

文章编号 :1003-8701 (2003)01-0003-06

稻米胶稠度、碱消值与籼粳分化度的 QTL 及其相互关系的研究

吴长明¹, 孙传清², 付秀林¹, 张 强¹, 王象坤², 李自超², 金京花¹

(1. 吉林省农科院水稻研究所, 吉林 公主岭 136100; 2. 中国农业大学, 北京 100094)

摘 要 :用 Asominori/IR₂₄ 重组自交系 (RIL) 为材料, 对控制稻米胶稠度、碱消值和籼粳分化度的 QTL 进行了分析。检测出 4 个控制胶稠度的 QTL (Ge1 ~ Ge4), 分别位于第 2、7 和 9 染色体上, 贡献率分别为 16.9%、13.2%、14.0% 和 11.3%。2 个控制碱消值的 QTL (As1 和 As2), 分别位于第 5 和 4 染色体上, 贡献率分别为 17.5% 和 13.0%。同时检测到了 5 个控制籼粳分化度的 QTL (Ij1 ~ Ij5), 分别位于第 1、2 和 11 染色体上, 贡献率分别为 21.9%、21.4%、13.4%、25.0% 和 14.5%。研究认为, 胶稠度是由主效基因和微效基因共同决定的, 碱消值是由 1 ~ 2 个主基因和若干微效基因控制的, 两个蒸煮品质性状均为数量遗传性状。籼粳分化度与胶稠度、碱消值之间呈密切连锁关系。

关键词 :水稻; 重组自交系; 胶稠度; 碱消值; 籼粳分化; QTL

中图分类号 :S511.033

文献标识码 :A

1 引言

稻米蒸煮品质是人们最关心的重要品质, 主要包括胶稠度、糊化温度 (通常用碱消值表示) 和直链淀粉含量。籼粳稻的蒸煮品质存在着明显差异, 普遍认为这种差异亦是导致籼稻米和粳稻米食味不同的主要原因。

关于稻米蒸煮品质的遗传研究报道较多。Cheng (1981)、Hsieh (1982)、武小金 (1989) 的研究认为, 硬胶稠度受显性单基因控制, 硬对中等和软胶稠度、中等对软胶稠度表现显性, 控制硬、中等和软胶稠度的主基因为复等位基因。同时胶稠度具有胚乳 3 倍体遗传特性, 存在基因的加性和显性效应。对糊化温度的遗传研究有两种不同结果:一种认为糊化温度受 1 ~ 2 个主基因控制, 并有若干个修饰基因 (Heu, et al.1973; McKenzie, 1983); 另一种认为糊化温度受多基因控制, 属数量性状 (Ghosh, 1972; Pwri, 1980; 凌兆凤等, 1990)。

胶稠度、糊化温度的遗传规律较复杂, 研究也较少。何平等 (1998) 曾找到了两个控制胶稠度的 QTL 和两个控制糊化温度的 QTL。但从分子水平上研究胶稠度、糊化温度与籼粳分化度的关系尚未见报道。本研究旨在利用胶稠度、糊化温度差异较大的两个亲本 Asominori 和 IR₂₄ 培育的重组自交系 (RIL) 群体 (Tsunematsu, 1996) 和高密度分子标记图谱, 对控制稻米胶稠度、糊化温度及籼粳分化度的 QTL 进行分析定位, 研究二者的相互关系, 为利用分子标记辅助选择技术改善籼粳杂种后代的米质提供依据。

收稿日期: 2002-06-20

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。

2 材料与方法

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,成熟后收种子用于蒸煮品质测定。

胶稠度、碱消值测定 :按照中华人民共和国国家标准 GB/T15683-1995 胶稠度、碱消值测定方法 ,分析样品的胶稠度和糊化温度。

RIL 的籼粳分化度分析 :用 Asominori/IR₂₄ 的重组自交系构建的 293 个 RFLP 标记的图谱 ,每个 RIL 系的籼稻基因组比率根据其 293 个位点上籼稻 IR₂₄ 等位基因占的比率求得 ,用基因组比率表示其籼粳分化度的相对值。

QTL 定位 :采用 Nelson (1997) 的 Qgene 2.29 软件对所有标记与胶稠度、碱消值以及籼粳分化度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 ($P<0.01$)。同时进行区间做图定位分析 ,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

