



鲍泽然. 混合池测序在水稻深根比 QTL 验证中的应用研究[J]. 黑龙江农业科学, 2023(12):1-5, 6.

混合池测序在水稻深根比 QTL 验证中的应用研究

鲍泽然

(黑龙江省农垦科学院 水稻研究所, 黑龙江 佳木斯 154000)

摘要:水稻根系是其营养吸收以及生长的关键器官,强健的根系是水稻抗旱性培育的重要指标。为培育优良水稻品种,采用混合池测序法对水稻样本进行测序,并通过双亲间多态性进行样本筛选与标记,从而对水稻根数量性状基因座(Quantitative Trait Locus, QTL)进行挖掘。结果表明,在亲本多态标记中,用 486 个 SSR 分子标记实现对亲本多态性的分析,多态占比率为 43.20%。在水稻 QTL 定位中,得到 5 个候选基因在根尖特异性表达,并且与根尖生长角度有关,意味着这些基因与水稻深根比有着密切的关系。

关键词:水稻;QTL;混合池测序;深根比;基因

我国作为世界人口数量最多的国家,人均可用水资源不足世界人均的 29%^[1]。同时由于土地资源匮乏,常年受到旱灾等极端气候因素影响,2011—2020 年两者间因环境变化导致的年均粮食损失就达 200 亿 kg,通过相关数据调查发现干旱灾害是影响水稻生产的主要原因^[2]。同时,长期处于淹水状态的水稻会产生有毒甲烷气体,对生态环境造成破坏。因此,培育高抗旱性水稻,可以降低缺水对水稻发育的影响,降低水稻有毒气体排放^[3]。水稻作为我国主要的粮食作物,截至 2022 年,我国水稻种植面积达到 2 992.1 万 hm²,水稻年产量达到了 2.1 亿 t。水稻种植容易受到环境因素影响,为了改善水稻的产量与抗病性,发展优质杂交水稻是我国解决粮食问题的主要途径之一^[3]。目前,我国杂交水稻技术处于世界领先地位,国内优质水稻品种具有高抗病、耐旱性。根据国内不同地区气候环境情况,我国已经培育出适应不同气候环境的特殊水稻品种,以满足我国现代农业的发展。目前,我国水稻生长主要受到干旱因素影响,要提高水稻的抗旱、营养汲取能力,提高水稻根系品相是水稻技术发展的关键^[4]。根系作为水稻营养与水分供给的直接器官,培育深根性品种是提高水稻抗旱能力的重要途径。水稻深根特性能提高水稻的避旱性,水稻可以通过更深的根系汲取土壤深层的营养与水分,从而避免水稻因干旱受到影响^[5]。水稻深根特性与水稻的根系分布、根系生长等因素有关,越来越多的学

者专家开展了对水稻深根性遗传特征的研究^[6]。因此,本研究采用混合池测序法展开对水稻深根比的研究,以期对抗旱性水稻的培养提供重要的理论数据支持。

1 材料与方法

1.1 材料

研究中采用某农业生物基因所提供的 18 个水稻亲本作为试验材料,浅根样本材料为 8 个,包括圭 630、Nanxiong、BLCO. BRANCO、献改 B、9311、台农 67、镇粳 232、CR203;深根样本材料为 10 个,包括 Mowanggu、CICA4、IRAT109、Huhan7、LAC23、BICOPRETO、Huhan1B、H1K0140、H1K0346、H1K0330,均由黑龙江农业生物基因中心提供。

1.2 方法

1.2.1 水稻深根比 QTL 验证 混合池测序:将深根水稻样本划为 R2 种群,并对 10 个 R2 种群深根水稻进行混合池测序,定位得到多个水稻深根比 QTL^[7]。其中混合池测序是一种将不同 DNA 片段混合测序的技术,能显著提升对水稻基因的研究速度与效率。首先是将水稻样本 DNA 利用多聚酶链式反应技术扩大基因片段,并将样本 DNA 混合,在高通量测序仪中进行 DAN 测序。

水稻深根形态鉴别:采用篮子法对样本水稻材料进行育苗,其中设置篮子上端直径为 18 cm,底部直径为 12 cm,篮子高为 8 cm。在篮子中放入由营养基质、沙土调配的种植营养材料,每个篮子中培育一株水稻,并根据水稻季节习性进行病虫害防护。人工将种植篮内水稻轻轻拔起,放置于清水中去除根部营养物质。对于渗透塑料篮子

