

文章编号: 1003-8701(2002)04-0003-05

# 稻米营养品质性状的 QTL 及其与食味品质的关系研究

吴长明<sup>2</sup>, 孙传清<sup>1</sup>, 陈亮<sup>1</sup>, 李自超<sup>1</sup>, 王象坤<sup>1</sup>

(1. 中国农业大学, 北京 100094; 2. 吉林省农业科学院, 吉林 公主岭 136100)

**摘要:** 研究利用 Asominori/IR<sub>24</sub> 的 71 份重组自交系群体及其相应的具有 293 个分子标记的 RFLP 图谱, 采用单因子方差分析和区间作图方法, 对稻米的粗脂肪含量和蛋白质含量特性进行了 QTL 分析, 并研究了粗脂肪含量和蛋白质含量与食味品质性状的关系。检测出 1 个控制脂肪含量的 QTL (Fat) 和 3 个控制蛋白质含量的 QTL (Pr1, Pr2 和 Pr3)。研究表明, 粗脂肪含量与稻米食味、米饭外观等性状呈显著相关, 稻米蛋白质含量对稻米食味品质有明显的负向效应。提高脂肪含量, 适度控制蛋白质含量有利于改善稻米食味品质。

**关键词:** 稻米; 重组自交系; 营养品质; 食味品质; 数量性状位点

**中图分类号:** S511.033

**文献标识码:** A

## 1 引言

从营养学角度讲, 稻米的营养成分应包括淀粉、蛋白质、脂肪、维生素、游离氨基酸和无机质, 而稻米营养品质则主要是指蛋白质含量和脂肪含量。稻米蛋白质的遗传相当复杂, 初步研究认为, 稻米蛋白质含量是受多基因控制的数量遗传性状, 包括加性效应。某些位点上的显性作用以及基因互作导致了超亲现象(汤圣祥, 1996)。黄愿偿等(1985)的研究认为, 蛋白质含量是受多基因控制, 低含量对高含量为显性, 并可能还有某些优势基因的作用。

稻米的脂肪含量低, 一般仅 0.3%~0.5%。目前, 在品质育种计划中通常未专门列入脂肪含量的改良和测定项目, 但脂肪含量与稻米食味的密切联系已受到广泛的重视。祁祖白等(1983)研究表明, 脂肪含量是数量性状, 其遗传力较大, 经过多代选择, 较易得到高脂肪且性状稳定的优良品种。汤丽云等(1996)研究认为, 用脂肪含量太低的非优质高产品种作亲本, 不利于提高脂肪含量。

对营养品质的遗传研究少和数量性状座位分析未见报道的原因主要有二方面: 一是蛋白质含量和脂肪含量均为胚乳性状, 加上分析两项指标比较困难; 二是对其精确评价需要一定数量种子, 而自身处于分离状况的 F<sub>2</sub> 及 F<sub>3</sub> 则很难满足这一要求。加倍单倍体(DH)群体和重组自交系(RIL)群体每一株系的三倍体胚乳基因型均与母体二倍体植株基因型一致, 而且每一株系均为纯系。这样就为研究蛋白质和脂肪含量的 QTL 排除了困难。本研究利用

**收稿日期:** 2002-05-23

**作者简介:** 吴长明(1963-), 男, 湖南省南县人, 吉林省农科院研究员, 博士, 主要从事水稻超高产育种和品质遗传改良研究。

RIL 群体及其分子连锁图谱,对蛋白质含量和脂肪含量进行基因定位及相关指标分析。

2 试验材料与方法

2.1 试验材料

RIL 群体的 71 个系和相应的 RFLP 图谱资料均由日本九州大学吉村淳教授提供。于 1997 年冬至 1998 年春种植于海南省三亚市,田间管理采用普通的适用于当地生态条件的措施,成熟后收获种子用于营养品质测定。

2.2 营养品质测定

蛋白质含量测定采用中华人民共和国国家标准 GB2905-82;脂肪含量测定采用中华人民共和国国家标准 GB2906-82。

2.3 QTL 定位

采用 Nelson(1997)的 Qgene 2.29 软件,对所有标记与蛋白质含量和粗脂肪含量进行单因子方差分析,确定与相关性状显著相关的标记位点的显著性水平( $P<0.01$ )。同时进行区间作图定位分析,当  $LOD\geq 2.0$  时,就认为该位置存在一个 QTL(Lander, et al. 1989),并计算出其加性方差和 QTL 的贡献率。

3 结果与分析

3.1 表型分析

3.1.1 蛋白质含量的表型分析

从图 1 可以看出,重组自交系(RIL)群体的糙米蛋白质含量的检测结果呈现出正态分布的特点,表现为典型的数量性状特征。该群体中有 6 个 RIL 的蛋白质含量低于低亲值 Asominori(8.84%),大部分 RIL 的蛋白质含量高于高亲值 IR<sub>24</sub>(9.45%),表现出明显的超亲优势。