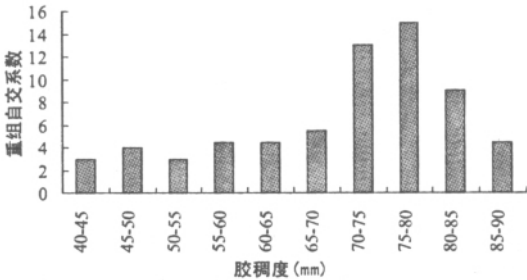


图 1 RIL 群体胶稠度分布

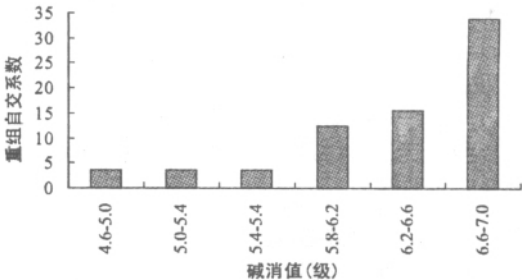


图 2 RIL 群体碱消值分布

图 1 结果表明 ,重组自交系 (RIL) 群体的胶稠度的测定值尽管在低值区有点特殊 ,但总体状况仍呈正态分布 ,表现出数量性状分布的特征。RIL 群体中有 10 个株系的胶稠度测定值低于低亲 IR₂₄ (55 mm) ,有 9 个株系的测定值超过高亲 Asominori (81 mm) ,表现出明显的超亲优势。

从图 2 可以看出 ,重组自交系 (RIL) 群体的稻米碱消值的检测结果未呈现出正态分布图的特点 ,但从分布状况看 ,没有出现质量性状的典型分布 ,仍属于数量性状的分布特征 ,原因可能是测定方法规定最高值为 7.0 ,Asominori 的测定值便是 7.0 ,即使有碱消值超过 7.0 的株系亦无法表现出来。

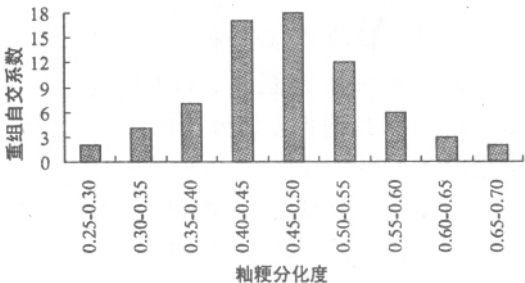


图 3 RIL 群体的籼粳分化度分布

从图 3 可以看出 ,重组自交系 (RIL) 群体的籼粳分化度值呈现出正态分布特征 ,表现为典型数量性状的特点。

3.2 胶稠度、碱消值及籼粳分化度的 QTL 分析

3.2.1 胶稠度的 QTL 分析

利用单因子方差分析 ($P \leq 0.01$) 和区间做图方法 ($LOD \geq 2.0$) 对稻米胶稠度进行 QTL 定位, 均检测出 4 个 QTL (Ge1、Ge2、Ge3 和 Ge4), 两种方法分析出的结果相同 (表 1 和图 4)。其中 Ge1 和 Ge2 位于第 2 染色体上, 标记位点分别是 G1314B 和 C777, 两个标记之间的遗传距离仅 13.4cM, Ge1 和 Ge2 的贡献率分别是 16.9% 和 13.2%, 二个位点的遗传正效应等位基因位点来源于 Asominori, 加性效应值分别为 9.9 mm 和 9.1 mm。Ge3 位于第 7 染色体上, 标记位点是 R1789, 遗传正效应等位基因位点来自于 IR₂₄, 贡献率为 14.0%, 加性效应值为 -9.4 mm。Ge4 位于第 9 染色体上, 标记位点是 C609, QTL 的贡献率为 11.3%, 遗传正效应基因位点来源于 Asominori, 加性效应值为 8.4 mm。

表 1 稻米蒸煮品质性状单因子方差分析作用检测出的 QTLs

性 状	QTL 位点	标记区间	LOD 值	加性效应	标记位点	等位基因 平均值	染色体	R ²	P 0.01
碱消值	As1	Y1060L-XNpb71	2.32	-0.63	C119	6.15	5	0.175	-0.000 5
	As2	C600-Xa-1	2.09	-0.56	C600	6.15	4	0.130	-0.002 0
胶稠度	Ge1	G1314B	2.66	9.9	G1314B	75.8	2	0.169	0.000 5
	Ge2	C777	2.11	9.1	C777	74.6	2	0.132	0.002 0
	Ge3	R1789	2.28	-9.4	R1789	66.5	7	0.140	-0.001 4
	Ge4	C1263-C609	2.03	8.4	C609	74.3	9	0.113	0.004 4

