

水稻粒形性状的 QTL 分析

张智杰

(鸡东县农业技术推广中心,黑龙江 鸡东 158200)

摘要:为了促进水稻粒形性状分子标记辅助选择育种研究,以籼稻二九南和粳稻龙稻 5 号杂交衍生的重组自交系群体为材料,对粒长、粒宽和粒厚 3 个粒形性状进行数量性状基因定位(Quantitative trait loci, QTL)分析。结果表明:采用完备区间作图法(ICIM),共检测到 7 个控制粒形性状的 QTL,包括 3 个粒宽 QTL,4 个粒厚 QTL,它们分布于第 2、3、5、11 和 12 号染色体上,其中 4 个主效 QTL 包括 1 个控制粒宽的 *qGW5a* 和 3 个控制粒厚的 *qGT2a*、*qGT11a* 以及 *qGT12a*,但未检测到控制粒长的 QTL 位点。进一步分析表明,3 个控制粒宽性状的 QTL 能解释 28.44% 的表型贡献率,单个表型贡献率为 6.61%~13.81%;而 4 个控制粒厚性状的 QTL 能解释 17.53% 的表型贡献率,单个表型贡献率为 7.32%~15.30%。

关键词:水稻;重组自交系群体;粒形性状;数量性状基因位点

中图分类号:S511

文献标识码:A

文章编号:1002-2767(2014)06-0015-04

粒形性状是水稻最重要的农艺性状之一,直接影响着水稻产量和品质。随着科学技术的不断发展,水稻育种已不仅仅只满足于解决人们的温饱问题,不断提高稻米品质,选育出高产优质的新品种是水稻育种面临的新挑战。粒形性状是典型的数量性状,受多基因控制,易受环境的影响^[1-3],而传统育种一般都是根据表型性状选择基因型,会降低选择的效率。近年来,随着分子生物学的

快速发展,通过分子标记辅助选择育种能有效且准确地为育种家提供指导。由此可见,定位和克隆新的 QTL 位点对于品种选育具有重要的意义。

前人对水稻粒形性状做了大量的研究,陈冰蠕等^[4]利用 BC₂F₂ 高代回交群体进行粒宽的 QTL 分析,共检测到 4 个粒宽相关的数量性状基因座(quantitative trait locus, QTL),它们分别位于水稻第 3、5、5 和 8 号染色体上,共解释了 40.05% 的表型变异。姜树坤等^[3]利用 BC₁F₅ 群体对不同地区的水稻粒形进行 QTL 分析,共检测到 16 个控制粒形相关性状的 QTL,包括在日

收稿日期:2014-03-10

作者简介:张智杰(1963-),女,黑龙江省富裕县人,高级农艺师,从事农业技术推广工作。E-mail:1751100422@qq.com。

- [8] 魏昌松. 玉米单倍体高频诱导系的筛选与加倍技术的研究[D]. 武汉:华中农业大学,2011.
- [9] 李国良,苏俊,李春霞,等. 农大高诱 1 号对玉米不同种质和世代单倍体诱导频率的研究[J]. 玉米科学,2008,16(5):3-6.
- [10] 刘志增,宋同明. 玉米单倍体雌雄育性的自然恢复以及染

- 色体的化学加倍[J]. 作物学报,2000,26(6):947-952.
- [11] 段民孝,赵久然,刘新香,等. 不同种植地点对玉米单倍体自然加倍率的影响[J]. 作物杂志,2012(2):68-70.
- [12] 蔡泉,曹靖生,史桂荣,等. 玉米单倍体在黑龙江与海南自然加倍效果的对比研究[J]. 玉米科学,2012,20(5):7-9.

Evaluation on Induction Rate of Maize Haploid Derived Lines for Different Groups F₁

LIN Hong, SUN De-quan, LI Sui-yan, MA Yan-hua, PAN Li-yan

(Pratacultural Science Institute of Heilongjiang Academy of Agricultural Sciences, Harbin, Heilongjiang 150086)

Abstract: In order to use maize haploid breeding technology for large-scale application, induction effect of haploid derived lines of Gaoyou1 and EMK-1 on generation F₁ of different groups were studied. The results showed that there were significant differences between induction rate and different female genotypes, the difference between different male parents was closed to significant level. EMK-1, which could use mainly, had higher induction rate and better plant traits than Gaoyou 1. Difference between natural doubling rate and female genotypes was closed to significant level but no difference with male derived line genotypes.

