

毛攀, 顾雯霏, 周泽旭, 等. 64份水稻种质资源产量与品质性状的综合评价及香味基因的分子标记分析[J]. 江苏农业学报, 2026, 42(7): 1297-1304.

doi: 10.3969/j.issn.1000-4440.2026.07.001

64份水稻种质资源产量与品质性状的综合评价及香味基因的分子标记分析

毛攀, 顾雯霏, 周泽旭, 赵欣, 朱金燕, 胡金龙

(扬州大学江苏省作物栽培生理重点实验室/江苏省作物遗传生理国家重点实验室/江苏省粮食作物现代产业技术协同创新中心/水稻产业工程技术研究院, 江苏 扬州 225009)

摘要: 本研究以64份携带*OsBadh2-E2*、*Wx^{mp}*以及*Pita*优良等位基因型的软米种质资源作为试验材料, 系统测定了糙米率、精米率、垩白粒率、垩白度、结实率、千粒质量、粒长、粒宽及食味值等9个产量与品质性状指标。并通过相关性分析、主成分分析和隶属函数综合评价对产量与品质性状进行分析。结果表明, 综合得分排名前三的种质资源为武科粳1136、常粳21-10和镇稻668。利用分子标记检测技术对供试种质的*OsODC-HapH*和*OsWRKY19-HapH*基因型进行鉴定, 结果显示, 携带*OsODC-HapH*基因型的种质资源为苏1806、223645、宁HF14、JA2306、216178、迁粳21194、南粳13091、南粳14044。共63份种质资源为*OsWRKY19-HapH*基因型。本研究为江苏省香软米分子标记辅助选择育种及水稻品质改良提供了重要的种质资源和分子标记。

关键词: 水稻; 综合评价; 香味基因; 分子标记

中图分类号: S511 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-4440(2026)07-1297-08

Comprehensive evaluation of yield and quality traits and molecular marker analysis of fragrance genes in 64 rice germplasm resources

MAO Pan, GU Wenfei, ZHOU Zexu, ZHAO Xin, ZHU Jinyan, HU Jinlong

(*Jiangsu Key Laboratory of Crop Cultivation and Physiology/Jiangsu State Key Laboratory of Crop Genetics and Physiology/Collaborative Innovation Center for Modern Industrial Technology of Grain Crops in Jiangsu/Research Institute of Rice Industrial Engineering Technology, Yangzhou University, Yangzhou 225009, China*)

Abstract: In this study, 64 soft rice germplasm resources carrying the elite alleles *OsBadh2-E2*, *Wx^{mp}* and *Pita* were used as experimental materials. Nine yield and quality traits were systematically measured, including brown rice rate, milled rice rate, chalky grain rate, chalkiness degree, seed setting rate, 1 000-grain weight, grain length, grain width and taste value. Yield and quality traits were analyzed using correlation analysis, principal component analysis and comprehensive evaluation with membership function method. The results showed that the top three germplasm resources in comprehensive score were Wukeying 1136, Changjing 21-10 and Zhendao 668. Genotypes of *OsODC-HapH* and *OsWRKY19-HapH* in the tested germplasm were identified by molecular marker detection. The results indicated that the germplasm resources carrying the *OsODC-HapH* genotype were Su 1806, 223645, Ning HF14, JA2306, 216178, Qianjing 21194, Nanjing 13091

and Nanjing 14044. A total of 63 germplasm resources were of the *OsWRKY19-HapH* genotype. This study provides important germplasm resources and molecular markers for molecular marker-assisted selection breeding and rice quality improvement of aromatic soft rice in Jiangsu province.

