



武琦,张萃雯,李双双,等.水稻芽期耐盐性和耐碱性 QTL 分析[J].黑龙江农业科学,2021(2):6-12.

水稻芽期耐盐性和耐碱性 QTL 分析

武琦¹,张萃雯²,李双双²,郑洪亮²

(1.黑龙江省种业技术服务中心,黑龙江 哈尔滨 150008;2.东北农业大学 农学院,黑龙江 哈尔滨 150030)

摘要:为培育适合盐碱土直播的水稻新品种,本研究利用“小白梗子/空育 131”RIL 群体(200 个株系),以及对盐、碱胁迫条件下水稻芽期的相对根长、相对根数和相对苗高 3 个耐盐碱相关性状的 142 个 SSR 标记遗传连锁图谱进行 QTL 分析。结果表明:在两种胁迫条件下共检测到 11 个 QTL,与耐盐性和耐碱性相关的 QTL 分别为 4 个和 7 个,分布在第 1,2,3,5 和 12 号染色体上,LOD 值范围为 2.58~4.72,贡献率在 7.54%~15.34%。通过比较发现,耐盐性 QTL 和耐碱性 QTL 均定位于不同染色体区域,说明水稻芽期耐盐性和耐碱性的遗传机制可能不同。在盐胁迫下,与相对根数相关的 *qSRRN12* 和与相对根长相关的 *qSRRL12* 定位在相同区间;而在碱胁迫下,与相对苗高相关的 *qARSH1-1* 和与相对根数相关的 *qARRN1* 定位在相同区间,与相对苗高相关的 *qARSH1-2* 和与相对根长相关的 *qARRL1* 定位在相同区间,与相对根数相关的 *qARRN5* 和相对根长相关的 *qARRL5* 定位在相邻区间。这些定位在相同或相邻区间的 QTL 与相对苗高、相对根数和相对根长性状间的相关性具有高度的一致性。通过比较图谱发现,本研究中的 9 个 QTL 与以往不同群体中影响耐盐、碱相关性状的 QTL 定位在相邻或相同染色体区域,在碱胁迫下检测到的 *qARSH1-1* 和 *qARRN1* 在前人研究中未见报道,可能是与水稻芽期耐碱性相关的新位点。

关键词:水稻;芽期;耐盐性;耐碱性;QTL

土壤盐碱化严重影响着全球的农业产量^[1],近年来,全球约 20% 的农业用地存在不同的盐碱化程度,并且在不断加剧^[2]。土地盐碱化是影响水稻产量的主要因素之一^[3],黑龙江省是我国水稻种植面积最大的省份,在粮食生产中占有举足轻重的地位,直接关系到国家粮食安全^[4],目前关于水稻耐盐碱性的研究主要集中在苗期阶段^[5-6],盐碱土水稻直播的成苗率和最终产量也会受水稻芽期耐盐碱性的直接影响。因此,挖掘水稻芽期耐盐性和耐碱性的 QTL,通过分子育种手段改良品种耐盐碱性,对提高该时期耐盐碱性及开展盐碱土水稻直播具有重要意义。

水稻的耐盐、碱性是由多基因控制的复杂数量性状(QTL)^[7-8]。近年来随着科学技术的发展,在分子标记技术方面更是进步斐然,国内外研

究学者对水稻的耐盐碱性进行了大量的 QTL 研究。在水稻耐盐性方面,定位到了水稻各个生育时期的耐盐 QTL^[8-13],其中郑洪亮等^[5]以 BC₂F_{2,3} 群体为研究材料,针对水稻芽期的相关性状进行了 QTL 定位并检测到 11 个 QTL。Takehisa 等^[14]针对水稻苗期的耐盐性状检测到 10 个相关的 QTL。任仲海^[15]和黄新元等^[16]分别运用图位克隆技术,成功发现耐盐方面的两个主效 QTL *SKC1* 和 *DST*。与水稻耐盐性研究相比,关于水稻耐碱性 QTL 定位较少,邹德堂等^[17]检测到 16 个与水稻幼苗前期根数、根长、叶绿素含量及其碱害率相关的 QTL 位点。邢军等^[18]检测到在碱胁迫下与水稻苗期根部 Na⁺ 浓度相关的 5 个 QTL 位点。李宁等^[19]检测到 3 个在碱胁迫条件下与水稻苗期的苗高相关的 QTL。研究结果表明,水稻耐盐、碱性的调控基因具有很高的遗传多样性,前人已利用不同群体对水稻的耐盐碱性相关性状进行过 QTL 定位,但目前的研究主要集中在水稻苗期阶段,水稻芽期阶段的研究报道较少且主要进行相关性状的耐盐性研究,试验中对同一材料分别进行盐、碱胁迫处理,同时进行水稻芽期相关性状耐盐性和耐碱性的研究和比较分析鲜见报道。根据前人的 QTL 定位结果,盐、碱胁迫条件下性状间的遗传机理存在联系但也存在差

