.2 供试材料的主成分分析

根据 30 对 InDel 分子标记扩增条带建立的数据库,对 360 份粳稻进行主成分分析(图 3),依据各参试材料第一主成分和第二主成分的向量值作平面散点图。其中,第一主成分对遗传变异的贡献率为 53.28%,第二主成分为 14.90%,累积贡献率为 68.19%,代表主要的遗传变异。图中每一个点代表一个参试材料,以各试验材料在散点图中的空间位置来推断它们之间的遗传亲缘关系,PCA 散点图结果和籼粳属性鉴定结果高度一致,360 份试验材料被聚集到 2 个不同的区域,●区为粳稻区,对应着 358 份含有粳型基因频率的粳型稻(典型粳稻、粳稻和偏粳),◆区为籼稻区,对应着偏籼品种盐恢 559,区域大小反映的是区域内材料变异的水平,区域空间距离反映的是遗传距离的远近。



2.3 数量性状表型变异情况

由表 2 可知,360 份粳稻种质资源的 8 个表型性状均存在不同程度的变异,其中每穗粒数(24.26%)的变异系数最高,谷粒长的变异系数(5.45%)最小,其它 6 个性状的变异系数(10.09%~18.66%)。所调查的 8 个性状表型的变异系数均在 5.00% 以上,表明 360 份粳稻种质资源表型性状的变异较大,其表型多样性极其丰富。

表 2 360 份粳稻种质资源数量性状的变异情况

Tab.2 Variation of quantitative characters of 360 japonica rice germplasm resources

| 性状<br>Character                              | 均值<br>Mean | 变异幅度<br>Variation range | 标准偏差<br>Standard deviation | 变异系数/%<br>Coefficient of variation |
|----------------------------------------------|------------|-------------------------|----------------------------|------------------------------------|
| 单株有效穗数 Panicles per plant                    | 13.49      | 7.20~23.20              | 2.52                       | 18.66                              |
| 穗长/cm Panicle length                         | 19.53      | 15.03~26.65             | 2.57                       | 13.18                              |
| 每穗粒数 Grains per panicle                      | 165.22     | 50.20~295.11            | 40.08                      | 24.26                              |
| 结实率 Seed setting rate                        | 84.37      | 37.82~98.42             | 10.09                      | 11.96                              |
| 千粒质量/g 1 000-grain weight                    | 25.82      | 17.91~35.12             | 2.65                       | 10.24                              |
| 理论产量/(t·hm <sup>-2</sup> ) Theoretical yield | 9.12       | 4.58~13.77              | 1.71                       | 18.70                              |
| 粒长/mm Grain length                           | 7.57       | 6.50~9.70               | 0.41                       | 5.45                               |
| 粒型(长宽比) Length-width                         | 2.18       | 1.78~3.03               | 0.22                       | 10.09                              |

2.4 籼型频率与产量相关性状的关系

以 360 份粳稻种质资源的籼型基因频率与 6 个产量性状进行相关分析,从图 4 可以看出,在籼粳属性方面,籼型基因频率与穗长、每穗粒数均呈极显著正相关;与单株有效穗数呈极显著负相关,与理论产量和千粒质量呈显著负相关;与结实率无显著相关性。因此,引入籼型血缘对粳稻品种的产量性状有着显著的影响。

