

文章编号: 1003-8701(2002)05-0003-05

应用 RFLP 图谱定位分析稻米粒形的 QTL

吴长明², 孙传清¹, 陈 亮¹, 李自超¹, 王象坤¹

(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/IR₂₄ 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做图方法, 对控制主要稻米粒形性状的数量性状位点 (QTL) 进行了系统分析。检测出 9 个控制稻米粒形的 QTL, 其中包括 3 个控制稻米粒长的 QTL (R11、R12 和 R13), 2 个控制稻米粒宽的 QTL (Rw1 和 Rw2), 4 个控制长宽比的 QTL (Lw1、Lw2、Lw3 和 Lw4)。研究认为, 粒长是受多基因控制, 粒宽受两对主效基因和多对微效基因控制的数量性状, 粒长和粒宽是遗传上完全独立的两个性状。

关键词: 水稻; 重组自交系; 粒形性状; 数量性状位点

中图分类号: S511.033

文献标识码: A

1 引 言

在追求产量第一的年代, 稻米的外观品质是我国育种工作者重视不够的问题, 导致了稻米外观品质至今难以满足国际市场的要求, 随着农产品国际化竞争的日益激烈, 稻米的商品外观已成为我们改善米质的重要内容。目前, 人们比较重视的外观品质性状主要包括粒形、垩白和透明度等。

谷粒形状与稻米外观品质关系密切, 因而不少学者对谷粒性状 (如谷粒长、宽、厚等) 的遗传进行了研究, 认为多数性状属多基因控制的数量性状。这些研究均采用经典数量研究方法将多基因系统当作一个整体来分析, 无法将多个基因剖解为单个基因进行研究。林鸿宣等首次利用 F₂ 群体和单因子方差分析以及区间做图法对籼稻粒形 (粒长、粒宽、粒厚) 数量性状基因座位 (QTL) 进行了分析。但尚有部分 QTL 位点未检测出来。本研究选用外观品质差异较大的 Asominori (粳) 和 IR₂₄ (籼) 培育的 71 份重组自交系 (Recombinant inbred lines, 简称 RIL) 群体为材料, 分析稻米粒长、粒宽和长宽比的 QTL, 为开展品质育种研究提供参考。

2 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气候条件的措

收稿日期: 2002-06-03

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

施,成熟后按系分收种子用于外观品质分析。

2.2 稻米粒形的测定

稻米粒形的测定参照中华人民共和国农业部标准 NY147-88。

2.3 QTL 定位

采用 Nelson 的 Qgene 2.29 软件对所有标记与粒形测定值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,显著性水平($P<0.01$)。同时进行田间做图定位分析,当 $LOD\geq 2.0$ 时,就认为该位置存在一个 QTL,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

从图 1、图 2、图 3 可以看出,重组自交系(RIL)群体的稻米长度、宽度和长宽比的测定值均呈正态分布,表现为典型的数量性状特征。RIL 群体中有 1 个株系的粒长值(7.2 mm)超过高值亲本 IR₂₄(7.0 mm),最小值(5.1 mm)与低值亲本 Asominori(5.1 mm)相同,表现出超亲优势不明显。RIL 群体中有 3 个株系的粒宽值(3.0 mm)超过高值亲本 Asominori(2.9 mm),8 个株系的粒宽值(2.2 mm)低于低值亲本 IR₂₄(2.3 mm),表现出明显的超亲优势。RIL 群体中有 2 个株系长宽比超过高亲值 IR₂₄(3.0 mm),1 个株系低于低值亲本 Asominori(1.8 mm),表现出超亲优势。

