



多基因聚合改良杂交稻恢复系福恢676的稻瘟病抗性

朱永生^{1,2}, 蔡秋华^{1,2}, 官华忠³, 魏毅东^{1,2}, 陈丽萍^{1,2}, 谢华安^{1,2}, 陈志伟^{3*}, 张建福^{1,2*}

1. 福建省农业科学院水稻研究所, 福州 350018;

2. 农业农村部华南杂交水稻种质创新与分子育种重点实验室/国家水稻改良中心福州分中心/福建省作物分子育种工程实验室/福建省水稻分子育种重点实验室/福建省作物种质创新与分子育种省部共建国家重点实验室培育基地/杂交水稻国家重点实验室华南研究基地/水稻国家工程实验室, 福州 350003;

3. 福建农林大学农学院, 福州 350007

* 联系人, E-mail: czw9216@sina.com; jianfzhang@163.com

2023-01-31 收稿, 2023-03-20 修回, 2023-03-23 接受, 2023-03-24 网络版发表

省属公益类科研院所基本科研课题(2020R1023002)、福建省科技重大专项(2022NZ030014)和“5511”协同创新工程项目农业种质资源圃(库)(XTCXGC2021019-SDS01)资助

摘要 福恢676是一个综合性状优良但稻瘟病抗性不强的杂交水稻恢复系, 该父本已测配育成的18个杂交稻品种通过了省级以上品种审定。为了改良其稻瘟病抗性, 延长该恢复系在生产上的应用期限, 以携带3个稻瘟病抗性基因(*Pi-1*、*Pi-9*和*Pi-k^h*)的优质恢复系金恢1059为供体亲本, 以福恢676为轮回亲本, 通过回交导入、分子标记辅助选择及田间稻瘟病抗性鉴定相结合的方法, 选育出5个抗病的稳定株系, 其中3个株系聚合了*Pi-1*、*Pi-9*和*Pi-k^h*。对这5个株系的综合农艺性状、品质和配合力等进行系统比较, 并结合稻瘟病抗性鉴定。结果表明, 与福恢676相比, 改良株系及其与广8A、荃9311A和广占63-4S等不育系配制的杂种F₁均表现出稻瘟病抗性明显增强, 而其中株系6综合表现最优, 遗传背景恢复率为97.1%, 且其生育期、株高等主要农艺性状与福恢676测配组合无显著差异, 但产量有所提高, 品质得到改善。改良的株系6保留了福恢676产量高、恢复力强、配合力好等优良特点, 品质有所提升, 具有较好的应用前景。

关键词 稻瘟病抗性, 基因聚合, 遗传改良, 分子标记, 配合力

全球超过50%的人口以大米为主食。水稻的安全生产受到各种病虫害的威胁。稻瘟病是由子囊菌(*Man-nophora grisea* (Hebert) Barr.)(无性世代为*Pyricularia grisea* (Cooke) Sacc.)侵染引起的最主要水稻病害之一, 广泛分布于全世界各主要稻区^[1-3]。全世界每年因稻瘟病损失稻谷产量的10%~20%, 造成数百亿元的经济损失^[4]。据统计, 我国全年稻瘟病发病面积在330~570万hm², 大爆发年份可达800万hm²左右^[5]。稻瘟病广泛发生在我国华南、西南、东北及长江中下游等稻区, 每年造成稻谷产量损失数亿公斤, 为我国水稻生产和粮

食安全的重大威胁^[6]。

研究表明, 选育和应用抗病品种是防治病害最经济和有效的方法之一^[7]。长期的实践证明, 将多个具有不同抗谱的稻瘟病抗性基因聚合到同一个品种中, 是培育具有持久抗病性品种的有效措施^[8]。当前, 国内外研究者利用不同的技术手段和遗传定位群体, 已鉴定了500多个稻瘟病相关基因。这些基因分别位于水稻12条不同的染色体上^[9], 其中鉴定的稻瘟病抗性主效基因或位点已超过100个, 超过36个抗病基因已被成功克隆^[10,11], 特别是已克隆的主要编码核苷酸结合和富亮

引用格式: 朱永生, 蔡秋华, 官华忠, 等. 多基因聚合改良杂交稻恢复系福恢676的稻瘟病抗性. 科学通报, 2023, 68: 2812~2823

Zhu Y S, Cai Q H, Guan H Z, et al. Blast resistance improvement of hybrid rice restorer line Fuhui 676 by polygene polymerization (in Chinese). Chin Sci Bull, 2023, 68: 2812~2823, doi: [10.1360/TB-2023-0080](https://doi.org/10.1360/TB-2023-0080)

氨酸重复序列蛋白(nucleotide-binding leucine-rich repeat, NLR)类型免疫受体的基因均具有广谱稻瘟病抗性^[7,12~14]。如中国科学院植物生态研究所何祖华团队^[7]发现的水稻抗稻瘟病NLR基因*Pigm*; 四川农业大学陈学伟团队^[15]鉴定到的抗稻瘟病基因*Bsr-d1*等, 这些基因不仅抗性强, 且具有广谱性和持久性。这些研究为利用抗病基因定向改良水稻品种提供了重要支撑。目前, 利用分子标记辅助选择将抗病基因导入水稻材料的技术已十分成熟。赵国超等人^[16]利用分子标记辅助选择技术, 育成了同时携带*Pi-9*、*Pi-ta*、*Pi-b*和*Pigm*基因的两系不育系2179S。Jiang等人^[17]应用分子标记辅助选择, 育成了同时携带*Pi-1*和*Pi-2*的不育系金23A。陈凯等人^[18]利用分子标记辅助选择和针对轮回亲本表型筛选相结合的方法, 将三黄占2号的抗稻瘟病基因*Pi-GD-1(t)*、*Pi-GD-2(t)*、*Pi-GD-3(t)*和主效QTL *GLP8-6(t)*及IR65482-7-216-1-2-B的抗褐飞虱基因*Bph18(t)*导入到明恢86等3个骨干中粳恢复系, 并从3个恢复系与不同抗源杂交F₁的复交后代中选育出携带兼抗稻瘟病和稻飞虱的双基因或多基因聚合系。

稻瘟病抗性基因*Pi-1*^[19]、*Pi-k*^[20]和*Pi-9*^[21]均属于广谱抗病基因。刘文德等人^[22]利用108个福建稻瘟菌代表菌系, 对30个水稻抗稻瘟病近等基因系或单基因系品种进行抗性鉴定, 发现抗稻瘟病基因*Pi-1*、*Pi-k*^h和*Pi-9*的抗性较强, 抗性频率均超过80%, 其中*Pi-k*^h的抗性频率达到98.15%。而*Pi-9*对来自全球10多个国家的43个稻瘟病菌均表现抗性^[23]。此外, *Pi-1*、*Pi-k*^h和*Pi-9*均为显性基因, 利用这3个基因进行水稻品种的抗性改良可望育成具有广谱稻瘟病抗性的亲本, 且其抗病性能够稳定遗传到杂种F₁代, 从而配组育成抗病的杂交稻新品种。

杂交水稻恢复系福恢676是由福建省农业科学院水稻研究所育成的产量高、配合力好、恢复力强、综合性状稳定的恢复系亲本。自2013年以来, 以福恢676为父本育成的18个杂交稻品种通过了省级以上审定, 并在生产上大面积推广应用, 取得了显著的经济社会效益。但该父本在生产上表现感稻瘟病, 如果能在保留原有优良特性的同时对其稻瘟病抗性进行定向改良, 将延长其在使用上的使用年限, 有助于提高育种效率和生产水平。由福建农林大学陈志伟团队通过分子标记辅助选择育成的恢复系金恢1059聚合了*Pi-1*、*Pi-k*^h和*Pi-9*三个广谱稻瘟病抗性基因, 同时金恢1059表现米质较优。本研究以金恢1059为供体亲本, 以福恢676为