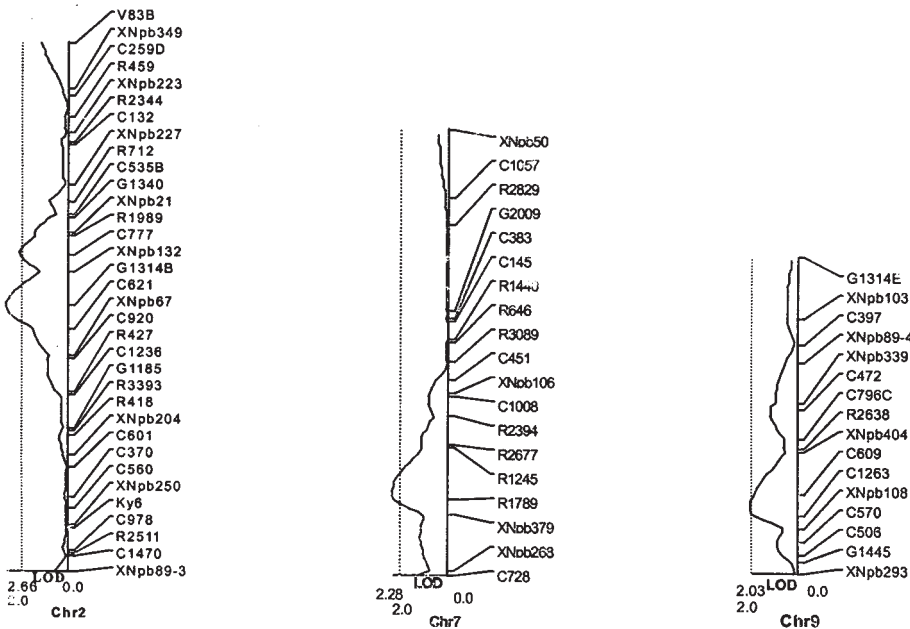


图 4 稻米胶稠度区间做图分析

3.2.2 碱消值的 QTL 分析

利用单因子方差分析 ($P \leq 0.01$) 方法和区间做图方法 ($LOD \geq 2.0$) 仅检测到 2 个 QTL (As1 和 As2), 两种方法分析出的结果相同 (表 1 和图 5)。As1 和 As2 分别位于第 5 和第 4 染色体上, 标记位点是 C119 和 C600, 两个位点的遗传正效应等位基因来源于 IR₂₄, 两个 QTL 的贡献率分别为 17.5% 和 13.0%, 加性效应为 -0.63 和 -0.56。

3.2.3 籼粳分化度的 QTLs 分析

利用单因子方差分析对籼粳分化度进行 QTLs 分析, 检测到 5 个 QTL 位点, 利用区间做图法对籼粳分化度进行 QTL 定位, 也检测到 5 个 QTL 位点 ($LOD \geq 2.0$)。因此, 检测出的 5

个 QTLs 比较肯定,分别位于第 1、2、11 染色体上(表 2 和图 6)。其遗传正效应等位基因来源于 Asominori。检测到的位于第 1 染色体的 3 个 QTL (Ij1、Ij2、Ij3) 的贡献率分别为 21.9%、21.4%和 13.4%,加性效应分别为-0.07%、-0.07%和-0.06%,标记位点分别为 C466B、C178 和 C955;第 2 染色体的 QTL (Ij5) 的贡献率为 14.5%,加性效应为-0.05%,标记位点为 C920;第 11 染色体的 QTL (Ij4) 的贡献率为 25.0%,加性效应为-0.08%,标记位点为 C952B。5 个位点的联合贡献率达到了 96.2%,几乎控制了全部变异。

表 2 籼粳分化度单因子方差分析作用检测出的 QTLs

QTL 位点	标记区间	LOD 值	加性效应	标记位点	等位基因 平均数	染色体	R ²
IJ1	R758–R1485	3.74	–0.07	C466B	0.50	1	0.219
IJ2	R2653–XNpb252	3.68	–0.07	C178	0.49	1	0.214
IJ3	C955	2.22	–0.06	C955	0.49	1	0.134
IJ4	XNpb257–C496	4.20	–0.08	C952B	0.48	11	0.250
IJ5	C920–XNpb67	2.30	–0.05	C920	0.51	2	0.145