收稿日期:2023-04-17

基金项目:国家水稻产业技术体系(CARS-01-58)。

作者简介:鲍泽然(1988—),男,硕士,助理研究员,从事水稻育种研究。E-mail:40602964@qq.com。

的水稻根部数量作为深根水稻计数,并且垂直于篮子轴心,根系角度在 $0^{\circ}\sim 35.5^{\circ}$ 之间。未渗透篮子,根系角度在 $35.5^{\circ}\sim 90.0^{\circ}$ 之间的根系为水稻浅根,深根比计算公式为 $D = q_1/Q$,其中 q_1 为深根总数, Q 为总的深根数^[8]。

基因型标记检测:采用CTAB法提取样本水稻DNA。在样本水稻5 cm高度提取水稻新叶,放入事先预备的离心管内,并向其中放入直径为2.5 mm的钢珠,速冻后采用德国Retsch牌碾磨设备碾磨为粉状;加热至温度 56°C ,加 $800\ \mu\text{L}$ 至离心管并混合均匀,在 56°C 水中放置36 min;结束后在其中放入 $800\ \mu\text{L}$ 的氯仿异戊醇,混合均匀并在 $10\ \text{min}\ 12\ 000\ \text{r}\cdot\text{min}^{-1}$ 离心操作;对离心后提取 $600\ \mu\text{L}$ 上清,并在其中加入 $600\ \mu\text{L}$ 的异丙醇,混合均匀后放在冰箱 -20°C 环境下1 h;取出后进行 $12\ 000\ \text{r}\cdot\text{min}^{-1}$ 离心操作共10 min,并倒出表层上清,不能将液体内DNA倒出,干燥处理等待液体挥发;将提取的DNA溶于 $500\ \mu\text{L}$ 的 ddH_2O ,并在 -20°C 环境下进行存储^[9]。

PAGE凝胶电泳:采用PAGE凝胶电泳技术来制作样本SSR(Simple Sequence Repeats)标记,具体操作流程参考文献^[10]。

基因型标记与数据分析:上述工作结束后,需要统计SSR标记10对深根样本在混合池的变化状态,对于与两类亲本带型相同的用1与2标记,对于双亲杂合带型用3进行标记,并对杂合、亲本以及高值亲本三类分离情况进行数据统计^[11]。通过卡方检测判断实际分离比与 $2:1:1$ 之间有无较大差异。采用pD-ps对R2种群选择的极端个体标记基因频率差异进行估计,其中等位基因处于深根极端池个体频率采用pD来标记,同一等位基因处于浅根极端池个体频率采用ps标记。其中pD、qD分别表示深根与亲本浅根样本等位基因,在检测中等位基因频率差异三倍标准误差

表示差异显著性,且置信度高于99%。通过基因频率差异可以反映水稻深根比与QTL之间的关联性。

1.2.2 根尖取样与基因测定 将来源于黑龙江农业生物基因中心的组合亲本与R2共计30个样本材料种植于实验基地内,其中30个样本材料的种子播种于指定的种植孔板内,并且每个样本材料种植5份,采用定制的育苗土统一进行培育。在种植30 d左右改用篮子法进行水稻育苗,在种植60 d后将样本水稻取出,并将样本水稻根部在清水中洗净,对水稻的根尖部位进行取样。在对根部取样过程中,需要保证根部的完好,幼根尖清晰可辨^[12]。然后使用消毒处理过的剪刀剪下根尖2 cm根部位置,将其用清水洗净,用事先准备好的锡纸包裹,放置于液氮容器内保存。后续需要对同一株水稻的深根与浅根部分提取,剪取根尖2 cm进行保存,保存方法与上面一致,同样放置于液氮容器中冷冻保存。采用反转录试剂盒生成总的cDNA,并将cDNA作为荧光定量PCR(Quantitative Real-time PCR)检测模板^[13]。