轮回亲本, 通过传统的回交导入技术, 结合分子标记辅助选择和抗病性鉴定, 将稻瘟病抗性基因*Pi-1*、*Pi-k*^h和*Pi-9*导入福恢676中, 以期得到稻瘟病抗性得到显著改良的新恢复系。

1 材料和方法

1.1 试验材料

供体亲本: 金恢1059(JH1059), 系福建农林大学陈志伟团队通过分子标记辅助选择技术育成的携带*Pi-1*(来源于C101LAC)、*Pi-9*(来源于75-1-217)和*Pi-K*^h(来源于IRBLkh-K3)三个稻瘟病抗性基因的恢复系。

轮回亲本: 福恢676(FH676)系福建省农业科学院水稻研究所通过复合杂交和系谱法筛选育成的恢复力强、恢复谱广、产量高、配合力好的杂交水稻恢复系。

其他品种: 广8A系广东省农业科学院水稻研究所选育的三系不育系; 荃9311A系安徽荃银高科种业股份有限公司选育的三系不育系; 广占63-4S和丰两优4号系由合肥丰乐种业股份有限公司等选育的两系不育系和两系杂交稻品种。

1.2 抗病基因导入

以受体亲本福恢676为母本, 以携带*Pi-1*、*Pi-k*^h和*Pi-9*的供体亲本金恢1059为父本, 杂交获得杂种F₁。以杂种F₁做母本, 以福恢676作父本回交, 获得BC₁F₁。种植BC₁F₁并于抽穗期通过生育期、株高等综合性状筛选出株叶形态与轮回亲本相似的单株, 再通过分子标记辅助选择同时携带*Pi-1*、*Pi-k*^h和*Pi-9*的优良单株, 与福恢676回交获得BC₂F₁。采用同样的方法获得BC₃F₁, 并将标记获得的中选单株套袋自交收获BC₃F₂种子, 在BC₃F₂群体及后代材料的选择中始终遵循表型(农艺性状优、抗病性强)+基因型(标记为纯合阳性)的原则, 直至获得抗病性、配合力、株叶形态等综合性状优良且稳定的株系。

1.3 抗病性鉴定方法

1.3.1 苗期抗性鉴定

以福建省近5年生产上主要流行的稻瘟病菌生理小种为混合菌株喷雾接种, 分别以抗病供体亲本和感病受体亲本作为抗、感对照, 每个品种用30~40粒种子浸种催芽, 确保各品种间幼苗状态一致。每个品种设3个重复, 完全随机排列, 待苗长到3叶1心期, 接种。调查

标准和评价指标按照国标稻瘟病测报调查规范(GB/T15790-2009)进行。

1.3.2 成株期抗性鉴定

大田抗病鉴定分别在多年自然发病严重的稻瘟病病圃(福建上杭、建阳、将乐等地)进行。在全生育期无药剂防治的情况下,这3处稻瘟病鉴定点均发病严重。将待鉴定品种按照正常生产时节播种、移栽,每品种设3个重复小区,随机种植,每小区种植7行,每行7株,株行距为20 cm×23 cm,移栽后成株期调查叶瘟和穗颈瘟并记录结果。

1.4 水稻DNA提取

种子发芽一周后取鲜叶1~2 g,加液氮和石英砂研磨,基因组DNA提取参照李荣华等人^[24]改进的十六烷基三甲基溴化铵(cetyltrimethylammonium bromide, CTAB)法。提取完毕后,用ddH₂O溶解并将DNA浓度调整至约20 ng/μL,保存在-20℃备用。

1.5 分子标记和背景分析

用于抗病基因分子标记的引物MRG4766^[25]、RM206^[26]、PB8^[27](表1)和遗传背景恢复率分析的标记(由水稻12条染色体上均匀分布的134对简单重复序列(simple sequence repeats, SSR)标记及用于DNA指纹鉴定的48对公用的SSR标记组成)。聚合酶链式反应(polymerase chain reaction, PCR)体系和程序参照农业行业标准NY/T 1433-2014^[28]中的水稻品种鉴定技术规程进行。10 μL PCR反应体系为:2×PCR mix 5 μL, 10 μmol/L正反向引物各0.5 μL, DNA模板1 μL, ddH₂O为3 μL。PCR反应程序为:95℃预变性5 min; 94℃变性30 s, 55℃(根据引物变化)退火30 s, 72℃延伸40 s, 进行35个循环;最后在72℃下延伸5 min。

1.6 农艺性状分析

全生育期对水稻的形态、农艺性状、生育期等特征特性进行观察和记载,分析、评价和利用所选的抗病株系配制的杂交稻组合在试验中的产量、抗病性、生育期等综合表现,初步评价改良的抗病恢复系的应用前景。

1.7 杂种优势鉴定

将分子标记辅助选择改良前后的恢复系分别与广8A、荃9311A和广占63-4S三个不育系进行测交,每个

组合种植15 m²,重复3次,小区随机排列,种植株行距为20 cm×23 cm,在水稻灌浆后30 d,对每个组合的小区进行测产比较,并将每个品种取样5株,系统考查植株的株高及有效穗、穗粒数、千粒重和结实率等产量性状,将考种数据输入Excel(Microsoft office 2003)进行数据分析。

2 结果分析

2.1 抗病基因的导入和鉴定

2012年秋在福建沙县基地,以携带3个稻瘟病抗性基因的优质抗病恢复系金恢1059为供体亲本,以粳型恢复系福恢676为轮回亲本,杂交获得杂种F₁种子。2012年冬种植F₁于海南南繁基地,2013年春回交1代获得BC₁F₁约1000粒种子,2013年秋在福建沙县基地种植BC₁F₁约1000个单株,再筛选出33个优异单株进行回交,获得BC₂F₁回交株系28个。2014年春从BC₂F₁中选择优异单株回交,获得BC₃F₁株系41个,从中选择优异单株19个,每个单株自交收获BC₃F₂种子,后经连续5代自交、选育,结合分子标记辅助选择和抗性鉴定,选择优异单株。在各世代和分离群体的优异单株选择时,以生育期和株高与轮回亲本无显著差异,携带导入的目标基因,田间表现稻瘟病抗性好,株型适中、穗大粒多为选择标准。

在对上述回交导入群体和后代株系的抗病性鉴定和筛选过程中,苗期的鉴定主要以室内混合菌株喷雾接菌和大田旱病圃诱发抗性鉴定相结合的方法。每个回交群体和未稳定的株系均先在病圃种植,剔除感病单株(株系)后移栽大田。在BC₁F₁回交群体中,鉴定到抗病单株233个,在BC₂F₁株系中,鉴定到抗病株系59个,在BC₃F₁回交株系中,鉴定到抗病株系31个。在自交群体(株系)中,经自然诱发鉴定出中抗以上的稳定优良株系18个。为了进一步确定其抗病性,用从福建省各水稻栽培区分离的48个强致病力的稻瘟病菌优势生理小种进行室内喷雾接菌鉴定,结果发现,上述18个株系中的9个株系表现抗病,其中5个达到高抗水平(图1)。进一步通过田间农艺性状筛选与受体亲本福恢676株叶形态及丰产性相当且稻瘟病抗性得到显著提高的新优良恢复系株系材料5个,通过分子标记鉴定结果表明, line 3、line 6和line 15携带*Pi-1*、*Pi-K^h*和*Pi-9*三个抗病基因, line 17和line 18携带*Pi-1*和*Pi-K^h*,不携带*Pi-9*(图2)。室内喷雾接菌结果表明,5个入选株系鉴定均表现抗病