Key words: maize; haploid derived line; induction rate; natural doubling rate

本筑波检测到的 13 个 QTL 和在中国沈阳检测到的 9 个 QTL,它们分布在第 1、2、3、5、6、9、10 和 12 号染色体上,其中有 6 个 QTL 在两个环境下被同时检测到。严长杰等^[5]以回交群体为作图群体,采用区间作图法对水稻粒宽进行了 QTL 分析,结果检测到 2 个位点,其贡献率分别为 11.5%和 16.6%。但由于粒形性状的复杂性以及不同材料所检测到的结果不尽相同,因此有必要进一步挖掘新的控制粒形性状的 QTL 位点。该研究通过对粒形性状进行 QTL 分析,旨在挖掘新的 QTL 位点,为开展粒形性状的分子标记辅助选择育种提供参考。

1 材料与方法

1.1 材料

以粳稻品种龙稻 5 号和籼稻品种二九南杂交衍生的重组自交系群体为试验材料,该群体包含 148 个株系。

1.2 方法

2010 年将试验材料种植于黑龙江省农业科学院水稻试验田,每个株系插植 3 行,每行 10 穴,株距 13.3 cm,行距 30 cm,4 月 20 日播种,5 月 20 日移栽。栽培管理同当地一般生产田。

1.2.1 性状调查 成熟期在每个株系中间区域选取长势一致水稻植株的 3 穴,剪下所有穗,选取有代表性的 5 个穗,进行穗部性状调查。调查指标包括粒长(grain length,GL)、粒宽(grain width,

GW)以及粒厚(grain thickness,GT)。

1.2.2 遗传图谱构建 通过筛选双亲之间有多态性的引物,共筛选到 122 对 SSR 引物,均匀分布于水稻 12 条染色体,构建用于 QTL 分析的分子遗传图谱。共覆盖水稻基因组 2 015.4 cM,标记间平均距离为 16.5 cM。

1.2.3 QTL 分析 采用 QTL ICMMapping v3.0 的完备区间作图(ICIM)方法进行 QTL 分析。将 LOD 的阈值设置为 2.5,步长 Step 设置为 0.5;当实际求得的 LOD 值大于 LOD 阈值时,就认为该区间存在 1 个 QTL,计算出各 QTL 的贡献率和加性效应。QTL 命名遵循 McCouch 等的原则^[6]。同时,利用 Mapchart 软件进行遗传距离估计并构建局部遗传连锁图。

2 结果与分析

2.1 水稻穗部相关性状表型分析

由表 1 可知,两个亲本之间粒长、粒宽和粒厚 3 个性状存在显著差异。其中粒长以亲本二九南的均值较高,而粒宽和粒厚以亲本龙稻 5 号的均值较高。被考察的性状在重组自交系群体中变异幅度较大,呈现双向超亲分离,表现为近正态分布。表明这些性状均是受多基因控制的数量性状,符合 QTL 分析的要求。

相关分析表明,水稻粒形性状之间存在显著相关性(见表 2)。其中粒长与粒宽和粒厚的相关性均达到了极显著负相关水平,其相关系数分别

表 1 粒形性状在亲本及其 RIL 群体中的分布情况

Table 1 Distribution of grain shape traits in parents and RILs

粒形性状 Grain shape traits	亲本 Parent		重组自交系群体 RILs				
	龙稻 5 号 Longdao 5	二九南 Erjiunan	差值 Difference	平均值±标准差 Mean±SD	变幅 Range	偏度 Skewness	峰度 Kurtosis
粒长 Grain length	7.30	8.53	1.23	7.68±0.36	6.33~11.15	0.39	4.91
粒宽 Grain width	3.31	2.78	0.53	3.05±0.11	2.31~4.01	0.15	-0.37
粒厚 Grain thickness	2.80	1.70	1.10	1.98±0.02	1.58~2.45	0.55	0.17

表 2 穗部性状相关性系数

Table 2 Correlation coefficients of panicle traits

性状 Traits	粒长 Grain length	粒宽 Grain width	粒厚 Grain thickness
粒长 Grain length	1.00		
粒宽 Grain width	-0.313**	1.00	
粒厚 Grain thickness	-0.231**	0.746**	1.00

注: * 表示差异显著($P<0.05$), ** 表示差异极显著($P<0.01$)。

Note: * means significant difference at 0.05 level, ** means significant difference at 0.01 level.

