

董景芳, 李学忠, 张少红, 刘斌, 赵均良, 杨梯丰. 水稻籼粳性特异分子标记的筛选与判别体系的建立 [J]. 广东农业科学, 2022, 49 (9) : 10-19.

水稻籼粳性特异分子标记的筛选 与判别体系的建立

董景芳¹, 李学忠^{1,2}, 张少红¹, 刘斌¹, 赵均良¹, 杨梯丰¹

(1. 广东省农业科学院水稻研究所 / 广东省水稻育种新技术重点实验室 / 广东省水稻工程实验室 /
农业农村部华南优质稻遗传育种重点实验室, 广东 广州 510640;
2. 仲恺农业工程学院农业与生物学院, 广东 广州 510225)

摘要: 【目的】准确区分水稻的籼粳性在籼粳亚种杂种优势利用和进化研究等方面具有重要意义。根据在籼稻和粳稻中存在的核苷酸序列差异设计的分子标记, 已被广泛应用于水稻籼粳性的判别中。但是已公布的这些籼粳性判别分子标记在遗传背景多样的实验材料中是否仍然表现出籼粳特异性尚未可知; 此外, 目前籼粳性的判别多是基于待测品种与2个对照品种的比较, 无法反映待测品种与籼(粳)亚种群体的籼粳相似性。因此, 需要筛选出一套能在多样性遗传材料中都表现出籼粳性特异的分子标记, 并建立籼粳组群判别体系客观判别水稻的籼粳性。【方法】在能代表世界水稻遗传多样性的水稻多样性种质平台2(RDP2)中, 利用7万个SNP分子标记的基因型, 选取保留群体遗传多样性的92份水稻品种(系), 对已知的51对用于籼粳性判别的分子标记进行筛选; 并根据籼粳特异性分子标记的聚类结果, 选取5份籼稻和5份粳稻组成籼稻和粳稻判别组, 利用籼性判别值量化水稻籼粳性。【结果】在51对分子标记中筛选到24对籼粳特异性强的分子标记(在籼/粳稻群中出现专一带型的频率均高于69.5%), 它们均匀分布在水稻12条染色体上。根据籼粳特异分子标记的带型结果, 92份品种(系)可分为籼稻和粳稻2个组群, 聚类结果与这些品种(系)已知的籼粳性完全吻合。根据聚类结果, 构建了组群判别体系, 随机选取10份品种(系)对其籼性判别值进行计算, 其中1份偏籼品系、1份偏粳品系、4份籼稻品系、4份粳稻品系, 准确地实现了对其籼粳性的量化判别。【结论】筛选出一套可在遗传背景丰富的材料中进行籼粳性鉴定的分子标记, 并基于籼粳组群建立了一套籼粳判别体系, 高效准确判别水稻的籼粳性。

关键词: 分子标记; 粳粳性; 粳粳判别; 聚类分析; 粳性判别值; 水稻

中图分类号: S511.01

文献标志码: A

文章编号: 1004-874X (2022) 09-0010-10

Screening of Indica-Japonica Specific Molecular Markers and Establishment of Discrimination System

DONG Jingfang¹, LI Xuezhong^{1,2}, ZHANG Shaohong¹, LIU Bin¹, ZHAO Junliang¹, YANG Tifeng¹

(1. Rice Research Institute, Guangdong Academy of Agricultural Sciences / Guangdong Key Laboratory of New Technology for Rice Breeding / Guangdong Rice Engineering Laboratory / Key Laboratory of Genetics and Breeding of High Quality Rice in Southern China (Co-construction by Ministry and Province), Ministry of Agriculture and Rural Affairs, Guangzhou 510640, China; 2. College of Agriculture and Biology, Zhongkai University of Agriculture and Engineering, Guangzhou 510225, China)

Abstract: 【 Objective 】 Accurate differentiation of indica-japonica nature in rice is of great importance in the aspects of advantage utilization and evolutionary studies of indica-japonica subspecies hybrids. Molecular markers designed based

收稿日期: 2022-07-19

基金项目: 广东省重点领域研发计划项目(2022B0202060002); 广州市基础与应用基础研究项目(202102021006); 广东省农业科学院水稻研究所“优谷计划”(所长基金)(2021YG10)

作者简介: 董景芳(1987—), 女, 博士, 助理研究员, 研究方向为水稻胁迫相关基因的克隆与分子机制研究, E-mail: dongjingfang@gdaas.cn

通信作者: 杨梯丰(1981—), 男, 博士, 副研究员, 研究方向为水稻分子育种, E-mail: yang2004009@163.com

on nucleotide sequence differences between indica rice and japonica rice have been widely used to discriminate indica–japonica in rice. However, it remains unclear whether these published molecular markers for indica–japonica discrimination still show indica–japonica specificity in experimental materials with diverse genetic backgrounds; moreover, the current indica–japonica discrimination is mostly based on the comparison between the line to be tested and two control varieties, which cannot reflect the indica–japonica similarity between the line to be tested and the indica (japonica) subspecies population. Therefore, it is necessary to screen a set of molecular markers that can show indica–japonica specificity in all diverse genetic materials and to establish an indica–japonica group discrimination system to objectively discriminate indica–japonica in rice. 【Method】 In the Rice Diversity Germplasm Platform 2 (RDP2), which represents the genetic diversity of rice in the world, 92 rice varieties (lines) were selected that retained population genetic diversity based on the genotypes of 70000 SNP molecular markers, and screened 51 pairs of previously reported molecular markers for indica–japonica discrimination; and selected 5 indica rice and 5 japonica rice to form indica and japonica discrimination groups based on the clustering results of indica–japonica–specific molecular markers, and used indica discrimination values to quantify rice indica–japonica. 【Result】 Twenty-four pairs of indica–japonica–specific molecular markers were screened out of 51 pairs (both indica/japonica rice clusters showed specific band types with a frequency of higher than 69.5%), which were evenly distributed on 12 chromosomes of rice. Based on the banding results of the indica–japonica–specific molecular markers, a clustering analysis of indica–japonica nature was performed. Ninety-two varieties (lines) could be divided into 2 clusters of indica and japonica rice; and the clustering results were in perfect consistant with the known indica–japonica nature of these varieties (lines). Based on the clustering results, a cluster discrimination system was constructed and indica discrimination values were calculated for 10 randomly selected varieties (lines). Among them, there were 1 indica–leaning line, 1 japonica–leaning line, 4 indica lines and 4 japonica lines, and the quantitative discrimination of their indica–japonica nature was accurately achieved. 【Conclusion】 In this study, we screened a set of molecular markers for indica–japonica identification in materials with rich genetic background, and established an indica–japonica discrimination system based on indica–japonica clusters, which can be used to discriminate indica–japonica of rice efficiently and accurately.