收稿日期:2020-10-26

基金项目:黑龙江省普通本科高等学校青年创新人才培养计划(UNPYSCT-2017009);黑龙江省自然科学基金联合引导项目(LH2019C035);国家自然科学基金(31601377,31872884);黑龙江省博士后基金(LBH-Z16188);“东农”学者计划青年才俊项目(17QC02)。

第一作者:武琦(1988—),女,硕士,高级农艺师,从事主要农作物品种选育推广。E-mail:13674685718@163.com。

通信作者:郑洪亮(1987—),男,博士,助理研究员,从事水稻遗传育种和分子生物学研究。E-mail:zhenghongliang008@126.com。

异^[20],同一性状在生理方面对盐胁迫与碱胁迫的响应存在显著差异^[17]。因此,研究水稻芽期耐盐、碱性遗传机制具有重要意义。

本研究利用“小白粳子/空育 131”RIL 群体(200个株系),以及 142 个 SSR 标记的遗传连锁图谱对盐、碱胁迫条件下水稻芽期的相对苗高、相对根数和相对根长等 3 个耐盐碱相关性状进行 QTL 分析,旨在为水稻芽期耐盐、碱性遗传机制和利用分子标记辅助育种培育适合盐碱土直播的水稻新品种提供理论依据。

1 材料与方法

1.1 材料

试验以陆稻品种小白粳子为母本,耐盐、碱粳稻品种空育 131 为父本配置的杂交组合并自交多代,通过“单粒传”法得到 200 个 F₉群体家系作为试验材料。

1.2 方法

1.2.1 试验设计 试验于 2018 年在东北农业大学农学院水稻育种研究所设计实施并完成,共设置盐胁迫、碱胁迫 2 种处理。种子放入 50℃恒温箱中 48 h,使种子打破休眠。种子冷却后,用 0.5%次氯酸钠消毒 10 min,接着用自来水冲洗 3 次。每份材料选取 150 粒籽粒饱满的种子,平均分成 3 份,置于垫有滤纸的培养皿中,加盖后放入 26℃恒温箱中催芽,以水稻种子的芽长为种子长度的一半作为发芽标准,处理及对照均挑选发芽一致的水稻种子分别加入 0.15% NaCl 15 mL、40 mmol·L⁻¹ NaHCO₃溶液15 mL和蒸馏水 15 mL,每 2 d 更换一次溶液和蒸馏水。试验设 3 次重复。

1.2.2 测定项目及方法 在盐胁迫 12 d 和碱胁迫 8 d 后,每个株系选取长势一致的 5 株,用游标卡尺测量其苗高、根数和最长根长(以下简称为根长),进而计算出相对苗高、相对根数和相对根长,

用来评价水稻芽期的耐盐性和耐碱性。

相对苗高(%)=(处理的平均苗高/对照的平均苗高)×100

相对根数(%)=(处理的平均根数/对照的平均根数)×100

相对根长(%)=(处理的平均根长/对照的平均根长)×100

1.2.3 数据分析 使用 Excel 2016 和 SPSS Statistics 19 进行表型数据的统计分析和性状间的相关分析。

本研究共计使用 142 个 SSR 标记重新构建遗传连锁图谱,共覆盖水稻基因组 1 290.25 cM,标记间的平均遗传距离为 9.09 cM,PCR 反应和电泳方法参考邢军等^[18]方案。运用 Mapchart 2.2软件完成遗传连锁图谱的绘制。运用 QTL IciMapping v3.3 软件的完备区间作图法(ICIM)进行 QTL 定位,LOD 值设定为 2.5^[21],QTL 命名遵循 McCouch^[22]等所提出的方法。

2 结果与分析

2.1 水稻芽期耐盐性和耐碱性相关性状的表型分析

在盐、碱胁迫条件下分别对亲本及重组自交系群体的相对苗高、相对根数和相对根长进行统计分析,由表 1 可知,两种胁迫条件下的各性状在两亲本间均表现出极显著差异。RIL 群体在 2 种条件下,受盐胁迫影响的相对苗高、相对根长均高于受碱胁迫影响的相对苗高、相对根长。另外两种胁迫下各性状在 RIL 群体中的平均值都处在两亲本间,变异范围较广,有明显的超亲分离现象,其中相对苗高在 2 种胁迫条件下变异系数均最大,分别为 71.90 和 68.13。数据经过正态分布适合性检验,表明各性状基本均符合正态分布,具有典型的数量性状遗传特征(图 1)。

