

付澳秋, 欧旭华, 杨雪丽, 等. 利用分子标记辅助选育不同 *Wx* 与 *ALK* 基因组合的水稻品系 [J]. 华南农业大学学报, 2025, 46(4): 439-449.
FU Aoqiu, OU Xuhua, YANG Xueli, et al. Molecular marker-assisted breeding of rice strains with different combinations of *Wx* and *ALK* genes [J]. Journal of South China Agricultural University, 2025, 46(4): 439-449.

利用分子标记辅助选育不同 *Wx* 与 *ALK* 基因组合的水稻品系

付澳秋¹, 欧旭华¹, 杨雪丽¹, 张思琪¹, 周 华², 郭 涛¹, 杨瑰丽^{1,3}, 刘永柱¹

(1 华南农业大学 国家植物航天育种工程技术研究中心, 广东 广州 510642; 2 中国种子集团有限公司 生命科学技术中心, 湖北 武汉 430070; 3 岭南现代农业科学与技术广东省实验室 茂名分中心, 广东 茂名 525000)

摘要:【目的】*Wx* 和 *ALK* 是影响稻米蒸煮和食味品质的 2 个主效基因, 其不同的基因型组合对稻米食味品质具有不同的效应。利用分子标记辅助选育不同 *Wx* 和 *ALK* 组合以获得具有不同食味品质的水稻株系, 满足人们对稻米口感及用途多元化的需求。【方法】以‘航香丝苗 3 号’为供体亲本, 分别以‘华航特占’和‘航聚香丝苗’为回交亲本, 构建 BC₁F₄ 群体, 结合分子标记筛选不同 *Wx* 和 *ALK* 组合的株系, 分析候选株系的稻米品质性状。【结果】在‘华航特占’回交后代群体中筛选出 3 个候选株系, 其中, 2 个携带 *Wx^bALK^c*, 1 个携带 *Wx^aALK^c*; 在‘航聚香丝苗’回交后代中筛选出 14 个候选株系, 其中, 5 个携带 *Wx^bALK^c*, 9 个携带 *Wx^bALK^b*。与 *Wx^bALK^b* 株系相比, *Wx^bALK^c* 株系具有相近的直链淀粉含量, 但具有更高的胶稠度和崩解值以及较低的消减值, 蒸煮食味口感偏软且弹滑。筛选出的 *Wx^aALK^c* 株系在直链淀粉含量 (ω) 高达 32.2% 时, 还具有很高的胶稠度, 适合米粉加工等特殊用途。【结论】本研究利用分子标记辅助选育了 17 份不同 *Wx* 和 *ALK* 组合的水稻株系, 这些株系具有不同类型的蒸煮食味品质, 同时也具有多种用途, 为未来满足人们对稻米口感及用途多元化需求的水稻新品种的选育提供了有价值的种质资源。

关键词: 蜡质基因; 糊化温度基因; 水稻; 稻米品质; 分子标记辅助选择

中图分类号: S331

文献标志码: A

文章编号: 1001-411X(2025)04-0439-11

Molecular marker-assisted breeding of rice strains with different combinations of *Wx* and *ALK* genes

FU Aoqiu¹, OU Xuhua¹, YANG Xueli¹, ZHANG Siqi¹, ZHOU Hua², GUO Tao¹, YANG Guili^{1,3}, LIU Yongzhu¹

(1 National Engineering Technology Research Center of Plant Space Breeding, South China Agricultural University, Guangzhou 510642, China; 2 Life Science and Technology Center, China Seed Group Co., Ltd., Wuhan 430070, China; 3 Maoming Branch, Guangdong Laboratory for Lingnan Modern Agriculture, Maoming 525000, China)

Abstract: 【Objective】*Wx* and *ALK* are two major genes affecting rice eating and cooking quality, and their allelic combinations have different effects on rice taste quality. The aim of this study was to breed rice strains with different *Wx* and *ALK* allelic combinations using molecular marker-assisted selection, and meet people's

收稿日期: 2024-02-27 网络首发时间: 2025-06-12 11:33:37

首发网址: <https://link.cnki.net/urlid/44.1110.S.20250612.1029.004>

作者简介: 付澳秋, E-mail: faq152561@163.com; 通信作者: 杨瑰丽, 主要从事作物遗传育种研究, E-mail: yanggl@scau.edu.cn; 刘永柱, 主要从事作物遗传育种研究, E-mail: lively@scau.edu.cn

基金项目: 岭南现代农业科学与技术广东省实验室茂名分中心基金 (2022KF003); 上饶市“揭榜挂帅”项目 (2022A002); 崖州湾种子实验室与中国种子集团有限公司联合揭榜挂帅项目 (B23YQ1512, B23CQ15CP)

needs for various tastes and uses. 【Method】 ‘Hang Xiangsimiao 3’ was used as the donor parent, and ‘Huahang Tezhan’ and ‘Hang Juxiangsimiao’ were used as the backcross parents respectively, to construct BC₁F₄ populations. Various *Wx* and *ALK* combinations were screened with molecular markers. Meanwhile, the rice quality traits of the candidate strains were analyzed. 【Result】 Three candidate lines were selected from ‘Huahang Tezhan’ backcross progenies, two of which carried *Wx^bALK^c* and one carried *Wx^aALK^c*. Fourteen candidate lines were selected from ‘Hang Juxiangsimiao’ backcross progenies, five of which carried *Wx^bALK^c* and nine carried *Wx^bALK^b*. Compared with the strains with *Wx^bALK^b*, the strains with *Wx^bALK^c* had similar amylose contents, but higher gel consistency and breakdown viscosity, and lower setback viscosity, which made their tastes soft and smooth. One strain with *Wx^aALK^c* not only had high amylose content (ω) of 32.2% but also high gel consistency, which was suitable for special applications such as rice flour processing. 【Conclusion】 Total seventeen rice strains with different combinations of *Wx* and *ALK* are screened out and bred using molecular markers. These candidate strains have different eating and cooking qualities, and also have multiple uses, providing germplasm resources for breeding of new rice strains which meet people’s diversified needs for various tastes and uses in the future.

Key words: *Wx* gene; *ALK* gene; *Oryza sativa* L.; Rice grain quality; Molecular marker-assisted selection

作为世界上重要的粮食作物，水稻 *Oryza sativa* L. 的高产和高抗特性一直是育种家们关注的焦点。但随着水稻高产栽培技术的革新和人民生活品质的不断提升，人们不再仅仅满足于温饱，稻米品质开始受到越来越多的关注和重视^[1]。稻米品质包括外观品质、加工品质、营养品质和蒸煮食用品质 (Eating and cooking quality, ECQ); 其中, ECQ 是最终影响稻米消费者购买行为的关键因素。聚焦于“优质”“食味”的全国各地优质稻米品鉴活动接连不断，给优质水稻的育种工作提出了更高要求。稻米 ECQ 本身是一个复杂的遗传性状^[2]。ECQ 鉴定参照《粮油检验 稻谷、大米蒸煮食用品质感官评价方法》(GB/T 15682—2008)^[3] 进行，以感官评价为主，受不同人群对稻米食味性偏好因素的影响。例如，北方地区人群喜欢偏软黏稻米和短圆粒粳型水稻；而南方地区人群更青睐粒粒分明、细长粒籼型水稻，不需要太黏，但要有嚼劲。人群及其需求的多元化也对稻米口感多元化提出了新的要求。

对稻米 ECQ 的鉴定大多从理化性质入手，通过侧面分析直链淀粉含量 (Amylose content)、胶稠度 (Gel consistency)、糊化温度 (Gelatinization temperature) 等来评价 ECQ^[4]。稻米快速黏滞分析仪 (Rapid visco analyzer, RVA) 测定的淀粉糊化特性也是稻米食味品质的一个重要指标^[5]；该评价方法通过模拟稻米在蒸煮过程中的变化，确定淀粉的糊化能力和质地，以参数值作为 ECQ 的间接指标，评估大米在蒸煮过程中以及蒸煮后的硬度^[6]。在研究稻米理化性质的同时，育种家也一直在解析

ECQ 性状背后的遗传机制，揭示稻米 ECQ 改良的分子生物学基础。淀粉结构在概念上很简单，但其生物合成是复杂的，涉及多个淀粉合成相关基因。水稻中与淀粉合成相关的基因都可能对稻米 ECQ 产生较大影响^[7-8]。其中，蜡质基因 *Wx* 和糊化温度基因 *ALK* 对稻米食味品质起着至关重要的作用。