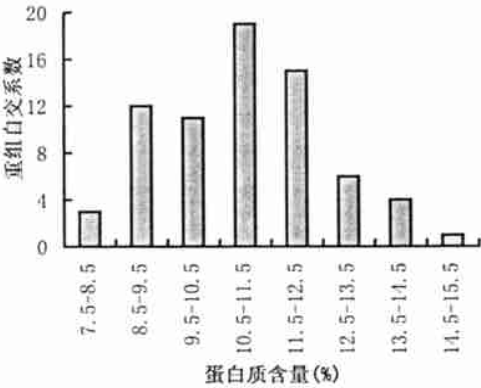


图 1 RIL 群体蛋白质含量分布

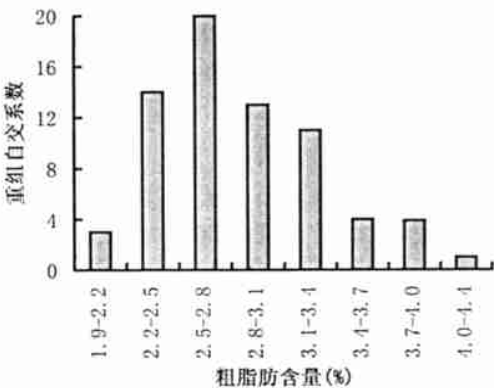


图 2 RIL 群体脂肪含量分布

3.1.2 粗脂肪含量的表型分析

从图 2 可以看出,RIL 群体的粗脂肪含量呈正态分布,表现为数量性状特点。RIL 群体的最大脂肪含量值大于高值亲本 Asominori(3.08%),最小值小于低值亲本 IR<sub>24</sub>(2.42%),表现出超亲分离。

3.2 蛋白质含量的 QTL 分析

利用单因子方差分析( $P\leq 0.01$ )和区间作图法( $LOD\geq 2.0$ )对稻米蛋白质含量进行 QTL

定位,均检测到 3 个 QTL(Pr1、Pr2 和 Pr3),两种分析方法检测出的结果相同(表 1 和图 3)。其中 Pr1 位于第 1 染色体上,标记位点为 XNpb54,QTL 贡献率为 17.2%,其遗传正效应等位基因来源于 Asominori,加性效应为-1.5%。Pr2 和 Pr3 均位于第 7 染色体上,标记基因位点为 R1440 和 XNpb106,两个标记之间的遗传距离为 11.9 cM。Pr2 和 Pr3 的贡献率分别是 16.1% 和 10.9%,两个位点的遗传正效应等位基因来源于 IR<sub>24</sub>,加性效应分别为 1.3%和 1.2%。

表 1 稻米蛋白质、脂肪含量单因子方差分析检测出的 QTLs

| 性 状     | QTL 位点 | 标记区间           | LOD 值 | 加性效应 (%) | 标记      | 等位基因平均值 | 染色体 | R <sup>2</sup> | P        |
|---------|--------|----------------|-------|----------|---------|---------|-----|----------------|----------|
| 蛋白质含量   | Pr1    | XNpb346—XNpb54 | 3.28  | -1.5     | XNpb54  | 10.5    | 1   | 0.172          | -0.000 1 |
|         | Pr2    | R3089—C145     | 2.83  | 1.3      | R1440   | 11.6    | 7   | 0.161          | 0.000 2  |
|         | Pr3    | XNpb106—C451   | 2.00  | 1.2      | XNpb106 | 11.6    | 7   | 0.109          | 0.004 5  |
| 脂 肪 含 量 | Fat    | R1629—XNpb37   | 3.65  | 0.41     | C1286   | 3.15    | 10  | 0.190          | 0.000 1  |

3.3 粗脂肪含量的 QTL 分析

利用单因子方差分析及区间作图对稻米脂肪含量进行 QTL 定位,检测到 1 个 QTL (Fat)。单标记方差分析与区间作图分析得到相同的结果(表 1 和图 4)。检测到的 QTL 位于第 10 染色体长臂上,贡献率为 19%,其遗传正效应等位基因来源于粳稻亲本 Asominori,加性效应为 0.41%。