表 1 盐、碱胁迫下水稻芽期相关性状的表型分析

处理	性状	取样时间/d	亲本		重组自交系群体				
			小白粳子	空育 131	平均数±标准差	变异范围	变异系数/%	峰度	偏度
盐胁迫	相对苗高	12	18.04	32.82**	21.96±15.79	12.98~59.02	71.9	1.63	0.82
	相对根数	12	18.62	71.47**	49.68±19.97	14.29~94.38	40.2	-0.10	-0.21
	相对根长	12	28.1	37.01**	35.93±9.22	2.20~67.71	25.66	0.98	0.63
碱胁迫	相对苗高	8	10.05	25.89**	20.04±6.84	8.55~33.85	68.13	0.93	0.55
	相对根数	8	33.77	66.01**	56.60±19.55	13.16~86.21	34.54	0.86	0.88
	相对根长	8	25.37	35.13**	33.42±8.11	12.10~56.68	14.63	0.62	0.95

注:**表示在 0.01 水平上极显著差异。

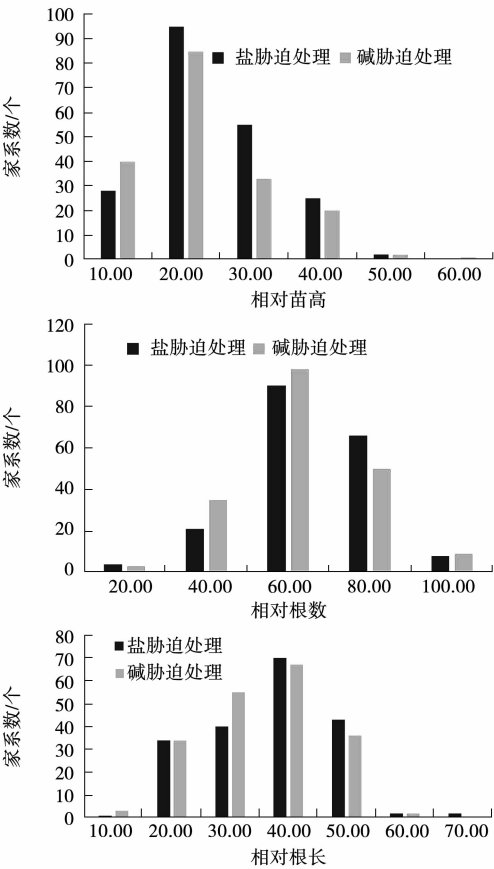


图 1 盐、碱胁迫下相对苗高、相对根数和相对根长的分布

2.2 水稻芽期耐盐和耐碱性状的相关分析

由表 2 可知,在 NaCl 水溶液胁迫下,相对苗高与根数呈显著正相关,相关系数为 0.185;相对苗高与根长呈极显著正相关,相关系数为 0.233;相对根数与根长呈极显著正相关且相关系数最大,为 0.415。在 NaHCO₃ 水溶液胁迫下,相对苗高、根数和根长 3 个性状间均呈极显著正相关,其

中相对苗高与根数之间的相关系数最大,为 0.431。盐胁迫下各性状与碱胁迫下各性状均无显著相关性。

2.3 水稻芽期耐盐性和耐碱性 QTL 分析

在盐、碱胁迫条件下对芽期相对苗高、相对根数和相对根长相关性状进行 QTL 分析(表 3,图 2)。在盐、碱两种胁迫条件下,共检测到 11 个 QTL 位点,分别位于第 1,2,3,5 和 12 号染色体上,LOD 值为 2.58~4.72,表型变异贡献率为 7.54%~15.34%。

在盐胁迫条件下,共检测到 4 个与相对苗高、相对根数、相对根长相关的 QTL,分别在第 2,3 和 12 号染色体上。其中,检测到 1 个与相对苗高相关的 QTL,位于第 3 号染色体的 RM1230~RM523 区间。检测到 1 个与相对根数相关的 QTL,位于第 12 号染色体上的 RM27462~RM1302 区间。检测到 2 个与相对根长相关的 QTL,分别位于第 2 号染色体的 RM1342~RM525 以及第 12 号染色体上的 RM27462~RM1302 区间,其中 *qSRRL12* 的贡献率最大,为 11.41%。