收稿日期: 2025-09-20

基金项目: 中国博士后科学基金资助项目(2021M702767); 江苏省种业振兴揭榜挂帅项目(JBGS[2021]036)

作者简介: 毛攀(2001-), 男, 陕西西安人, 硕士研究生, 研究方向为水稻遗传育种。(E-mail) m18729545523@163.com

通讯作者: 胡金龙, (E-mail) hujinlong@yzu.edu.cn

Key words: rice; comprehensive evaluation; fragrance genes; molecular markers

水稻是保障中国粮食安全的主要作物^[1]。随着人们生活水平的提高和饮食观念的转变,对稻米的品质要求也不断提升^[2]。稻米品质作为消费者选择的核心要素,其评价体系涵盖加工品质(如糙米率、精米率)、外观品质(如垩白度、长宽比)、蒸煮食味品质及营养品质等多个维度^[3-4]。

在众多评价指标中,蒸煮食味品质直接决定了消费者的接受度。香稻凭借其自身独特的香味,能显著提升米饭的食味体验,因此在市场上备受大众喜爱,成为高品质育种的重要方向。已有研究结果表明,香稻挥发的香味成分主要是 2-乙酰-1-吡咯啉(2-AP)^[5]。研究发现,*OsBadh2* 基因突变导致香稻中 2-AP 的积累,该基因位于 8 号染色体上,编码甜菜碱醛脱氢酶。当 *OsBadh2* 基因发生突变或者被敲除,*Badh2* 蛋白功能丧失,进而促使植株积累更多的香味物质 2-AP^[6]。Yang 等^[7]发现,编码鸟氨酸脱羧酶的 *OsODC* 基因编码区序列中存在独特的 22 bp 碱基缺失,导致 2-AP 含量增加,同时敲除 *OsBadh2* 基因和 *OsODC* 基因可提升水稻的香味。Li 等^[8]基于 204 份水稻种质资源的挥发性代谢物组学数据,利用全基因组关联分析(GWAS)方法鉴定到 2 个调控水稻香味的关键转录因子 *OsWRKY19* 和 *OsNAC021*。*OsWRKY19* 基因 3'UTR 非翻译区的单碱基替换(A-T)可提高稻米中的 2-AP 含量。*OsNAC021* 基因编码区的 3 个碱基(CCC)插入能够增加稻米中的脂肪酸衍生类挥发物含量。

然而,目前江苏主栽(或选育)水稻种质资源中香味等位基因的分布情况及其与产量、品质性状的关联尚不明确。本研究拟以 64 份水稻种质资源为试验材料,通过测定加工品质与外观品质的 9 个指标,结合相关性分析和主成分分析,筛选出适宜江苏地区种植的优质丰产香型水稻品种,以期优异香稻种质的育种研究提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

选用含有香味合成基因 *OsBadh2-E2*、直链淀粉合成基因 *Wx^{mp}* 和抗稻瘟病基因 *Pita* 的水稻种质资源,包括 W087、武香粳 196、金香玉 1 号、常香粳 206、华粳 0236、南粳 789、徽软香 1 号、南粳 68、常粳

20-6、扬粳 9299、23 年江苏省迟中预 14、23 年省迟中预 70、23 年省迟中预 90、宁 HF14、武香粳 9127、南粳 03065、南粳 02049、02021、苏 1806-2、武科粳 1013、南粳 13058、24 年中中区 04、24 年晚早生 05、24 年迟中生 01、莹香 1 号、武香粳 196、22 年迟中区 04、22 年迟中区 05、216178、223645、南粳 9208、沪香软 450、南粳 14044、南粳 12031、宁 20832、宝煌 1602、华粳 1508、迁粳 21194、武科粳 1136、越 151、苏 1806、宁 21609、常粳 20-62、锡粳 2317、泗稻 17-425、镇稻 668、常粳 21-18、南粳 12055、中江粳 1392、24 年早晚生 04、24 年早晚区 03、武香粳 9127、武粳 2203、泰粳 193、常粳 21-5、JA2306、南粳 13091、华粳 0236、扬农粳 3084、南粳 72、焦粳 1092、软玉中科、常粳 21-10、苏 3625。