Key words: molecular markers; indica–japonica nature; indica–japonica discrimination; cluster analysis; indica discrimination value; rice

【研究意义】水稻 (*Oryza sativa* L.) 是世界上最重要的粮食作物之一，目前全球超过一半以上人口以水稻为主食^[1]。水稻在漫长的驯化过程中，形成了明显的遗传分化，其中籼粳亚种分化是其分化的主流。探究水稻品种（系）的籼粳属性是研究水稻亚种起源以及籼粳亚种杂交利用的基础。【前人研究进展】目前，水稻的籼粳性主要从形态学标记、生化标记和分子标记等方面进行区分。在国内由程侃声^[2]创立的亚洲稻籼粳亚种“程式指数鉴别法”是当前鉴定水稻亚种最为流行的方法，但该法不仅需要植株成熟，还需考察许多农艺性状，较繁琐和复杂，且植株长势和长相受生长环境影响较大。此外，现在许多水稻品种（系）都渗入了籼 / 粳成分，单纯利用“程式指数鉴别法”已经很难精确判别其籼粳性。相比于形态学和生化方法，分子标记直接反映核苷酸序列上的变异，具有灵敏度高、稳定性好、不受环境影响等优势，因此在水稻籼粳分类^[3-9]以及分子育种^[10-12]等方面都发挥重要作用。其中，

SSR 标记^[13-18] 和 InDel 分子标记^[19-23] 具有基因组分布广泛、检测技术简单和费用低等特点，已被广泛应用于水稻籼粳属性鉴定。

【本研究切入点】目前虽然已经公布了一批可用来进行籼粳性判别的分子标记^[13-16,23]，但这些籼粳性判别分子标记在进行籼粳性判别试验中所用的试材往往较少或遗传背景较狭窄^[21-22]，这些分子标记在遗传背景多样的试材中，是否仍然表现出籼粳特异性是未知的。此外，目前籼粳性的判别多是基于与 2 个对照品种 9311 (籼稻) 和日本晴 (粳稻) 的比较，无法准确反映待测品系与籼 (粳) 亚种群体的籼粳相似性，从而无法准确区分偏籼 (粳) 水稻品种 (系)。【拟解决的关键问题】筛选出一套能特异判别籼粳性的分子标记，并采用代表籼稻和粳稻亚种的组群为参照计算待测品系的籼粳相似性，可以更准确判别检测品系的籼粳性。为筛选出籼粳性特异分子标记，并构建一套基于籼粳组群的水稻籼粳性的判别体系，本研究在能代表世界水稻遗传多样性的

水稻多样性种质平台 2 (RDP2) 中, 根据覆盖全基因组的 7 万个 SNP 分子标记的基因型选取了保留群体多样性的 92 份水稻品种(系)为供试材料^[24], 用已经公布的 51 对籼粳特异分子标记进行检测^[13~16,23]。根据检测结果, 筛选出 24 对能特异地判别籼粳性的分子标记; 根据 24 对分子标记的籼粳性聚类结果, 选取其中 10 份品种(系)(5 份籼稻、5 份粳稻)分别组成籼性和粳性判别组, 根据待测品系与判别组的相似度客观判定待测品系的籼粳性。

1 材料与方法

1.1 试验材料

在水稻多样性种质平台 2 (RDP2), 根据 70 万个 SNP 标记基因型, 从 12 条染色体中均匀选取 7 万个 SNP 标记, 对保留了水稻遗传多样性的 377 份稻种进行聚类分析^[24], 根据聚类结果选取保留了群体遗传多样性的 92 份水稻品种(系)为供试材料, 其中籼稻 47 份, 红稻 45 份(表 1); 于 2016 年晚季种植于大丰农场, 成熟后按株系收获种子, 取 30 粒发芽种子提取 DNA 进行试验。

1.2 用于筛选的分子标记

根据前期相关研究, 选择可区分籼粳性的 SSR 引物 17 对^[13~16]和 InDel 标记 34 对^[23], 这些标记在水稻 12 条染色体上都有分布, 详细信息见表 2。

1.3 DNA 提取、PCR 反应及带型检测

取适量嫩芽, 一一对应放入 96 孔培养板, 加入 600 μL 蔗糖提取液(成分: 6.1 g/L Tris、17.5 g/L NaCl、102.7 g/L 蔗糖、pH 8.0), 在组织研磨仪中打碎组织(1 200 r/min, 40 s), 95 ℃水浴 30 min 后, 2 000 r/min 离心 10 min, 上清液即为 DNA 模板。

PCR 反应体系: 2×Es Taq MasterMix 7.5 μL, 10 μmol/L 引物 0.5~0.8 μL, DNA 模板 2.0 μL, 补灭菌水至 15.0 μL。

PCR 反应流程: 94 ℃预变性 5 min; 94 ℃变性 30 s、51~60 ℃退火 30 s、72 ℃延伸 45 s, 35 个循环; 72 ℃延伸 8 min。

PCR 扩增结束后, 在电压为 105 V 的情况下, 进行 8.0% PAGE 胶电泳, 电泳结束后将 PAGE 胶放入纯水溶解的 10~4GoldView 溶液中染色

10~15 min, 然后用凝胶成像系统检测带型。

1.4 专一带型频率计算

以对照品种 9311 和日本晴的带型为标准, 与 9311 带型一致的为籼型条带, 与日本晴带型一致的为粳型条带。

籼型专一带型频率 = [2 × 纯合籼型条带数 + 纯型条带数(杂合带型)] / (2 × 纯稻数);

粳型专一带型频率 = [2 × 纯合粳型条带数 + 纯型条带数(杂合带型)] / (2 × 红稻数)

1.5 聚类分析

利用 NTSYS-pc Version 2.1e 进行测试品种(系)籼粳聚类分析。把每个标记的籼粳特异带型转化为二进制数据(1 为有带, 0 为无带), 先通过 SIMQUAL 程序, 利用 SM 系数计算相似性矩阵, 再通过 SHAN 程序, 根据 UPGMA 方法进行聚类分析^[25]。

1.6 糜性判别值计算

$$D_i = S_i / (S_i + S_j)$$

$$S_i = \sum S_{ki} / N_i \quad S_j = \sum S_{kj} / N_j$$

式中, D_i 为糜性判别值, S_i (S_j) 为待测系与籼(粳)型测验群的平均相似系数, S_{ki} (S_{kj}) 为待测系与各籼(粳)型测验种的相似系数, 其中 K_i (K_j) = 1~…~ N_i (N_j), N_i (N_j) 为籼(粳)型测验种的个数; S 为指采用 DICE 方法($2 \times$ 共有带型数目 / [$2 \times$ 共有带型数目 + 品系 1 特有带型数目 + 品系 2 特有带型数目])计算出 2 个品系的相似系数。计算出的糜性判别值对应糜属性, 具体标准如下: $D_i \leq 0.25$ 为粳, $0.25 < D_i \leq 0.5$ 为偏粳, $0.5 < D_i \leq 0.75$ 为偏糜, $0.75 < D_i$ 为糜^[26]。