在碱胁迫条件下,共检测到 7 个与相对苗高、相对根数、相对根长相关的 QTL,分布在第 1,2 和 5 号染色体上。其中,检测到 2 个与相对苗高相关的 QTL,位于第 1 号染色体的 RM10483~RM1254 和 RM1349~RM488 区间。检测到 3 个与相对根数相关的 QTL,分别位于第 1 号染色体的 RM10483~RM1254 区间,第 2 号染色体上的 RM1211~RM236 和第 5 号染色体的 RM440~RM430 区间,其中 *qARRN1* 的贡献率最大,为 13.22%。检测到 2 个与相对根长相关的 QTL,位于第 1 号染色体的 RM1349~RM488 和第 5 号染色体的 RM430~RM584 区间。

表 2 盐、碱胁迫下性状间的相关系数

处理	性状	盐胁迫			碱胁迫		
		相对苗高	相对根数	相对根长	相对苗高	相对根数	相对根长
盐胁迫	相对苗高	1					
	相对根数	0.185*	1				
	相对根长	0.233**	0.415**	1			
碱胁迫	相对苗高	0.022	0.040	0.106	1		
	相对根数	0.168	0.199	0.003	0.431**	1	
	相对根长	0.129	0.001	0.069	0.362**	0.319**	1

注:*表示在 0.05 水平上显著相关,**表示在 0.01 水平上极显著相关。

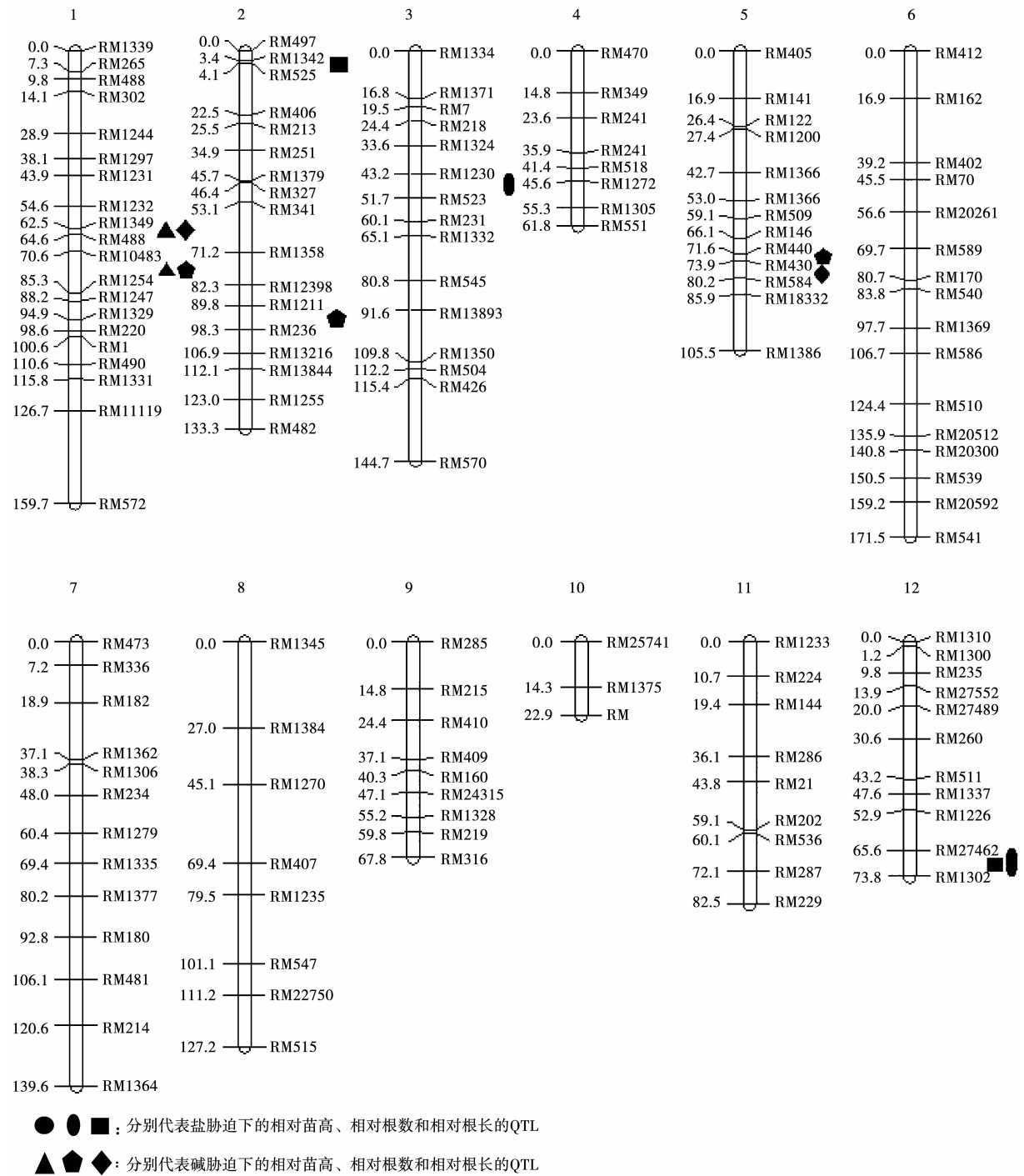


图 2 水稻芽期相关性状耐盐性和耐碱性的 QTL 定位

同时在盐胁迫条件下,与相对根数相关的 $qSRRN12$ 和与相对根长相关的 $qSRRL12$ 均定位到第 12 号染色体的 RM27462~RM1302 区间;在碱胁迫条件下,与相对苗高相关的 $qARSH1-1$ 和与相对根数相关的 $qARRN1$ 均定位到第 1 号染色体的 RM10483~RM1254 区间;

与相对苗高相关的 $qARSH1-2$ 和与相对根长相关的 $qARRL1$ 均定位到第 1 号染色体的 RM1349~RM488 区间,与相对根数相关的 $qARRN5$ 和与相对根长相关的 $qARRL5$ 定位到第 5 号染色体的相邻区间。

表 3 水稻芽期耐盐性和耐碱性 QTL 及遗传效应

处理	性状	数量性状位点	染色体	标记区间	LOD 值	贡献率/%	加性效应	前人研究
盐胁迫	相对苗高	<i>qSRSH3</i>	3	RM1230~RM523	4.18	10.79	-0.12	孙健 ^[32] 、邢军等 ^[18] 、藏金萍等 ^[31]