1.2 稻米产量和品质指标测定方法

1.2.1 加工品质指标测定方法 称取 150 g 稻谷,使用砻谷机(型号 SY88-TH,秋山科技公司产品)脱壳获得糙米,挑出未脱壳稻谷。将糙米放入精米机(型号 LTJM-2099,上海精密仪器仪表公司产品)中碾去米糠,得到精米。糙米率和精米率计算公式如下:

$$\text{糙米率} = \text{糙米质量} / \text{试样谷质量} \times 100\%$$

$$\text{精米率} = \text{精米质量} / \text{试样谷质量} \times 100\%$$

1.2.2 产量指标测定方法 于成熟期,收取水稻的五个主茎穗,室内脱粒,使用种子表型分析仪(型号 TS-G,杭州尚晟仪器公司产品)统计每穗总粒数、实粒数、实粒质量、粒长、粒宽。结实率和千粒质量计算公式如下:

$$\text{结实率} = \text{每穗实粒数} / \text{每穗总粒数} \times 100\%$$

$$\text{千粒质量(g)} = \text{实粒质量} / \text{实粒数} \times 1\,000$$

1.2.3 外观品质和食味品质指标测定方法 稻米垩白度、垩白粒率及食味值的测定参照国家标准《优质稻谷》(GB/T 17891-2017)执行。

1.3 数据分析

利用 R 语言计算各性状的均值($\bar{x}_i$)、标准差(s)和变异系数(CV)。通过 mean 函数和 sd 函数,分别对各性状的分布特征进行量化。基于各性状的均值和标准差,将水稻品种的品质性状划分为 10 个等级,划分区间为: $x_i < x - 2s$, $x - 2s \leq x_i < x - 1.5s$, ..., $x_i \geq \bar{x} + 2s$,每 0.5 个标准差为一个等级。通过 cut 函数实现性状的等级划分,并统计每个等级的分布频

率(P_{ij})。利用 Shannon-Weaver 多样性指数(I)评估各性状的遗传多样性。计算公式为:

$$I = -\sum [P_{ij} \cdot \ln(P_{ij})]$$

式中, P_{ij} 为第 i 个性状第 j 个等级的分布频率。

通过 R 语言中的 dplyr 包对频率数据进行处理,并计算多样性指数。利用 cor 函数、PCA 函数分别进行相关性分析和主成分分析。为综合评估水稻品种的品质,采用隶属函数对各性状数据进行标准化处理。对于与稻米品质呈正相关的性状,隶属度计算公式为:

$$\mu(x_i) = (x_i - x_{\min}) / (x_{\max} - x_{\min})$$

对于与稻米品质呈负相关的性状,隶属度计算公式为:

$$1 - \mu(x_i) = (x_i - x_{\min}) / (x_{\max} - x_{\min})$$

式中, x_i 为第 i 个综合指标的值, $x_{\min}$ 为第 i 个综合指标的最小值, $x_{\max}$ 为第 i 个指标的最大值。

表 1 分子标记引物序列

Table 1 Primer sequences of molecular markers

基因	引物	引物序列(5'→3')
<i>OsODC-HapH</i>	<i>ODC_indel22_1F</i>	TTGCACTTGACGGCGTAGTA
	<i>ODC_indel22_1R</i>	GTCGAGACGTTACCGGACTC
<i>OsWRKY19-HapH</i>	<i>OsWRKY19-KASP-Ra</i>	GAAGGTGACCAAGTTCATGCTAACTTTCCTATACACATAAACTCCTAAAA
	<i>OsWRKY19-KASP-Rt</i>	GAAGGTGCGGACTCAACGGATTAACTTTCCTATACACATAAACTCCTAAAT
	<i>OsWRKY19-KASP-F</i>	GGCTGTGTTTACTTCCTGAAATTT

2 结果与分析

2.1 64 份水稻种质资源产量和品质性状的遗传多样性和相关性分析

如表 2 所示,变异系数最大的性状为垩白度,变

使用 scale 函数实现数据的标准化,并用于后续的综合评价^[9-10]。

1.4 分子标记的开发

供试水稻种质资源种植于扬州大学农学院试验田,采用十六烷基三甲基溴化铵(CTAB)法^[11-12]提取叶片 DNA。基于水稻变异图谱网站(<https://rice-varmap.ncpgr.cn/>)查询 *OsODC-HapH* 和 *OsWRKY19-HapH* 基因型的功能变异位点,其编号分别为 *vg0216640941* 和 *vg0528473372*。针对 *vg0216640941* 位点的 22 bp 缺失,利用 Primer premier 5 软件设计 InDel 分子标记。针对 *vg0528473372* 位点的单碱基替换,利用 SNPway 网站(<http://www.snpway.com/>)的 PARMS 标记引物开发工具设计 KASP 标记引物。引物序列如表 1 所示。