表 1 稻瘟病抗性基因连锁标记及引物序列

Table 1 Primer sequences of linkage markers of rice blast resistance genes

基因	标记性质	染色体	标记	类型	标记引物序列(5'→3')	退火温度(°C)
<i>Pi-1</i>	共显性	11	MRG4766	SSR	F:ATTGCTGCAAAGTGGGAGAC R:AAGTGGAGGCAGTTCACCAC	60
<i>Pi-k^h</i>	共显性	11	RM206	SSR	F:CCCATGCGTTTAACTATTCT R:CGTTCCATCGATCCGTATGG	55
<i>Pi-9</i>	显性	6	PB8	SCAR	F:ATGGTCCTTTATCTTTATTG R:TTGCTCCATCTCCTCTGTT	58

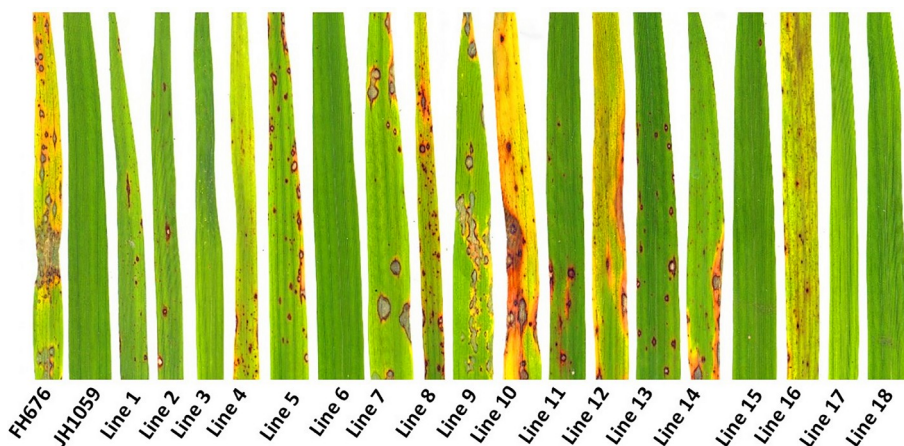


图 1 回交群体和后代株系苗期稻瘟病抗性鉴定结果. Line 1~18为后代株系

Figure 1 Identification results of rice blast resistance of backcross population and progeny lines at seedling stage. Line 1–18 are progeny lines

(表2).

2.2 背景恢复分析

2.2.1 农艺性状

在回交导入群体和后代株系材料的加代与筛选过程中, 利用分子标记辅助选择和田间自然抗性鉴定与室内人工喷雾接菌抗性鉴定相结合, 筛选出线 3、line 6、line 15、line 17和line 18等稻瘟病抗性强、生育期与轮回亲本福恢676相当的5个株系. 这5个株系田间表现株叶形态适中、穗大粒多、结实率高、群体综合性状稳定、整齐一致.

为了进一步分析其产量性状, 2020年在福建南平市建阳区彭墩育种基地对其田间农艺性状进行了系统考查, 并与轮回亲本福恢676进行比较. 从表3可以看出, 入选的5个抗稻瘟病株系, 在株高方面和对照类似. 在有效穗方面, line 17显著多于轮回亲本福恢676, 而line 18的有效穗则显著下降. 一般而言, 有效穗数和穗粒数成反比, 即穗数多, 一般穗粒数就少, 穗数少, 才能有大

穗, 改良系中线 15和line 18的穗粒数显著增多. 在结实率方面, 选育的改良株系结实率均高于83%, 其中line 6结实率达到92.4%, 结实率得到了显著提高. 千粒重除了line 15与对照相当外, 其他均有所下降, 其中line 17和line 18显著下降. 从表型上看, 改良系中线 6的表型与轮回亲本福恢676最为相似(图3).

2.2.2 稻米品质

从综合农艺性状的表现可以看出, 在5个入选的改良系中, line 6除了结实率显著提升之外, 其他主要农艺性状均与轮回亲本无显著差异, 形态上符合本次定向改良的目标. 为了更好地考察改良系的品质性状, 对糙米率、直链淀粉等10项外观品质和理化性质指标进行了分析. 结果如表4所示, 入选的5个改良系中, line 3、line 5和line 6的品质有所提升, 尤其是在垩白度和垩白率上都有显著的降低, 其中line 5和line 6的减消值有显著的提高. Line 17除了精米率显著高于原始亲本之外, 其他指标无明显改变, line 18的主要品质指标均无提高. 综合来看, 5个改良系中, 与轮回亲本福恢676相比,

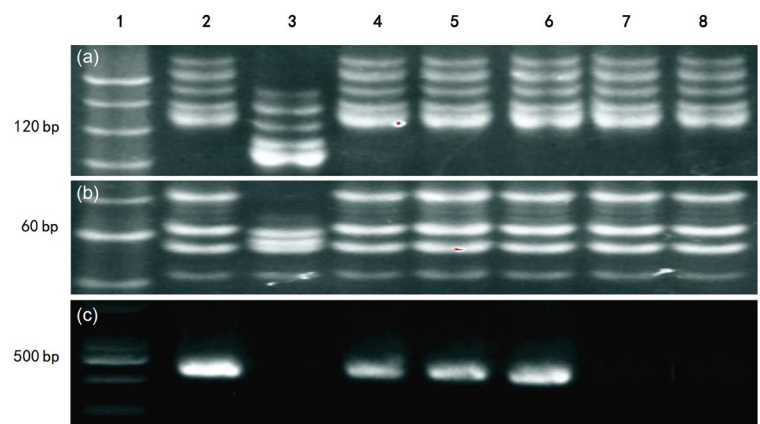


图 2 (网络版彩色)福恢676抗病近等基因系前景选择结果. (a)–(c)分别为与目标基因紧密连锁的分子标记RM206、MRG4766、PB8对目标基因 $Pi-K^h$ 、 $Pi-I$ 和 $Pi-9$ 的检测结果. 1~8依次为Marker、金恢1059、福恢676、line 3、line 6、line 15、line 17和line 18
Figure 2 (Color online) Foreground selection of near-isogenic lines of FH676. (a)–(c) are the detection results of the target gene by the molecular markers RM206, MRG4766 and PB8 closely linked to the target gene $Pi-K^h$, $Pi-I$ and $Pi-9$, separately. 1 is Marker, 2 is JH1059, 3 is FH676, and 4 to 8 are line 3, line 6, line 15, line 17 and line 18

表 2 供体亲本、轮回亲本及改良株系携带的抗病基因及综合抗性水平

Table 2 Disease resistance genes and combined resistance levels of donor parent, recurrent parent and improved lines

株系	抗病基因			综合抗性水平 ^{a)}
	$Pi-I$	$Pi-9$	$Pi-k^h$	
福恢676	—	—	—	S
金恢1059	+	+	+	R
Line 3	+	+	+	R
Line 6	+	+	+	R
Line 15	+	+	+	R
Line 17	+	—	+	R
Line 18	+	—	+	R

a) 综合抗性水平指4个试验点(含室内)的各生育期抗性鉴定结果. S为感病, 即判定为感病的试验点 ≥ 2 个; R为抗病, 即判定为感病的试验点 ≤ 1 个; “+”表示携带该基因; “—”表示不携带该基因

line 6在精米率、整精米率、垩白度、垩白率和碱消值等主要指标上有显著提高, 是改良系中品质最优的株系.

2.2.3 遗传背景

为从遗传背景上初步评估入选的5个改良株系, 利用水稻12条染色体上均匀分布的182对SSR标记对轮回亲本福恢676和供体亲本金恢1059进行多态性分析, 结果发现, 其中69对SSR标记在两个亲本之间存在多态性. 再用这69对在双亲间存在多态性的标记分别对5个改良系进行检测, 并与轮回亲本福恢676进行对比, 检测结果如表5所示. 所有入选株系的背景恢复率均大于90%, 其中line 3和line 6最高, 为97.1%, line 17最低, 为91.3%.