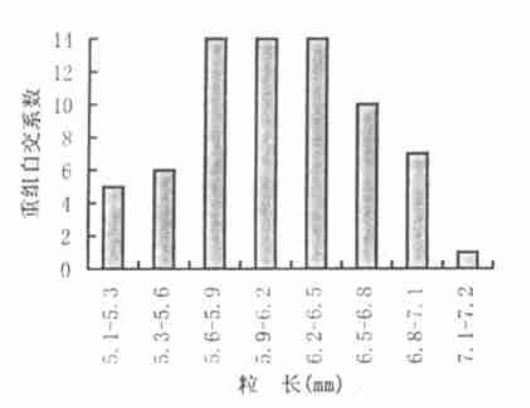


图 1 RIL 群体稻米粒长分布

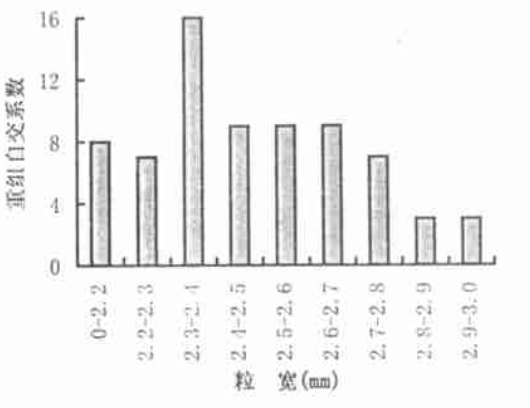


图 2 RIL 群体稻米粒宽分布

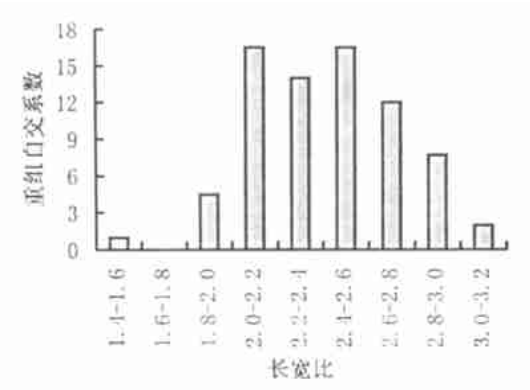


图 3 RIL 群体稻米长宽比分布

3.2 QTL 分析

3.2.1 稻米粒长的 QTL 分析

利用单因子方差分析对稻米粒长进行 QTL 定位,在 $P\leq 0.01$ 标准下,检测到了 4 个 QTL 位点(表 1),而利用区间做图方法进行 QTL 定位,以 $LOD\geq 2.0$ 的标准检测到 3 个 QTL 位点(表 1)。根据二种检测结果及其二种方法检测出的 QTL 在染色体上的位置确认检测到 3 个 QTL 位点(R11、R12 和 R13),分别位于第 2、3、7 染色体上,分子标记位点分别是 C80、C601 和 R2677,3 个 QTL 位点的

贡献率分别为-25.8%、20.6%和-12.6%，R11 和 R13 遗传正效应等位基因来源于粳稻亲本 Asominori，R12 的遗传正效应等位基因来源于 IR₂₄，3 个位点的加性效应值分别为-0.53、0.47 和-0.37 mm(表 1)。

3.2.2 稻米粒宽的 QTL 分析

利用单因子方差分析法($P \leq 0.01$)和区间做图方法(标准为 $LOD \geq 2.0$)对稻米粒宽进行 QTL 定位,均检测到 2 个 QTL(Rw1 和 Rw2),两种方法分析出的结果完全相同(表 1)。检测到的 2 个 QTL(Rw1 和 Rw2)分别位于第 5 染色体上和第 1 染色体上,标记位点分别是 R596 和 C813,二个位点的贡献率分别为 25.8%和 14.8%，Rw1、Rw2 的遗传正效应等位基因均来源于粳稻亲本 Asominori，加性效应值分别为 0.24 mm 和 0.19 mm。

3.2.3 稻米长宽比的 QTL 分析

采用单因子方差分析方法和田间做图方法对稻米长宽比进行 QTL 定位,均检测到 4 个 QTL(Lw1、Lw2、Lw3 和 Lw4),两种方法分析出的结果相同(表 1),检测出的 4 个 QTL 分别位于第 5、3、9、7 染色体上,标记位点分别是 R569、C269B、C472 和 R2677。其中 Lw1、Lw2、Lw4 这 3 个 QTL 的贡献率分别为-23.5%、-20.0%和-17.1%，其遗传正效应等位基因来源于 Asominori，加性效应值分别为-0.32、-0.29 和-0.27;Lw3 的贡献率为 18.0%，其遗传正效应等位基因来源于 IR₂₄，加性效应值为 0.28。

表 1 稻米外观品质性状单因子方差分析作图检测出的 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 ²	P (0.01)
粒 长	R11	R19-C1677	4.53	-0.53	C80	5.86	3	-0.258	-0.000 0
	R12	C370-XNpb ²⁰⁴	3.16	0.47	C601	6.43	2	0.206	0.000 1
	R13	R1245-R2677	2.18	-0.37	R2677	6.02	7	-0.126	-0.002 7
	R14 [*]	C472	1.98	0.37	C472	6.35	9	0.123	0.002 9
粒 宽	Rw1	R569-XNpb71	5.35	0.24	R569	2.66	5	0.258	0.000 0
	Rw2	C2340-R758	2.62	0.19	C813	2.61	1	0.148	0.001 0
长宽比	Lw1	C309-XNpb71	4.67	-0.32	R569	2.30	5	-0.235	0.000 0
	Lw2	G1316-C80	3.37	-0.29	C269B	2.29	3	-0.200	-0.000 1
	Lw3	C796C-XNpb339	3.12	0.28	C472	2.60	9	0.180	0.000 2
	Lw4	R1245-R2677	2.97	-0.27	R2677	2.35	7	-0.171	-0.000 4