异系数最小的性状为粒宽。遗传多样性指数最大的性状为食味值,遗传多样性指数最小的性状为糙米率。总体来看,64 份水稻种质资源的加工品质性状、外观品质性状和食味品质性状遗传多样性丰富,各性状之间的差异较大。

表 2 64 份水稻种质资源产量和品质性状的遗传多样性分析

Table 2 Genetic diversity analysis of yield and quality traits in 64 rice germplasm resources

性状	平均值	最大值	最小值	性状	变异系数(%)	遗传多样性指数
糙米率(%)	81.23±3.72	85.12	55.53	糙米率	4.62	1.25
精米率(%)	61.73±4.55	68.40	47.71	精米率	7.44	1.93
垩白粒率(%)	49.02±16.67	83.61	9.23	垩白粒率	34.28	2.01
垩白度(%)	19.32±8.77	45.58	2.61	垩白度	45.77	1.99
结实率(%)	87.92±5.36	96.41	68.85	结实率	6.15	1.90
千粒质量(g)	22.39±1.80	28.35	19.33	千粒质量	8.04	1.94
粒长(mm)	7.07±0.32	7.98	6.25	粒长	4.47	2.04
粒宽(mm)	3.17±0.12	3.41	2.79	粒宽	3.89	2.02
食味值(分)	70.23±5.79	89.00	58.00	食味值	8.24	2.05

如表 3 所示,糙米率与精米率呈极显著正相关 ($P<0.01$),与粒宽呈显著负相关 ($P<0.05$)。精米率与垩白度、垩白粒率呈极显著负相关 ($P<0.01$)。垩白度与垩白粒率呈极显著正相关 ($P<0.01$)。结

实率与千粒质量呈显著正相关 ($P<0.05$)。千粒质量与粒宽和食味值呈显著正相关 ($P<0.05$),与粒长呈极显著正相关 ($P<0.05$)。

表 3 64 份水稻种质资源产量和品质性状的相关性分析

Table 3 Correlation analysis of yield and quality traits in 64 rice germplasm resources

变量	糙米率	精米率	垩白度	垩白粒率	结实率	千粒质量	粒宽	粒长	食味值
糙米率	1.000	0.505 **	-0.172	-0.172	-0.066	-0.036	-0.254 *	-0.102	-0.042
精米率		1.000	-0.414 **	-0.419 **	-0.092	-0.167	-0.109	-0.169	-0.155
垩白度			1.000	0.959 **	-0.004	-0.122	-0.023	0.092	0.012
垩白粒率				1.000	0.050	-0.027	-0.026	0.069	-0.017
结实率					1.000	0.272 *	-0.121	-0.054	0.143
千粒质量						1.000	0.295 *	0.418 **	0.252 *
粒宽							1.000	0.209	0.192
粒长								1.000	0.082
食味值									1.000

* 表示相关性显著 ($P<0.05$), ** 表示相关性极显著 ($P<0.01$)。

2.2 64 份水稻种质资源产量和品质性状的主成分分析和综合评价

对 64 份水稻种质的 9 个性状进行主成分分析。如表 4 所示,共提取了 4 个主成分,累计贡献率达 73.00%,涵盖了 64 份水稻种质资源的大部分信息。主成分 1 的贡献率最大,为 27.40%,其中垩白度与垩白粒率的载荷较高;主成分 2 的贡献率为 20.50%,千粒质量与粒长的载荷较高;主成分 3 的贡献率为 13.30%,结实率与粒长的载荷较高;主成分 4 的贡献率为 11.80%,糙米率与粒宽的载荷较高。