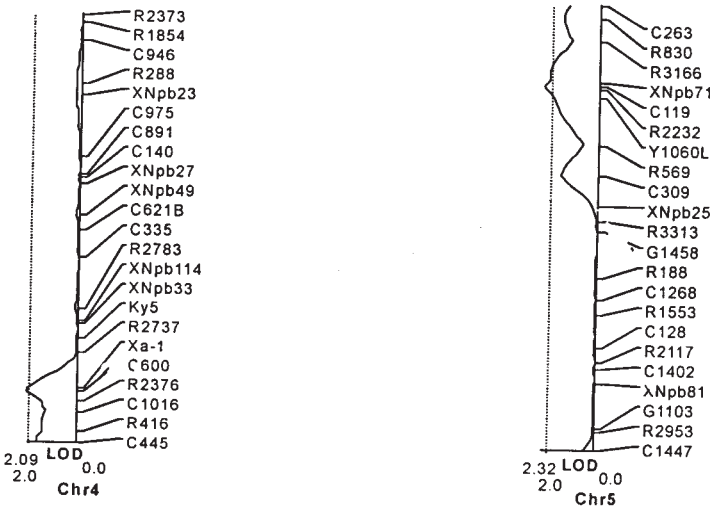


图 5 碱消值区间做图分析

3.3 籼粳分化度 QTL 与胶稠度、碱消值的 QTL 的关系

3.3.1 籼粳分化度与胶稠度的 QTL 比较

对比较控制 水稻胶稠度的 4 个 QTL 和控制籼粳分化度的 5 个 QTL 以及 QTL 所在染色体的位置(表 1、表 2、图 4、图 6)来看,Ge1、Ge2 和 Ij5 同位于第 2 染色体上,Ge1 (标记位点 G1314B)与 Ij5 (标记位点 C920)的遗传距离为 13.9cM,Ge2 (标记位点 C777)与 Ij5 (标记位点 C920)的遗传距离为 29.3 cM。表明 Ge1 与 Ij5 的连锁较为紧密,但 Ij5 对籼粳分化度的贡献率只有 14.5%,仅占 5 个位点之和的 15%左右,对两个性状相互关系的影响没有决定性作用。

3.3.2 籼粳分化度与碱消值的 QTL 比较

比较表 1 与表 2、图 5 与图 6 的结果表明,2 个控制 水稻碱消值的 QTL (As1 和 As2)和控制籼粳分化度的 5 个 QTL 没有任何连锁关系。

3.3.3 籼粳分化度与直链淀粉含量的 QTL 比较

对比较被检测到的控制 水稻直链淀粉含量 5 个 QTL 位点和控制籼粳分化度的 5 个

QTL 以及 QTL 所在位点看，只有 Am1 与 Ij1、Ij2、Ij3 同位于第一染色体上，Am1 和 Ij1 处于同一染色体臂上，两个 QTL 的标记位点相距 29.3 cM。利用 71 个 RIL 的稻米直链淀粉含量和籼粳分化度值计算出两者之间的相关系数为-0.043 9，相关性不显著。

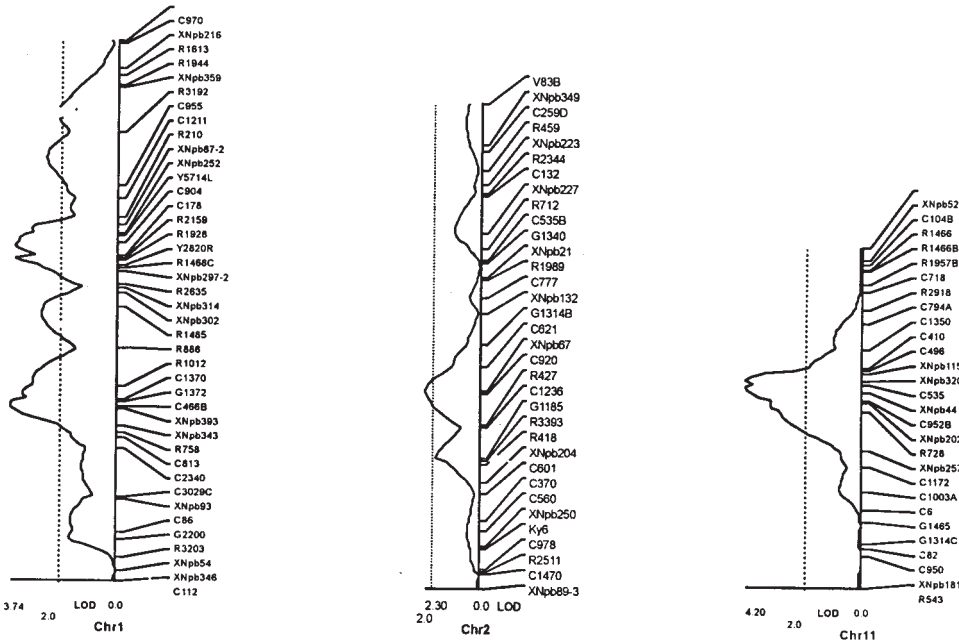


图 6 籼粳分化度区间做图分析

4 讨论

4.1 胶稠度的遗传规律及其与籼粳分化关系的分子遗传学基础

由于胶稠度具有胚乳 3 倍体遗传特性，故采用普通遗传学方法分析的结果具有一定的局限性。本研究通过对控制胶稠度的 QTL 进行分析，发现了一个贡献率为 16.9%的主效基因和 3 个贡献率分别为 13.2%、14.0%和 11.3%的中效基因。本研究中发现的 Ge1 和 Ge2 位于第 2 染色体上，与何平等 (1998) 发现的控制胶稠度的 gc-2 位于同一染色体上，Ge3 与 gc-7 亦同属于第 7 染色体。