注：* 表示在区间做图法中未检测到的 QTL。

3.3 粒形性状的相互关系分析

比较粒长、粒宽和长宽比的 QTL 分析结果(表 1),发现控制长宽比的 QTL 分别与控制粒长和粒宽的 QTL 部分位点重复,Lw1 与 Rw1、Lw3 与 R14、Lw2 与 R11、Lw4 与 Rw3 所在的染色体区域基本一致,Lw1 与 Rw1 的贡献值互为正负关系,完全与长宽比的计算方法有关。从表 1 中还能看出,控制粒长与粒宽的 QTL 没有连锁关系。

3 个性状的相关性分析结果亦与分子定位结果完全一致。粒长与长宽比之间呈极显著正相关(0.704 8^{**}),粒宽与长宽比呈极显著负相关(-0.788 4^{**}),而粒长与粒宽之间无显著相关(表 2)。利用 3 个性状的回归分析(图 4)曲线图亦能证实粒长、粒宽和长宽比之间的相关性分析结果。

表 2 3 个外观品质的相关性分析

性 状	粒 长	粒 宽
粒 宽	-0.174 5	1
长宽比	0.704 8 ^{**}	-0.788 4 ^{**}

注：* * 为 1%显著水平。

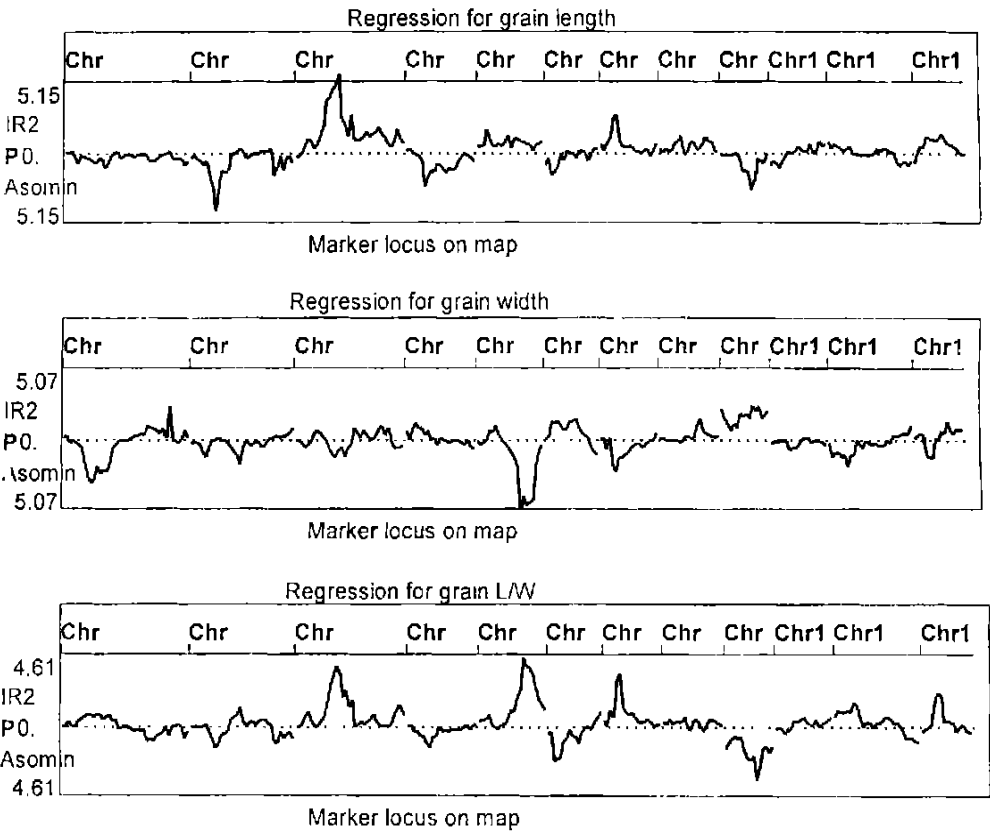


图 4 单因子方差分析标记位点分布

4 讨 论

由于爱好和用途的差异,人们对稻米外形的要求不同,日欧及中国北方要求粳米短圆,而东南亚、美洲等地喜好细长粒米。针对不同市场需要选育不同类型的优质米已成为品质育种的重要内容。在遗传规律研究中学者们最早涉足的品质性状是粒长,赵连芳(1928)报道,认为粒长受一对遗传基因控制;Ireda(1952)又进一步证实粒长受制于基因 Gr,该基因表现显性并有多效性;而泷田正(1987)的研究认为,粒长属数量性状,但基因数量不多。本研究的 QTL 分析结果表明,控制粒长的 QTL 有 2 个贡献率分别超过了 25%和 20%,按照毛传藻等的观点,贡献率大于 15%,则可认为其有主效基因的控制,可以认为粒形受两个主效基因控制,检测到一个贡献率为 12%的中效基因和一个 LOD 值为 1.98, $P=0.0029$ 的基因位点,其贡献率为 12.3%,说明粒长的遗传不是受一对遗传基因控制,而是受微效多基因控制的数量性状。本研究中检测出的 R11、R12 是前人未曾报道的 QTL, R13 所处的染色体位置与林鸿宣等的研究结果基本相似。从回归分析图可以看出,尚有几个微效基因未被检测到。因此,作者认为粒宽是受两对主效基因和多对微效基因控制的数量性状,这一结果与近年来的结果一致(金正勋,1998),林鸿宣等检测的结果亦支持这种观点,但两者有一对主效基因所在染色体不一致。

长宽比是由粒长和粒宽共同决定的相对性状,亦是一个很重要的外观品质性状,其遗传规律的研究报道很少。金正勋(1998)指出,稻米长宽比在 F_2 中基本上表现为正态分布,长

宽比性状中加性和非加性基因效应都很显著,而以加性效应为主。本研究的结果支持加性效应为主的想法,检测到的 4 个控制长宽比的 QTL 的加性效应值分别达 -0.32 、 -0.29 、 0.28 和 -0.27 。从贡献率大小来看,4 个位点均超过 $\pm 17\%$;对性状表现影响均达到主效基因(贡献率 $\geq 15\%$)水平,另外,还有许多微效基因按照标准($\text{LOD} \geq 2.0$)未检测到(图 4)。因此,稻米长度、宽度和长宽比的相互关系比较简单。粒长越大,则长宽比较大,两者相关性达极显著水平(0.7048^{**});米粒越宽,长宽比越小,两者呈极显著负相关(-0.7884^{**})。QTL 分析从分子水平上支持了这种观点,这一结果与大多数研究结果没有差异。无论从相关性分析,还是从 QTL 分析的结果看,粒长和粒宽都没有明显的相关,属遗传上完全独立的两个性状,水稻品质育种中可以根据不同的育种目标分别进行选择。

参考文献:

- [1] 熊振民,等·中国水稻[M].北京:中国农业科技出版社,1992,47—48.
- [2] 闵绍铭,等·水稻育种学[M].北京:中国农业科技出版社,1996,322—353.