	相对根数	<i>qSRRN12</i>	12	RM27462~RM1302	3.94	10.46	0.09	孙健 ^[32]
	相对根长	<i>qSRRL2</i>	2	RM1342~RM525	3.30	7.97	-0.11	王志欣 ^[1]
		<i>qSRRL12</i>	12	RM27462~RM1302	2.58	11.41	0.04	孙健 ^[32]
碱胁迫	相对苗高	<i>qARSH1-1</i>	1	RM10483~RM1254	3.36	15.34	-0.11	
		<i>qARSH1-2</i>	1	RM1349~RM488	3.05	7.54	-0.08	李宁等 ^[19] 、邹德堂等 ^[17]
	相对根数	<i>qARRN1</i>	1	RM10483~RM1254	4.72	13.22	0.14	
		<i>qARRN2</i>	2	RM1211~RM236	3.32	8.51	-0.11	梁晶龙 ^[33] 、李宁等 ^[19]
		<i>qARRN5</i>	5	RM440~RM430	3.21	9.84	0.04	梁晶龙 ^[33] 、曲英萍 ^[34]
	相对根长	<i>qARRL1</i>	1	RM1349~RM488	3.25	9.26	-0.09	李宁等 ^[19] 、邹德堂等 ^[17]
		<i>qARRL5</i>	5	RM430~RM584	3.31	8.2	0.03	梁晶龙 ^[33] 、曲英萍 ^[34]

注:QTL 命名中的首个大写字母 S 和 A 分别代表着盐胁迫和碱胁迫。

3 讨论

3.1 水稻耐盐性和耐碱性遗传

前人研究表明,水稻的耐盐性^[6]和耐碱性^[17]均是受多基因控制的数量性状,是各种生理生化反应的综合表现。程广有等^[23]利用模拟盐碱池对水稻品种在分蘖盛期和孕穗期进行耐盐、碱性相关性研究,结果表明耐盐机理和耐碱机理可能存在差异。梁银培等^[24]发现盐胁迫和碱胁迫条件下水稻产量相关性状均受影响,但二者是性质有所差别的两种胁迫,盐胁迫下水稻单株有效穗数、结实率、单株穗重和千粒重的降低幅度均碱胁迫下小于各性状的降低幅度,进而表明水稻碱害更严重,对产量的影响更明显。另外,在碱胁迫下水稻与自然条件下生长相比,各性状的降低幅度均大于在盐胁迫水稻与自然条件生长相比各性状的降低幅度,这表明水稻的耐盐性和耐碱性胁迫机制存在差异。

本试验研究结果表明,在两种胁迫条件下各性状所检测到的 QTL 有明显差异,同时盐胁迫下各性状与碱胁迫下各性状均无显著相关性,且两种胁迫下相对苗高、相对根数和相对根长性状相关的 QTL 分别被定位于染色体的不同区域,表明水稻芽期耐盐性和耐碱性的遗传机制存在差异。