Wx 是影响稻米直链淀粉含量的主效基因^[9-10]。*Wx* 基因位于第 6 号染色体，由 14 个外显子和 13 个内含子组成，是调节稻米直链淀粉含量与 ECQ 最重要的基因之一^[11]；其编码颗粒淀粉合成酶 (Granule-bound starch synthase)，直接控制直链淀粉的合成，是水稻直链淀粉含量的主要决定因素，已被广泛研究并应用^[12-13]。现代栽培稻的直链淀粉含量以及稻米品质均存在丰富的自然等位基因变异，目前已鉴定出 10 个不同功能的 *Wx* 等位基因，包括 *Wx^a*、*Wx^b*、*wx*、*Wxⁱⁿ*、*Wx^{op}*、*Wx^{mp}*、*Wx^{mq}*、*Wx^{hp}*、*Wx^{lv}* 和 *Wx^{la}/Wx^{mw}*^[9, 14]。对 *Wx* 基因的深入研究让育种家尝试利用新的生物技术对直链淀粉含量进行微调，从而创造具有更丰富品质类型的水稻种质^[15-16]。

ALK/SS IIa 基因主要负责合成中等长度的支链淀粉，它可以促进淀粉形成有序的结构，从而影响稻米的糊化温度^[5, 17]。*ALK* 位于第 6 号染色体上，包含 8 个外显子和 7 个内含子，在胚乳中高表达^[18]；*ALK* 不同表达水平和不同等位基因类型是籼粳亚种之间支链淀粉结构差异的主要原因^[19]。目前已经报道了 *ALK* 基因的 4 种单倍型，例如在第 8 外显子 733 bp(A/G)、864 bp(G/T) 和 865 bp(C/T) 处变异

产生的单倍型, 包括控制低糊化温度的 *ALK^a*(A-GC) 和 *ALK^b*(G-TT), 及控制高糊化温度的 *ALK^c*(G-GC)^[20], 还有 1 种新报道的 *ALK^d* 是在第 1 外显子 294 bp(G/T) 处变异^[21]。

以上 2 个稻米品质主效基因均位于第 6 号染色体上, 且相距较近, 彼此间不同等位组合对稻米品质也存在不同效应。Xiang 等^[18]考查了 17 个水稻品种 *Wx* 和 *ALK* 等位变异对稻米理化品质的效应, 发现 *Wx^b* 背景下低糊化温度 *ALK^b/ALK^a* 型的直链淀粉含量较低, 胶稠度较低, 品质较好。陈专专等^[22]利用近等基因系材料研究 *Wx* 和 *ALK* 主要等位基因组合对稻米品质的影响, 发现 *Wx* 基因变异主要影响稻米直链淀粉含量和胶稠度, 对糊化温度有一定的影响; *ALK* 基因变异主要影响糊化温度, 对直链淀粉含量无显著影响, 对胶稠度存在微效影响。还有研究表明, *Wx^b/ALK^c* 基因型水稻稻米的胶稠度较高, 质地较软, 不易回生, 支链淀粉链长分布较为特别, 其短链含量低, 而中短链含量和淀粉分支度高, 口感偏软糯, 食味优, 适合口感偏软的北方人群; *Wx^b/ALK^b* 基因型水稻稻米糊化温度适中, 消减值 (Setback viscosity) 较高, 胶稠度适中, 食味优, 适合口感稍微偏硬的南方人群^[23]。最新研究发现, *Wx^b/ALK^b* 基因型组合表现出更高的整精米率, 具有理想的加工品质, 并能同时兼顾较好的口感^[24]。

充分利用 *Wx* 和 *ALK* 主效基因及其等位变异对稻米品质的重要影响, 可以培育不同 ECQ 类型的优质水稻, 满足人们的多元化需求。本研究利用分别携带 *Wx^b/ALK^b*、*Wx^b/ALK^c* 和 *Wx^a/ALK^b* 的 3 个水稻亲本, 构建回交群体, 结合分子标记辅助选择技术选育不同食味品质类型的水稻株系, 为培育满足不同 ECQ 需求的水稻品种奠定材料基础。

1 材料与方法

1.1 供试材料

本研究利用的亲本材料由国家植物航天育种工程技术研究中心选育, 包括 ‘航香丝苗 3 号’ ‘华航特占’ 和 ‘航聚香丝苗’。 ‘航香丝苗 3 号’ 直链淀粉含量适中, 香味浓郁, 米粒细长, ECQ 优良, 但分蘖数较少, 剑叶偏长; ‘华航特占’ 直链淀粉含量高, 食味品质差, 但株型紧凑, 分蘖数较多, 穗齐; ‘航聚香丝苗’ 直链淀粉含量适中, 香味浓郁, 米粒细长, 株型紧凑, 高抗白叶枯病。

1.2 杂交、回交选育策略

2021 年早造, 以 ‘航香丝苗 3 号’ 为供体亲本, 分别与 ‘华航特占’ 和 ‘航聚香丝苗’ 杂交获

得 F₁; 2021 年晚造分别以 ‘华航特占’ 和 ‘航聚香丝苗’ 为回交亲本, 与 F₁ 代杂交得到相应的 BC₁F₁ 代; 后续连续自交至 BC₁F₄。考察农艺性状, 并结合分子标记进行 *Wx* 和 *ALK* 基因型分析。为便于描述, 将 ‘华航特占’ 回交后代统称为 G1, 将 ‘航聚香丝苗’ 回交后代统称为 G2。所有材料均种植于华南农业大学教学科研基地水稻育种试验田, 单株插植, 行株距 20 cm × 20 cm, 尽量保证所有植株的生长条件一致, 正常进行田间肥水管理, 病虫害防控管理均衡。

1.3 DNA 提取、目标基因扩增与分子标记检测

采用磁珠法提取水稻基因组 DNA^[25], 根据 *Wx* 基因第 1 内含子有 (CT)_n 简单重复序列标记, 利用分子标记 RM190^[26] 采用 80 g/L 聚丙烯酰胺凝胶电泳进行分析。由于 CT 重复数不同, 根据条带大小, 即可区分 *Wx^a* 和 *Wx^b*。 *ALK* 基因第 8 外显子 864、865 bp 处存在 G/T、C/T 单碱基位点突变, 参照陈专专^[27] 设计的特异等位 PCR 引物进行扩增, 扩增 PCR 产物用 30 g/L 琼脂糖凝胶电泳进行分析。

1.4 水稻主要农艺性状与稻米理化性质分析

2023 年晚造在籽粒完熟期调查水稻主要农艺性状, 参照《农作物品种区域试验技术规范 水稻》(NY/T 1300—2007)^[28], 考察水稻株高、剑叶长、剑叶宽、单株穗质量、每穗总粒数、每穗实粒数、结实率、精米长宽和千粒质量等农艺性状, 3 次重复。稻谷收获、烘干后放置 3 个月, 参照《米质测定方法》(NY/T 83—2017)^[29] 进行碾磨品质、外观品质、直链淀粉含量、胶稠度和碱消值 (Alkali spreading value) 等理化指标的测定。

1.5 稻米蒸煮食味品质相关性状的测定

RVA 谱是指一定量的米粉和水在快速加热和冷却过程中, 米浆的黏滞性发生一系列变化形成的特征曲线, 淀粉 RVA 谱特征值与稻米 ECQ 密切相关^[30]。使用 RVA-TecMaster(Perten, 瑞典) 进行稻米淀粉黏滞特性的测定, 并采用配套软件 TCW (ThermoCline for Windows) 对数据进行收集和整理。具体如下: 米粉含水量 12%(ω) 时, 称取米粉样品 3.00 g 于测量罐内, 加入 25.00 mL 蒸馏水并安装桨叶; 程序罐内温度在 50 °C 保持 1 min, 然后以 12 °C/min 的速率上升至 95 °C(需 3.75 min), 在 95 °C 保持 2 min, 再以相同速率下降至 50 °C(需 3.75 min), 50 °C 保持 1.4 min; 固定桨叶的搅拌器在初始 10 s 转速为 960 r/min, 然后保持在 160 r/min。在温度上升、稳定、下降最后趋于平稳的变化以及仪器快速旋转产生的剪切力的作用下, 米粉在水中的