对 9 个性状的原始数据进行标准化处理,消除量纲差异,结合主成分载荷矩阵计算主成分得分,线性方程如下:

$$F_1 = -0.216 X_1 - 0.308 X_2 - 0.334 X_3 - 0.337 X_4 + 0.051 X_5 + 0.084 X_6 + 0.090 X_7 + 0.127 X_8 + 0.076 X_9$$

$$F_2 = 0.100 X_1 + 0.057 X_2 - 0.248 X_3 - 0.231 X_4 - 0.115 X_5 - 0.411 X_6 - 0.303 X_7 - 0.273 X_8 - 0.254 X_9$$

$$F_3 = 0.219 X_1 + 0.010 X_2 - 0.035 X_3 - 0.083 X_4 + 0.700 X_5 + 0.199 X_6 - 0.405 X_7 - 0.180 X_8 + 0.235 X_9$$

$$F_4 = 0.613 X_1 + 0.295 X_2 - 0.233 X_3 - 0.237 X_4 - 0.197 X_5 + 0.268 X_6 - 0.059 X_7 + 0.501 X_8 - 0.061 X_9$$

式中, X_1 、 X_2 、 X_3 、 X_4 、 X_5 、 X_6 、 X_7 、 X_8 、 X_9 分别为糙

米率、精米率、垩白粒率、垩白度、结实率、千粒质量、粒长、粒宽、食味值。

表 4 64 份水稻种质资源的主成分分析

Table 4 Principal component analysis of yield and quality traits in 64 rice germplasm resources

指标	主成分 1	主成分 2	主成分 3	主成分 4
糙米率	-0.340	0.135	0.239	0.632
精米率	-0.484	0.078	0.011	0.304
垩白粒率	-0.524	-0.338	-0.038	-0.240
垩白度	-0.528	-0.314	-0.091	-0.244
结实率	0.080	-0.157	0.765	-0.203
千粒质量	0.131	-0.559	0.218	0.276
粒长	0.142	-0.412	-0.443	-0.061
粒宽	0.199	-0.370	-0.197	0.516
食味值	0.120	-0.345	0.257	-0.063
特征值	2.462	1.846	1.193	1.061
贡献率 (%)	27.40	20.50	13.30	11.80

以各主成分贡献率为权重,对主成分得分进行隶属函数标准化后,计算综合得分 (D):

$$D=0.375F_1+0.281F_2+0.182F_3+0.162F_4$$

依据综合得分对 64 份种质资源进行综合评价,

如表 5 所示,武科粳 1136 综合得分最高,锡粳 2317 综合得分最低。

表 5 64 份水稻种质资源综合排名

Table 5 Comprehensive ranking of 64 rice germplasm resources

种质资源	综合得分	综合排名	种质资源	综合得分	综合排名	种质资源	综合得分	综合排名
武科粳 1136	0.872	1	武香粳 9127	0.647	23	JA2306	0.524	45
常粳 21-10	0.816	2	苏 3625	0.600	24	W087	0.520	46
镇稻 668	0.782	3	23 年省迟中预 90	0.597	25	华粳 0236	0.518	47
常粳 20-6	0.779	4	南粳 13058	0.594	26	华粳 0236	0.518	47
金香玉 1 号	0.742	5	24 年中中区 04	0.587	27	22 年迟中区 05	0.513	48
常粳 20-62	0.734	6	武香粳 196	0.584	28	武科粳 1013	0.506	49
扬农粳 3084	0.731	7	武香粳 196	0.584	28	南粳 14044	0.504	50
武粳 2203	0.727	8	常香粳 206	0.583	29	泗稻 17-425	0.492	51
泰粳 193	0.718	9	南粳 12031	0.575	30	扬粳 9299	0.486	52
24 年早晚区 03	0.718	10	223645	0.570	31	南粳 789	0.476	53
宁 20832	0.717	11	宝煌 1602	0.565	32	华粳 1508	0.466	54
苏 1806	0.713	12	越 151	0.564	33	23 年江苏省迟中预 70	0.458	55
24 年早晚生 04	0.686	13	南粳 13091	0.562	34	南粳 02049	0.456	56
02021	0.682	14	22 年迟中区 04	0.560	36	苏 1806-2	0.440	57
南粳 9208	0.680	15	迁粳 21194	0.559	37	宁 21609	0.440	58
南粳 12055	0.672	16	216178	0.558	38	焦粳 1092	0.439	59
23 年省迟中预 14	0.658	17	南粳 68	0.558	39	南粳 72	0.419	61
武香粳 9127	0.647	18	24 年迟中生 01	0.556	40	微软香 1 号	0.408	62
宁 HF14	0.636	19	常粳 21-18	0.550	41	沪香软 450	0.375	63
24 年晚早生 05	0.633	20	莹香 1 号	0.544	42	锡粳 2317	0.354	64
常粳 21-5	0.633	21	中江粳 1392	0.544	43			
南粳 03065	0.612	22	软玉中科	0.539	44			