为-0.313 和-0.231;而粒宽与粒厚的相关性也达到了极显著正相关水平,其相关系数为 0.746。由此可知,粒长与粒宽和粒厚的相关性较小,而粒宽与粒厚的相关性较大,表明粒长的调控机理可能与粒宽和粒厚不同。

2.2 水稻穗部相关性状 QTL 分析

利用 QTL ICIMapping v3.0 软件进行粒形 QTL 分析,采用完备区间作图(ICIM)方法,共检测到 7 个控制粒形性状的 QTL 位点(见表 3 和图 1),其 LOD 值的范围为 2.809 9~6.107 9。

单个 QTL 贡献率为 6.606%~15.299%。控制粒形性状的 7 个 QTLs 中有 6 个增效等位基

因来自于龙稻 5 号,1 个增效等位基因来自于二九南。

粒长:没有检测到控制粒长的 QTL,表明粒长受许多微效基因控制。

粒宽:检测到 3 个控制粒宽的 QTLs,分别 在第 5 和 12 号染色体上,其单个 QTL 贡献率在 6.606%~13.812%,3 个 QTLs 共解释性状变异的 28.44%。

粒厚:共检测到 4 个控制粒厚的 QTLs,分别 位于 2、3、11 和 12 号染色体上,单个 QTL 贡献率在 7.324%~15.299%,4 个 QTLs 共解释表型变异的 17.53%。

表 3 水稻穗部性状 QTL 定位

Table 3 QTL locations for rice panicle traits

性状 Characters	位点 QTL	染色体 Chromosome	区间 Marker interval	LOD 值 LOD value	贡献率/% Contribution rate	加性效应 Additive effect
粒宽 Grain width	<i>qGW5a</i>	5	RM548-RM405	4.9393	13.812	-0.151
粒宽 Grain width	<i>qGW5b</i>	5	PSM384-RM31	2.8243	6.606	-0.083
粒宽 Grain width	<i>qGW12a</i>	12	PSM189-PSM190	3.4486	8.565	-0.101
粒厚 Grain thickness	<i>qGT2a</i>	2	RM29-RM424	6.1079	15.299	-0.067
粒厚 Grain thickness	<i>qGT3a</i>	3	PSM428-RM232	2.8099	7.324	-0.043
粒厚 Grain thickness	<i>qGT11a</i>	11	RM4-RM167	4.7583	10.895	0.0494
粒厚 Grain thickness	<i>qGT12a</i>	12	PSM190-RM235	3.8505	10.711	-0.049