黏度发生变化,产生峰值黏度 (Peak viscosity)、热浆黏度 (Hot paste viscosity) 和冷浆黏度 (Cold paste viscosity)。在 3 个黏度的基础上产生二级参数,峰值黏度和热浆黏度的差值为崩解值 (Breakdown viscosity),冷浆黏度与峰值黏度的差值为消减值,冷浆黏度与热浆黏度的差值为回复值 (Consistence viscosity)。另外还有黏度开始增加时对应的糊化温度即成糊温度 (Pasting temperature) 和到达峰值黏度所需时间即峰值时间 (Peak time) 等指标^[31]。以上指标在 RVA 谱中被称为 RVA 谱特征值。

ECQ 的感官评价参照《粮油检验 稻谷、大米蒸煮食用品质感官评价方法》(GB/T 15682—2008)^[3]进行,对比参照样品为‘华航香银针’,蒸煮后由多人品尝,根据评价方法打分并计算平均值。香味鉴定利用 KOH 浸泡法,取 2 g 糙米置于容量为 15 mL 的顶空瓶中,加入 10 mL 1.7% (ω) KOH 溶液加盖密封,于 50 ℃ 烘箱放置 10~15 min,然后开盖闻其气味,确定香味的有无。设置无香和有香参比对照,具体操作参照胡明珠^[32]的方法进行。

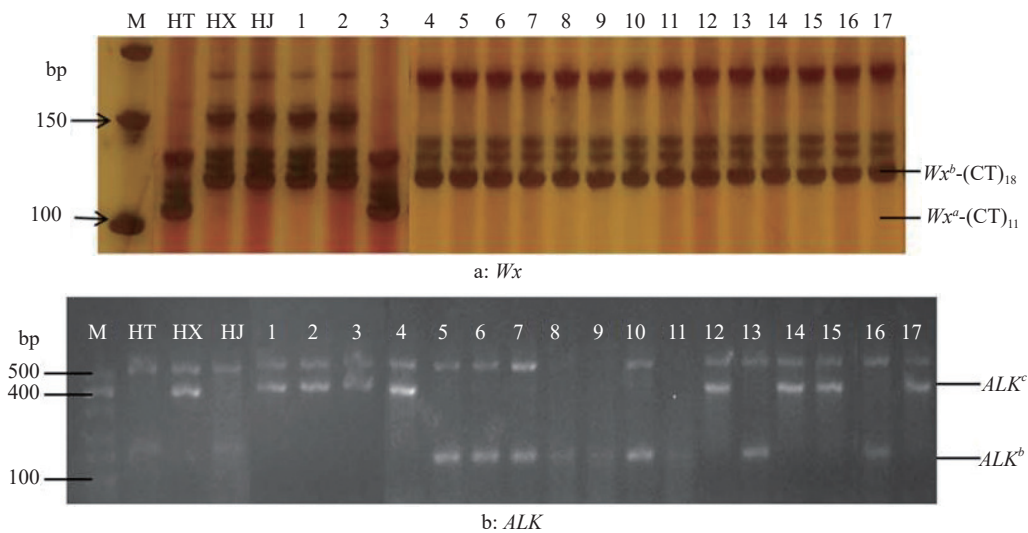
1.6 数据分析

数据分析与处理采用 Excel 2021 和 SPSS 进行,均采用单因素方差分析进行差异显著性检验,表中数据为平均值±标准误。

2 结果与分析

2.1 亲本及回交后代 Wx 与 ALK 基因分型

利用分子标记对亲本及回交后代 BC₁F₄ 进行 Wx 与 ALK 基因分型。供体亲本‘航香丝苗 3 号’为 Wx^bALK^c,受体亲本‘华航特占’为 Wx^aALK^b、‘航聚香丝苗’为 Wx^bALK^b。结合分子标记检测,筛选不同基因型组合的候选株系并进行农艺性状考察,最终在‘华航特占’回交后代群体 G1 中,筛选出 3 个候选株系 (编号:1~3),其中 G1-1 和 2 携带 Wx^bALK^c,G1-3 携带 Wx^aALK^c;‘航聚香丝苗’回交后代 G2 中筛选出 14 个候选株系 (编号:4~17),其中 5 个 (G2-4、12、14、15 和 17) 携带 Wx^bALK^c,9 个 (G2-5、6、7、8、9、10、11、13 和 16) 携带 Wx^bALK^b(图 1)。



M: DNA Marker, HT: 回交亲本 ‘华航特占’, HX: 供体亲本 ‘航香丝苗 3 号’, HJ: 回交亲本 ‘航聚香丝苗’, 1~3: ‘华航特占’ 回交后代, 4~17: ‘航聚香丝苗’ 回交后代。
M: DNA Marker, HT: Backcross parent ‘Huahang Tezhan’, HX: Donor parent ‘Hang Xiangsimiao 3’, HJ: Backcross parent ‘Hang Juxiangsimiao’, 1~3: ‘Huahang Tezhan’ backcross progenies, 4~17: ‘Hang Juxiangsimiao’ backcross progenies.

图 1 亲本及回交后代 Wx 和 ALK 基因分型
Fig. 1 Wx and ALK genotyping of the parents and their backcross progenies

2.2 亲本及回交后代农艺性状调查

‘华航特占’回交后代选育株系的分蘖数均显著高于供体亲本‘航香丝苗 3 号’,与受体亲本‘华航特占’无显著差异;除 G1-3 外,其他材料结实率均显著高于受体亲本,与供体亲本无显著差异;G1-1 单株穗质量达 35.9 g,显著高于双亲;G1-2 粒型细长,与供体亲本粒型相同,千粒质量较高

(表 1)。
‘航聚香丝苗’回交后代中,G2-12 分蘖数最多,且显著高于供体亲本;G2-14 穗最长,达 30.1 cm,其他株系的穗长也高于受体亲本‘航聚香丝苗’;G2-11 和 16 结实率高于其他选育株系,与‘航香丝苗 3 号’无显著差异,同时单株穗质量也较优(表 1)。与供体亲本‘航香丝苗 3 号’相比,所有选育株系的株型均得到较好的改善,株型紧

表 1 亲本及回交后代农艺性状¹⁾
Table 1 Agronomic traits of the parents and their backcross progenies

株系 Strain	株高/cm Plant height	分蘖数 Number of tillers	穗长/cm Panicle length	单株穗质量/g Panicle weight per plant	千粒质量/g Thousand-grain weight	结实率/% Grain setting percentage	株型 Plant-type
HT	109.3±1.3ab	8.0±0.0a	26.2±0.5b	24.9±0.3b	20.9±0.9b	71.0±2.2c	紧凑
HX	105.9±0.9b	4.5±0.5b	29.3±0.8a	24.5±2.2b	24.8±1.0a	88.4±0.5a	分散
G1-1	113.4±3.4a	8.5±0.5a	27.3±0.5b	35.9±2.7a	21.9±0.1b	83.2±0.7ab	紧凑
G1-2	115.5±1.5a	8.0±0.0a	29.3±0.6a	31.5±2.7ab	25.3±0.5a	85.2±0.2a	紧凑
G1-3	110.2±1.9ab	8.5±0.5a	27.7±0.1ab	30.2±1.4ab	20.8±0.5b	74.0±0.8c	紧凑
HJ	111.7±1.4ab	9.5±0.5ab	24.4±0.7d	32.3±1.7ab	19.3±0.5bc	78.4±0.7b	较紧凑
HX	105.9±0.9b	4.5±0.5d	29.3±0.8ab	24.5±2.2bc	24.8±1.0a	88.4±0.5a	分散
G2-4	118.8±1.1ab	8.0±0.0bc	26.7±1.2c	18.2±3.7c	20.1±1.7b	71.9±0.3b	较紧凑
G2-5	121.5±3.5a	9.0±0.0b	27.8±0.0b	30.6±3.9b	20.4±0.6b	63.8±0.9c	紧凑
G2-6	122.3±7.8a	7.5±0.5c	28.0±0.5b	25.8±2.1b	21.2±0.2ab	67.3±1.6bc	紧凑
G2-7	118.5±1.5ab	8.0±1.0bc	28.1±0.1b	29.0±1.8b	20.7±0.1ab	64.8±2.0bc	紧凑
G2-8	114.8±0.3ab	8.0±0.0bc	28.2±0.6b	28.9±4.6b	20.3±0.5b	81.2±0.7ab	紧凑
G2-9	114.3±0.7ab	8.0±0.0bc	27.9±0.2b	34.8±0.2a	18.4±0.4bc	78.7±6.0b	较紧凑
G2-10	114.5±0.5ab	8.0±0.0bc	26.3±0.2c	28.0±0.4b	19.0±0.8bc	67.5±0.7bc	紧凑
G2-11	120.5±0.5a	9.0±0.0b	26.2±0.9c	34.6±1.0a	17.1±0.7c	85.0±0.6a	紧凑
G2-12	116.0±1.0ab	10.0±0.0a	27.5±0.1b	36.9±0.6a	17.8±0.4bc	80.0±1.5ab	紧凑
G2-13	117.8±1.8ab	9.5±0.5ab	26.7±0.3c	31.0±2.6b	18.4±0.6bc	76.8±4.1b	紧凑
G2-14	113.0±1.0ab	9.0±0.0b	30.1±1.0a	32.8±1.6ab	21.5±0.5ab	76.2±0.8b	紧凑
G2-15	106.0±2.0b	9.0±1.0b	27.9±0.5b	26.8±4.6b	18.5±1.7bc	72.5±2.3b	较紧凑
G2-16	121.0±3.0a	8.0±1.0bc	26.9±0.1c	38.3±11.6a	21.7±0.1ab	86.1±1.7a	紧凑
G2-17	122.0±4.0a	7.5±0.5c	27.2±0.6c	19.6±3.7bc	22.5±0.1a	71.2±3.7bc	紧凑