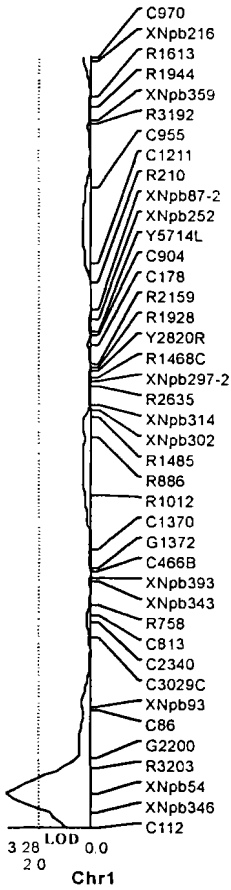


图 3 蛋白质含量区间作图分析

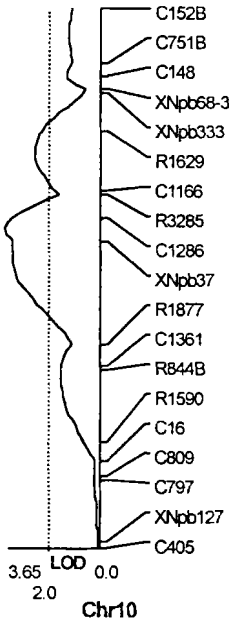
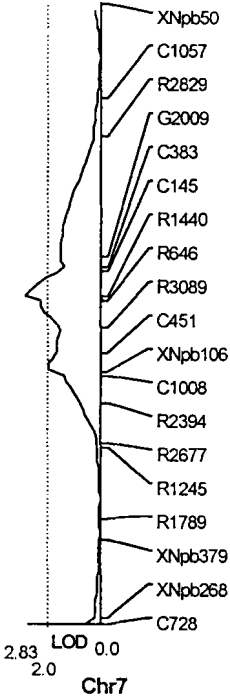


图 4 粗脂肪含量区间作图分析

3.4 营养品质性状对其它品质性状的影响

表 2 的结果表明,蛋白质含量与食味之间存在极显著的负相关,相关系数为-0.312 4。蛋白质含量与米饭光泽、冷饭质地和碱消值间亦存在明显的负相关,相关系数分别为-0.288 5、-0.242 9 和-0.280 4。蛋白质含量与饭粒完整性、米饭颜色、米饭外观、胶稠度之间的相关系数分别为 0.089 9、0.148 5、-0.006 0 和-0.022 5,未达显著水平。

表 2 营养品质性状与其它品质性状的相关性分析

| 性 状 | 粒型完整性     | 米饭光泽      | 米饭颜色     | 米饭外观     | 食 味        | 冷饭质地      | 胶稠度      | 碱消值       |
|-----|-----------|-----------|----------|----------|------------|-----------|----------|-----------|
| 蛋白质 | 0.089 9   | -0.288 5* | 0.148 5  | -0.006 0 | -0.312 4** | -0.242 9* | -0.022 5 | -0.280 4* |
| 粗脂肪 | 0.344 7** | 0.163 4   | 0.261 6* | 0.276 8* | 0.248 0*   | -0.044 2  | -0.011 5 | 0.245 8*  |

注: \* 为 5%显著水平, \*\* 为 1%显著水平。

从表 2 的结果还可以看出,稻米粗脂肪含量与米饭粒型完整性呈极显著正相关( $r=0.344\ 7$ )。粗脂肪含量与米饭颜色、米饭外观、食味和碱消值均表现出显著正相关,相关系数分别为 0.261 6、0.276 8、0.248 0 和 0.245 8。粗脂肪含量与米饭光泽、胶稠度和冷饭质地之间无显著相关。

4 讨 论

蛋白质是最主要的营养品质,稻米的蛋白质是一种优质蛋白,虽然其含量较低,但生物价比小麦、大麦、燕麦、玉米、高粱都高,易于被人体消化吸收。稻米蛋白质中氨基酸组成比较平衡,蛋白价较高,含有较多的赖氨酸、蛋氨酸、色氨酸等必需氨基酸,尤其是赖氨酸含量高,接近于某些动物蛋白的水平(闵绍楷等,1996)。稻米蛋白质的遗传相当复杂,有研究表明,稻米蛋白质含量是受多基因控制的数量性状,包括加性效应,某些位点上的显性作用以及基因互作能产生超亲现象。对蛋白质含量的基因定位研究尚未见报道。本研究检测出了 3 个控制蛋白质含量的 QTL,贡献率分别为 17.2%、16.1%和 10.9%,尚有一些贡献较小 QTL 未被检测到,说明稻米蛋白质含量受多基因控制,加性效应明显(3 个位点分别为-1.5%、1.3%和 1.2%),且超亲优势普遍存在于 RIL 群体(图 1)。因此,在育种实践中选择高蛋白后代比较容易。选择蛋白质含量一般在较高世代进行,这与蛋白质含量的遗传力(一般为 25%~50%)较低(闵绍楷,1996;黄发松,1998)有直接关系。