荧光定量中常采用SYBR Green作为染料,通过染料荧光信号识别DNA结构。定量检测中采用美国Applied Biosystems作为检测设备。实验以水稻Actin标准为主,并确保拥有相同的扩增效率^[14]。DRO1为控制植物生根角度的数量性状位点的一种应答蛋白,对两个样本种群进行检测,其QTL处于DRO1位置附近,所以对4种双亲材料样本进行序列信息的检测,实验中选择的水稻品种主要为台农67、Huhan1B、9311和H1K0140。

1.2.3 数据分析 采用Excel 2016版本统计出种群基因型数据,包括了基因频率差、卡方检验。采用SPSS 20.0分析基因表达的情况,数据处理见表1。

表1 DRO1转录区多态性情况

单倍型	5'UTR	5'UTR	Exon4	Exon4	Exon3	Exon3	3'UTR
Haplotype	C/T149a	A/G27a	C/A967a	A/-935a	A/C761a	T/C601a	CT/-1133-4a
检测指标	SNP	SNP	SNP	In/del	SNP	SNP	In/del
I	C	A	C	A	A	T	CT
II	T	A	C	A	A	C	-
III	T	A	C	A	C	C	-
IV	T	A	A	A	A	C	-
V	T	G	Exon4	A	A	C	-
VI	T	G	C/A	-	A	C	-

DRO1 基因测序分析中,检测到突变点位置由 5'UTR 至其 SNP 单碱基 27 与 150 位置处发生基因突变,在第三个外显子的 SNP 单碱基 601 与 761 位置处发生基因突变,在第四个外显子的 SNP 单碱基 935 与 967 位置处发生基因突变,突变位置分布参考表 1 数据。

表 2 混合池测序结果

种群号	浅根亲本	深根亲本	染色体	起始位置	结束位置
SDF1-DRO4	圭 630	Mowanggu	Chr. 2	29374054	33099425
SDF1-2	圭 630	Mowanggu	Chr. 6	26197624	27391937
SDF2-DRO4	NanX	CICA4	Chr. 2	29706532	30393365
SDF2-1	NanX	CICA4	Chr. 4	1210847	3724674
SDF2-2	NanX	CICA4	Chr. 5	6571787	6928163
SDF2-3	NanX	CICA4	Chr. 9	14118342	14597086
SDF3-1	圭 630	IRAT109	Chr. 7	5368043	21936054
SDF3-2	圭 630	IRAT109	Chr. 11	25876534	28090577
SDF4-DOR4	圭 630	Huhan7	Chr. 2	28954037	32729811
SDF4-DOR4	圭 630	Huhan7	Chr. 7	16721649	26663012

2.2 亲本多态性标记

采用 SSR 分子标记共 486 个实现对亲本多态性的研究与分析,如表 3 所示,在种群 SDF1 中,亲本深根样本 Mowanggu 与亲本浅根样本圭 630 两者间标记多态量有 209 个,多态占比率为 39.62%。种群 SDF2 的亲本深根样本 CICA4 和亲本浅根样本 Nanxiong 两者间标记多态量有 181 个,多态占比率为 38.20%。种群 SDF3 的亲本深根样本 Huhan7 和亲本浅根样本圭 630 两者间标记多态量有 218 个,多态占比率为 43.20%。种群 SDF4 的亲本深根样本 IRAT109 和亲本浅根样本圭 630 两者间标记多态量有 152 个,多态占比率为 30.10%。种群 SDF5 的亲本深根样本 LAC23 和亲本浅根样本献改 B 两者间标记多态量有 168 个,多态占比率为 32.70%。种群 SDF6 的亲本深根样本 Huhan1B 和亲本浅根样本 9311 两者间标记多态量有 84 个,多态占比率为 17.65%。种群 SDF7 的亲本深根样本 BICOPRETO 和亲本浅根样本 CR203 两者间标记多态量有 115 个,多态占比率为 23.79%。种群 SDF8 的亲本深根样本 H1K0140 和亲本浅根样本台农 67 两者间标记多态量有 162 个,多态占比率为 32.10%。种群 SDF9 的亲本深根样本 H1K0346 和亲本浅根样本 BLCO. BRANCO 两者间标记多态量有 158 个,多态占比率为 32.65%。种群 SDF10 的亲本深根样本 H1K0330 和亲本浅根样本镇粳 232 两