1) HT: 回交亲本‘华航特占’, HX: 供体亲本‘航香丝苗3号’, HJ: 回交亲本‘航聚香丝苗’, G1: ‘华航特占’回交后代, G2: ‘航聚香丝苗’回交后代; 相同亲本及其回交后代数据后的不同小写字母表示株系间在 $P<0.05$ 水平差异显著(单因素方差分析)。
1) HT: Backcross parent ‘Huahang Tezhan’, HX: Donor parent ‘Hang Xiangsimiao 3’, HJ: Backcross parent ‘Hang Juxiangsimiao’, G1: ‘Huahang Tezhan’ backcross progenies, G2: ‘Hang Juxiangsimiao’ backcross progenies; Different lowercase letters after data of the same parents and their backcross progenies indicate significant differences at $P<0.05$ among different strains (One-way ANOVA).

凑, 剑叶挺直, 较好地综合了双亲的优点 (表 1)。

2.3 亲本及回交后代碾磨和外观品质

本研究分析了亲本及其回交后代 BC₁F₄ 株系的碾磨和外观品质 (表 2)。在‘华航特占’回交后代中, G1-1 整精米率约达 50%, 显著高于亲本。在 G2 中, G2-12 的整精米率最高, 达到 34.5%。在‘航聚香丝苗’回交后代中, 各株系垩白粒率 (Chalky rice percentage) 与垩白度 (Chalkiness degree) 均符合《优质稻谷》(GB/T 17891—2017)^[33]

中籼稻一级标准的外观品质要求。

受体亲本‘华航特占’的米粒较供体亲本‘航香丝苗 3 号’短, 同时垩白粒率较高, 其回交后代 G1-3 的垩白粒率和受体亲本无显著差异, 但精米长显著高于受体亲本。‘航聚香丝苗’的米粒细长, 其回交后代米粒均较长。

2.4 亲本及回交后代稻米理化性质

本研究测定了亲本与回交后代 BC₁F₄ 的直链淀粉含量、胶稠度和消减值等理化指标以及

表 2 亲本及回交后代碾磨和外观品质¹⁾

Table 2 Milling and appearance qualities of the parents and their backcross progenies

株系 Strain	精米长/mm Milled rice length	精米宽/mm Milled rice width	精米长宽比 Length-width ratio of milled rice	垩白粒率/% Chalky rice percentage	垩白度/% Chalkiness degree	糙米率/% Brown rice rate	精米率/% Milled rice rate	整精米率/% Head rice rate
HT	7.1±0.0d	1.9±0.0a	3.6±0.1c	26.5±2.5a	9.8±2.2a	75.6±0.9b	61.5±0.0b	31.2±0.4b
HX	8.2±0.0a	1.8±0.0b	4.6±0.0a	5.5±0.5b	1.1±0.2b	78.3±0.1b	59.7±0.3c	23.0±1.4c
G1-1	7.2±0.0c	1.9±0.0a	3.7±0.0c	1.5±0.5b	0.1±0.1b	81.4±0.0a	66.9±0.5a	48.2±1.4a
G1-2	8.2±0.0a	1.7±0.0b	4.8±0.1a	2.5±0.5b	0.5±0.0b	69.5±1.4bc	50.8±0.1c	9.1±0.2d
G1-3	8.0±0.0b	1.8±0.0b	4.5±0.0ab	25.0±1.0a	9.5±2.2a	70.7±0.1b	50.8±0.4c	14.5±0.8c
HJ	7.5±0.0d	1.6±0.0c	4.6±0.0c	0.5±0.5c	0.0±0.0b	74.6±0.2c	57.9±1.0bc	21.3±0.2b
HX	8.2±0.0ab	1.8±0.0a	4.6±0.0c	5.5±0.5a	1.1±0.2a	78.3±0.1a	59.7±0.3b	23.0±1.4ab
G2-4	8.3±0.0a	1.7±0.0b	4.8±0.1a	2.5±1.5bc	0.2±0.1b	75.9±0.5b	56.0±0.3cd	20.5±1.3bc
G2-5	8.1±0.0b	1.7±0.0b	4.8±0.1a	0.5±0.5c	0.1±0.1b	76.1±0.2b	55.0±0.4d	22.8±0.6ab
G2-6	8.2±0.0ab	1.8±0.0a	4.6±0.0c	1.0±0.0bc	0.1±0.0b	77.1±0.0ab	59.2±0.3b	24.4±0.8ab
G2-7	8.1±0.0b	1.7±0.0b	4.7±0.1b	0.5±0.5c	0.0±0.0b	76.8±0.1ab	57.6±0.3bc	22.6±1.8b
G2-8	7.8±0.0c	1.6±0.0c	4.8±0.1a	1.0±0.0bc	0.1±0.1b	76.9±0.3ab	56.5±0.5cd	19.7±0.8bc
G2-9	7.5±0.0d	1.6±0.0c	4.6±0.0c	0.0±0.0d	0.0±0.0b	76.0±0.6b	54.4±0.5d	16.1±0.7d
G2-10	7.6±0.0cd	1.7±0.0b	4.6±0.0c	0.5±0.5c	0.1±0.1b	70.9±0.0d	54.7±0.1d	19.7±0.6bc
G2-11	7.7±0.0cd	1.7±0.0b	4.4±0.1e	0.5±0.5c	0.1±0.1b	78.0±0.2a	61.3±0.1a	28.2±0.1a
G2-12	7.8±0.0c	1.8±0.0a	4.4±0.0e	3.0±0.0b	0.4±0.0b	77.7±0.6ab	61.9±0.2a	34.5±2.8a
G2-13	7.6±0.0cd	1.7±0.0b	4.5±0.0d	0.0±0.0d	0.0±0.0b	76.2±0.5b	57.0±0.1c	23.3±0.3ab
G2-14	8.0±0.0bc	1.8±0.0a	4.5±0.1d	5.0±1.0a	0.9±0.3a	76.2±0.2b	57.8±0.4bc	22.8±0.2ab
G2-15	8.0±0.0b	1.8±0.0a	4.5±0.0d	2.5±0.5bc	0.4±0.3b	71.2±0.1d	54.6±0.6d	15.2±0.2d
G2-16	7.9±0.0bc	1.8±0.0a	4.4±0.0e	1.5±0.5bc	0.2±0.0b	76.5±0.4ab	61.6±1.0a	26.3±1.4a
G2-17	8.3±0.1a	1.8±0.0a	4.6±0.1c	2.0±1.0bc	0.3±0.0b	75.6±0.3b	58.2±0.5bc	17.4±0.3c

1) HT: 回交亲本‘华航特占’, HX: 供体亲本‘航香丝苗3号’, HJ: 回交亲本‘航聚香丝苗’, G1: ‘华航特占’回交后代, G2: ‘航聚香丝苗’回交后代; 相同亲本及其回交后代数据后的不同小写字母表示株系间在 $P<0.05$ 水平差异显著(单因素方差分析)。

1) HT: Backcross parent ‘Huahang Tezhan’, HX: Donor parent ‘Hang Xiangsimiao 3’, HJ: Backcross parent ‘Hang Juxiangsimiao’, G1: ‘Huahang Tezhan’ backcross progenies, G2: ‘Hang Juxiangsimiao’ backcross progenies; Different lowercase letters after data of the same parents and their backcross progenies indicate significant differences at $P<0.05$ among different strains (One-way ANOVA).