此外, 5个株系中, line 3在第1号染色体上的标记RM6464为纯合基因, 在第6号染色体上的标记RM589为杂合基因; line 6在第6和7号染色体上的标记RM3207和RM1210为纯合基因; line 15在第4和11号染色体上的标记RM2811和RM3625为纯合基因, 在第2和12号染色体上的标记RM7033和RM6564为杂合基因; line 17在第1、6和10号染色体上的标记RM6464、RM3207和RM5689为纯合基因, 在第3、8和11号染色体上的标记RM6829、RM6635和RM27227为杂合基因; line 18在第4、7、10号染色体上的标记RM2811、RM1210和RM5689为杂合基因, 在第3和11号染色体上的标记RM6829和RM3625为杂合基因(图4). 由此可见, 在入选株系中, 只有line 6没有出现扩增为杂合条带的

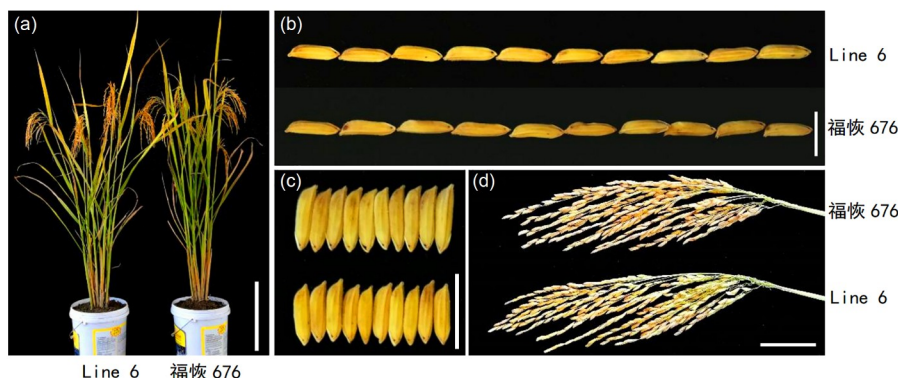


图 3 轮回亲本福恢676和改良株系line 6的主要农艺性状比较. (a) 植株形态, 标尺为50 cm. (b) 粒长, 标尺为1 cm. (c) 粒宽, 标尺为1 cm. (d) 穗型, 标尺为5 cm

Figure 3 Comparison of main agronomic characters between recurrent parent FH676 and improved line 6. (a) Plant morphology, bar=50 cm. (b) Grain length, bar=1 cm. (c) Grain width, bar=1 cm. (d) Panicle traits, bar=5 cm

表 3 改良株系与轮回亲本的农艺性状比较分析(福建建阳, 2020)^{a)}

Table 3 Comparative analysis of agronomic traits between improved lines and recurrent parents (Jianyang County, Fujian, 2020)

品种	株高(cm)	穗数	每穗粒数(粒)	每穗实粒数(粒)	结实率(%)	千粒重(g)
福恢676(CK)	132.7±4.1	7.4±0.8	172.0±11.3	153.1±8.2	89.0±3.3	32.1±0.4
Line 3	129.4±7.2	7.3±1.4	173.6±17.2	155.4±15.4	89.5±4.9	31.4±0.3
Line 6	131.6±6.6	7.4±1.7	169.2±11.3	156.3±12.1	92.4±3.5*	30.8±0.4
Line 15	132.9±9.6	7.1±1.6	189.5±12.5*	162.3±11.6	85.6±2.7*	32.3±0.5
Line 17	129.9±4.2	8.4±1.4*	179.5±12.6	159.3±10.1	88.7±6.4	30.5±0.3*
Line 18	133.7±8.7	6.5±0.6*	194.3±15.6*	161.5±12.7	83.1±4.1**	29.4±0.5**

a) *和**分别表示差异达0.05和0.01显著水平

表 4 改良株系与轮回亲本的主要稻米品质指标分析(福建建阳, 2020)^{a)}

Table 4 Comparative analysis of rice quality between improved lines and recurrent parent (Jianyang County, Fujian, 2020)

品种	糙米率(%)	精米率(%)	整精米率(%)	垩白率(%)	垩白度(%)	透明度	碱消值	直链淀粉(%)	胶稠度(mm)	品质等级
福恢676(CK)	78.3	64.1	48.3	25.1	11.7	2	5.0	15.8	85	普通
Line 3	79.0	66.9	48.7	19.3*	6.7**	2	4.9	14.7	86	普通
Line 6	80.3	69.8*	51.3*	15.1*	3.7**	2	5.2*	15.2	88	普通
Line 15	79.2	64.9	47.4	19.2*	6.9**	2	5.2*	15.1	84	普通
Line 17	80.3	69.3*	46.3	25.3	12.7	2	4.8	16.1	81	普通
Line 18	79.8	62.7	44.4*	27.8	12.9	2	5.0	15.8	82	普通

a) *和**分别表示差异达0.05和0.01显著水平

标记, 表明该株系稳定性好. 其他株系均有1~3个杂合标记, 需要再继续自交加代、筛选才能得到稳定株系.

2.3 杂种优势与品质分析

2.3.1 杂种F₁农艺性状及产量

本研究中利用分子标记辅助选择与抗性鉴定相结

合的方法, 将多个稻瘟病抗性基因导入到农艺性状优良、配合力好的恢复系福恢676中, 因此, 除了提高目标亲本的稻瘟病抗性外, 还要在最大程度上保留原有亲本优良的特征特性. 前述的研究已表明, 已获得的5个综合性状稳定、形态优异的改良系中, 遗传背景恢复率均大于90%, 其中line 6在所检测的69个标记中无

表 5 改良株系与轮回亲本福恢676之间的遗传背景检测

Table 5 Genetic background detection between improved lines and recurrent parent FH676

品种	检测标记数	纯合基因多态性标记数	杂合基因型标记数	背景恢复率(%)
福恢676(CK)	69	0	0	100
Line 3	69	1	1	97.1
Line 6	69	2	0	97.1
Line 15	69	2	2	94.2
Line 17	69	3	3	91.3
Line 18	69	3	2	92.8

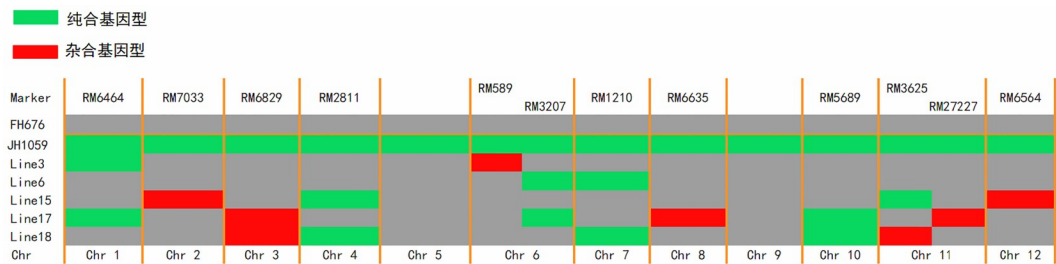


图 4 亲本与改良株系的遗传多样性分析

Figure 4 Genetic diversity of parents and improved lines

杂合基因型,表现出较好的农艺性状特点.为了进一步验证改良系的后代杂种优势,本研究分别将5个改良系和轮回亲本福恢676分别与广8A、荃9311A、广占63-4S三个不育系进行测交,以丰两优4号为对照进行杂种F₁产量和产量构成因素的考查,结果如表6所示.