3.2 QTL 共分布与性状相关性

根据前人的研究结果,控制相关性状的 QTL 位点,经常会被定位在相邻或相同的染色体区域^[25-27]。在邢军等^[18]的研究中,水稻苗期盐胁迫

下根部的 Na⁺ 浓度与 K⁺ 浓度呈极显著正相关,且定位出与两性状相关的 QTL 均在第 8 染色体的 RM1235~RM264 区间;水稻苗期碱胁迫下根部的 Na⁺ 浓度与 Na⁺/K⁺ 呈极显著正相关,且定位出与两性状相关的 QTL 均在第 3 染色体的 RM293~RM232 区间内。本研究中,盐胁迫下的相对苗高与相对根长呈极显著正相关,碱胁迫下的相对苗高、相对根数和相对根长均呈极显著正相关,其中相对苗高与相对根数之间的相关系数最大,为 0.431。另外本研究中,盐胁迫条件下,与相对根数相关的 *qSRRN12* 和与相对根长相关的 *qSRRL12* 均定位到第 12 号染色体的 RM27462~RM1302;碱胁迫条件下,与相对苗高相关的 *qARSH1-1* 和与相对根数相关的 *qARRN1*均定位到第 1 号染色体的 RM10483~RM1254,与相对苗高相关的 *qARSH1-2* 和与相对根长相关的 *qARRL1* 均定位到第 1 号染色体的 RM1349~RM488,与相对根数相关的 *qARRN5*和与相对根长相关的 *qARRL5* 定位到第 5 号染色体的相邻区间。这些定位在相同或相邻区间的 QTL 与性状间的相关性具有高度的一致性。这可能是因为遗传上某些基因的紧密连锁或一因多效的原因所造成,但还需进行深入研究和分析。

3.3 与前人研究结果的比较分析

利用同样的 SSR 标记图谱^[27-29],将本研究定位到的 11 个 QTL 位点与前人结果进行比较。盐胁迫下,本文定位到的 *qSRSH3* 分别与邢军等^[18]定位到的影响根部 Na⁺ 含量的 *qSRNC3-2*,

藏金萍等^[31]定位到的影响地上部 Na^+ 浓度的 *qSNC3* 以及孙健等^[32]定位到的影响株高的 *qR-PH5* 在相邻区间;*qSRRN12* 和 *qSRRL12* 均与影响分蘖数的 *qTN3*、影响水稻叶相对干重的 *qRLDW12-1* 以及影响水稻茎 Na^+ 含量的 *qSNC12*^[32]定位在相邻区间;*qSRRL2* 与王志欣等^[1]定位到的影响相对根长的 *qRRL2* 在相邻区间。碱胁迫下,本文定位到的 *qARSH1-2* 和 *qARRL1* 均与影响水稻幼苗前期根数的 *qRN1-1*^[17]、影响水稻幼苗存活天数的 *qSDS1*^[19]定位在相邻区间;*qARRN2* 与影响幼苗前期根长相对碱害率的 *qARL2-1*^[33]、影响水稻地上部 Na^+ 浓度的 *qSNC2*^[19]定位在相邻区间;*qARRL5* 和 *qARRN5* 均与梁晶龙^[33]所定位到的影响幼苗前期根长相对碱害率的 *qARL5-1*、影响株高的 *qAPH5-1*^[34]在相邻区间。同时盐胁迫下,第 3 号染色体上定位到的 *qSRSH3* 与影响水稻茎鲜重的 *qS-FW3*、影响水稻叶干重的 *qLFW3-1* 以及影响水稻茎 Na^+ 含量的 *qSNC3-1* 均定位在相同区间 RM1332-RM231^[32]。本研究中,碱胁迫下检测到的 *qARSH1-1* 和 *qARRN1* 在前人研究中未见报道,可能是与水稻芽期耐碱性相关的新位点。

4 结论

本研究共检测到与水稻芽期耐盐性和耐碱性相关的 QTL 11 个,其中盐胁迫条件下检测到 4 个 QTL 位点、碱胁迫条件下检测到 7 个 QTL 位点,分别分布在第 1,2,3,5 和 12 号染色体上,表型贡献率范围为 7.54%~15.34%,其中 9 个 QTL 与前人定位在相邻或相同区间,位于 RM10483~RM1254 之间的 *qARSH1-1* 和 *qARRN1* 为新的 QTL 位点。

水稻芽期盐胁迫下各性状与碱胁迫下各性状均无显著相关性,且两种胁迫下相对苗高、相对根数和相对根长性状相关的 QTL 分别被定位在染色体不同区域,说明水稻芽期耐盐性和耐碱性的遗传机制可能不同。

参考文献:

- [1] 王志欣. 东北粳稻耐盐碱性种质筛选及相关性状的 QTL 定位[D]. 哈尔滨:东北农业大学,2012.
- [2] 刘洪伟. 水稻芽期耐盐碱遗传变异及优异等位变异的分析[D]. 哈尔滨:黑龙江大学,2015.
- [3] Li X J, Yang M F, Zhu Y, et al. Proteomic analysis of salt stress responses in rice shoot[J]. Journal of Plant Biology, 2011, 384: 54.
- [4] 虞国平, 陈惠哲, 鄂志国. 黑龙江水稻生产发展及品种推

广[J]. 中国稻米, 2010, 16(6): 69-71.