RVA 谱特征值(表 3)。3 个亲本中, ‘华航特占’的直链淀粉含量(ω)最高, 29.1%; 胶稠度最低, 25.0 mm; 碱消值最大, 7.0。而‘航香丝苗 3 号’正好相反, 直链淀粉含量最低, 13.4%; 胶稠度最高, 84.3 mm; 碱消值最小, 1.0。‘航聚香丝苗’的理化性状居于‘华航特占’与‘航香丝苗 3 号’之间, 直链淀粉含量 18.3%, 胶稠度 69.7 mm, 碱消值 5.0。在‘华航特占’回交后代中, G1-1 和 2 的直链

淀粉含量相比于‘华航特占’降低, 胶稠度则提高; G1-3 的直链淀粉含量高达 32.2%, 高于‘华航特占’, 其胶稠度也很高, 85.3 mm, 高于‘航香丝苗 3 号’的 84.3 mm。3 个株系的碱消值特性均与供体亲本‘航香丝苗 3 号’一致, 精米无明显糊化, 米粒完整。在‘航聚香丝苗’回交后代中, G2-4 的直链淀粉含量高达 18.7%, G2-8 和 9 的直链淀粉含量最低, 均为 14.2%, 其余均介于‘航聚香丝

表 3 亲本及回交后代理化性质和 RVA 特征值¹⁾

Table 3 Physicochemical properties and RVA profiles of the parents and their backcross progenies

株系 Strain	AC/%	GC/mm	PKV/(mPa·S)	HPV/(mPa·S)	BDV/(mPa·S)	CPV/(mPa·S)	SBV/(mPa·S)	ASV	PaT/℃	香味 Fragrance
HT	29.1	25.0	3 219	2 812	407	4 225	1 006	7.0	74.4	有
HX	13.4	84.3	3 699	1 773	1 926	2 834	−865	1.0	81.4	有
G1-1	16.1	80.0	3 467	1 831	1 636	3 161	−306	1.1	82.3	有
G1-2	16.8	83.3	3 434	1 928	1 506	3 030	−404	1.0	81.4	有
G1-3	32.2	85.3	3 290	2 420	870	4 098	808	1.0	78.3	有
HJ	18.3	69.7	3 274	2 063	1 211	3 337	63	5.0	75.2	有
HX	13.4	84.3	3 699	1 773	1 926	2 834	−865	1.0	81.4	有
G2-4	18.7	94.0	3 801	1 910	1 891	3 129	−672	1.0	81.4	有
G2-5	18.6	57.7	3 196	1 960	1 236	3 267	71	5.3	75.2	有
G2-6	16.3	56.3	2 882	1 742	1 140	2 961	79	5.5	74.4	有
G2-7	16.3	59.3	3 134	1 846	1 288	3 110	−24	6.3	74.4	有
G2-8	14.2	64.7	1 960	1 039	921	2 008	48	5.0	75.2	有
G2-9	14.2	68.3	3 156	1 771	1 385	3 065	−91	5.0	80.6	有
G2-10	15.1	68.7	3 724	2 454	1 270	3 656	−68	5.7	74.4	有
G2-11	16.7	64.3	2 630	1 598	1 032	2 813	183	5.0	74.3	有
G2-12	17.6	94.3	3 134	1 548	1 586	2 712	−422	1.0	80.7	有
G2-13	15.8	64.0	2 183	1 231	952	2 272	89	5.3	75.2	有
G2-14	16.2	95.3	3 439	1 827	1 612	3 042	−397	1.0	80.5	有
G2-15	14.7	79.7	3 754	2 062	1 692	3 294	−460	1.0	81.4	有
G2-16	14.8	63.3	3 241	2 071	1 170	3 306	65	6.5	76.7	有
G2-17	14.9	80.3	2 233	826	1 407	1 620	−613	1.0	81.5	有

1) HT: 回交亲本‘华航特占’, HX: 供体亲本‘航香丝苗3号’, HJ: 回交亲本‘航聚香丝苗’, G1: ‘华航特占’回交后代, G2: ‘航聚香丝苗’回交后代; AC: 直链淀粉含量, GC: 胶稠度, PKV: 峰值黏度, HPV: 热浆黏度, BDV: 崩解值, CPV: 冷浆黏度, SBV: 消减值, ASV: 碱消值, PaT: 成糊温度; 相同亲本及其回交后代数据后的不同小写字母表示株系间在 $P<0.05$ 水平差异显著(单因素方差分析)。

1) HT: Backcross parent ‘Huahang Tezhan’, HX: Donor parent ‘Hang Xiangsimiao 3’, HJ: Backcross parent ‘Hang Juxiangsimiao’, G1: ‘Huahang Tezhan’ backcross progenies, G2: ‘Hang Juxiangsimiao’ backcross progenies; AC: Amylose content, GC: Gel consistency, PKV: Peak viscosity, HPV: Hot paste viscosity, BDV: Breakdown viscosity, CPV: Cool paste viscosity, SBV: Setback viscosity, ASV: Alkali spreading value, PaT: Pasting temperature; Different lowercase letters after data of the same parents and their backcross progenies indicate significant differences at $P<0.05$ among different strains (One-way ANOVA).

苗’和‘航香丝苗3号’之间。G2-4、12和14的胶稠度高于双亲, G2-15和17的胶稠度居于‘航聚香丝苗’和‘航香丝苗3号’之间, 其余株系均与亲本‘航聚香丝苗’相似。同时, G2-4、12、14、15和17的碱消值特性与‘航香丝苗3号’相似, 精米粒在碱液中无明显糊化, 米粒完整; 其余株系(G2-5、6、7、8、9、10、11、13和16)则与‘航聚香丝苗’相似, 精米粒明显糊化, 米粒开裂。

RVA 谱特征值测定结果(表 3)表明, 3 个亲本中, ‘华航特占’崩解值较低, 消减值较高; ‘航香

丝苗3号’与之相反, 崩解值较高, 消减值较低; ‘航聚香丝苗’居中。在‘华航特占’回交后代中, G1-1和2的RVA谱特征值与‘航香丝苗3号’类似; G1-3与‘华航特占’接近, 但是崩解值升高, 消减值降低。在‘航聚香丝苗’回交后代中, 各株系崩解值和消减值的变化幅度较大。糙米的香味检测结果显示, 所有亲本及回交后代均有香味。

2.5 亲本及回交后代蒸煮食味品质的感官评价
本研究对所有亲本及回交后代 BC₁F₄ 的 ECQ

进行了感官评价 (表 4)。“华航特占”米饭偏硬, 口感差, 食味品质最低, 而其回交后代所有株系的食味值均高于亲本“华航特占”, 虽然 G1-3 和亲本“华航特占”的直链淀粉含量均较高, 食味不佳, 但相对而言, G1-3 的米饭比“华航特占”更爽滑弹牙。这可能是 G1-3 与“华航特占”的 Wx^a 基因型均为 Wx^a , 但 G1-3 携带了 ALK^c 基因型的缘故。

在“航聚香丝苗”回交后代中, 与亲本“航聚香丝苗”相比, 只有 G2-8 和 9 的食味值略下降, 其余株系的食味值均高于“航聚香丝苗”, 有的还高于供体亲本“航香丝苗 3 号”。G2-5、15 和 17 米粒细长, 米饭有光泽, 饭粒完整紧密; G2-4 和 12 米饭爽滑, 有嚼劲, 软硬适中; G2-4、14 和 16 米饭咀嚼时有清香和甜味, 有饭味。