从测产及考种结果可知,与轮回亲本相比,所有改良株系测配的组合叶瘟和穗茎瘟的抗性都有显著的增强.在不育系广8A测配的F₁代中,广8A/line 3的理论产量和小区产量均最高,其次是广8A/line 6,小区产量和轮回亲本测配后代无显著差异,其他3个组合的理论产量和小区产量均显著低于轮回亲本.在不育系荃9311A测配的F₁代中,理论产量和小区产量最高的组合是荃9311A/line 6,产量与荃9311A/福恢676相比有极显著差异.在广占63-4S测配的F₁代中,理论产量和小区产量最高的组合是广占63-4/line 6,其次是广占63-4S/福恢676和广占63-4S/line 3,广占63-4S/line 17和广占63-4S/line 18两个组合小区产量显著低于对照.横向比较, line 6测配的3个组合中2个显著超过轮回亲本福恢676, 1个无显著差异,改良系中line 6综合表现最优.与对照品种丰两优四号纵向比较发现,小区产量显著超过生产对照品种的有荃9311A/line 6和广占63-4S/line 6,具有较好的生产应用潜力.

2.3.2 杂种F₁稻米品质

从前期对5个稳定的福恢676稻瘟病改良系的品质检测结果可知,本研究入选的改良系的主要品质指标普遍优于轮回亲本福恢676,特别是line 6在主要指标上均有显著的提高.为了进一步证明品质更优的改良系测配的杂种F₁代同样具有不低于轮回亲本测配后代的品质.本研究将上述测交的18个杂交组合进行了品质分析,结果如表7所示.轮回亲本所测交的广8A、荃9311A和广占63-4S的后代综合品质指标均为普通等级,而组合广8A/line 6、荃9311A/line 3、荃9311A/line 6、荃9311A/line 15和广占63-4S/line 6五个杂交组合的综合品质指标达到国标三等优质米标准.特别是改良的株系line 6的低垩白率、低垩白度和高于轮回亲本的碱消值均遗传到了杂种F₁代中,使line 6测交组合的所有品质指标都达到了国标三级,获得了品质得到改良的杂交组合.

综上, line 6与不同不育系测配的组合不仅保留了高产水平,而且品质均得到了一定的提升,具有较大的生产应用价值.

3 讨论

稻瘟病是我国乃至全世界水稻安全生产的重大威

表 6 改良株系与轮回亲本的测交后代综合农艺性状比较分析(福建建阳, 2021)^{a)}

Table 6 Comparative analysis of agronomic traits between hybrid progeny of improved lines and recurrent parents (Jianyang County, Fujian, 2021)

品种(组合)	生育期 (d)	株高(cm)	穗数	穗粒数	穗实粒	结实率(%)	千粒重(g)	理论产量 (kg hm ⁻²)	小区产量 (kg)	稻瘟病抗性 (叶瘟/穗茎瘟)
广8A/福恢676	139	132.3±2.1	9.2±0.8	224.8±13.2	189.3±8.9	84.2±2.1	25.4±0.1	9953.0	12.7±1.2 [#]	MS/S
广8A/line 3	141	130.3±1.9	9.4±1.1	213.4±21.3	185.9±17.2	87.1±3.0	25.6±0.2	10063.8	13.1±0.8*	R/R
广8A/line 6	140	128.0±6.2	9.5±0.4	196.3±8.9	171.4±10.3	87.4±2.5	25.3±0.1	9278.1**/##	12.5±1.3 ^{##}	R/R
广8A/line 15	139	134.1±4.1	8.4±0.8	221.3±7.7	188.5±6.7	85.2±1.5	25.5±0.2	9087.1**/##	11.7±1.2**/##	R/R
广8A/line 17	141	131.2±1.2	9.7±0.1	187.4±11.3	165.3±10.9	88.2±2.8	25.3±0.2	9126.7**/##	12.0±0.9**/##	R/MR
广8A/line 18	140	134.0±5.1	7.9±0.3	231.2±20.3	200.9±21.2	86.9±4.1	25.6±0.1	9142.3**/##	11.9±0.8**/##	R/MR
荃9311A/福恢676	137	128.5±1.8	8.5±1.2	213.1±10.8	177.1±11.2	83.1±1.8	30.1±0.3	10194.2	13.1±1.1	MS/S
荃9311A/line 3	138	127.5±2.3	8.5±2.3	198.8±6.9	167.6±7.1	84.3±0.9	30.2±0.5	9679.5**/##	12.8±0.9 [#]	R/R
荃9311A/line 6	137	128.2±2.1	8.9±0.3	208.4±12.1	174.6±12.5	83.8±1.5	29.7±0.3	10386.5 [#]	13.8±2.1**/##	R/R
荃9311A/line 15	138	132.1±2.9	8.2±0.4	207.3±10.3	174.8±9.4	84.3±1.2	30.4±0.1	9801.6*	12.5±1.2*/##	R/R
荃9311A/line 17	139	126.5±1.1	8.4±0.5	213.4±17.5	185.0±16.4	86.7±2.6	29.9±0.3	10455.5 [#]	13.2±1.2	R/MR
荃9311A/line 18	139	132.4±1.4	7.9±1.5	215.6±7.1	183.9±6.2	85.3±1.3	30.3±0.2	9904.9	12.5±0.8*/##	R/MR
广占63-4S/福恢676	133	142.1±6.8	8.5±1.4	189.9±9.1	159.7±10.3	84.1±2.1	31.2±0.2	9529.3 ^{##}	12.8±1.1 [#]	S/S
广占63-4S/line 3	133	138.7±1.4	8.8±2.1	188.3±16.2	157.0±17.6	83.4±2.8	32.1±0.4	9981.3**	12.8±1.3 [#]	R/R
广占63-4S/line 6	132	136.3±2.5	9.1±0.2	198.7±11.3	167.1±12.4	84.1±1.7	30.4±0.2	10401.4**/##	13.7±1.2**/##	R/R
广占63-4S/line 15	134	141.2±4.1	8.2±1.2	192.4±20.1	159.5±23.1	82.9±4.2	31.6±0.4	9299.1**/##	11.9±0.8**/##	R/R
广占63-4S/line 17	133	139.4±3.6	8.4±0.8	180.4±12.4	158.4±15.6	87.8±3.1	30.9±0.3	9250.2**/##	11.8±1.2**/##	R/MR
广占63-4S/line 18	134	138.1±2.9	7.7±1.1	217.9±10.5	181.9±9.9	83.5±2.2	30.3±0.1	9551.2 ^{##}	12.7±2.0 [#]	R/MR
丰两优四号(CK)	143	124.9±6.1	10.2±0.1	191.2±16.4	157.4±14.2	82.3±1.8	27.8±0.2	10042.3	13.1±1.6	S/S

a) */##和**/##分别表示差异达0.05和0.01显著水平, *和#分别表示相同不育系组合之间及不同组合与对照丰两优四号之间的显著性差异

肺^[29]。传统的抗病育种多是通过室内接种或在病区进行抗性鉴定等方式开展, 室内鉴定工作量大、耗时费力, 田间鉴定易受外界环境影响, 抗性选择的效率较低。利用抗性基因的功能标记用于分子标记辅助选择则可以减少或消除这些不利因素的影响, 成为培育水稻抗病品种的最有效途径之一^[30]。随着大量水稻有利基因的发现及其相关分子标记的开发, 包括稻瘟病等在内的水稻重要病虫害和大米香味(*fgr*)、蜡质(*wx*)和糊化温度等品质性状相关基因的分子标记辅助育种研究均取得了显著的进展^[31~33]。然而, 病害与品质性状有所不同, 植物需要面对环境的变化和病原菌的变异等多重压力。研究表明, 单一抗病基因的导入往往不能够获得抗性强、抗性持久的效果。如陈志伟等人利用携带单个抗病基因的三系不育系金抗1A(含*Pi-1*)^[34]、M20A^[35](含*Pi-9*)与抗性不强的恢恢系杂交的组合闽标优1095^[36]和M优2155^[37]在区域试验中均表现为中感稻瘟病。因此, 要创制抗性好、抗性持久的育种材料, 必须要同时聚合多个抗病基因。鉴于此, 本研究中所选用