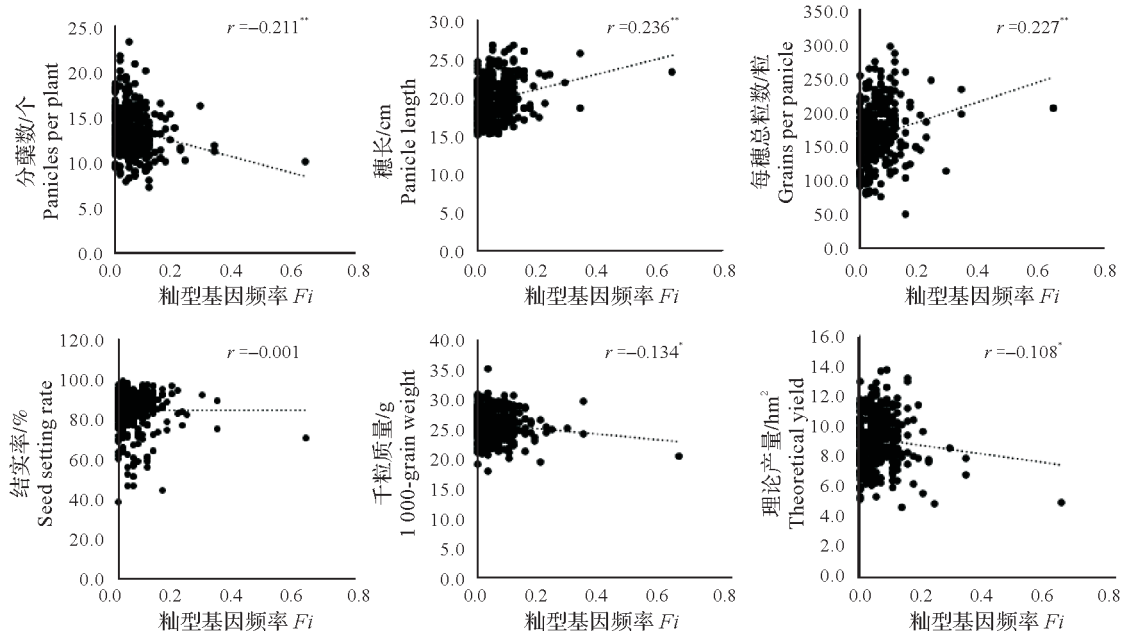
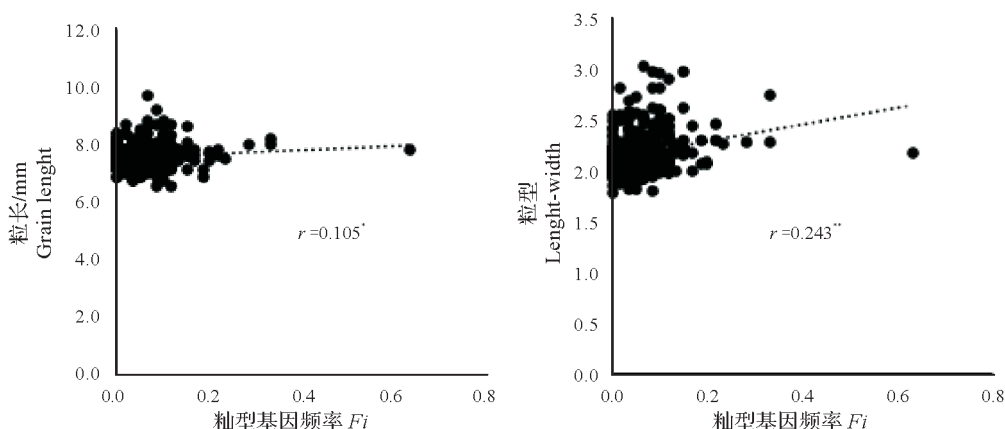


图 4 籼型频率( $F_i$ )与产量性状的关系

Fig.4 Relationship between *indica* gene frequencies( $F_i$ ) and yield traits

2.5 籼型频率与粒型性状的关系

以 360 份粳稻种质资源的籼型基因频率与 2 个粒型性状进行相关分析,从图 5 可以看出,在籼粳属性方面,籼型基因频率与谷粒形状呈极显著正相关,与粒长呈显著正相关。因此,粳稻种质资源的籼粳属性与粒型性状密切相关,在选育不同类型的水稻材料的时应综合考虑。

图5 籼型频率( $F_i$ )与粒型性状的关系Fig.5 Relationship between *indica* gene frequencies( $F_i$ ) and grain traits

### 3 结论与讨论

#### 3.1 利用 InDel 分子标记鉴定粳稻种质资源的籼粳属性

确定亲本的籼粳属性、掌握广亲和品种和中间型材料的籼粳分化程度对水稻育种极为重要。基于籼稻和粳稻全基因组插入/缺失位点差异特异开发的 InDel 分子标记,在鉴定水稻的籼粳属性方面有其明确的分子机制<sup>[23-24]</sup>。蔡星星等<sup>[25]</sup>从 SHEN 等<sup>[26]</sup>报道的 InDel 分子标记中选择了 45 对引物对栽培稻及野生稻进行了检验,结果表明 InDel 标记可以用于水稻籼粳属性的鉴定。赵伟等<sup>[27]</sup>利用 InDel 标记揭示了水稻的籼粳分化机制。徐建欣等<sup>[28]</sup>利用 InDel 标记鉴定了云南陆稻品种的籼粳属性。上述研究表明,InDel 分子标记是一种十分有效可靠的分子标记,可用于测定并分析稻种资源的籼粳属性以及亲缘关系,同时为培育具有亚种间杂种优势的籼粳杂交稻提供了可行的分子技术。