- [3] 毛传藻,水稻农艺性状 QTL 定位精确性及其影响因素的分析[J].农业生物技术学报,1999,7(4):386—394.
- [4] 石春海,等·籼稻稻米蒸煮品质的种子 and 母体遗传效应分析[J].中国水稻科学,1994,8(3),129—134.
- [5] 林鸿宣,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.
- [6] 郭益全,等·稻谷性状的遗传研究[J].中华农业研究,1982,31(3):177—186.
- [7] Lander E S and Botstein D·Mapping mendelian factors underlying quantitative traits using RFLP linkage maps·Genetics, 1989, 121, 185—199.
- [8] Nelson J C·QGENE:Software for marker-based genomic analysis and breeding·Molecular Breeding, 1997, 3, 239—245.
- [9] Kato T·Diallel analysis for grain size of rice·Japan Breed J., 1989, 39, 39—45.

Analysis QTL of Grain Shape by Using of RFLP Map in Rice

WU Chang-ming², SUN Chuan-qing¹, CHEN Liang¹, LI Zi-chao¹, WANG Xiang-kun¹

(1. China Agricultural University, Beijing 100094;

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

Abstract: Through QTL (Quantitative trait loci) affecting main rice quality characters and indica-japonica differentiation were analyzed by using of a recombinant inbred (RI) lines derived from a cross of Aominori $\times$ IR₂₄ and its RFLP map with 293 molecular markers by single marker analysis and interval mapping. Nine QTLs for grain shape traits were detected in this population, three of them (R¹¹, R¹² and R¹³) were that controlled grain length, two (Rw¹ and Rw²) controlled grain width, four (Lw¹, Lw², Lw³ and Lw⁴) controlled grain length/width. It was indicated that grain length were affected multi-gene, grain width were affected two main-effective genes and some mini-effective genes, grain length and grain width were quantitative traits. Grain length and grain width were independent inherit traits.

Key words: Rice; Recombinant inbred lines; Grain shape traits; Quantitative trait loci (QTL)