2 结果与分析

2.1 筛选出 24 对籼粳特异分子标记

利用 92 份来自世界各地的籼稻和粳稻品种(系), 对 51 对籼粳分化分子标记进行特异性检测, 发现 27 对分子标记判别籼粳性的特异性不高(表 2)。主要有以下 3 种情况: 如 R1M37 在检测群体中出现偏态分布, 在检测群体中倾向出现籼型条带; R12M27 扩增条带模糊, 且在检测群体中倾向出现粳型条带; RM240 的多态性很高, 在检测群体中出现多种带型, 不具备籼粳特异性(图 1)。

有 24 对分子标记的籼粳特异性好, 适用于水稻的籼粳性判别(图 2)。这些标记在籼(粳)稻

表 1 92 份水稻品种(系)试材
Table 1 92 rice varieties for test

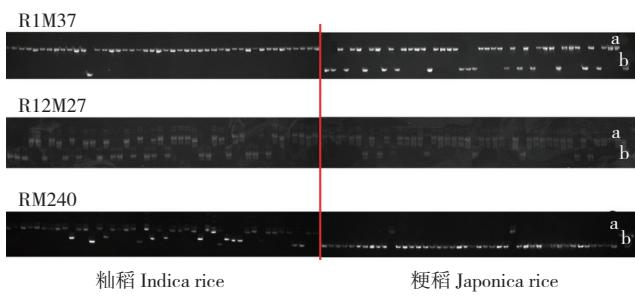
编号 No.	品系 Variety	籼粳亚种 Indica-Japonica subsp.	编号 No.	品系 Variety	籼粳亚种 Indica-Japonica subsp.
44I	JC 91	籼稻	39J	INDANE	粳稻
56I	MADAEL	籼稻	50J	KHAO DAM	粳稻
66I	PACHEHAI PERUMAL	籼稻	58J	MALAGKIT PIRURUTONG	粳稻
86I	TD 25	籼稻	65J	OIRAN	粳稻
427I	AN QING ZAO	籼稻	82J	RT 1031-69	粳稻
442I	BADA DHAN	籼稻	711J	AZMIL 85	粳稻
462I	BYAT KYAR	籼稻	730J	MERCURY	粳稻
464I	CCT 3-37-3-3-3-1	籼稻	731J	MIKHUDEB	粳稻
471I	CHORUA KA RTIKSAIL	籼稻	787J	ARGO	粳稻
482I	DANGAR	籼稻	798J	BALAYAN	粳稻
491I	DJOGOLON	籼稻	846J	DOBONGBYEO	粳稻
516I	HONG MI DONG MAO ZHAN	籼稻	859J	FAROX 299	粳稻
521I	ICTA PAZOS	籼稻	861J	GBANTE	粳稻
530I	IR 74371-3-1-1	籼稻	893J	JI BO YA	粳稻
541I	JINLING 78-102	籼稻	919J	KULU	粳稻
566I	KUMBI	籼稻	922J	KYRMYZY	粳稻
581I	MA GU ZI HE	籼稻	973J	NOUAKPO	粳稻
606I	NORUNKAN	籼稻	981J	ORIENTE 10	粳稻
621I	PIHATUWEE	籼稻	995J	POPONG	粳稻
622I	PINURSIGI	籼稻	1003J	RHS 107-2-1-2TB-1JM	粳稻
634I	RAY NABJA	籼稻	1074J	YU WEOL ZO	粳稻
653I	SOKOU MALSIRA	籼稻	1089J	L 201	粳稻
656I	SPR 87032-2-1-1-4	籼稻	1098J	OOURA	粳稻
683I	XI GU HONG	籼稻	1120J	BENGIZA	粳稻
684I	XI NUO ZAO	籼稻	1190J	KWADWO AMOA	粳稻
773I	ARC 10411	籼稻	1192J	MUT IAC 25-44-807	粳稻
908I	Khie tom	籼稻	1214J	PACHOLINHA	粳稻
933I	LIU TOU TZE	籼稻	1222J	ADAIR	粳稻
940I	MAHSURI	籼稻	1226J	ARAGUAIA	粳稻
1001I	RATHU HEENATI	籼稻	1251J	COLINA	粳稻
1023I	SIJAMBI SAPUSI	籼稻	1255J	EARLY MUTANT IAC 165	粳稻
1052I	VARY LAVA	籼稻	1266J	IDSA 77	粳稻
1131I	E KHA KEHA	籼稻	1283J	IRAT 212	粳稻
1156I	ROJOMENA	籼稻	1286J	IRAT 2	粳稻
1158I	RR 203-16	籼稻	1292J	JIMBRUK JOLOWORO	粳稻
1203I	SR 26 B	籼稻	1295J	KETAN KONIR	粳稻
1225I	APO	籼稻	1301J	KUROKA	粳稻
1234I	BELOHAKILA 119	籼稻	1312J	MAIORAL	粳稻
1268I	IR 2006-P12-12-2	籼稻	1313J	MANANELATRA 520	粳稻
1365I	WAS 194-B-3-2-5	籼稻	1339J	SOURE	粳稻
1370I	WAS 208-B-B-5-1-1-3	籼稻	1353J	VARY SOMOTRA SIHANAKA	粳稻
1372I	WAS 30-11-4-6-2-2-1	籼稻	1358J	WAB 56-125	粳稻
1373I	WAS 62-B-B-17-1-1-3	籼稻	1445J	P. TINGAGEW DAYKET QAY DAYON	粳稻
1387I	ARC 18262	籼稻	1453J	TORO	粳稻
1394I	IA CUBA 23	籼稻	NIP	日本晴	粳稻
1400I	MAHUDU KIRIYAL	籼稻			
931I	9311	籼稻			

表 2 51 对用于籼粳判别的分子标记
Table 2 51 pairs of molecular markers for indica-japonica discrimination