2 结果与分析

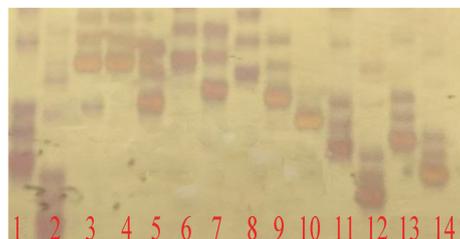
2.1 混合池测序

表 2 为部分混合测序结果,其中选取了多组浅根亲本与深根亲本进行测序,如深根亲本 Mowanggu 与浅根亲本圭 630,染色体为 Chr. 2,测得起始与结束位置。

者间标记多态量有 167 个,多态占比率为 33.10%。同时样本 Mowanggu 与圭 630 之间的 PAGE 凝胶电泳标记如图 1 所示。

表 3 亲本多态性标记结果

种群号	标记量	多态占比率/%	浅根样本	深根样本
SDF1	209	39.62	圭 630	Mowanggu
SDF2	181	38.20	Nanxiong	CICA4
SDF3	218	43.20	圭 630	Huhan7
SDF4	152	30.10	圭 630	IRAT109
SDF5	168	32.70	献改 B	LAC23
SDF6	84	17.65	9311	Huhan1B
SDF7	115	23.79	CR203	BICOPRETO
SDF8	162	32.10	台农 67	H1K0140
SDF9	158	32.65	BLCO. BRANCO	H1K0346
SDF10	167	33.10	镇粳 232	H1K0330



奇数泳道:圭 630;偶数泳道: Mowanggu。

图 1 Mowanggu 与圭 630 凝胶电泳分析结果

由图 1 可知,3 泳道和 4 泳道属于相同带型,说明两亲本间不存在多态性差异,其余的标记样本之间有明显的差异。

2.3 正常环境下种群主根生长分布频率

由图 2 可知,在正常环境下种群主根长度主要分布在 4.2 cm 左右,在主根长度为 4.8 cm 后,更长的主根生长受到了较大的限制。在主根数量分布中,主根数主要分布在 7.2 个,并在 8.1 个后主根数量受到限制。由标准环境下种群主根生长分布特性来看,主根生长量与主根数量在分布上存在明显相关。

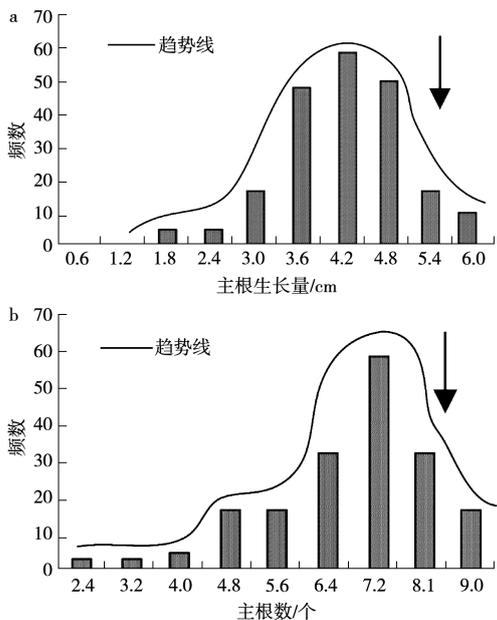


图 2 标准环境下种群水稻苗形态频率分布结果

2.4 QTL 定位结果

部分水稻 QTL 定位结果如图 3 所示,通过对筛选的标记基因检测,根系根尖某些基因与水稻根系发育方向之间可能存在差异性表达关系。根据检测结果,在水稻 QTL 位置分布中,在第 2、第 3、第 4、第 5、第 6 染色体中均检测到与水稻根直径生长相关的 QTL,同时第 1、第 3、第 5 染色体中检测到与根总长度生长相关的 QTL,在第 1、第 3 染色体中检测到与根表面积相关的 QTL。同时,通过混合池测序表明,DRO3、DRO4 均通过双亲群体标记采用传统 QTL 来获得水稻深根比定位,而 BSA5 在传统标记中并未被验证,说明该水稻种群中选取的 QTL 定位可能出现重组现象,并未找到与水稻 QTL 连锁的分子标记。通过 QTL 定位反映出不同生长方向根尖的差异表达,说明根系生长方向的差异可能与根尖某些基因有关系。在 QTL 定位基础上进一步筛选出 5 个有关联的基因,分别是 *LOC_O064401* 编码 WRKY 家族的转录因子、*LOC_Os01g3960* 编码生长素-氨基酸水解酶、*LOC_O01g38980* 编码钙调素结合蛋白 *IQM1*、*LOC_Os0649810* 编码多聚半乳糖醛酸 4 半乳糖醛酸转移酶和 *LOC_Os064320* 编码 E3 泛素连接酶蛋白 KBG。对于这些候选样本基因,后续还需要进一步验证其对水稻深根比的影响。