- [5] 郑洪亮, 刘博文, 赵宏伟, 等. 利用连锁和关联分析定位粳稻芽期及幼苗前期耐盐性 QTL[J]. 中国水稻科学, 2014, 28(4): 358-366.
- [6] 赵春芳, 张善磊, 赵庆勇, 等. 基于 CSSL 的水稻芽期耐盐性 QTL 定位[J]. 华北农学报, 2017, 32(5): 106-111.
- [7] Qi D L, Guo G Z, Lee M, et al. Identification of quantitative trait loci for the dead leaf rate and the seedling dead rate under alkaline stress in rice[J]. Journal of Genetics and Genomics, 2008, 35(5): 299-305.
- [8] Tiwari S, Si K, Kumar V, et al. Mapping QTLs for salt tolerance in rice (*Oryza sativa* L.) by bulked segregant analysis of recombinant inbred lines using 50K SNP Chip[J]. PLoS One, 2016, 11(4): e0153610.
- [9] Lin H X, Zhu M Z, Yano M, et al. QTLs for Na^+ and K^+ uptake of the shoots and roots controlling rice salt tolerance[J]. Theoretical and Applied Genetics, 2004, 108(2): 253-260.
- [10] 杨静. 利用双向导入系剖析水稻耐盐 QTL 定位的遗传背景效应[D]. 哈尔滨:东北农业大学, 2009.
- [11] 於卫东, 蒋靓, 庄杰云, 等. 盐胁迫下水稻部分生化性状的 QTL 定位[J]. 核农学报, 2009, 23(1): 150-153, 158.
- [12] Wang Z F, Cheng J P, Chen Z W, et al. Identification of QTLs with main, epistatic and QTL \times environment interaction effects for salt tolerance in rice seedlings under different salinity conditions[J]. Theoretical and applied genetics, 2012, 125(4): 807-815.
- [13] 潘晓颢, 黄善军, 陈凯, 等. 大田全生育期盐灌灌溉胁迫筛选水稻耐盐恢复系[J]. 中国水稻科学, 2012, 26(1): 49-54.
- [14] Takehisa H, Shimodate T, Fukuta Y, et al. Identification of quantitative trait loci for plant growth of rice in paddy field flooded with salt water[J]. Field Crops Research, 2004, 89(1): 85-91.
- [15] 任仲海. 水稻耐盐相关 QTL, SKC1 的定位、克隆及功能分析[D]. 上海:中国科学院研究生院(上海生命科学研究院), 2005.
- [16] 黄新元, 晁代印, 林鸿宣. 水稻抗旱耐盐新基因 DST 的作用机理研究[C]//中国植物生理学会. 中国植物生理学会第十次会员代表大会暨全国学术年会论文摘要汇编. 中国植物生理学会; 中国植物生理学会, 2009: 7.
- [17] 邹德堂, 马婧, 王敬国, 等. 粳稻幼苗前期耐碱性的 QTL 检测[J]. 东北农业大学学报, 2013, 44(1): 12-18.
- [18] 邢军, 常汇琳, 王敬国, 等. 盐碱胁迫条件下水稻 Na^+ 、 K^+ 浓度的 QTL 分析[J]. 中国农业科学, 2015(3): 604-612.
- [19] 李宁, 孙健, 王敬国, 等. 一个新的水稻苗期耐碱主效 QTL 的定位[J]. 分子植物育种, 2016, 14(2): 417-423.
- [20] 索艺宁, 张春可, 于乔乔, 等. 盐、碱胁迫下水稻苗期根数和根长的 QTL 分析[J]. 华北农学报, 2018, 33(5): 9-15.
- [21] 龚继明, 郑先武, 杜保兴, 等. 控制水稻重要农艺性状的 QTL 在盐胁迫与非胁迫条件下的对比研究[J]. 中国科学(C 辑: 生命科学), 2000(6): 561-569.
- [22] McCouch S R, Chen X, Panaud O, et al. Microsatellite marker development, mapping and applications in rice ge-