表 4 亲本及回交后代蒸煮食味品质感官评价¹⁾
Table 4 Sensory evaluation for eating and cooking qualities of the parents and their backcross progenies

株系 Strain	气味 Smell	外观结构 Appearance structure	适口性 Palatability	滋味 Taste	冷饭质地 Cold rice texture	食味值 Taste value
HT	16.0±0.0d	16.5±0.5b	20.0±0.0b	16.5±0.5d	3.5±0.5a	72.5±0.5d
HX	18.0±0.0ab	17.5±0.5ab	27.5±0.5a	23.5±0.5ab	4.0±0.0a	90.5±0.5ab
G1-1	16.5±0.5c	16.5±0.5b	27.0±0.0a	23.5±0.5ab	4.0±0.0a	86.5±0.5b
G1-2	17.5±0.5b	17.5±0.5ab	27.5±0.5a	22.5±0.5bc	4.0±0.0a	89.0±0.0ab
G1-3	16.0±0.0d	17.5±0.5ab	19.0±0.0b	23.5±0.5ab	3.5±0.5a	79.5±0.5c
HJ	17.0±0.0bc	16.5±0.5b	24.5±0.5c	23.5±0.5ab	4.0±0.0a	85.5±0.5ef
HX	18.0±0.0ab	17.5±0.5ab	27.5±0.5a	23.5±0.5ab	4.0±0.0a	90.5±0.5ab
G2-4	18.5±0.5a	18.0±0.0a	27.5±0.5a	24.0±0.0a	4.5±0.5a	92.5±0.5a
G2-5	16.5±0.5c	17.0±0.0ab	27.0±0.0a	23.5±0.5ab	4.5±0.5a	88.5±0.5c
G2-6	17.5±0.5b	16.5±0.5b	26.0±0.0ab	23.5±0.5ab	4.0±0.0a	87.5±0.5cd
G2-7	17.5±0.5b	17.0±0.0ab	26.5±0.5ab	22.5±0.5bc	4.5±0.5a	88.0±0.0cd
G2-8	17.0±0.0bc	16.5±0.5b	24.5±0.5c	22.5±0.5bc	4.0±0.0a	84.5±0.5f
G2-9	16.5±0.5c	17.0±0.0ab	26.5±0.5ab	21.5±0.5c	3.5±0.5a	85.0±0.0ef
G2-10	18.5±0.5a	17.0±0.0ab	27.5±0.5a	24.0±0.0a	4.0±0.0a	91.0±0.0a
G2-11	17.5±0.5b	17.5±0.5ab	26.5±0.5ab	22.5±0.5bc	4.0±0.0a	88.0±0.0cd
G2-12	18.5±0.5a	18.0±0.0a	27.5±0.5a	23.5±0.5ab	4.0±0.0a	91.5±0.5a
G2-13	18.0±0.0ab	17.0±0.0ab	25.5±0.5bc	23.0±0.0ab	4.0±0.0a	87.5±0.5cd
G2-14	17.5±0.5b	16.5±0.5b	26.5±0.5ab	23.0±0.0ab	4.0±0.0a	87.5±0.5cd
G2-15	17.5±0.5b	17.5±0.5ab	27.5±0.5a	23.5±0.5ab	4.5±0.5a	90.5±0.5ab
G2-16	18.5±0.5a	17.5±0.5ab	27.5±0.5a	23.5±0.5ab	4.5±0.5a	91.5±0.5a
G2-17	17.5±0.5b	17.5±0.5ab	27.5±0.5a	24.0±0.0a	4.0±0.0a	90.5±0.5ab

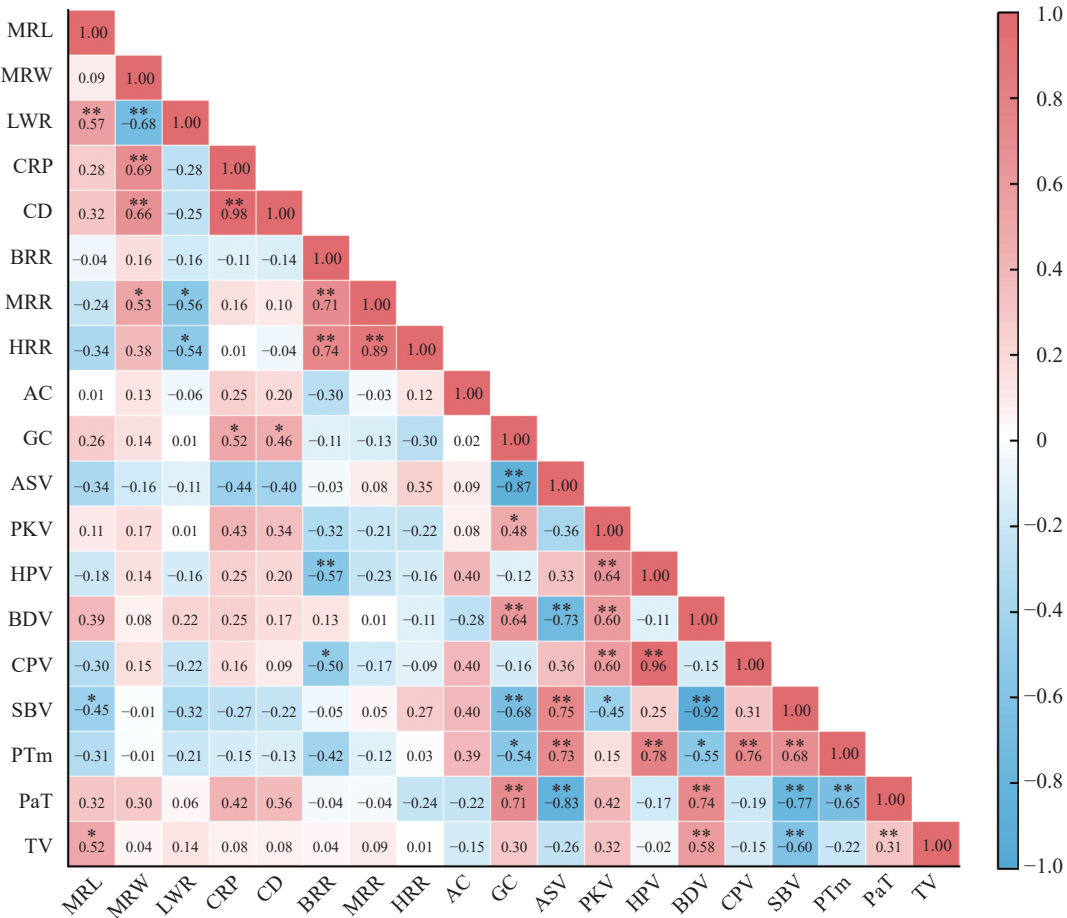
1) HT: 回交亲本“华航特占”, HX: 供体亲本“航香丝苗3号”, HJ: 回交亲本“航聚香丝苗”, G1: “华航特占”回交后代, G2: “航聚香丝苗”回交后代; 相同亲本及其回交后代数据后的不同小写字母表示株系间在 $P<0.05$ 水平差异显著(单因素方差分析)。

1) HT: Backcross parent ‘Huahang Tezhan’, HX: Donor parent ‘Hang Xiangsimiao 3’, HJ: Backcross parent ‘Hang Juxiangsimiao’, G1: ‘Huahang Tezhan’ backcross progenies, G2: ‘Hang Juxiangsimiao’ backcross progenies; Different lowercase letters after data of the same parents and their backcross progenies indicate significant differences at $P<0.05$ among different strains (One-way ANOVA).