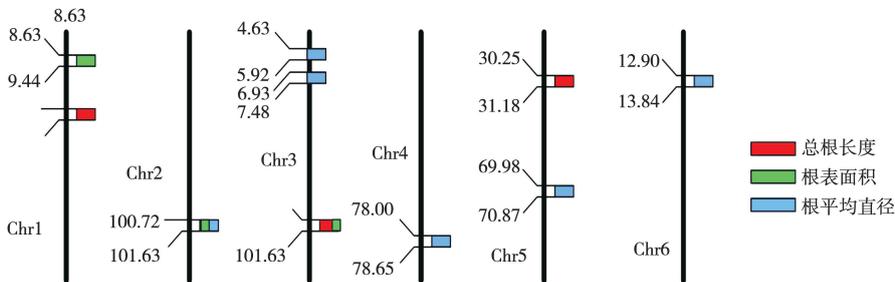


图 3 部分水稻 QTL 位置分布

3 讨论

在 1898 年,学者 Lander 和 Botstein 提出了基于标记植物 QTL 分析方法,但这种技术只能检测一个性状,无法有效反映 QTL 效应,同时在单标记时效应会被高估^[15-16]。因此对该技术进行改进,1994 年 Darvasi 和 Soller 结合选择基因分型与 DNA 混合池提出了一种 DNA 选择池的方法,该技术只需要对混合池检测一遍,便可以实现对多性状的分析,并降低对植物分子的标记数

量。不过这种技术在实验中易出现技术性错误,对等位基因的定量不够精准,使得初始实验易出现错误^[17-18]。在 2015 年,Terauchi 和 Fekih 认为植物中的 SNP 均应该作为遗传标记,并适用于对相关杂交品种遗传性的研究^[19-20]。

本研究通过混合池测序检测了水稻个体基因频率的差异性,在标记检测的个体中,多数个体分子标记出现了基因频率差异,部分分子标记并未出现明显的基因频率差异。在对水稻 QTL 分析

中,部分个体 QTL 位点发生重组影响 QTL 检测效果。同时在个体分析中,个体多态性位点重组与目标分子标记容易影响两个混合池之间的连锁程度,最终影响到混合池之间的差异检测。

在种群多态标记中,种群多态性占比在 17.65%~43.20%之间。同时对样本进行混合池测序,并在实验中按照高低深根混合比对混合池频率差异进行了标记,标记结果显示,深根比 QTL 附近的 6 个分子标记样本之间存在着显著性差异。通过 QTL 位置分布结果来看,水稻根系的生长与水稻内根尖某基因表达存在密切关系,同时在 QTL 定位中,不同 QTL 定位区间的根尖生长表达与根尖生长角度有着密切关联,说明水稻根尖内的基因影响着水稻的深根比。在部分水稻 QTL 定位中,均检测到了与水稻深根比相关的染色体,说明水稻深根比与部分基因之间存在密切关联。本研究采用混合池测序完成了对水稻深根比 QTL 检验,对比了水稻亲本基因频率间的差异,从而更进一步讨论基因频率差异与水稻深根比之间的关系,最后通过 QTL 基因检验完成了对水稻深根比的分析。不过研究中也存在不足,还需要进一步对 *LOC_O064401* 编码 WRKY 家族的转录因子、*LOC_Os01g3960* 编码生长素-氨基酸水解酶、*LOC_O01g38980* 编码钙调素结合蛋白 1QM1、*LOC_Os0649810* 编码多聚半乳糖醛酸 4 半乳糖醛酸转移酶、*LOC_Os064320* 编码 E3 泛素连接酶蛋白 KBG 共 5 个候选基因进行分析,从而判断水稻根尖基因与水稻根尖生长之间的关系,并为抗旱水稻育种工作提供重要的数据支持。