精米中的粗脂肪含量低,一般仅 0.3%~0.5%,在品质育种中未受到广泛重视。近年的研究认为,粗脂肪含量与稻米食味有密切关系,粗脂肪含量的遗传规律研究亦受到重视。刘宜柏等(1995)研究表明,稻米脂肪含量高是一些名优水稻品种的特异性状,认为稻米脂肪含量较其它品质性状对稻米的食味有更重要的影响,在一定范围内提高稻米脂肪含量能极显著地改善稻米食味品质。祁祖白等(1983)研究表明,脂肪含量是数量性状,遗传力较大。汤丽云等(1996)报道,用脂肪含量太低的非优质高产品种作亲本,不利于提高脂肪含量。目前,尚未见对控制粗脂肪含量进行基因定位研究的报道。本研究用重组自交系群体及其 RFLP 图谱的 293 个标记,检测到一个 LOD 值达 3.65,贡献率达 19.0%的 QTL,寻找到了其分子标记位点(第 10 染色体的 C1286),为分子标记辅助选择提供了依据。

大量研究表明,稻米蛋白质含量与蒸煮品质之间有密切的负相关(山下,1974;稻修津,1985;石间,1974)。蛋白质含量的变化直接影响其它成分含量的变化(山内,1982)。蛋白质含量与米饭的硬度呈正相关,与粘度呈负相关,蛋白质含量高的米饭硬度大、粘性差(稻修津,1987)。本研究的结果在性状相关和分子数量遗传基础上证实了这种观点的正确性,蛋

白质含量与食味、直链淀粉含量、冷饭质地、碱消值乃至米饭光泽等食味品质性状之间均存在着明显的负相关。

近年的研究指出,粗脂肪含量与稻米的食味之间有密切关系。刘宜柏等(1995)研究表明,稻米脂肪含量高是一些名优水稻品种的特异性状,稻米脂肪含量较其它品质性状对稻米的食味有更重要的影响,在一定范围内提高稻米脂肪含量能极显著地改善稻米食味品质。本研究揭示,粗脂肪含量与稻米食味、碱消值、米饭颜色和米饭外观等均存在显著正相关,脂肪含量高的 RIL,无论是米饭的外观、米饭的完整性,还是米饭食味都明显的好于脂肪含量低的品种。因此,应该把提高稻米脂肪含量作为改善稻米品质的重要手段。

#### 参考文献:

- [1] Liu Yi-bai, Huang Yin-jin, Effects of fat content of rice on flavor quality. The 2nd Asian crop science conference ABSTRACTS AND PROGRAMME. Under the auspices of ASIAN CROP SCIENCE ASSOCIATION. Fukui, Japan, 1995, 21—23.
- [2] 伍时照, 黄超武, 等. 水稻品种品质性状的研究[J]. 中国农业科学, 1985, 18(5): 1—7.
- [3] 祁祖白, 等. 水稻籽粒外观品质及脂肪含量的遗传研究[J]. 遗传学报, 1983, 10(6): 452—458.
- [4] 黄英金, 刘宜柏, 等. 几个名优水稻品种特异品质性状的配合力分析[J]. 江西农业大学学报, 1995, 17(4): 361—367.
- [5] Tsunematsu H, Yoshimura A, Harushima Y, et al. RFLP framework map using recombinant lines in rice. Breeding Science, 1996, 46: 279—284.
- [6] Nelson J C. QGENE: Software for marker-based genomic analysis and breeding. Molecular Breeding, 1997, 3: 239—245.
- [7] Lander E S, Botstein D. Mapping mendelian factors underlying quantitative traits using RFLP linkage maps. Genetics, 1989, 121: 185—199.

## Study on QTL of Nutrum Quality Characters and Relationship between Nutrum Quality and Cooking Characters in Rice

WU Chang-ming<sup>2</sup>, SUN Chuan-qing<sup>1</sup>, CHEN Liang<sup>1</sup>, LI Zi-chao<sup>1</sup>, WANG Xiang-kun<sup>1</sup>

(1. China Agricultural University, Beijing 100094;

2. Jilin Academy of Agricultural Sciences, Gongzhuling 136100, China)

**Abstract:** QTL (Quantitative trait loci) that affecting main rice quality characters and Indica-Japonica differentiation were analyzed by using a recombinant inbred (RI) lines derived from a cross of Asominori  $\times$  IR<sub>24</sub> and its RFLP map with 293 molecular markers by single marker analysis and interval mapping. QTL for rice fat content and protein content was analyzed. And relation between fat content, protein content and eating taste quality traits analyzed. One QTL (fat) for fat content and three QTL (Pr<sup>1</sup>, Pr<sup>2</sup> and Pr<sup>3</sup>) for protein content were detected. It indicated that there were significant correlation between fat and cooked rice taste, cooked rice appearance. There was significant negative correlation between protein content and cooked rice eating quality. It would improve rice eating quality that increased fat content and controlled protein content.

**Key words:** Rice; Recombinant inbred lines; Nutrient quality; Cooked rice eating quality; Quantitative trait loci (QTL)