2.6 亲本及回交后代稻米品质性状的相关性

稻米品质性状的相关性分析结果 (图 2) 表明, 精米长与消减值呈显著负相关 ($P<0.05$), 与食味值呈显著正相关。精米宽与垩白粒率和垩白度呈极显

著正相关 ($P<0.01$)。胶稠度与垩白粒率、垩白度呈显著正相关, 与 RVA 谱的崩解值、成糊温度呈极显著正相关, 与碱消值、消减值呈极显著负相关。食味值与崩解值呈极显著正相关, 与消减值呈极显著负相关。



MRL: 精米长, MRW: 精米宽, LWR: 精米长宽比, CRP: 垩白粒率, CD: 垩白度, BRR: 糙米率, MRR: 精米率, HRR: 整精米率, AC: 直链淀粉含量, GC: 胶稠度, ASV: 碱消值, PKV: 峰值黏度, HPV: 热浆黏度, BDV: 崩解值, CPV: 冷浆黏度, SBV: 消减值, PTm: 峰值时间, PaT: 成糊温度, TV: 食味值; *和**分别表示在 $P<0.05$ 、 $P<0.01$ 水平显著相关 (Pearson 法)。

MRL: Milled rice length, MRW: Milled rice width, LWR: Length-width ratio of milled rice, CRP: Chalky rice percentage, CD: Chalkiness degree, BRR: Brown rice rate, MRR: Milled rice rate, HRR: Head rice rate, AC: Amylose content, GC: Gel consistency, ASV: Alkali spreading value, PKV: Peak viscosity, HPV: Hot paste viscosity, BDV: Breakdown viscosity, CPV: Cool paste viscosity, SBV: Setback viscosity, PTm: Peak time, PaT: Pasting temperature, TV: Taste value; * and ** indicate significant correlations at $P<0.05$ and $P<0.01$ levels respectively (Pearson method).

图 2 亲本及回交后代稻米品质性状相关性分析

Fig. 2 Correlation analyses of rice quality traits for the parents and their backcross progenies

3 讨论与结论

3.1 不同 *Wx* 和 *ALK* 基因型组合对稻米品质的影响

稻米 ECQ 评价常用的理化指标包括直链淀粉含量、胶稠度和糊化温度等。RVA 谱曲线可以反映淀粉黏滞性与米饭质地之间的密切关系, 因此, 现在经常利用 RVA 谱结合稻米食味的感官评鉴综合评价稻米的食味品质^[34]。有研究认为, *Wx* 基因是控制直链淀粉含量和胶稠度的主效基因, 同时微调糊化温度; 而 *ALK* 是控制糊化温度的主效基因, 同时也影响直链淀粉含量和胶稠度^[35]。Chen 等^[21] 利用近等基因系研究发现, 在高直链淀粉含量的 *Wx^a* 背景下, *ALK^c* 能进一步提高稻米的直链淀粉含量, 在中低直链淀粉含量的 *Wx^b* 背景下, *ALK^c* 会降低稻米的直链淀粉含量; *Wx^b/ALK^c* 型近等基因系稻米的胶

稠度极显著高于 *wx* 和 *Wx^a* 背景下稻米的胶稠度, 高直链淀粉含量的 *Wx^a* 背景下 2 个 *ALK* 近等基因系 (*ALK^b*、*ALK^c*) 稻米的胶稠度都极显著低于其他近等基因系 (*Wx^b*、*wx*)。但本研究发现, 同为高直链淀粉含量的 *Wx^a* 背景, *Wx^aALK^c* 型的直链淀粉含量确实比 *Wx^aALK^b* 型更高, 但胶稠度也显著增高。同时, 以往研究认为, 直链淀粉含量与胶稠度成反比^[27, 36], 但本研究结果与该结论相反, *Wx^aALK^c* 型的直链淀粉含量高, 胶稠度也很高。由于糊化温度较高, *ALK^c* 型稻米的胶稠度高于其他糊化温度较低的材料^[27], 因此本研究也进一步验证得出, *ALK* 是控制糊化温度的主效基因, 但同时也较大程度影响胶稠度, 微效影响直链淀粉含量。

稻米 ECQ 影响人们的购买意愿, 优质稻米不仅需要具备良好的外观品质, 同时还要具备良好的 ECQ, 如适口性好、有清香、饭粒完整、洁白有光

泽、软而有弹性、不黏结、冷后不硬不回生等特点^[1]。稻米 ECQ 是复杂的遗传性状,受多种因素影响。由于精米中 80% 的物质由淀粉组成,因此淀粉的结构与质地对食味品质起着重要影响。直链淀粉含量高的材料,煮出的米饭硬,食味品质差,这一结论不容置疑。但是当直链淀粉含量适中时,各材料的食味品质如何评价,是亟待面临的问题。本研究发现 Wx^bALK^b 型和 Wx^bALK^c 型的直链淀粉含量相似,但是胶稠度、RVA 谱的崩解值和消减值表现出较大差异;最终 2 种类型的食味值虽然无显著差异,但是 Wx^bALK^c 型中具较高食味分值的材料相对更多。

3.2 分子标记辅助选择可提高不同用途水稻的选育效率

相比于其他性状育种,稻米品质育种具有一定滞后性,即需要等稻谷收获后进行相关的指标分析才能对稻米品质进行评价和筛选。 Wx 和 ALK 作为影响稻米品质的 2 个主效基因,其不同组合对稻米品质的效应不同,且两基因在第 6 号染色体上毗邻,存在一定的连锁关系。分子标记辅助选择技术为多基因组合的筛选提供了极大的便利。刘巧泉等^[37]利用分子标记辅助选择技术改良‘特青’及其杂交稻米的 ECQ,认为分子标记辅助选择技术是一种非常有效的育种辅助手段。Bao 等^[38]利用分子标记辅助选择技术进行 ALK 基因型筛选, ALK 基因第 8 外显子 864 bp(G/T) 和 865 bp(C/T) 处单碱基位点的突变会引起糊化温度的改变,可以设计四引物 PCR 进行扩增。刘凯等^[39]利用分子标记辅助选择技术聚合水稻抗稻瘟病基因,培育出抗病性强、米质优、产量高的新株系。本研究以高直链淀粉含量、低糊化温度的材料‘华航特占’为受体亲本,以低直链淀粉含量、高糊化温度的‘航香丝苗 3 号’为供体亲本,采用 Wx 基因微卫星标记 RM190 和 ALK 的等位基因特异性 PCR 进行筛选,经过回交 1 代和连续自交,筛选出 3 个候选株系,分蘖数、结实率等性状相比于亲本均有提升。其中,2 个株系(G1-1 和 2)的 ECQ 相比于其受体亲本‘华航特占’显著提升;另外 1 个株系(G1-3)的 Wx 基因型与‘华航特占’相同,为高直链淀粉含量 Wx^a 型,但胶稠度与其差异明显。胡培松院士培育的‘中嘉早 17’经农业部 2006—2007 年米质检测,直链淀粉含量 26.8%,胶稠度 83 mm,这种类型的材料用作加工米粉非常适合^[40];本研究选育的 G1-3 可用于该特殊用途。针对本研究的另一个回交群体中,也利用分子标记筛选出不同 Wx 和

ALK 组合的若干候选株系,这些株系的 ECQ 呈现出多种特征,为未来满足人们对稻米的不同口感需求提供了材料基础。分子标记辅助筛选技术提升了目标性状筛选的成功率和效率,尤其适合多个主效基因的大规模综合筛选。

3.3 结论

本研究利用分子标记辅助选育了 17 份不同 Wx 和 ALK 组合的水稻株系。在‘华航特占’回交后代群体中筛选出 3 个候选株系,其中 2 个携带 Wx^bALK^c , 1 个携带 Wx^aALK^c ;在‘航聚香丝苗’回交后代中筛选出 14 个候选株系,其中 5 个携带 Wx^bALK^c , 9 个携带 Wx^bALK^b 。与 Wx^bALK^b 株系相比, Wx^bALK^c 株系具有相近的直链淀粉含量,但具有更高的胶稠度和崩解值以及较低的消减值,蒸煮食味口感偏软且弹滑。筛选出的 Wx^aALK^c 株系(G1-3)在直链淀粉含量高达 32.2% 的同时,还具有很高的胶稠度,该特性适合米粉加工等特殊用途。本研究选育的株系具有不同的 ECQ,具有多种用途,为未来满足人们对稻米口感及用途多元化需求的水稻新品种的选育提供了有价值的种质资源。

参考文献:

[1] 李一博, 赵雷. 水稻品质性状的遗传改良及其关键科学问题[J]. 生命科学, 2016, 28(10): 1168-1179.

[2] MACKON G C J D E, MACKON E, MA Y, et al. Development of the PARMS markers of the waxy gene and utilization in discriminating wild accessions, and cultivated rice (*Oryza sativa* L.) with different eating and cooking quality[J]. *Agronomy*, 2022, 12(6): 1294. doi: 10.3390/agronomy12061294.