的抗源亲本金恢1059携带的*Pi-1*、*Pi-9*和*Pi-k^h*三个稻瘟病抗性基因是刘文德等人^[22]来自福建省各水稻产区的108个代表性稻瘟病菌菌系鉴定筛选出的抗性频率最高的3个抗病基因, 这为本研究最终获得高抗的改良系材料奠定了基础。

当前, 利用分子标记辅助选择抗稻瘟病基因来改良稻瘟病抗性的研究已有许多成功的案例, 但同时也存在抗病性改良的同时无法保留原有亲本的产量、品质和株型等优点的问题。研究表明, 抗性基因往往会与一些不良性状紧密连锁。例如, Parashuram等人^[38]的研究表明, 稻瘟病抗性基因*Pi-1*、*Pi-2*和*Pi-54*与不良性状的连锁阻力在0.2~2.0 Mb之间; 同时, 多个研究均发现, 稻瘟病抗性基因与水稻每穗实粒数及结实率等产量性状之间存在连锁累赘^[39,40]; 也有研究发现, 稻瘟病抗性基因与水稻的生育期^[41]和稻米品质^[42]之间存在基因连锁累赘的现象。这说明分子标记辅助选择用于品种改良和育种并不是简单的一一对应关系, 仍然需要大量的田间鉴定、筛选和综合判断选育具有目标性状的材

表 7 改良株系与轮回亲本测交后代的稻米品质分析(福建建阳, 2021)

Table 7 Comparative analysis of rice quality between hybrid progeny of improved lines and recurrent parent (Jianyang County, Fujian, 2021)

品种	糙米率 (%)	精米率 (%)	整精米率 (%)	垩白率 (%)	垩白度 (%)	透明度	碱消值	直链淀粉 (%)	胶稠度 (mm)	品质等级
广8A/福恢676	80.3	74.5	61.2	2.3	5.5	1	5.0	14.5	78	普通
广8A/line 3	80.2	71.8	63.1	2.1	5.1	1	5.3	14.7	81	普通
广8A/line 6	81.1	73.3	62.9	1.9	4.5	1	5.4	14.3	83	三等
广8A/line 15	81.3	76.1	64.1	3.4	5.7	1	5.0	15.1	79	普通
广8A/line 17	79.1	70.5	60.3	4.5	8.1	2	5.1	15.6	79	普通
广8A/line 18	79.3	72.2	61.2	3.9	9.2	2	5.2	15.9	77	普通
荃9311A/福恢676	82.1	65.4	51.2	21.5	2.3	2	4.8	15.1	80	普通
荃9311A/line 3	80.3	66.4	52.1	19.7	2.1	2	5.1	14.7	81	三等
荃9311A/line 6	81.4	67.4	56.3	12.9	1.7	2	5.0	15.6	82	三等
荃9311A/line 15	81.1	65.3	55.5	21.8	2.9	2	5.2	16.1	77	三等
荃9311A/line 17	80.3	62.1	51.2	15.8	3.9	2	4.9	14.9	79	普通
荃9311A/line 18	82.1	69.5	56.7	21.9	6.3	2	5.0	15.5	80	普通
广占63-4S/福恢676	82.3	75.1	54.4	20.1	6.6	1	7.0	15.1	73	普通
广占63-4S/line 3	82.2	73.1	52.3	19.7	5.1	1	7.1	15.2	77	普通
广占63-4S/line 6	81.9	76.6	58.6	15.3	4.9	1	7.0	14.5	80	三等
广占63-4S/line 15	80.3	68.4	53.6	17.9	5.3	1	7.0	16.1	79	普通
广占63-4S/line 17	82.1	72.3	54.1	24.2	8.2	2	6.5	15.6	83	普通
广占63-4S/line 18	81.5	70.9	50.2	23.1	7.1	2	6.7	15.7	77	普通

料. 本研究通过扩大回交群体的方式, 大规模的分子标记辅助选择和多重鉴定、筛选, 最终获得5个遗传背景恢复率均大于90%的优良株系. 这些株系不仅抗病性显著提高, 而且产量、配合力和农艺性状等方面都保留或优于原始亲本的特性, 不失为一个成功的改良案例. 但同时, 本研究所改良的恢复系亲本福恢676虽然配合力和产量等较为突出, 但其株高达到了1.32 m, 本研究获得的稻瘟病抗性改良株系的株高也均在1.3 m左右, 在抗倒伏能力和收获指数等方面还存在一定的不足. 下一步, 拟筛选或创制一份株高适中、品质优良、农艺性状与之互补的材料作为桥梁亲本, 对已获得的改良系品质和株高等进一步改良和提升, 提高水稻丰产性、优质性、抗逆性和广适应性“四性”^[43]综合育种

效率.

4 结论

本研究以携带稻瘟病抗性基因*Pi-1*、*Pi-k^h*和*Pi-9*的抗病亲本金恢1059为抗源, 以农艺性状优异、稻瘟病抗性差的恢复系福恢676为受体亲本, 通过回交导入、分子标记辅助选择技术和抗性鉴定相结合, 定向改良福恢676的稻瘟病抗性. 历经多代选育和鉴定获得了5个抗病性显著增强的抗病改良系, 其中3个聚合了*Pi-1*、*Pi-k^h*和*Pi-9*抗病基因. 农艺性状和配合力分析表明, 改良系line 6在获得抗病性的同时保留了其产量高和配合力好的优点, 同时稻米品质得到了一定的提升, 综合性状表现较优, 具有较好的应用前景.

参考文献

- 1 Rossman A Y, Howard R J, Valent B. *Pyricularia grisea* the correct name for the rice blast disease fungus. *Mycologia*, 1990, 82: 509–512
- 2 Wang S W, Zheng W J, Zhao J M, et al. Identification and analysis of *Magnaporthe oryzae* avirulence genes in Liaoning Province (in Chinese). *Sci Agric Sin*, 2014, 47: 462–472 [王世维, 郑文静, 赵家铭, 等. 辽宁省稻瘟病菌无毒基因型鉴定及分析. *中国农业科学*, 2014, 47: 462–472]
- 3 Li X X, Wang Q, Luo S X, et al. Analyzing avirulence genes of *Magnaporthe oryzae* from Heilongjiang Province and screening rice germplasm with resistance to blast fungus (in Chinese). *Acta Agron Sin*, 2012, 38: 2192–2197 [李祥晓, 王倩, 罗生香, 等. 黑龙江省稻瘟病菌无毒基因分析