选取综合得分排名前 20 的种质资源,对比其各性状排名。如表 6 所示,武科粳 1136 大部分性状排名位于 20 名以后,只有糙米率位于 20 名之前;常粳 21-10 的糙米率、千粒质量、粒长、粒宽排名位于前列。镇稻 668 中的结实率、千粒质量、粒长、粒宽、食味值排名位于前列。根据 64 份水稻种质资源各性状的排名,多个性状排名靠前的种质资源有沪香软 450、锡粳 2317、宁 21609、微软香 1 号、南粳 02049、焦粳 1092、华粳 0236、华粳 1508、22 迟中区 05、W087。

2.3 64 份水稻种质资源香味基因的鉴定

利用 InDel 分子标记对 64 份水稻种质资源的 *Os-ODC* 基因型进行鉴定。如表 7 所示,苏 1806、223645、宁 HF14、JA2306、216178、迁粳 21194、南粳 13091、南粳 14044 为 *OsODC-HapH* 等位型,其中苏 1806、223645、宁 HF14 是杂合型,JA2306、216178、迁粳 21194、南粳 13091、南粳 14044 为纯合型。利用 KASP 标记对 64 份水稻种质的 *OsWRKY19* 基因型进行鉴定,其中 63 份水稻种质资源为 *OsWRKY19-HapH* 基因型。

表 6 综合排名前 20 的水稻种质资源各性状排名

Table 6 Trait rankings of the top 20 rice germplasm resources based on comprehensive evaluation

种质资源	糙米率	精米率	垩白粒率	垩白度	结实率	千粒质量	粒宽	粒长	食味值
武科粳 1136	15	49	64	63	31	36	62	37	51
常粳 21-10	18	57	63	64	51	3	11	5	31
镇稻 668	57	61	62	62	9	11	14	20	6
常粳 20-6	24	54	59	55	35	21	20	4	47
金香玉 1 号	38	27	58	56	29	57	53	42	30
常粳 20-62	7	44	61	61	47	15	57	34	45
扬农粳 3084	39	46	48	58	3	33	55	61	27
武粳 2203	8	51	56	52	11	19	32	21	13
泰粳 193	63	60	57	57	10	2	18	1	14
24 年早晚区 03	61	62	53	60	26	45	9	56	15
宁 20832	12	11	50	54	1	5	46	9	54
苏 1806	51	15	11	12	45	55	8	55	63
24 年早晚生 04	5	18	52	49	43	40	49	14	33
02021	35	37	50	53	32	32	34	49	29
南粳 9208	58	47	55	51	60	52	51	41	5
南粳 12055	27	40	54	50	52	64	16	36	1
23 年江苏省迟中预 14	50	35	49	46	28	34	48	54	4
武香粳 9127	16	13	43	43	24	46	58	53	37
宁 HF14	60	53	47	37	34	50	44	31	9
24 年晚早生 05	32	52	44	43	49	49	33	16	60

3 讨论与结论

变异系数作为衡量数据离散程度的标准化指标^[13-18],能有效消除测量尺度差异对变异评估的影响,变异系数与离散程度具有正相关关系,当变异系数>10%,表明样本间存在着明显变异^[19-20]。在本研究中,64 份水稻种质资源的产量与品质性状的变异系数为 3.89%~45.77%,;遗传多样性指数为 1.25~2.05,表明 64 份水稻种质资源表型多样性丰富,可为后续水稻遗传改良和育种提供丰富的的种质资源。

基于主成分分析和隶属函数标准化处理,对 64 份水稻种质资源的 9 个产量与品质性状进行综合评价。结果显示,综合排名前三的种质资源为武科粳 1136、常粳 21-10 和镇稻 668,这 3 个品种均携带稻瘟病抗性基因 *Pita* 及 *OsWRKY19-HapH* 基因型。武