标记 Marker	染色体 Chromosome	物理位置 Physical location (Mb)	上游引物序列 Forward sequence (5'-3')	下游引物序列 Reverse sequence (5'-3')
RM259	1	7.45	TGGAGTTGAGAGGAGGG	CTTGTGCATGGGCCATGT
*R1M7	1	10.66	ATTCCTGGTTCTACATTACTTA	CGCCCTCACTAGAATATCGGA
*R1M30	1	26.42	AAGGGGCCATAATTATCTAG	TGTTTACTTGTCTTGACTG
R1M37	1	31.68	ATAGTCGCCATCGTCAT	ACACGCCATAGCAAGGAA
R1M47	1	38.56	AATAGAATTACTGATGAAACCTA	GCCCCTTACCGCTTATGT
*RM104	1	40.5	GGAAGAGGAGAGAAAAGATGTGTGCG	TCAACAGACACACCGCCACCGC
*R2M10	2	6.47	CCCAGTCTGCTGCCATCT	GAATGTATTCTAGTCCAGTAAG
*R2M24	2	11.37	GGGCAACAACGGCTCTG	AGGGATAAAGGGATAACGG
R2M26	2	16.00	GCAGCAAAGTGCAGGAGTA	CAGGTGAATTGCCAATT
*R2M50	2	31.29	CCTGAAGGAATGATAGCAATAG	GTTTGTATGCTCTTCACTGTG
RM240	2	32.39	CCTTAATGGTAGTGTGCAC	TGTAACCATTCCCTCCATCC
*R3M10	3	6.13	CCGAGTACCATGCTTC	CTGCCATAGTTACTGCTCTGTT
R3M23	3	16.24	TGCTTACAAGGGTCCAAT	GGAGGTGCCCTACCAAGAG
R3M30	3	20.52	AGGCTAAGTGAAGAAATAATAAG	CTCCGTATTCTTACTGTTG
*RM130	3	33.39	TGTTGCTTGCCTCACCGCAAG	GGTCCGGTGCTTGGTTGGTTC
*R3M53	3	33.42	ACACTGGCTACGGCAAAG	TTTGTTCGGAATAATGATGC
R4M13	4	8.21	TACACGGTAGACATCCAACA	ATGATTTAACCGTAGATTGG
*R4M17	4	11.71	AGTGCTCGGTTTGTGTTTC	GTCAGATATAATTGATGGATGTA
R4M43	4	25.02	CTTGAACCTGAGTGTGAGTGG	CGATGAAATGATGTCTA
*RM348	4	33.23	CCGCTACTAATAGCAGAGAG	GGAGCTTGTCTTGGCATGCTG
*RM127	4	35.11	GTGGGATAGTCGGTCGGTCC	AGGCCAGGGTGTGGCATGCTG
R5M13	5	5.97	GAGAAAGAGTGAAGGAG	AGTATCGTCAGGAGGTC
RM163	5	19.26	ATCCATGTGCGCCTTATGAGGA	CGCTACCTCCTTCACTTACTAGT
RM161	5	20.90	TGCAGATGAGAAGCGCGCCTC	TGTGTCATCAGACGGCGCTCC
*R5M30	5	21.54	CTCAATTTCACCCATCCC	CGCTCCGTCTCCAACCTC
RM50	6	6.38	ACTGTACCGGTCGAAGACG	AAATTCCACGTCAGCCTCC
*R6M14	6	7.48	AAATGTCCATGTGTTGCTTC	CATGTGGAATGTGTTG
*R6M44	6	26.72	TTAGGAATAAAGGCTGGATA	TTACCGTTAATAGTGGAA
*R7M7	7	6.75	ACCTTCCTCCCTTGTGAT	AACTTGGCTTCTGTTTATTG
*R7M37	7	24.28	CAGCCCTAAATCTAAATACCC	ACGTTGAGACAGGGAGC
RM234	7	26.13	ACAGTATCCAAGGCCCTGG	CACGTGAGACAAAGACGGAG
RM337	8	0.15	GTAGGAAAGGAAGGGCAGAG	CGATAGATAGCTAGATGTGGCC
RM72	8	6.76	CCGGCGATAAAACAATGAG	GCATCGGTCTTAACTAAGGG
R8M23	8	13.59	CCTATTCACTCTACCGACAT	GTITAGTCCCATTGCTT
RM29	8	20.09	CAGGGACCCACCTGTCATAC	AACGTTGGTCATATCGGTGG
*R8M33	8	20.89	CGAAAGAGGAGACGGTAGT	CGAAAACGAGAAACAATA
*R8M46	8	28.23	CAGCAGACTTCAGAGAAGAT	GCATAAGATGGCGAGTGA
R9M10	9	5.14	CTTTGGATTCAAGGGGAA	AACTGAAACGGAGGCAAG
RM219	9	8.45	CGTCGGATGATGTAAGCCT	CATATCGGCATTGCGCTG
*R9M42	9	19.89	CTATAAGACCAAAACGAAAAT	GAAAACCATTGTCACTGTA
R10M17	10	9.36	TGAACAATAAACCAACAGAAAGCA	CCCTTTATTCCCTCCTT
*R10M30	10	17.57	CCCTAAAAATAGAGCAACCT	ACCCATAAACTACCAATCAAC
R10M40	10	19.92	GTCCCTAGGCCATCTTG	GCGAATACGGGTGGACAG
*RM167	11	4.06	AGTCCGACCACAAGGTGCGTTGTC	GATCCAGCGTGAGGAACACGT
RM202	11	9.05	CAGATTGGAGATGAAGTCTCC	CCAGCAAGCATGTCATGTA
R11M23	11	22.01	AAGGTGACAAGGACAGAAAG	TCCGAGGAATGGATAAAA
*R11M40	11	26.69	GAAAAATATCTATTGAGGAGTG	GGAGGACCATAAATGACG
RM19	12	2.43	CAAAACAGAGCAAGTAC	CTCAAGATGGACGCCAAGA
R12M10	12	4.20	ATCATTTCAGCCTGTGCC	AGCTTAATAGGGGGACG
R12M27	12	17.48	ATTCATTGCCATCAGTT	GTAATCTTCTATCCGTTCA
*R12M43	12	26.31	CCGCCGAGAAGAACAAAG	CCCAAGAACAGGATTACA

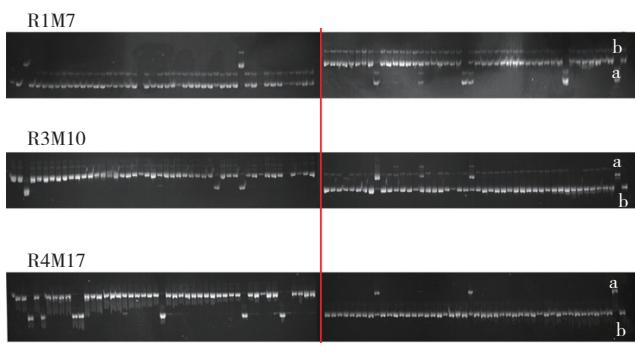
注：物理位置参考日本晴的序列 (IRGSP-1.0) 锚定；* 表示本研究筛选出的 24 对籼梗性特异分子标记。

Note: Physical position is anchored with Nipponbare sequence (IRGSP-1.0); * indicates the 24 pairs indica-japonica specific molecular markers screened in this study.



a and b refer to the genotype of Indica 9311 and Japonica Nipponbare, respectively
图 1 不适用于籼粳性评价的分子标记在籼稻和梗稻群体中凝胶电泳结果

Fig. 1 Gel electrophoresis patterns of molecular markers not suitable for indica and japonica rice evaluation in indica and japonica rice populations



a and b refer to the genotypes of Indica 9311 and Japonica Nipponbare, respectively
图 2 筛选出的籼粳性特异分子标记在籼稻和梗稻群体中凝胶电泳结果