- netics and breeding[J]. Plant Molecular Biology, 1997, 35(1-2):89-99.
- [23] 程广有, 许文会, 黄永秀, 等. 水稻品种耐盐碱性的研究[J]. 延边农学院学报, 1995(4):195-201.
- [24] 梁银培, 孙健, 索艺宁, 等. 水稻耐盐性和耐碱性相关性状的 QTL 定位及环境互作分析[J]. 中国农业科学, 2017, 50(10):1747-1762.
- [25] Veldboom L R, Lee M, Woodman W L. Molecular marker-facilitated studies in an elite maize population: I. Linkage analysis and determination of QTL for morphological traits[J]. Theoretical and applied genetics, 1994, 88(1):7-16.
- [26] Lin H X, Qian H R, Zhuang J Y, et al. RFLP mapping of QTLs for yield and related characters in rice (*Oryza sativa* L.) [J]. Theoretical and Applied Genetics, 1996, 92:920-927.
- [27] Xiao J, Li J, Yuan L, et al. Identification of QTLs affecting traits of agronomic importance in a recombinant inbred population derived from a subspecific rice cross[J]. Theoretical and Applied Genetics, 1996, 92(2):230-244.
- [28] Temnykh S, DeClerck G, Lukashova A, et al. Computational and experimental analysis of microsatellites in rice(*Oryza sativa* L.): frequency, length variation, transposon associations, and genetic marker potential[J]. Genome Research, 2001, 11(8):1441-1452.
- [29] Kurata N, Nagamura Y, Yamamoto K, et al. A 300 kilobase interval genetic map of rice including 883 expressed sequences[J]. Nature Genetics, 1994, 8:365-372.
- [30] Ware D. Gramene: a resource for comparative grass genomics[J]. Nucleic Acids Research, 2002, 30(1):103-105.
- [31] 戴金萍, 孙勇, 王韵, 等. 利用回交导入系剖析水稻苗期和分蘖期耐盐性的遗传重叠[J]. 中国科学(C 辑: 生命科学), 2008(9):841-850.
- [32] 孙健. 水稻耐盐相关性状的发育动态 QTL 分析[D]. 哈尔滨: 东北农业大学, 2013.
- [33] 梁晶龙. 利用重组自交系群体的水稻耐盐/碱性 QTL 定位分析[D]. 重庆: 重庆师范大学, 2013.
- [34] 曲英萍. 水稻耐盐碱性 QTLs 分析[D]. 北京: 中国农业科学院, 2007.

QTL Analysis of Salt and Alkali Tolerance at Bud Stage in Rice

WU Qi¹, ZHANG Cui-wen², LI Shuang-shuang², ZHENG Hong-liang²

(1. Seed Technical Service Center of Heilongjiang Province, Harbin 150008, China; 2. College of Agriculture, Northeast Agricultural University, Harbin 150030, China)

Abstract: Rice direct seeding has become an important cultivation method in the northeast saline and alkaline soil rice area in recent years. Creating new rice varieties suitable for directing seeding in salt and alkali soil is necessary for agricultural production. In this study, 200 RIL population derived from XBJZ/KY131 and 142 SSR markers were used to analyze the relative seedling height, relative root number and relative root length of rice under salt and alkali stress by QTL. Under the condition of two kinds of stress, we detected 11 QTL, 4 for salt resistance and 7 for alkali resistance, distribution in 1, 2, 3, 5, 12 chromosomes, LOD value range from 2.58 to 4.72, and contribution rate between 7.54% and 15.34%. By comparison, salt tolerance QTL and alkali tolerance QTL were located at the different chromosome regions, indicating that maybe there were different genetic mechanisms from rice salt tolerance and alkali tolerance at bud stage. *qSRRN12* and *qSRRL12*, which were correlated with relative root number and relative root length, were located at the same interval under salt stress. Under alkali stress, *qARSH1-1*, which was related to relative seedling height, and *qARRN1*, which was related to relative root number, were located at the same region, *qARSH1-2*, which was related to relative seedling height, and *qARRL1*, which was related to relative root length, were located at the same region, *qARRN5* and *qARRL5*, which were related to relative root number and relative root length, were located in adjacent regions. The correlations between QTLs located at the same or adjacent interval region and the three salt-tolerant traits, such as relative seedling height, relative root number and relative root length, were highly consistent. By comparison mapping, there were 9 QTLs in this study located in adjacent or same chromosome region with the region had been reported, which the QTLs affecting salt tolerance and alkaline tolerance related traits in different populations, but *qARSH1-1* and *qARRN1* detected under alkali stress had not been reported in previous studies, they may be new loci related to alkali tolerance in rice at the bud stage.

Keywords: rice; bud stage; salt tolerance; alkaline tolerance; QTL