- 及抗病种质资源筛选. 作物学报, 2012, 38: 2192–2197]
- 4 Zheng Z, Chen Y Q, Zhang J F, et al. Mapping, cloning of rice blast resistance genes and their application (in Chinese). *Mol Plant Breed*, 2009, 7: 385–392 [郑判, 陈由强, 张建福, 等. 水稻稻瘟病抗性基因定位、克隆及应用. 分子植物育种, 2009, 7: 385–392]
- 5 Shen M G, Lin J Y. The economic impact of rice blast disease in China. In: Zeigler R S, Leong S A, Teng P S, eds. *Rice Blast Disease*. Wallingford: CAB International, 1994. 321–331
- 6 Li Y, Wang Y W, Wang Y R, et al. Research progress on rice blast fungus (in Chinese). *Guangxi Agric Sci*, 2010, 41: 789–792 [李杨, 王耀雯, 王育荣, 等. 水稻稻瘟病菌研究进展. 广西农业科学, 2010, 41: 789–792]
- 7 Deng Y, Zhai K, Xie Z, et al. Epigenetic regulation of antagonistic receptors confers rice blast resistance with yield balance. *Science*, 2017, 355: 962–965
- 8 Hittalmani S, Parco A, Mew T V, et al. Fine mapping and DNA marker-assisted pyramiding of the three major genes for blast resistance in rice. *Theor Appl Genet*, 2000, 100: 1121–1128
- 9 Li W, Chern M, Yin J, et al. Recent advances in broad-spectrum resistance to the rice blast disease. *Curr Opin Plant Biol*, 2019, 50: 114–120
- 10 Zhao H, Wang X, Jia Y, et al. The rice blast resistance gene *Ptr* encodes an atypical protein required for broad-spectrum disease resistance. *Nat Commun*, 2018, 9: 2039
- 11 Cao N, Chen Y, Ji Z J, et al. Recent progress in molecular mechanism of rice blast resistance (in Chinese). *Chin J Rice Sci*, 2019, 33: 489–498 [曹妮, 陈渊, 季芝娟, 等. 水稻抗稻瘟病分子机制研究进展. 中国水稻科学, 2019, 33: 489–498]
- 12 Zhai C, Lin F, Dong Z, et al. The isolation and characterization of *Pik*, a rice blast resistance gene which emerged after rice domestication. *New Phytol*, 2011, 189: 321–334
- 13 Shang J, Tao Y, Chen X, et al. Identification of a new rice blast resistance gene, *Pid3*, by genomewide comparison of paired nucleotide-binding site-leucine-rich repeat genes and their pseudogene alleles between the two sequenced rice genomes. *Genetics*, 2009, 182: 1303–1311
- 14 Yang S, Li J, Zhang X, et al. Rapidly evolving *R* genes in diverse grass species confer resistance to rice blast disease. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2013, 110: 18572–18577
- 15 Li W, Zhu Z, Chern M, et al. A natural allele of a transcription factor in rice confers broad-spectrum blast resistance. *Cell*, 2017, 170: 114–126.e15
- 16 Zhao G C, Wang D Y, Zhang Z, et al. Development of the two-line male sterile rice containing rice blast resistance genes and soft rice gene by molecular marker-assisted selection (in Chinese). *J Shanghai Normal Univ (Nat Sci Ed)*, 2019, 48: 591–596 [赵国超, 王冬翼, 张珍, 等. 分子标记辅助选育含有抗稻瘟病基因和软米基因两系不育系水稻新品系. 上海师范大学学报(自然科学版), 2019, 48: 591–596]
- 17 Jiang H, Feng Y, Bao L, et al. Improving blast resistance of Jin 23B and its hybrid rice by marker-assisted gene pyramiding. *Mol Breed*, 2012, 30: 1679–1688
- 18 Chen K, Zhang Q, Pan X B, et al. Evaluation on effect of resistance improvement of rice blast and brown planthopper for three dominant *Indica* restorer lines (in Chinese). *J Nucl Agric Sci*, 2013, 27: 1069–1080 [陈凯, 张强, 潘晓飏, 等. 3个中籼稻骨干恢复系对稻瘟病和褐飞虱抗性改良效果的评价. 核农学报, 2013, 27: 1069–1080]
- 19 Mackill D J. Inheritance of blast resistance in near-isogenic lines of rice. *Phytopathology*, 1992, 82: 746–749
- 20 Sharma T R, Madhav M S, Singh B K, et al. High-resolution mapping, cloning and molecular characterization of the *Pi-k^h* gene of rice, which confers resistance to *Magnaporthe grisea*. *Mol Genet Genomics*, 2005, 274: 569–578
- 21 Liu G, Lu G, Zeng L, et al. Two broad-spectrum blast resistance genes, *Pi9(t)* and *Pi2(t)*, are physically linked on rice chromosome 6. *Mol Gen Genomics*, 2002, 267: 472–480
- 22 Liu W D, Ruan Z P, Zheng S Q, et al. Resistance of rice major *Pi*-genes to the *Magnaporthe grisea* population in Fujian, China (in Chinese). *Acta Phytopathol Sin*, 2005, 35: 526–531 [刘文德, 阮志平, 郑士琴, 等. 水稻主要抗瘟基因对福建稻瘟菌群体的抗性分析. 植物病理学报, 2005, 35: 526–531]
- 23 Liu Y, Liu B, Zhu X, et al. Fine-mapping and molecular marker development for *Pi56(t)*, a NBS-LRR gene conferring broad-spectrum resistance to *Magnaporthe oryzae* in rice. *Theor Appl Genet*, 2013, 126: 985–998
- 24 Li R H, Xia Y S, Liu S Z, et al. CTAB improved method of DNA extraction in plant (in Chinese). *Res Explor Lab*, 2009, 28: 14–16 [李荣华, 夏岩石, 刘顺枝, 等. 改进的CTAB提取植物DNA方法. 实验室研究与探索, 2009, 28: 14–16]
- 25 Chen Z W, Guan H Z, Wu W R, et al. The screening of molecular markers closely linked to rice blast resistant gene *Pi-1* and their application (in Chinese). *J Fujian Agric For Univ (Nat Sci Ed)*, 2005, 34: 74–77 [陈志伟, 官华忠, 吴为人, 等. 稻瘟病抗性基因 *Pi-1* 连锁SSR标记的筛选和应用. 福建农林大学学报(自然科学版), 2005, 34: 74–77]
- 26 Mao D M, Guan H Z, Wang Z F, et al. Improvement of rice blast resistance of restorer line N175 by marker-assisted selection (in Chinese). *J Fujian Agric For Univ (Nat Sci Ed)*, 2017, 46: 241–246 [毛大梅, 官华忠, 王志赋, 等. 利用分子标记辅助选择技术改良水稻恢复系N175的稻瘟病抗性. 福建农林大学学报(自然科学版), 2017, 46: 241–246]
- 27 Ma W Q, Pei Q L, Liang Y T, et al. Pyramiding the blast resistance gene *Pi9* and the brown planthopper gene *Bph18(t)* to develop restorer lines in rice (*Oryza sativa* L.) (in Chinese). *Mol Plant Breed*, 2014, 12: 1082–1088 [马文清, 裴庆利, 梁云涛, 等. 聚合抗稻瘟病基因 *Pi9* 和抗褐飞虱基因