科粳 1136 糙米率排名较高,但垩白度与食味值排名较低,且缺失 *OsODC-HapH* 基因型;常粳 21-10 千粒质量及粒型性状优良,但垩白度和结实率表现不佳;镇稻 668 结实率和千粒质量排名较高,但糙米率排名较低、垩白度排名较高,同样缺失 *OsODC-HapH* 基因型。表明综合排名靠前的品种在单一性状上仍存在改良空间,需通过育种手段进一步聚合优良性状。

本研究还利用分子标记检测技术分析了 64 份种质资源的香味调控基因。结果表明,64 份水稻种质资源中,仅有 8 份携带 *OsODC-HapH* 基因型,分别为苏 1806、223645、宁 HF14、JA2306、216178、迁粳 21194、南粳 13091、南粳 14044。*OsODC-HapH* 基因型在江苏省水稻品种中占比较少,具有巨大育种应用潜力。后续可结合分子标记辅助选择方法,聚合 *OsBadh2-E2* 与 *OsODC-HapH* 基因型,以选育 2-AP 含量更高的优质香稻品种。

表 7 64 份水稻种质资源的香味与抗性基因型

Table 7 Fragrance and resistance genotypes of 64 rice germplasm resources

种质资源	W_x^{np}	<i>OsBadh2-E2</i>	<i>Pita</i>	<i>OsODC-HapH</i>	<i>OsWRKY19-HapH</i>	种质资源	W_x^{np}	<i>OsBadh2-E2</i>	<i>Pita</i>	<i>OsODC-HapH</i>	<i>OsWRKY19-HapH</i>
武科梗 1136	+	+	+	-	+	宝煌 1602	+	+	+	-	+
常梗 21-10	+	+	+	-	+	越 151	+	+	+	-	+
镇稻 668	+	+	+	-	+	南梗 13091	+	+	-	+	+
常梗 20-6	+	+	+	-	+	22 年迟中区 04	+	+	+	-	+
金香玉 1 号	+	+	-	-	+	迁梗 21194	+	+	+	+	+
常梗 20-62	+	+	+	-	+	216178	+	+	-	+	+
扬农梗 3084	+	+	+	-	+	南梗 68	+	+	+	-	+
武梗 2203	+	+	+	-	+	24 年迟中生 01	+	+	-	-	+
泰梗 193	+	+	+	-	+	常梗 21-18	+	+	+	-	+
24 年早晚区 03	+	+	+	-	+	莹香 1 号	+	+	+	-	+
宁 20832	+	+	+	-	+	中江梗 1392	+	+	+	-	+
苏 1806	+	+	+	+/-	+	软玉中科	+	+	+	-	+
24 年早晚生 04	+	+	+	-	+	JA2306	+	+	-	+	+
02021	+	+	+	-	+	W087	+	+	+	-	+
南梗 9208	+	+	-	-	+	华梗 0236	+	+	-	-	+
南梗 12055	+	+	+	-	+	华梗 0236	+	+	-	-	+
23 年省迟中预 14	+	+	-	-	+	22 年迟中区 05	+	+	-	-	+
武香梗 9127	+	+	+	-	+	武科梗 1013	+	+	+	-	+
宁 HF14	+	+	-	+/-	+	南梗 14044	+	+	-	+	+
24 年晚早生 05	+	+	+	-	+	泗稻 17-425	+	+	+	-	+
常梗 21-5	+	+	+	-	+	扬梗 9299	+	+	+	-	+
南梗 03065	+	+	-	-	+	南梗 789	+	+	-	-	+
武香梗 9127	+	+	+	-	+	华梗 1508	+	+	+	-	+
苏 3625	+	+	+	-	+	23 年江苏省迟中	+	+	+	-	-
23 年省迟中预 90	+	+	-	-	+	预 70	+	+	-	-	+
南梗 13058	+	+	-	-	+	南梗 02049	+	+	-	-	+
24 年中区 04	+	+	+	-	+	苏 1806-2	+	+	+	-	+
武香梗 196	+	+	+	-	+	宁 21609	+	+	+	-	+
武香梗 196	+	+	+	-	+	焦梗 1092	+	+	+	-	+
常香梗 206	+	+	+	-	+	南梗 72	+	+	+	-	+
南梗 12031	+	+	-	-	+	徽软香 1 号	+	+	+	-	+
223645	+	+	-	+/-	+	沪香软 450	+	+	-	-	+
						锡梗 2317	+	+	-	-	+