本研究通过均匀分布在水稻基因组 12 条染色体上的 30 对 InDel 标记,对 360 份适合江西省地区种植推广的种质粳稻种质资源的籼粳属性进行了分析,每对引物均检测到籼稻特异性带、粳稻特异性带和籼粳杂合型条带等 3 种带型,计算每份材料的籼稻基因型频率以判定其籼粳属性,360 份粳稻种质资源被判定为典型粳稻、粳稻、偏粳和偏籼 4 种类型,包括典型粳稻 312 份、粳稻 42 份、偏粳型 5 份、偏籼型 1 份。可见,籼型成分集中分布于 0~10%,所鉴定的粳稻种质资源中基本都是含有粳型基因频率的粳型稻,这些品种没有或者引入了极少的籼型血缘。“粳稻”和“偏籼”这 2 个不同的群,通过主成分平面散点图在空间上被分隔成 2 个独立的区域,分与籼粳属性鉴定结果高度一致。

#### 3.2 粳稻种质资源籼粳基因频率与表型性状的相关性

育种研究人员利用籼稻与粳稻进行杂交育种,发挥籼粳亚种间强大的杂种优势,既提高了水稻产量,又丰富了品种的遗传构成,解决了遗传基础狭窄的难题,为水稻新品种选育提供了保障<sup>[29]</sup>。因此,通过籼稻与粳稻进行杂交育种的方式,“适量”的引入籼稻血缘是培育高产粳稻新品种的有效途径,但是如何把握“适量”的程度,更加有效地发挥亚种间杂交育种的优势,仍需进行深入地研究。为更好地探明“适量”的程度,本研究将 360 份适合江西省地区种植推广的种质粳稻种质资源的籼型基因频率与 8 个表型性状进行相关分析,结果表明,除了结实率,其他粳稻种质资源的籼型基因频率与 7 个表型性状均存在显著或极显著相关,其中,籼型基因频率与穗长、每穗粒数、粒长、谷粒形状呈正相关,与单株有效穗数、理论产量呈负相关,说明粳稻种质资源籼粳属性与表型性状间存在高度的相关性。进一步分析发现,受籼型血缘影响的千粒质量和理论产量基本上都是在  $F_i \geq 0.2$  以后明显增加负向效应;在  $F_i < 0.2$  范围内, $F_i$  与千粒质量、理论产量的相关系数或显著水平降低, $F_i$  在 0.1 左右各性状变异幅度较广,育种选择机会较多。基于此,引入 10% 左右的籼型血缘可能有利于控制其对粳稻产量的负面作用,在保障粳稻品质的前提下,促进粳稻的产量和品质在更高程度上统一起来。

#### 3.3 江西粳稻育种核心种质的筛选

2008 年以来,江西省政府将“籼改粳”工程作为粮食增产的重要举措,而东北、江浙等地培育并大面

积推广的优质高产常规粳稻品种不适应江西省高温生长环境,这些显著差异决定了必须结合本地实际开展核心基础理论和关键应用技术研究,当前江西省发展粳稻生产急需本土化的优质粳稻品种<sup>[30]</sup>。因此,从国内外粳稻主产区引进粳稻种质资源,积极开展粳稻资源的适应性筛选和鉴定核心育种资源是籼改粳的重要途径。