Fig. 2 Gel electrophoresis patterns of selected indica-japonica specific molecular markers in indica and japonica rice populations

群中出现专一带型的频率均高于 69.5%，其中 12 对分子标记 (R1M7、RM104、R2M10、R2M24、R2M50、R3M10、RM130、R5M30、R7M37、R8M46、R9M42、R12M43) 在籼(梗)稻群中出现专一带型的频率均高于 0.900 (表 3)。R2M50 在梗稻群体出现专一带型频率为 1；15 对分子标记在梗稻群体出现专一带型频率均高于 0.950。R1M7 和 R9M42 在籼稻群体出现专一带型频率均为 0.989；8 对分子标记在籼稻群体出现专一带型频率均高于 0.950。

24 对分子标记均匀分布在水稻的 12 条染色体上，其中在第 1、2、3、4 号染色体上各有 3 对籼粳性特异的分子标记；在第 6、7、8、11 号染色体上各有 2 对籼粳性特异的分子标记；其余 4 条染色体上各有 1 对籼粳性特异的分子标记 (表 2)。

表 3 幺粳专一标记在籼稻和梗稻群体中出现的频率

Table 3 Occurrence frequency of indica-japonica specific molecular markers in indica and japonica rice populations

Marker	专一带型频率		专一带型频率	
	Frequency of specific band-type		Marker	Frequency of specific band-type
	籼稻群 Indica rice group	梗稻群 Japonica rice group		
R1M7	0.989	0.932	R5M30	0.946
R1M30	0.935	0.852	R6M14	0.750
RM104	0.935	0.909	R6M44	0.935
R2M10	0.978	0.955	R7M7	0.696
R2M24	0.978	0.955	R7M37	0.924
R2M50	0.946	1	R8M33	0.859
R3M10	0.978	0.989	R8M46	0.935
R3M53	0.826	0.966	R9M42	0.989
RM130	0.978	0.977	R10M30	0.870
R4M17	0.891	0.978	RM167	0.967
RM348	0.935	0.705	R11M40	0.815
RM127	0.870	0.955	R12M43	0.978

2.2 基于 24 对籼粳特异分子标记的水稻籼粳性聚类分析

根据籼粳专一分子标记的带型结果，对 92 份水稻品种 (系) 进行籼粳性聚类分析。聚类结果 (图 3) 显示，92 份品种 (系) 可分为籼稻和梗稻 2 个组群，其中籼稻 47 份、梗稻 45 份，与这些品种 (系) 已知的籼粳属性完全吻合。

通过聚类发现，在籼稻群中各品种 (系) 籼粳性的相似系数仍有较大差异，如 482I、1400I、656I、1203I、933I、621I、1052I，它们与籼稻群中其他品种 (系) 籼粳性的相似系数低于 0.85；类似地，在梗稻群中各品种 (系) 籼粳性的相似系数也有较大差异，如 919J、1226J、1222J、1003J、846J、1089J，它们与籼稻群中其他品种 (系) 籼粳性的相似系数也低于 0.85。说明在亚群中存在籼(梗)和偏籼(梗)属性的差异，只有对水稻的籼粳性进行量化，才能客观准确地评价亚群中水稻的籼(梗)和偏籼(梗)属性。

2.3 用籼性判别值量化水稻的籼粳性

为构建一套高效准确的籼粳性判别体系，根据 24 对籼粳特异分子标记的聚类结果，按照各品种 (系) 的相似系数选择 5 份籼稻 (44I、541I、1365I、1400I、9311) 和 5 份梗稻 (50J、973J、1226J、1255J、NIP)，分别作为籼性判别组 (包括典型籼稻和偏籼品系) 和粳性判别组 (包

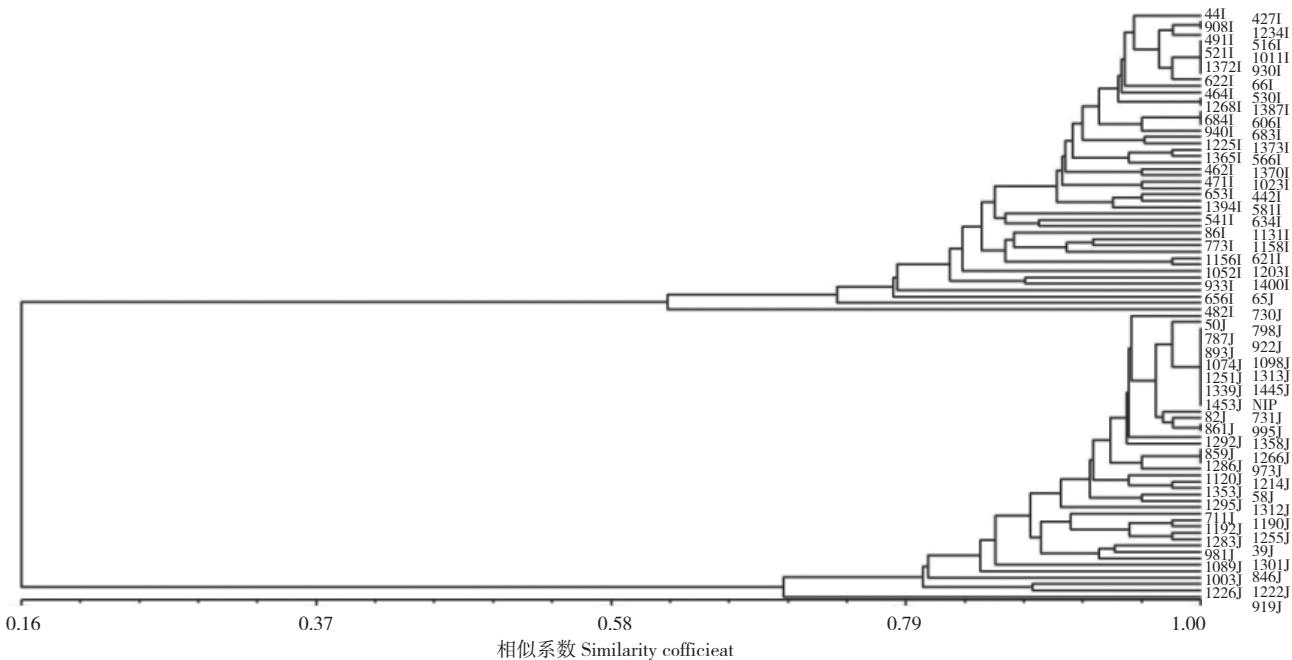


图 3 基于 24 对分子标记遗传相似系数的 92 份水稻品系聚类分析

Fig. 3 Cluster analysis of 92 rice varieties based on genetic similarity coefficient of 24 pairs of molecular markers