4 结论

本研究通过混合池测序法对水稻深根比 QTL 进行了验证,通过对水稻基因频率之间的差异检验反映出了水稻深根比之间性状关联分子标记关系。通过荧光技术对水稻 QTL 候选基因表达进行研究与分析,得到了 5 个候选基因,这些基因与水稻深根比有密切关系。对水稻 QTL 深根比的研究也将为水稻抗旱与高质量育种提供重要的数据支持。

参考文献:

[1] 王豪,张健,王加峰,等.基于 QTL-seq 的水稻粒质量 QTL 定位及候选基因分析[J].华北农学报,2020,35(2):18-28.
[2] 赵凌,梁文化,赵春芳,等.利用高密度 Bin 遗传图谱定位水稻抽穗期 QTL[J].作物学报,2023,49(1):119-128.

[3] 李苗苗,李儒香,秦鱼河,等.基于水稻矮秆长粒 CSSL-Z688 的 QTL 鉴定及 SSSLs 培育[J].西南大学学报(自然科学版),2023,45(1):33-44.
[4] 瞿媛,姚威,刘雄伦,等.全基因组关联分析定位水稻芽期中胚轴长度性状 QTL[J].分子植物育种,2023,21(3):858-865.
[5] 毛祖元,陈倩,邸新晏,等.水稻粒型染色体片段代换系 Z8 的 QTL 定位与次级代换系选育[J].西南大学学报(自然科学版),2023,45(1):45-54.
[6] WANG H, ZHANG J Y, FARKHANDA N, et al. Identification of rice QTLs for important agronomic traits with long-kernel CSSL-Z741 and three SSSLs[J]. Rice Science, 2020, 27(5): 414-422.
[7] 芦涛,叶涵斐,褚晓洁,等.水稻糙米率 QTL 检测及候选基因分析[J].浙江师范大学学报(自然科学版),2022,45(3):323-328.
[8] 陈丽,马静,刘炜,等.水稻垩白 QTL 位点 qCG5 的定位分析[J].植物遗传资源学报,2022,23(5):1458-1464.
[9] GANAPATI R K, NAVEED S A, ZAFAR S, et al. Saline-alkali tolerance in rice: physiological response, molecular mechanism, and QTL identification and application to breeding[J]. Rice Science, 2022, 29(5): 412-434.
[10] 宋博文,王朝欢,赵哲,等.基于高密度遗传图谱对水稻粒形 QTL 定位及分析[J].作物学报,2022,48(11):2813-2829.
[11] 张健,杨靖,王豪,等.基于高密度遗传图谱定位水稻籽粒大小相关性状 QTL[J].中国农业科学,2020,53(2):225-238.
[12] 黄祎雯,孙滨,程灿,等.对水稻种子耐储性 QTL 的研究[J].作物学报,2022,48(9):2255-2264.
[13] 黄涛,王燕宁,钟奇,等.利用染色体片段置换系群体定位和分析水稻粒重和粒型 QTL[J].中国水稻科学,2022,36(2):159-170.
[14] 李儒香,周恺,王大川,等.水稻 CSSL-Z481 代换片段携带的穗部性状 QTL 分析及次级代换系培育[J].中国农业科学,2023,56(7):1228-1247.
[15] 韦敏益,马增凤,黄大辉,等.基于 QTL-Seq 的水稻抗细菌性条斑病 QTL 定位[J].中国水稻科学,2023,37(2):133-141.
[16] 王大川,汪会,马福盈,等.增加穗粒数的水稻染色体代换系 Z747 鉴定及相关性状 QTL 定位[J].作物学报,2020,46(1):140-146.
[17] 杨梯丰,董景芳,赵均良,等.基于单片段代换系的水稻芽期耐冷 QTL 定位和聚合[J].植物遗传资源学报,2022,23(6):1726-1736.
[18] 白天亮,李杰,冉杰,等.水稻产量构成因素 QTL 精细定位的研究进展[J].河南农业科学,2022,51(8):1-8.
[19] 陈子琪,王伟莘,赵宏强,等.利用籼梗交 RIL 群体进行水稻发芽期与芽期耐冷性 QTL 分析[J].华北农学报,2022,37(1):50-57.
[20] 潘晨阳,张月,林哈,等.水稻叶片水势的 QTL 定位与候选基因分析[J].植物学报,2021,56(3):275-283.