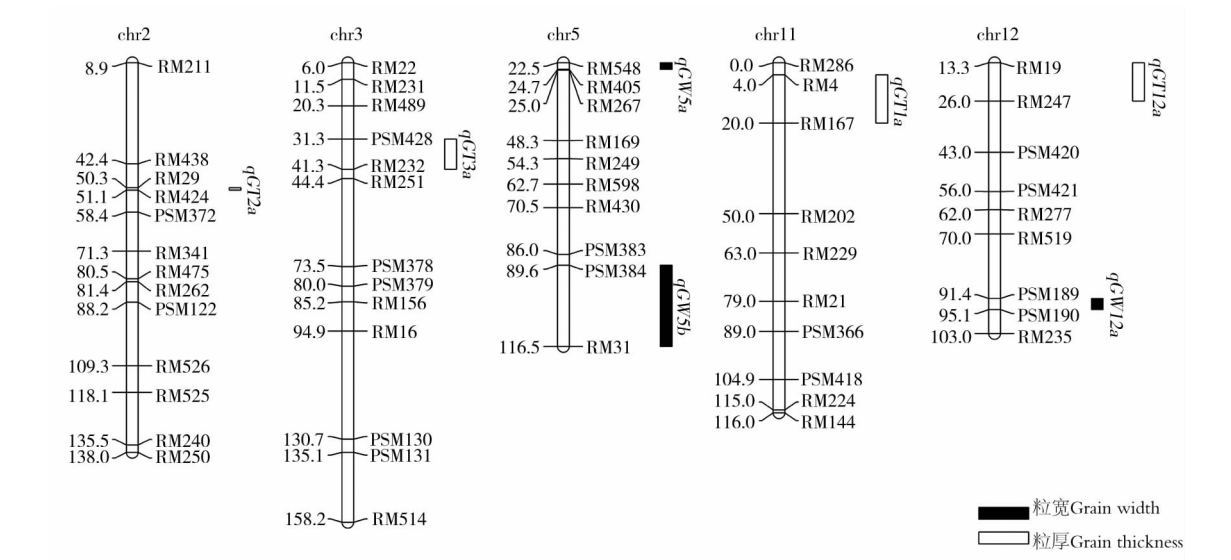


图 1 控制穗部性状的 QTL 在遗传图谱中的位置

Fig. 1 Location of QTLs detected for panicle traits in genetic map

3 结论与讨论

近年来,随着分子生物学的快速发展,水稻粒形性状的分子遗传机理研究已成为遗传学家研究的热点领域。该研究通过构建的龙稻5号/二九南重组自交系群体对水稻粒形性状进行QTL分析,旨在阐明粒形性状的分子调控机理。研究结果表明,共检测到7个控制粒形性状的QTL位点,与前人研究相比^[7-8],检测到的位点数较少,可能是由于构建作图群体的材料不同所致。同时,该研究基于籼粳稻重组自交系群体为材料,未检测到控制粒长性状的QTL位点,表明粒长性状在该研究材料中差异不显著,籽粒长短受诸多微效基因调控。

试验检测到3个控制粒宽的QTL位点,其中1个为主效QTL;检测到4个控制粒厚的QTL位点,其中3个为主效QTL。这些主效的QTL位点,将为进一步精细定位和克隆相关基因奠定基础,同时,究竟这些主效位点是否稳定存在,还需要进一步验证和深入研究。

同时,该研究结果还表明,粒长与粒宽和粒厚之间可能存在不同的调控机理,因为粒长与粒宽和粒厚的相关系数较小,而粒宽与粒厚的相关系数较大。这一点也与徐建龙等^[9]研究结果一致,

即粒长与粒宽受不同的基因调控,暗示育种家在品种选育过程中,可以对粒长和粒宽两个性状分别进行选择。

参考文献:

- [1] 林鸿宣,闵绍楷,熊振民,等.应用RFLP图谱定位分析籼稻粒形数量性状基因座位[J].中国农业科学,1995,28(4):1-7.
- [2] 张亚东,张颖慧,董少玲,等.特大粒水稻材料粒型性状的QTL检测[J].中国水稻科学,2013,27(2):122-128.
- [3] 姜树坤,张喜娟,王嘉宇,等.水稻粒形相关性状的QTL分析[J].沈阳农业大学学报,2011,42(3):269-272.
- [4] 陈冰蠕,石英尧,崔金腾,等.利用BC₂F₂高代回交群体定位水稻籽粒大小和形状QTL[J].作物学报,2008,34(8):1299-1307.
- [5] 严长杰,梁国华,陈峰,等.利用籼粳回交群体分析水稻粒形性状相关QTLs[J].遗传学报,2003,30(8):711-716.
- [6] McCouch S R, Cko Y G, Yano M, et al. Report on QTL nomenclature[J]. Rice Genet Newslett, 1997, 14: 11-13.
- [7] 邢永忠,谈移芳,徐才国,等.利用水稻重组自交系群体定位谷粒外观性状的数量性状基因[J].植物学报,2001,43(3):840-845.
- [8] 林荔辉,吴为人.水稻粒型和粒重的QTL定位分析[J].分子植物育种,2003,1(3):337-342.
- [9] 徐建龙,薛庆中,罗利军,等.水稻粒重及其相关性状的遗传解析[J].中国水稻科学,2002,16(1):6-10.

QTL Analysis on Grain Shape of Rice

ZHANG Zhi-jie

(Agricultural Technology Extension Center of Jidong County, Jidong, Heilongjiang 158200)

Abstract: In order to promote molecular genetic improvement of rice grain shape traits to assist breeding research, recombinant inbred lines (RILs) derived from a cross between Longdao 5 of *Japonica* and Erjiunan of *indica* were used to map QTL controlling grain shape traits. Based on the Inclusive Composite Interval Mapping (ICIM), a total of 7 QTLs were detected including 3 QTLs control for grain width and 4 QTLs control for grain thickness, which were distributed on chromosomes 2, 3, 5, 11 and 12. 4 major QTLs included 1 QTL *qGW5a* for grain width and 3 QTLs *qGT2a*, *qGT11a* and *qGT12a* for grain thickness. But it detected no one to control grain length. Further analysis showed that 3 QTL for grain width could explain 28.44% of phenotypic variance respectively and the contribution of single QTL was between 6.61% ~ 13.81%. 4 QTLs for grain thickness could explain 17.53% of phenotypic variance respectively and the contribution of single QTL was between 7.32% ~ 15.30%.

Key words: rice; recombinant inbred lines; grain shape traits; quantitative trait location