从籼型基因频率与8个表型性状的相关分析可以看出, $Fi < 0.2$ 范围内, $Fi$ 与千粒质量、理论产量的相关系数或显著水平降低。因此,为了尽量降低籼型基因频率的负向效应,存在 $Fi < 0.2$ 范围内对360份粳稻种质资源进行筛选,选取出123份粳稻品种作为江西省“籼改粳”育种核心亲本材料。这些粳稻核心亲本材料的籼型基因频率在8%至16%,其中品种农林11、05-0549、靖粳7号、龙稻16、辽盐283、2014H002、中作9936、镇糯19号、富禾66、松粳22、中花15号、辽星3号、赣榆8286、武运3264、稻花香1号、花117、庄育3号、宁粳24、辽粳25、龙稻5号、绥粳1号、辽盐241、龙粳2号、沈稻5号、沈农606、吉农大888、滇靖8号、九稻68、吉粳502、苏秀10号、通育401、农林11、龙稻22、中辽9052、丹星稻1号的结实率和理论产量分别在88%及11 t/hm<sup>2</sup>以上,特别是品种龙稻5号、绥粳1号、辽盐241、龙粳2号,其产量高达13 t/hm<sup>2</sup>,而品种松粳22、农林11、绥粳1号、稻花香1号的粒型(长宽比)为2.8以上,达到了籼稻优质米的标准之一。此粳稻育种核心亲本库的构建,解决了目前江西省粳稻生产上存在的问题,尤其是江西省发展粳稻缺乏本土化品种问题,为江西省有效合理利用粳稻资源改良水稻品种提供了理论依据及育种材料,将产生巨大的社会效益。

#### 参考文献 References:

- [1] 姜元华,张洪程,赵可,等.长江下游地区不同类型水稻品种产量及其构成因素特征的研究[J].中国水稻科学,2014,28(6):621-631.  
JIANG Y H, ZHANG H C, ZHAO K, et al. Difference in yield and its components characteristics of different type rice cultivars in the lower reaches of the Yangtze River[J]. Chinese journal of rice science, 2014, 28(6): 621-631.
- [2] 赵正洪,戴力,黄见良,等.长江中游稻区水稻产业发展现状、问题与建议[J].中国水稻科学,2019,33(6):553-564.  
ZHAO Z H, DAI L, HUANG J L, et al. Status, problems and solutions in rice industry development in the middle reaches of the yangtze river[J]. Chinese journal of rice science, 2019, 33(6): 553-564.
- [3] 陈波,周年兵,郭保卫,等.南方稻区“籼改粳”研究进展[J].扬州大学学报(农业与生命科学版),2017,38(1):67-72.  
CHEN B, ZHOU N B, GUO B W, et al. Progress of “*indica* rice to *japonica* rice” in southern China[J]. Journal of Yangzhou university (agricultural and life science edition), 2017, 38(1): 67-72.
- [4] 花劲,周年兵,张洪程,等.南方粳稻生产与发展研究及对策[J].中国稻米,2014,20(1):5-11.  
HUA J, ZHOU N B, ZHANG H C, et al. Situation and strategies of *japonica* rice production and development in southern China[J]. Chinese rice, 2014, 20(1): 5-11.
- [5] 黄山,何虎,张卫星,等.不同粳稻品种在江西不同生态区的农学表现[J].江西农业大学学报,2013,35(1):25-32.  
HUANG S, HE H, ZHANG W X, et al. Agronomic performance of different *japonica* rice varieties in different eco-regions in Jiangxi Province[J]. Acta agriculturae universitatis Jiangxiensis, 2013, 35(1): 25-32.
- [6] 余丽琴,尹建华.江西省晚稻生产“籼改粳”的战略思考[J].江西农业学报,2016,28(11):20-23.  
YU L Q, YIN J H. Consideration on strategy of alteration from *indica* rice to *japonica* rice in late rice production of Jiangxi Province[J]. Acta agriculturae Jiangxi, 2016, 28(11): 20-23.
- [7] 贺晓鹏,边建民,欧阳林娟,等.江西省水稻种业创新发展对策建议[J].江西农业大学学报,2021,43(3):479-487.  
HE X P, BIAN J M, OUYANG L J, et al. Suggestions on innovative development of rice seed industry in Jiangxi Province[J]. Acta agriculturae universitatis Jiangxiensis, 2021, 43(3): 479-487.
- [8] 刘丹,王嘉宇,孙健,等.利用InDel和SSILP标记分析北方粳型超级稻的遗传组成[J].中国水稻科学,2014,28(2):148-154.  
LIU D, WANG J Y, SUN J, et al. Genetic components analysis on super *japonica* rice using InDel and SSILP molecular markers[J]. Chinese journal of rice science, 2014, 28(2): 148-154.