张振宇,党姝. 低温胁迫对不同粳稻品种耐冷性的影响[J]. 黑龙江农业科学,2023(12):6-14.

低温胁迫对不同粳稻品种耐冷性的影响

张振宇,党 姝

(吉林农业科技学院 农学院,吉林 吉林 132101)

摘要:为筛选耐冷性强的水稻品种,对东北中部黑土稻区粳稻品种进行耐冷性鉴定,分析冷害胁迫下粳稻不同品种生理生化差异。结果表明,经过低温处理的水稻叶绿素含量要低于正常水稻中的含量;游离脯氨酸的含量要高于正常水稻中的含量;可溶性糖的含量要高于正常水稻中的含量。吉粳 809、秋田小町两个品种在可溶性糖含量、叶绿素含量与 Pro 含量上表现更为稳定,耐冷性较强。

关键词:低温;粳稻;耐冷性

水稻在粮食生产中处于较高地位,关系到我国粮食安全^[1]。水稻性喜温暖,在气温小于 15 °C 时,其种子发芽、水稻幼苗生长发育、颖花分化、开花受精和籽粒灌浆成熟等生育历程都会发生改变,进而导致产量发生改变^[2-3]。冷害主要是指植物在其生长所需的室温以下至冰点以上的低温范围内对植物造成的伤害,这种情况下多会发生生长停滞或生育障碍等现象^[4-5]。低温冷害是稻作生产中的一个世界性问题^[6]。水稻低温冷害,可分为营养生长期冷害和生殖生长期冷害,一般出现在苗期和孕穗期,即延迟型冷害和障碍型冷害^[7]。低温环境不利于水稻的生长发育,尤其是在

种子萌发和幼苗生长期,在此期间若出现极端低温天气^[7-8],对水稻出苗及发育会有明显的抑制,严重时会造成水稻减产甚至颗粒无收,因此低温冷害是影响水稻生产的主要逆境之一^[9-11],是抑制水稻高产的重要限制因子。

全球每年因低温伤害所造成的农、林业损失可高达数千亿^[12]。水稻苗期的耐冷性和孕穗期以及开花期的耐冷性紧密相关^[13]。不同水稻品种对于温度较低天气耐受性范围也不同。从不同水稻品种耐冷性角度出发,选育出耐冷性较强的品种并用于生产是增加水稻产量的一个有效措施^[14]。作物低温抗性有作物自身拥有的抗性和在经过冷驯化或其余方式诱导得来的,相较而言,后一种作物的诱导抗性与作物的自然生长环境最为相似,是当前水稻抗冷性研究的重点^[15-16]。水稻的诱导抗性因品种不同会产生差异,因此一般不

收稿日期:2023-08-20

基金项目:吉林省地方科技创新引导项目(20220404005NC)。

第一作者:张振宇(1982-),男,博士,副教授,从事作物学研究。E-mail:53347007@qq.com。

通信作者:党姝(1983-),女,硕士,副教授,从事作物栽培学研究。E-mail:122561108@qq.com。

Application of Mixed Pool Sequencing in QTL Verification of Rice Deep Root Ratio

BAO Zeran

(Rice Research Institute, Heilongjiang Academy of Agricultural Reclamation Sciences, Jiamusi 154000, China)

Abstract: The root system of rice is a key organ for nutrient absorption and growth, and a strong root system is an important indicator for cultivating drought resistance in rice. In order to cultivate excellent rice varieties, mixed pool sequencing method was used to sequence rice samples, and sample screening and labeling were carried out through inter parent polymorphism to mine quantitative trait loci (QTLs) for root traits in rice. The results showed that among the parental polymorphism markers, 486 SSR molecular markers were used to analyze parental polymorphism, with the highest proportion of polymorphism being 43.20%. In QTL mapping of rice, 5 candidate genes were identified to be specifically expressed at the root tip and related to the growth angle of the root tip, indicating a close relationship between these genes and the deep root ratio of rice.

Keywords: rice; QTL; mixing cell sequencing; depth root ratio; gene