括典型粳稻和偏粳品系）。随机选取其他 10 份品种（系）（5 份籼稻、5 份粳稻），对其籼性判别值进行计算，结果（表 4）显示其中 1 份偏籼品系、1 份偏粳品系、4 份籼稻品系、4 份粳稻品系，高效准确地实现了对它们籼粳性的量化判别。

表 4 检测品系的籼性度及籼粳属性

Table 4 Indica quality degree and indica-japonica nature of the tested lines

检测品系 Tested line	平均相似系数 Average similarity coefficient		籼性判别值 Indica discrimination value (D_i)	籼粳亚种 Indica-Japonica subsp.
	籼型组 Indica group	粳型组 Japonica group		
482I	0.578	0.48	0.546	偏籼
491I	0.948	0.031	0.968	籼
634I	0.798	0.250	0.761	籼
933I	0.823	0.156	0.840	籼
1394I	0.865	0.115	0.883	籼
65J	0.073	0.927	0.073	粳
919J	0.524	0.718	0.422	偏粳
981J	0.112	0.908	0.110	粳
995J	0.092	0.949	0.088	粳
1353J	0.133	0.918	0.126	粳

注： $D_i \leq 0.25$ 为粳， $0.25 < D_i \leq 0.5$ 为偏粳， $0.5 < D_i \leq 0.75$ 为偏籼， $0.75 < D_i$ 为籼。

Note: $D_i \leq 0.25$, it is japonica, $0.25 < D_i \leq 0.5$, it is japonica-leaning, $0.5 < D_i \leq 0.75$, it is indica-leaning, and $0.75 < D_i$, it is indica.

籼粳性

前期已有不少研究利用 SSR 和 InDel 分子标记分析水稻的籼粳性。本研究选取的 51 对用于籼粳判别的分子标记，在已报道的测验群体中都具有较高的籼粳识别性^[14-24]。我们选用来自世界各地遗传多样性丰富的 92 份品系，利用分子标记进行籼粳判别时，发现一半以上的标记判别籼粳性的能力不强，主要表现为多态性高、容易出现偏态分布等（图 1）。这可能是由于选材不同，导致判别籼粳性的能力出现差异。但我们也发现有 24 对分子标记在多个遗传背景丰富的群体中，仍然表现较好的籼粳识别性（图 2）。可以预见，这些标记将在水稻籼粳判别中具有普适性，能突破遗传材料的制约，准确判别水稻的籼粳性。

在水稻的基因组上，存在一些多态性很高的位点，这类位点适用于水稻品系分子身份证件的构建识别。类似地，在水稻的基因组上也存在一些相对保守的变异位点，如在籼稻或粳稻中特异存在的基因组变异。本研究筛选出的 24 对分子标记，检测带型专一，属于这类变异位点，便于通过电泳检测，准确识别籼粳属性。当然，单一位点的判别，不足以代表整个基因组的信息，因此我们挑选的这 24 对籼粳识别度高的分子标记，均匀地分布在水稻的 12 条染色体上，较全面地代表了水稻全基因组的信息，从而更有利与准确判别水稻

3 讨论

3.1 24 对籼粳特异性分子标记能准确区分水稻的

的籼梗性。

3.2 籼性判别值可以客观地评价水稻品系的籼梗性

对水稻品种（系）籼梗属性的准确评价，特别是偏籼和偏梗材料的判别在籼梗亚种杂种优势利用中显得尤其重要。以往研究通常以单个材料为籼型或者梗型对照，无法准确反映待测品系与籼（梗）亚种的相似性。这就可能造成籼梗性的误判，特别是无法准确反映待测品种（系）的偏籼（梗）性。本研究提出通过计算“平均相似系数”，即某一被测系与各籼型测验种或梗型测验种相似系数的平均值，这能够反映某被测系与籼亚种或梗亚种间的遗传相似性。在此基础上用“籼性判别值”(D_i)可以度量某被测系与籼亚种间的相对遗传相似性。

在进行待测品系的籼（梗）判别时，往往选取的参照材料越丰富多样，越能全面反映籼（梗）稻属性的客观情况。但是，如果选取的试材多，显然会增加检测时间和成本；而只选取单个的参照材料又无法反映待测品系与籼（梗）亚种的相似性。在本研究中，我们依据籼梗特异分子标记的聚类结果挑选了5份籼稻和5份梗稻组成籼性判别组和梗性判别组，包括典型的籼（梗）稻和偏籼（梗）稻，能较好地代表水稻籼（梗）稻亚种群体内的籼（梗）性真实属性。通过计算待测系与判别组群内品系的相似系数客观反映待测品系与籼（梗）稻亚种群体的相似性，从而准确判别待测系的籼梗性。该体系对水稻品种（系），特别是偏籼（梗）水稻品种（系）的籼梗性有更加客观的评判，有助于提高籼梗亚种杂种优势利用的效率。

4 结论

本研究以92份来自世界各地、具有遗传多样性的水稻品种（系）为材料，利用已公布的51对籼梗特异分子标记进行检测，筛选出均匀分布在水稻12条染色体上的24对能特异地判别籼梗性的分子标记，其中有12对分子标记在籼（梗）稻群中出现专一带型频率均高于90.0%；根据这24对籼梗特异分子标记的籼梗性聚类结果，选取其中10份品种（系）分别组成籼性（包括典型籼稻和偏籼品系）和梗性（包括典型梗稻和偏梗品系）判别组，然后根据待测品系与判别组的相似

度客观判定了待测品系的籼梗性。可见，本研究基于籼梗特异分子标记建立了一套高效准确判别水稻籼梗性的体系。

参考文献 (References) :

