

---

# 全基因组设计培育高产优质抗病粳稻

作者：writer 来源：爱科学

本文原地址：<https://www.iikx.com/news/progress/16343.html>

*本文仅供学习交流之用，版权归原作者所有，请勿用于商业用途！*

全基因组设计培育高产优质抗病粳稻。近日，江苏里下河地区农业科学研究所李爱宏团队联合中国农业科学院植物保护所宁约瑟团队、扬州大学杨泽峰团队在《基因组生物学》发表研究论文。

该研究收集了我国江苏省、浙江省和山东省等地大面积推广的198份粳稻品种并进行基因组重测序分析，解析了华中地区优良粳稻品种的基因组信息和优势基因位点的遗传学规律；并以此为基础，通过基因组设计育种策略创制了高产、优质和抗病性状聚合的水稻优良品系。

稻瘟菌侵染水稻引起的稻瘟病是影响我国水稻生产最严重的真菌病害，全球气候变化以及极端气候的频发加剧了稻瘟病的发生，严重影响粮食安全。培育抗病品种是稻瘟病防控最为经济、有效和环保的策略，对保障粮食生产、人民需求和安全生产具有重大意义。

产量、品质和稻瘟病抗性是由多基因控制的复杂性状，具有模块化特性，育种实践中在强化某个性状选择的同时往往会导致其他性状分子模块的丢失，造成品种高产不抗病优质不高产的现象普遍存在。因此，如何实现高产优质抗病多性状聚合是分子设计育种亟待解决的关键科学问题。

华中地区是我国最重要的粳稻主产区之一，年粳稻种植面积近300万公顷，对保障我国粮食安全具有重要意义。然而，该区域品种选育的遗传改良规律和有利基因型的利用规律尚不明确。该研究收集了近30年来在江苏、浙江、山东等地大面积推广应用的198份粳稻品种并对其进行重测序分析，首次通过全基因组选择印迹分析和关键性状基因定位解析了华中地区粳稻品种产量、品质和稻瘟病抗性3个主要性状的基因组学基础和遗传规律。基因组水平分析表明千粒重、每穗粒数等关键基因的强化选择是促进该区域粳稻品种产量提高的重要遗传基础。

与此同时，该研究发现近十年选育的高产水稻品种稻米的直连淀粉含量呈现显著下降，稻瘟病抗性水平表现降低的趋势，表明稻米品质和抗稻瘟病性状存在显著的负相关。通过全基因组连锁图谱构建，发现第6染色体Piz基因座感病等位基因连锁（Hap1类型）是制约品种产量品质抗病平衡的关键位点。以此为基础，研究利用基因组设计育种策略，通过核心亲本选择和关键基因累赘连锁打破，最终实现了高产优质抗病新品系的创制。

综上所述，该研究系统挖掘了华中地区粳稻品种改良的育种选择印记，解析了产量品质抗病关键基因在品种选育过程中的遗传学规律，为实现水稻高产优质抗病品种的选育提供了重要理论指导和基因资源。

研究还表明，综合利用基因组学技术手段，解析现代品种改良规律和关键基因/等位基因利用，

---

是实现精准、高效分子设计育种的有效方法，该研究不仅为水稻品种改良奠定了基因组学和遗传学基础，也为玉米、小麦等粮食作物遗传改良规律解析以及设计育种从理论走向实践应用等提供了理论和技术支撑。（来源：中国科学报王方）

相关论文信息：<https://doi.org/10.1186/s13059-021-02488-8>

版权声明：凡本网注明来源：中国科学报、科学网、科学新闻杂志的所有作品，网站转载，请在正文上方注明来源和作者，且不得对内容作实质性改动；微信公众号、头条号等新媒体平台，转载请联系授权。邮箱：shouquan@stimes.cn。

作者：李爱宏等 来源：《基因组生物学》

更多 科学进展 请访问 <https://www.iikx.com/news/progress/>

本文版权归原作者所有，请勿用于商业用途，[爱科学iikx.com](https://www.iikx.com)转发