- [9] 王林友,张礼霞,勾晓霞,等.利用 InDel 标记鉴定浙优系列杂交稻籼粳属性和预测杂种优势[J].中国农业科学,2014,47(7):1243-1255.
- WANG L Y,ZHANG L X,GOU X X,et al.Identification of *indica-japonica* attribute and prediction of heterosis of Zheyou hybrids rice using InDel molecular markers[J].Scientia agricultura Sinica,2014,47(7):1243-1255.
- [10] 兰波,杨迎青,孙强,等.江西晚稻“籼改粳”候选品种对稻曲病的抗性评价[J].江西农业大学学报,2016,38(6):1029-1035.
- LAN B,YANG Y R,SUN Q,et al.Resistance evaluation of late rice cultivars of *japonica* rice switched from *indica* rice against rice false smut in Jiangxi[J].Acta agriculturae universitatis Jiangxiensis,2016,38(6):1029-1035.
- [11] 赵小燕,叶胜海,李小华,等.InDel 标记鉴定水稻籼粳属性及预测杂种优势[J].浙江农业学报,2015,27(8):1309-1316.
- ZHAO X Y,YE S H,LI X H,et al.Identification of *indica-japonica* attribute and prediction of heterosis using InDel markers in rice[J].Acta agriculturae Zhejiangensis,2015,27(8):1309-1316.
- [12] 刘丹,孙玉友,魏才强,等.InDel 分子标记及其在水稻研究中的应用[J].种子,2017,36(9):47-53.
- LIU D,SUN Y Y,WEI C Q,et al.InDel molecular marker and its application in rice (*Oryza sativa*) research[J].Seed,2017,36(9):47-53.
- [13] 郭韬,余泓,邱杰,等.中国水稻遗传学研究进展与分子设计育种[J].中国科学(生命科学),2019,49(10):1185-1212.
- GUO T,YU H,QIU J,et al.Advances in rice genetics and breeding by molecular design in China[J].Scientia Sinica vitae,2019,49(10):1185-1212.
- [14] 李永聪,黄俊,廖花,等.分子标记辅助选择改良水稻恢复系 R389 及其杂交种稻瘟病抗性[J].华北农学报,2018,33(2):112-118.
- LI Y C,HUANG J,LIAO H,et al.Improving blast resistance of rice restorer 389 and its hybrid through molecular marker-assisted selection[J].Acta agriculturae boreali-Sinica,2018,33(2):112-118.
- [15] 王林友,张礼霞,勾晓霞,等.利用 InDel 标记鉴定水稻育种材料的籼粳属性[J].核农学报,2013,27(7):913-921.
- WANG L Y,ZHANG L X,GOU X X,et al.Identification of *indica-japonica* attribute for breeding materials using InDel markers in rice[J].Journal of nuclear agricultural sciences,2013,27(7):913-921.
- [16] 王明军,王云月,陆春明,等.利用籼粳稻特异 InDel 标记分析云南糯稻品种的籼粳特性[J].云南农业大学学报,2010,25(3):333-337.
- WANG M J,WANG Y Y,LU C M,et al.Characteristic of Yunnan glutinous rice varieties revealed by the *indica-japonica* specified insertion/deletion(InDel)molecular markers[J].Journal of Yunnan agricultural university,2010,25(3):333-337.
- [17] 韩龙植,魏兴华.水稻种质资源描述规范和数据标准[M].北京:中国农业出版社,2006:14-18.
- HAN L Z,WEI X H.Descriptors and data standard for rice (*Oryza sativa* L.)[M].Beijing:China Agricultural Press,2006:14-18.
- [18] SONG Z P,XU X,WANG B,et al.Genetic diversity in the northern most *Oryza rufipogon* populations estimated by SSR markers[J].Theoretical and applied genetics,2003,10(7):1492-1499.
- [19] 卢宝荣,蔡星星,金鑫.籼稻和粳稻的高效分子鉴定方法及其在水稻育种和进化研究中的意义[J].自然科学进展,2009,19(6):628-638.
- LU B R,CAI X X,JIN X.Efficiently molecular identification method of *indica* and *japonica* rice and it's significance in rice breeding and evolution research[J].Progress in natural science,2009,19(6):628-638.
- [20] 刘进,姚晓云,王棋,等.不同生态环境下籽粒大小相关性状 QTL 定位[J].华北农学报,2018,33(2):133-138.
- LIU J,YAO X Y,WANG Q,et al.QTL mapping of seed size traits under different environment in rice[J].Acta agriculturae boreali Sinica,2018,33(2):133-138.
- [21] 姚晓云,熊运华,黄永萍,等.低温环境下水稻种子活力 QTL 鉴定[J].江西农业大学学报,2020,42(4):633-640.
- YAO X Y,XIONG Y H,HUANG Y P,et al.QTL Mapping for rice seed vigor under low temperature environment[J].Acta agriculturae universitatis Jiangxiensis,2020,42(4):633-640.
- [22] 陈越,陈玲,丁明亮,等.基于 InDel 分子标记的云南地方稻籼粳属性与表型性状相关分析[J].南方农业学报,2020,