- [1] 虞国平. 水稻在我国粮食安全中的战略地位分析 [J]. 新西部, 2009,22:31–33. DOI:10.7666/d.Y1640660
YU G P. Analysis on the strategic position of rice in China's food security [J]. *New West*, 2009,22:31–33. DOI:10.7666/d.Y1640660.
- [2] 程侃声. 亚洲稻籼梗亚种的鉴别 [M]. 昆明: 云南科技出版社, 1993.
CHEN K S. Identification of Asian indica-japonica subspecies [M]. Kunming:Yunnan Science and Technology Press, 1993.
- [3] 陈越, 付坚, 张敦宇, 李婷婷, 陈玲. 程式指数法和 InDel 分子指数法对云南元江稻属资源籼梗分化的比较研究 [J]. 云南农业大学学报(自然科学), 2022, 37(2):185–192. DOI:10.12101/j.issn.1004-390X(n).202107025.
CHEN Y, FU J, ZHANG D Y, LI T T, CHEN L. Comparative study on Indica-Japonica differentiation of Yuanjiang Rice Resources in Yunnan Province by programmed index method and InDel molecular index method [J]. *Journal of Yunnan Agricultural University (Natural Science)*, 2022,37(2):185–192. DOI:10.12101/j.issn.1004-390X(n).202107025.
- [4] 郑向华, 叶俊华, 程朝平, 魏兴华, 叶新福, 杨窑龙. 利用 SNP 标记进行水稻品种籼梗鉴定 [J]. 作物学报, 2022,48(2):342–352. DOI:10.3724/SP.J.1006.2022.02085.
ZHENG X H, YE J H, CHENG C P, WEI X H, YE X F, YANG Y L. Xian-geng identification by SNP markers in *Oryza sativa* L [J]. *Acta Agronomica Sinica*, 2022, 48(2):342–352. DOI:10.3724/SP.J.1006.2022.02085.
- [5] ZHANG Q F, ZHOU Z Q, YANG G P, XU C G. Molecular mark heterozygosity and hybrid performance in indica and japonica rice [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 1996,93(8):1218–1224. DOI:10.1007/BF00223453.
- [6] 徐群, 许红云, 魏兴华, 汤圣祥, 李东宣, 陈丽娟. 基于 SSILP、InDel 和 SSR 标记的杂草稻籼梗分类 [J]. 中国水稻科学, 2012,26(6):686–692. DOI:10.3969/j.issn.1001-7216.2012.06.008.
XU Q, XU H Y, WEI X H, TANG S X, LI D X, CHEN L J. SSILP, InDel and SSR markers-based indica-japonica classification for weedy [J]. *Chinese Journal of Rice Science*, 2012, 26(6): 686–692. DOI:10.3969/j.issn.1001-7216.2012.06.008.
- [7] 唐志明, 马荣荣, 王晓燕, 陆永法, 周华成, 蔡克峰. 甬优系列籼梗杂交组合产量优势与亲本籼梗成分及农艺性状间的关系研究 [J]. 杂交水稻, 2021,36(5): 65–72. DOI:10.16267/j.cnki.1005-3956.20200612.199.
TANG Z M, MA R G, WANG X Y, LU Y F, ZHOU H C, CAI K F. Study on the relationship between yield heterosis and Indica-Japonica components and agronomic characters of Yongyou Series Indica-Japonica Hybrid combinations [J]. *Hybrid Rice*, 2021,36(5): 65–72.