- Bph18(t)*选育水稻恢复系. 分子植物育种, 2014, 12: 1082–1088]
- 28 Ministry of Agriculture of the People's Republic of China. Technical Regulations for Rice Variety Identification: SSR Marker Method (in Chinese). NY/T 1433-2014. 2014-03-24 [中华人民共和国农业部. 水稻品种鉴定技术规程: SSR标记法. NY/T 1433-2014. 2014-03-24]
 - 29 Read A C, Moscou M J, Zimin A V, et al. Genome assembly and characterization of a complex zBED-NLR gene-containing disease resistance locus in Carolina Gold Select rice with Nanopore sequencing. PLoS Genet, 2020, 16: e1008571
 - 30 Gouda P K, Saikumar S, Varma C, et al. Marker-assisted breeding of and genes imparting resistance to rice blast in PRR78, restorer line of Pusa RH-10 Basmati rice hybrid. Plant Breed, 2013, 132: 61–69
 - 31 Zhu Y J, Fan Y Y, Huang D R, et al. Application of marker-assisted selection in rice breeding (in Chinese). J Nucl Agric Sci, 2012, 26: 756–761 [朱玉君, 樊叶杨, 黄得润, 等. 分子标记辅助选择在水稻育种中的应用. 核农学报, 2012, 26: 756–761]
 - 32 Zhu Y W, Lin Y R, Chen L. Research progress of rice molecular breeding in China (in Chinese). J Xiamen Univ (Nat Sci), 2016, 55: 661–671 [朱义旺, 林雅容, 陈亮. 我国水稻分子育种研究进展. 厦门大学学报(自然科学版), 2016, 55: 661–671]
 - 33 Liu W G, Fu F H, Liu Y B, et al. Improvement of rice blast resistance in TGMS line by pyramiding of *Pi-1* and *Pi-2* through molecular marker-assisted selection (in Chinese). Acta Agron Sin, 2008, 34: 1128–1136 [柳武革, 符福鸿, 刘宜柏, 等. 利用分子标记辅助选择聚合 *Pi-1* 和 *Pi-2* 基因改良两系不育系稻瘟病抗性. 作物学报, 2008, 34: 1128–1136]
 - 34 Guan H Z, Chen Z W, Wang Z H, et al. Molecule breeding of Jinkang 1A, a male sterile line of rice with good quality and blast resistance (in Chinese). J Fujian Agric For Univ (Nat Sci Ed), 2009, 38: 449–455 [官华忠, 陈志伟, 王宗华, 等. 优质抗稻瘟病三系不育系金抗1A的分子选育. 福建农林大学学报(自然科学版), 2009, 38: 449–455]
 - 35 Chen Z W, Guan H Z, Pan M, et al. Breeding of CMS line M20A with good quality and blast resistance in rice (in Chinese). Hybrid Rice, 2016, 31: 10–12 [陈志伟, 官华忠, 潘明, 等. 优质抗稻瘟病水稻三系不育系 M20A 的选育. 杂交水稻, 2016, 31: 10–12]
 - 36 Zhou P, Zheng J T, Tu S H, et al. Breeding a new early maturing hybrid rice variety, Minbiao You 1095 (in Chinese). Fujian J Agric Sci, 2015, 30: 845–849 [周鹏, 郑家团, 涂诗航, 等. 早熟杂交水稻闽标优1095的选育. 福建农业学报, 2015, 30: 845–849]
 - 37 Guan H Z, Mao D M, Xu X M, et al. M You 2155, a new early hybrid rice combination (in Chinese). Hybrid Rice, 2016, 31: 89–90 [官华忠, 毛大梅, 许旭明, 等. 杂交早稻新组合M优2155. 杂交水稻, 2016, 31: 89–90]
 - 38 Parashuram P, Vishalakshi B, Umakanth B, et al. Marker-assisted pyramiding of major blast resistance genes in Swarna-Sub1, an elite rice variety (*Oryza sativa* L.). Euphytica, 2019, 215: 1–11
 - 39 Liu W Q, Fan Y Y, Chen J, et al. Breakdown or avoidance of genetic drag between blast resistance and spikelet fertility based on genotype selection against heading date in rice (in Chinese). Chin J Rice Sci, 2008, 22: 359–364 [刘文强, 樊叶杨, 陈洁, 等. 通过生育期基因型选择避免稻瘟病抗性与结实率的遗传累赘. 中国水稻科学, 2008, 22: 359–364]
 - 40 Xiang X J, Zhang J, Zheng T Q, et al. Improving blast resistance of Jinggeng1 using molecular marker technique (in Chinese). J Plant Genet Res, 2016, 17: 773–780 [向小娇, 张建, 郑天清, 等. 应用分子标记技术改良京作1号的稻瘟病抗性. 植物遗传资源学报, 2016, 17: 773–780]
 - 41 Zhou X, Jiang G, Yang L, et al. Gene diagnosis and targeted breeding for blast-resistant Kongyu 131 without changing regional adaptability. J Genet Genomics, 2018, 45: 539–547
 - 42 Xiao N, Pan C, Li Y, et al. Genomic insight into balancing high yield, good quality, and blast resistance of *japonica* rice. Genome Biol, 2021, 22: 283–305
 - 43 Wu F X, Cai Q H, Zhu Y S, et al. Application of *Indica* restorer line, Minghui 63, for rice hybridization (in Chinese). Fujian J Agric Sci, 2011, 26: 1101–1112 [吴方喜, 蔡秋华, 朱永生, 等. 籼型杂交稻恢复系明恢63的利用与创新. 福建农业学报, 2011, 26: 1101–1112]

Summary for “多基因聚合改良杂交稻恢复系福恢676的稻瘟病抗性”

Blast resistance improvement of hybrid rice restorer line Fuhui 676 by polygene polymerization

Yongsheng Zhu^{1,2}, Qiuhua Cai^{1,2}, Huazhong Guan³, Yidong Wei^{1,2}, Liping Chen^{1,2}, Huaan Xie^{1,2}, Zhiwei Chen^{3*} & Jianfu Zhang^{1,2*}

¹ Rice Research Institute, Fujian Academy of Agricultural Sciences, Fuzhou 350018, China;

² Key Laboratory of Germplasm Innovation and Molecular Breeding of Hybrid Rice for South China, Ministry of Agriculture and Rural/Fuzhou Branch, National Rice Improvement Center of China/Fujian Engineering Laboratory of Crop Molecular Breeding/Fujian Key Laboratory of Rice Molecular Breeding/Incubator of National Key Laboratory of Fujian Germplasm Innovation and Molecular Breeding Between Fujian and Ministry of Sciences & Technology/Base of South-China, National Key Laboratory of Hybrid Rice/National Rice Engineering Laboratory of China, Fuzhou 350003, China;

³ College of Agriculture, Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350007, China

* Corresponding authors, E-mail: czw9216@sina.com; jianfzhang@163.com

Rice is the staple food for more than half of the world's population. The success of hybrid rice in China has made outstanding contributions to global food security. Restorer line is one of the parents of hybrid rice, and its characteristics often determine the quality of a hybrid rice variety. Fuhui 676, as a restorer line parent of hybrid rice with high yield, good combining ability and excellent comprehensive characters, has been tested and bred 18 new hybrid rice varieties, which have passed the variety examination and approval at the provincial level or above. One of the varieties has been identified as a super rice variety by the Ministry of Agriculture and Rural Affairs, which with excellent performance in production. However, with the expansion of the extension area and the extension of time, the combination of the male parent was susceptible to rice blast. Studies have shown that breeding and application of disease-resistant varieties is one of the most economical and effective methods to control diseases. Long-term practice has also proved that aggregating multiple blast resistance genes with different resistance spectra into the same variety is an effective measure to cultivate varieties with durable resistance. Therefore, in order to effectively improve the blast resistance of the restorer line Fuhui 676, extend the application period of the restorer line in production and improve the efficiency of breeding, the cross was made between the high-quality restorer line Jinhui 1059 with three broad-spectrum rice blast resistance genes (*Pi-1*, *Pi-9* and *Pi-k^h*) bred by molecular marker-assisted selection and the susceptible restorer line Fuhui 676. Meanwhile, through the combination of backcross introduction between the restorer line Jinhui 1059 as the donor parent and the restorer line Fuhui 676 as the recurrent parent, molecular marker-assisted selection and identification of rice blast resistance in the field, five stable resistant lines were selected, of which three lines aggregated the rice blast resistance gene *Pi-1*, *Pi-9* and *Pi-k^h* in this study. The comprehensive agronomic traits, quality, and combining ability of these five lines were systematically analyzed and compared, and the resistance to rice blast was identified in the field and in the laboratory. The results showed that compared with the recurrent parent Fuhui 676, the improved lines and their hybrid F₁ with Guang8A, Quan9311A, and Guangzhan63-4S showed significantly enhanced resistance to rice blast. Among them, line 6 performed best in terms of agronomic traits, yield, and quality. The rice quality of the combinations with the three male sterile lines reached the national standard of third-class high-quality rice. In terms of genetic background, compared with the recurrent parents, the genetic background recovery rate of this line was 97.1%, and there was no significant difference in the main agronomic characters of the growth period and plant height with Fuhui 676, but the yield was improved and the quality was improved. In summary, the resistant parent Jinhui 1059 was used in this study to improve the blast resistance of susceptible restorer line Fuhui 676. The improved line 6 retained the excellent characteristics of Fuhui 676, such as high yield, strong resilience and good combining ability. The quality was improved and had a good production application prospect.

rice blast resistance, gene pyramiding, genetic improvement, molecular markers, combining ability

doi: [10.1360/TB-2023-0080](https://doi.org/10.1360/TB-2023-0080)