+表示该种质资源为目标基因型,-表示该种质资源为非目标基因型,+/-表示该种质资源为杂合基因型。

参考文献:

- [1] 唐文帮,张桂莲,熊跃东,等. 转型时期水稻育种的战略思考: 发展高档优质杂交水稻[J]. 杂交水稻,2016,31(1):1-5.
- [2] 马 静,孙建昌,安永平,等. 宁夏育成粳稻品种(系)品质相关性主成分分析[J]. 种子,2011,30(10):89-91.
- [3] 姚晓云,陈春莲,熊运华,等. 水稻加工和外观品质性状 QTL 鉴定[J]. 中国水稻科学,2023,37(5):507-517.
- [4] 张 敏,张馥淳,黄礼荣,等. 影响大米品质的内在因素研究[J]. 现代面粉工业,2019,33(6):27-30.
- [5] 郭桂英,钟思志,王青林,等. 香稻研究进展及市场化开发应用现状[J]. 江苏农业学报,2025,41(2):381-392.
- [6] 彭 波,孙艳芳,陈报阳,等. 水稻香味基因及其在育种中的应用研究进展[J]. 植物学报,2017,52(6):797-807.
- [7] Yang L, Zhang W T, Li M Y, et al. Discovery of OsODC as a key enhancer of aroma and development of highly fragrant rice [J]. Plant Communications,2025,6(1):101141.
- [8] Li Y, Miao Y Y, Yuan H L, et al. Volatilome-based GWAS identifies OsWRKY19 and OsNAC021 as key regulators of rice aroma [J]. Molecular Plant,2024,17(12):1866-1882.
- [9] 夏宇玲,秦建权,宋晓燕,等. 254 份水稻种质资源表观品质性状的综合评价[J]. 江苏农业科学,2024,52(19):79-88.
- [10] 王 瑞,何之龙,张 震,等. 基于主成分分析及隶属函数法评价氮素形态对油茶苗木的影响[J]. 中南林业科技大学学报,2023,43(10):11-19.
- [11] Ohtsubo K, Suzuki K, Haraguchi K, et al. Novel method for preparation of the template DNA and selection of primers to differentiate the material rice cultivars of rice wine by PCR[J]. Journal of Biochemical and Biophysical Methods,2008,70(6):1020-1028.
- [12] 毕继安,王 芳,张国芳,等. 药用野生稻基因组 DNA 提取方法比较[J]. 安徽农业科学,2023,51(14):86-89.
- [13] 薛志伟,宋 航,张艳菲,等. 不同生态区小麦新品种(系)农艺和品质性状的综合分析[J]. 江苏农业科学,2025,53(16):99-111.
- [14] 刘和来,吴 野,顾家冰,等. 溶解氧浓度对增氧机增氧性能的影响[J]. 南京农业大学学报,2025,48(2):498-504.
- [15] 赵俸艺,樊苏帆,赵慧芳,等. 高花色苷蓝莓品种果实品质分析与比较[J]. 南京林业大学学报(自然科学版),2025,49(3):63-72.
- [16] 林 强,徐 进,李上前,等. 福建福鼎柳杉种子园半同胞子代遗传变异分析与早期选择[J]. 南京林业大学学报(自然科学版),2025,49(1):78-86.
- [17] 刘志新,郑北平,张洪亮,等. 适合无土栽培设施种植的樱桃番茄品种筛选[J]. 江苏农业科学,2024,52(21):166-174.
- [18] 吴瑶瑶,贺金萍,薛承康,等. 甘薯耐盐性综合评价及耐盐指标筛选[J]. 南京农业大学学报,2025,48(3):572-580.
- [19] 王力荣,朱更瑞,方伟超. 桃(*Prunus persica* L.) 种质资源果实数量性状评价指标探讨[J]. 园艺学报,2005,32(1):1-5.
- [20] 张龙进,李桂双,白成科,等. 山茱萸种质资源数量性状评价及相关性分析[J]. 植物遗传资源学报,2012,13(4):655-659.

(责任编辑:成纾寒)