- DOI:10.16267/j.cnki.1005-3956.20200612.199.
- [8] 李霞, 花旺忠, 王雪松, 唐书升, 吴婷, 罗鑫, 肖宇龙, 王智权, 余传源, 余丽琴, 王晓玲. 江西大禾谷资源的籼粳分化与品质分析 [J]. 植物遗传资源学报, 2021,22(5):1228-1239. DOI:10.13430/j.cnki.jpgr.20210218003.
LI X, HUA W Z, WANG X S, TANG S S, WU T, LUO X, XIAO Y L, WANG Z Q, YU C Y, YU L Q, WANG X L. Indica-Japonica differentiation and quality analysis of Dahe Valley resources in Jiangxi Province [J]. *Journal of Plant Genetic Resources*, 2021,22(5):1228-1239. DOI:10.13430/j.cnki.jpgr.20210218003.
- [9] 刘丹, 王嘉宇, 冯章丽, 冯博, 陈温福. 东北三省 2021 年水稻审定品种的核心亲本遗传多样性与籼粳分化 [J]. 西北植物学报, 2022,42(6): 952-961. DOI:10.7606/j.issn.1000-4025.2022.06.0952.
LIU D, WANG J Y, FENG Z L, FENG B, CHEN W F. Genetic diversity and indica-japonica differentiation of core parents of rice varieties approved in 2021 in three northeastern provinces [J]. *Journal of Northwest Botany*, 2022,42(6): 952-961. DOI:10.7606/j.issn.1000-4025.2022.06.0952.
- [10] 杨梯丰, 张子怡, 董景芳, 周炼, 张少红, 刘斌, 赵均良. 水稻低温发芽力 QTL *qLTG3-1* 基因内分子标记的开发及其在华南籼稻中的应用评价 [J]. 广东农业科学, 2021,48(10): 32-41. DOI:10.16768/j.issn.1004-874X.2021.10.004.
YANG T F, ZHANG Z Y, DONG J F, ZHOU L, ZHANG S H, LIU B, ZHAO J L. Development of QTL *qLTG3-1* gene molecular marker of rice low temperature germination ability and its application evaluation in South China indica rice [J]. *Guangdong Agricultural Science*, 2021,48(10): 32-41. DOI:10.16768/j.issn.1004-874X.2021.10.004.
- [11] 柳武革, 王丰, 李金华, 朱满山, 廖亦龙, 付崇允, 刘迪林, 曾学勤, 马晓智, 霍兴, 孔乐. 水稻三系不育系的分子设计改良与应用 [J]. 广东农业科学, 2021,48(10): 69-77. DOI:10.16768/j.issn.1004-874X.2021.10.008.
LIU W G, WANG F, LI J H, ZHU M S, LIAO Y L, FU C Y, LIU D L, ZENG X Q, MA X Z, HUO X, KONG L. Molecular design improvement and application of three-line male sterile lines in rice [J]. *Guangdong Agricultural Science*, 2021,48(10): 69-77. DOI:10.16768/j.issn.1004-874X.2021.10.008.
- [12] 刘斌. 紧跟世界科技发展前沿, 水稻分子育种初见成效——广东省农业科学院水稻分子育种进展 [J]. 广东农业科学, 2020, 47(12):12-23. DOI:10.16768/j.issn.1004-874X.2020.12.002.
LIU B. Following the frontier of scientific and technological development in the world, initial results have been achieved in rice molecular breeding: Progress in rice molecular breeding in Guangdong Academy of Agricultural Sciences [J]. *Guangdong Agricultural Science*, 2020, 47(12): 12-23. DOI:10.16768/j.issn.1004-874X.2020.12.002.
- [13] 刘霞, 郭玉华, 王松文, 李传友, 刘芳, 张欣, 施利利. 不同水稻品种的 SSR 多态性分析 [J]. 沈阳农业大学学报, 2005,36(3): 271-274. DOI:10.3969/j.issn.1000-1700.2005.03.003.
LIU X, GUO Y H, WANG S W, LI C Y, LIU F, ZHANG X, SHI L. SSR polymorphism analysis of different rice varieties [J]. *Journal of Shenyang Agricultural University*, 2005,36(3): 271-274. DOI:10.3969/j.issn.1000-1700.2005.03.003.
- [14] 樊叶杨, 庄杰云, 吴建利, 孙宝龙, 郑康乐. 应用微卫星标记鉴别水稻籼粳亚种 [J]. 遗传, 2000,22(6):392-394. DOI:10.3321/j.issn:0253-9772.2000.06.011.
FAN Y Y, ZHUANG J Y, WU J L, SUN B L, ZHENG K L. Identification of indica-japonica subspecies of rice by microsatellite markers [J]. *Heredity*, 2000, 22(6): 392-394. DOI:10.3321/j.issn:0253-9772.2000.06.011.
- [15] 李亚莉, 杨晓曦, 赵丰萍, 许明辉. 云南元江普通野生稻 (*Oryza rufipogon*) 群体籼粳分化的 SSR 分析 [J]. 中国水稻科学, 2006,20(2):137-140. DOI:10.3321/j.issn:1001-7216.2006.02.004.
LI Y L, YANG X X, ZHAO F P, XU M H. SSR Analysis of Indica-Japonica differentiation of Common Wild Rice (*Oryza rufipogon*) population in Yuanjiang, Yunnan [J]. *Rice Science in China*, 2006, 20(2): 137-140. DOI:10.3321/j.issn:1001-7216.2006.02.004.
- [16] 孙传清, 王象坤, 吉村淳, 土井一行, 岩田伸夫. 普通野生稻和亚洲栽培稻叶绿体 DNA 的籼粳分化 [J]. 农业生物技术学报, 1997,5(4): 319-324.
SUN C Q, WANG X K, JI C C, TUJING Y X, YANTIAN S F. Indica-japonica differentiation of chloroplast DNA in common wild rice and Asian cultivated rice [J]. *Journal of Agricultural Biotechnology*, 1997,5(4): 319-324.
- [17] 彭生炳. 86 个水稻品种的 SSR 多态性和聚类分析 [D]. 南昌: 江西农业大学, 2011.
- PENG S B. SSR polymorphism and cluster analysis of 86 rice varieties [D]. Nanchang: Jiangxi Agricultural University, 2011.
- [18] 陈锦文, 朱永生, 张建福, 谢华安. 四个杂交水稻骨干恢复系的多态性分析 [J]. 福建农业学报, 2014,29(4):319-323. DOI:10.3969/j.issn.1008-0384.2014.04.005.
CHEN J W, ZHU Y S, ZHANG J F, XIE H A. Polymorphism scores of four backbone restorer lines of hybrid rice [J]. *Fujian Journal of Agriculture*, 2014, 29(4): 319-323. DOI:10.3969/j.issn.1008-0384.2014.04.005.
- [19] 赵伟, 夏寒冰, 章淑杰, 蔡星星, 卢宝荣. 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. DOI:10.15943/j.cnki.fdxb-jns.2008.03.015.
ZHAO W, XIA H B, ZHANG S J, CAI X X, LU B R. 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. DOI:10.15943/j.cnki.fdxb-jns.2008.03.015.
- [20] 王明军, 王云月, 陆春明, 杨慧, 王云涛. 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. DOI:10.4028/www.scientific.net/AMM.37-38.1549.
WANG M J, WANG Y Y, LU C M, YANG H, WANG Y T. 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. DOI:10.4028/www.scientific.net/AMM.37–38.1549.
- [21] 王林友, 张礼霞, 勾晓霞, 祁永斌, 金庆生, 王建军. 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. DOI:10.11869/hnxb.2013.07.0913.
WANG L Y, ZHANG L X, GOU X X, QI Y B, JIN Q S, WANG J J. Identification of indica-japonica properties of rice breeding materials by InDel markers [J]. *Journal of Nuclear Agriculture*, 2013, 27(7): 913–921. DOI:10.11869/hnxb.2013.07.0913.
- [22] 姚国新, 黄文超. 利用水稻籼粳分化 InDel 标记鉴定育种材料的籼粳属性 [J]. 杂交水稻, 2013, 28(3):5. DOI:10.15943/j.cnki.fdxb-jns.2008.03.015.
YAO G X, HUANG W C. Indica-japonica properties of rice breeding materials were identified by InDel markers of indica-japonica differentiation [J]. *Hybrid Rice*, 2013, 28(3):5. DOI:10.15943/j.cnki.fdxb-jns.2008.03.015.
- [23] 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. DOI:10.3321/j.issn:1002–008X.2009.06.007.
LU B R, CAI X X, JIN X. Efficient molecular identification methods for indica and japonica rice and their implications in rice breeding and evolution [J]. *Progress in Natural Science*, 2009, 19(6): 628–638. DOI:10.3321/j.issn:1002–008X.2009.06.007.
- [24] 杨志涛, 李媛, 张少红, 杨梯丰, 赵均良, 董景芳, 陈光辉, 刘斌. 377 份多样性国际稻种低温发芽力评价 [J]. 广东农业科学, 2017, 44(4):1–6. DOI:10.16768/j.issn.1004–874X.2017.04.001.
YANG Z T, LI Y, ZHANG S H, YANG T F, ZHAO J L, DONG J F, CHEN G H, LIU B. Evaluation of low temperature germinability of 377 national rice accessions [J]. *Guangdong Agricultural Sciences*, 2017, 44(4):1–6. DOI:10.16768/j.issn.1004–874X.2017.04.001.
- [25] 杨梯丰, 张少红, 王晓飞, 黄章慧, 赵均良, 张桂权, 刘斌. 水稻抽穗开花期耐热种质资源的筛选鉴定 [J]. 华南农业大学学报, 2012, 33(4):585–588. DOI:10.7671/j.issn.1001–411X.2012.04.031.
YANG T F, ZHANG S H, WANG X F, HUANG Z H, ZHAO J L, ZHANG G Q, LIU B. Screening and identification of heat-tolerant germplasm resources of rice at heading and flowering stage [J]. *Journal of South China Agricultural University*, 2012, 33(4):585–588. DOI:10.7671/j.issn.1001–411X.2012.04.031.
- [26] 丁效华, 陈跃进, 杨长寿, 张泽民, 卢永根, 张桂权. 水稻粳型亲籼系粳型性的判别 [J]. 中国水稻科学, 2003(4):21–24. DOI:10.16819/j.1001–7216.2003.01.005.
DING X H, CHEN Y J, YANG C S, ZHANG Z M, LU Y G, ZHANG G Q. Differentiation of Japonica type of Japonica Indica Lines in Rice [J]. *Chinese Journal of Rice Science*, 2003(4): 21–24. DOI:10.16819/j.1001–7216.2003.01.005.

(责任编辑 白雪娜)



董景芳, 生物化学与分子生物学博士, 助理研究员, 硕士生导师。主要从事水稻耐冷和耐热等重要农艺性状相关基因的定位、克隆以及分子调控机制研究。主持省市等自然科学基金类项目 4 项, 参与国家自然科学基金面上项目、广东省重大科技专项、广东省自然科学基金重点项目、广东省科技计划重点项目等 20 余项。以第一作者(含并列第一作者)在 *New Phytologist*、*The Crop Journal*、*Rice* 发表 SCI 论文 3 篇, 在 *Nature Communications*、*Plant Biotechnology Journal*、*Journal of Experimental Botany* 等期刊合作发表 SCI 论文 25 篇; 以第 1 完成人获授权发明专利 2 件。