[3] 全国粮油标准化技术委员会. 粮油检验 稻谷、大米蒸煮食用品质感官评价方法: GB/T 15682—2008[S]. 北京: 中国标准出版社, 2008.

[4] 张昌泉, 赵冬生, 李钱峰, 等. 稻米品质性状基因的克隆与功能研究进展[J]. *中国农业科学*, 2016, 49(22): 4265-4283.

[5] 高振宇. 水稻稻米糊化温度控制基因: *alk* 基因的精细定位[D]. 北京: 中国农业科学院, 2003.

[6] 何秀英, 程永盛, 刘志霞, 等. 国标优质籼稻的稻米品质与淀粉 RVA 谱特征研究[J]. *华南农业大学学报*, 2015, 36(3): 37-44.

[7] ZHOU W, YANG J, HONG Y, et al. Impact of amylose content on starch physicochemical properties in transgenic sweet potato[J]. *Carbohydrate Polymers*, 2015, 122: 417-427.

[8] HORI K, SUZUKI K, ISHIKAWA H, et al. Genomic regions involved in differences in eating and cooking quality other than *Wx* and *Alk* genes between *indica* and *japonica* rice cultivars[J]. *Rice*, 2021, 14(1): 8. doi: 10.1186/s12284-020-00447-8.

[9] 曾瑞珍, 张泽民, 何风华, 等. 水稻 Wx 复等位基因的鉴

定及单片段代换系的建立[J]. *中国水稻科学*, 2005, 19(6): 495-500.

[10] ZHANG C, ZHU J, CHEN S, et al. *Wx^{lv}*, the ancestral allele of rice *Waxy* gene[J]. *Molecular Plant*, 2019, 12(8): 1157-1166.

[11] HUANG L, GU Z, CHEN Z, et al. Improving rice eating and cooking quality by coordinated expression of the major starch synthesis-related genes, *SSII* and *Wx*, in endosperm[J]. *Plant Molecular Biology*, 2021, 106(4/5): 419-432.

[12] BLIGH H F J, TILL R I, JONES C A. A microsatellite sequence closely linked to the *Waxy* gene of *Oryza sativa*[J]. *Euphytica*, 1995, 86(2): 83-85.

[13] 杨勇, 陆彦, 郭淑青, 等. 籼稻背景下导入 *Wx^m* 等位基因改良稻米食味和理化品质[J]. *作物学报*, 2019, 45(11): 1628-1637.

[14] 姚妹, 张亚东, 刘燕清, 等. 水稻 *Wx^{mp}* 背景下 *SSIIa* 和 *SSIIIa* 等位变异及其互作对蒸煮食味品质的影响[J]. *作物学报*, 2020, 46(11): 1690-1702.

[15] HUANG L, LI Q, ZHANG C, et al. Creating novel *Wx* alleles with fine-tuned amylose levels and improved grain quality in rice by promoter editing using CRISPR/Cas9 system[J]. *Plant Biotechnology Journal*, 2020, 18(11): 2164-2166.

[16] ZENG D, LIU T, MA X, et al. Quantitative regulation of *Waxy* expression by CRISPR/Cas9-based promoter and 5'UTR-intron editing improves grain quality in rice[J]. *Plant Biotechnology Journal*, 2020, 18(12): 2385-2387.

[17] BAO J, BERGMAN C. The functionality of rice starch[M]//*Starch in Food*. Amsterdam: Elsevier, 2004: 258-294.

[18] XIANG X, KANG C, XU S, et al. Combined effects of *Wx* and *SSIIa* haplotypes on rice starch physicochemical properties[J]. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 2017, 97(4): 1229-1234.

[19] UMEMOTO T, HORIBATA T, AOKI N, et al. Effects of variations in starch synthase on starch properties and eating quality of rice[J]. *Plant Production Science*, 2008, 11(4): 472-480.

[20] ZHANG S, FU A, GUO M, et al. Effect and identification of different allele combinations of *SSIIa* and *Wx* on rice eating and cooking quality[J]. *Euphytica*, 2024, 220(4): 63. doi: 10.1007/s10681-024-03329-y.

[21] CHEN Z, LU Y, FENG L, et al. Genetic dissection and functional differentiation of *ALK^a* and *ALK^b*, two natural alleles of the *ALK/SSIIa* gene, responding to low gelatinization temperature in rice[J]. *Rice*, 2020, 13(1): 39. doi: 10.1186/s12284-020-00393-5.

[22] 陈专专, 杨勇, 冯琳皓, 等. *Wx* 与 *ALK* 主要等位基因不同组合对稻米品质的影响[J]. *中国水稻科学*, 2020, 34(3): 228-236.

[23] 李津璇. 丝苗米品质特性及淀粉合成主效基因多态性分析[D]. 广州: 华南农业大学, 2023.

[24] ZHU M, LIU Y, JIAO G, et al. The elite eating quality alleles *Wx^b* and *ALK^b* are regulated by OsDOF18 and coordinately improve head rice yield[J]. *Plant Biotechnology Journal*, 2024, 22(6): 1582-1595.

[25] CHEN L, GAO W, GUO T, et al. A genotyping platform assembled with high-throughput DNA extraction, codominant functional markers, and automated CE system to accelerate marker-assisted improvement of rice[J]. *Molecular Breeding*, 2016, 36(9): 123. doi: 10.1007/s11032-016-0547-y.

[26] AYRES N M, MCCLUNG A M, LARKIN P D, et al. Microsatellites and a single-nucleotide polymorphism differentiate apparent amylose classes in an extended pedigree of US rice germ plasm[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 1997, 94: 773-781.

[27] 陈专专. 水稻 *ALK* 和 *Wx* 不同等位基因组合的品质效应及其对高温的响应[D]. 扬州: 扬州大学, 2021.

[28] 中华人民共和国农业农村部. 农作物品种区域试验技术规范 水稻: NY/T 1300—2007[S]. 北京: 中国农业出版社, 2007.

[29] 中华人民共和国农业农村部农产品加工标准化技术委员会. 米质测定方法: NY/T 83—2017[S]. 北京: 中国农业出版社, 2017.

[30] 闫影, 张丽霞, 万常照, 等. 稻米淀粉 RVA 谱特征值及理化指标与食味值的相关性[J]. *植物生理学报*, 2016, 52(12): 1884-1890.

[31] 张睿, 邱翔. 稻米淀粉 RVA 谱在水稻优质米育种上的应用[J]. *北方水稻*, 2014, 44(5): 72-75.

[32] 胡明珠. 香稻种质资源筛选及 *Badh2* 等位变异分析[D]. 广州: 华南农业大学, 2021.

[33] 全国粮油标准化技术委员会. 优质稻谷: GB/T 17891—2017[S]. 北京: 中国农业出版社, 2018.

[34] 贾良, 丁雪云, 王平荣, 等. 稻米淀粉 RVA 谱特征及其与理化品质性状相关性的研究[J]. *作物学报*, 2008, 34(5): 790-794.

[35] TIAN Z, QIAN Q, LIU Q, et al. Allelic diversities in rice starch biosynthesis lead to a diverse array of rice eating and cooking qualities[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2009, 106(51): 21760-21765.

[36] ZHANG Y, ZHAO J, HU Y, et al. Combined effects of different alleles of *FLO2*, *Wx* and *SSIIa* on the cooking and eating quality of rice[J]. *Plants*, 2022, 11(17): 2249. doi: 10.3390/plants11172249.

[37] 刘巧泉, 蔡秀玲, 李钱峰, 等. 分子标记辅助选择改良特青及其杂交稻米的蒸煮与食味品质[J]. *作物学报*, 2006, 32(1): 64-69.

[38] BAO J S, CORKE H, SUN M. Nucleotide diversity in starch synthase IIa and validation of single nucleotide polymorphisms in relation to starch gelatinization temperature and other physicochemical properties in rice (*Oryza sativa* L.)[J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2006, 113(7): 1171-1183.

[39] 刘凯, 宛柏杰, 赵绍路, 等. 利用分子标记辅助选择聚合水稻 *Pi-ta*, *Pi-b* 和 *Pi-9* 基因[J]. *西南农业学报*, 2021, 34(5): 926-931.

[40] 罗炬, 杨尧城, 唐绍清, 等. 超高产早稻新品种中嘉早 17 的选育及栽培技术[J]. *中国稻米*, 2009, 15(6): 50-51.