- 51(4):758-766.
- CHEN Y, CHEN L, DING M L, et al. Correlation analysis of *indica-japonica* attribute and phenotypic characteristics of Yunnan rice landraces based on InDel markers[J]. Journal of southern agriculture, 2020, 51(4): 758-766.
- [23] 孙惠敏, 夏米, 陈清玲, 等. 基于 InDel 分子标记的 20 个水稻品种的籼粳属性分析[J]. 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, et al. *Indica-japonica* composition analysis of 20 rice varieties base on InDel molecular markers[J]. Journal of Jinggangshan university: natural science, 2016, 37(6): 100-106.
- [24] 杨洁, 赫佳, 王丹碧, 等. InDel 标记的研究和应用进展[J]. 生物多样性, 2016, 24(2): 237-243.
- YANG J, HE J, WANG D B, et al. Progress in research and application of InDel markers[J]. Biodiversity science, 2016, 24(2): 237-243.
- [25] 蔡星星, 刘晶, 仇吟秋, 等. 籼稻 93-11 和粳稻日本晴 DNA 插入缺失差异片段揭示的水稻籼粳分化[J]. 复旦学报(自然科学版), 2006, 45(3): 309-315.
- CAI X X, LIU J, QIU Y Q, et al. Differentiation of *indica-japonica* rice revealed by insertion/deletion fragments obtained from comparative genomic study of DNA sequences between 9311 (*indica*) and Nipponbare (*japonica*) [J]. Journal of Fudan university (natural science), 2006, 45(3): 309-315.
- [26] SHEN Y J, JIANG H, JIN J P, et al. Development of genome-wide DNA polymorphism database for map-based cloning of rice genes[J]. Plant physiology, 2004, 135(3): 1198-1205.
- [27] 赵伟, 夏寒冰, 章淑杰, 等. 籼粳稻特异插入/缺失分子标记揭示的稻属植物遗传分化[J]. 复旦学报(自然科学版), 2008, 47(3): 281-287.
- ZHAO W, XIA H B, ZHANG S J, et al. Differentiation of *Oryza* species revealed by the *indica-japonica* specified insertion/deletion (InDel) molecular markers[J]. Journal of Fudan university (natural science), 2008, 47(3): 281-287.
- [28] 徐建欣, 王云月, 姚春, 等. 云南陆稻品种籼粳分化与遗传变异[J]. 科学通报, 2012, 57(28/29): 2705-2714.
- XU J X, WANG Y Y, YAO C, et al. *Indica-japonica* differentiation and genetic variation of upland rice varieties from Yunnan Province, China[J]. Chinese science bulletin, 2012, 57(28/29): 2705-2714.
- [29] SUN J, LIU D, WANG J Y, et al. The contribution of intersubspecific hybridization to the breeding of super-high-yielding *japonica* rice in northeast China[J]. Theor appl genet, 2012, 125(6): 1149-1157.
- [30] 王旭虹, 李鸣晓, 张群, 等. 籼型血缘对籼粳稻杂交后代产量和加工及外观品质的影响[J]. 作物学报, 2019, 45(4): 538-545.
- WANG X H, LI M X, ZHANG Q, et al. Effect of *indica* pedigree on yield and milling and appearance qualities in the offspring of *indica/japonica* cross[J]. Acta agronomica Sinica, 2019, 45(4): 538-545.