普遍的观点认为，籼、粳稻的胶稠度差异较大。本研究认为，籼粳分化与胶稠度在分子遗传学水平上没有直接连锁关系。籼、粳稻之间的胶稠度差异是由于长期选择压造成的，由于主效基因的作用，在稻米胶稠度的改良中，亲本的选择非常重要。闵绍楷、汤圣祥等 (1996) 认为，在硬/软胶稠度组合的早期分离世代出现的少数中等胶稠度材料将继续分离，为此要获得理想的材料，亲本之一应有理想的胶稠度。对杂交育种后代的选择可从低世代开始。由于有若干效应不同的非主效基因的累加作用，对后代中选择出胶稠度适宜的材料更为有利。

4.2 碱消值的遗传规律及其与籼粳分化的关系的分子数量遗传学基础

碱消值是间接评价稻米糊化温度的有效方法。有关糊化温度的遗传研究结果可归为两类：一种观点认为糊化温度仅涉及 1~2 个主基因，或还有若干个修饰基因加入 (Heu 等, 1973; Mckenzie, 1983); 另一种观点认为，糊化温度由多基因控制，属数量性状 (Ghosh, 1972; Puri, 1980)。但沈革志 (1986) 却报道，高糊化温度是完全显性的，而且不存在基因的剂量效应。本研究利用碱消值直接进行 QTL 分析，检测到一个贡献率达 17.5%的主效基因和一个

贡献率为 13.0%的中效基因,同时从回归曲线图可以看出尚有部分微效基因未被检测出来。因此,作者认为碱消值可能是由 1~2 个主效基因和若干微效基因共同控制的。何平等(1998)利用 DH 系群体亦检测到了在第 6 染色体上存在 1 个主效基因位点和 1 个中效基因位点,支持了这种观点。由于稻米的碱消值(糊化温度)受主效基因和微效基因的共同作用,糊化温度的遗传力极高,广义和狭义遗传力均在 90%左右(闵绍楷,汤圣祥,1996)。因此,在低世代对糊化温度进行单株选择有效。

参考文献:

- [1] 王建平,孙传清,李自超,等.两系水稻 DH 群体的形态指数和同工酶的籽粒分类研究[J].中国农业科学,1998,31(4):8-15.
- [2] 石春海,等.籼稻糯米蒸煮品质的种子和母体遗传效应分析[J].中国水稻科学,1994,8(3):129-134.
- [3] 汤圣祥.籼粳杂交稻米胶稠度的遗传特性分析[J].中国水稻科学,1996,10(4):197-200.
- [4] 汤圣祥.稻米胶稠度的遗传研究[J].中国水稻科学,1997,5(1):25-28.
- [5] 李欣,等.粳稻米糊化温度的遗传研究[J].江苏农学院学报,1995,16(1):15-20.
- [6] Chang T T and Somrith B. Genetic studies on the grain quality of rice. In Chemical Aspects of Rice Grain Quality, IRRI, 1979, 49-58.
- [7] Heu M H and Rchoi J. The genetics of alkali digestibility in grains of indica/japonica hybrids. Plant Breed, Abstr, 1973, 45 Q 7808.
- [8] Hsien S C, et al. Evaluation and genetic studies on grain quality characters in rice. Symp, Plant Breed, 1982, 99-112.
- [9] Kumar I, Khush G S, et al. Genetic analysis of waxy locus in rice (*Oryza sativa* L.). Theor. Appl. Genet, 1987, 73: 481-488.
- [10] Lander E S and Botstein D. Mapping Mendelian factors underlying quantitative traits using RFLP linkage maps. Genetics, 1989, 121:185-199.
- [11] Mckenzie K S and Rutger J N. Genetic analysis of amylose content, alkali spreading score and grain dimensions, rice. Crop Sci.,1983, 23 Q 306-313.
- [12] Nelson J C. QGENE: Software for marker-based genomic analysis and breeding. Molecular Breeding, 1997, 3: 239-245.
- [13] Tsunematsu H, Yyosimura A, et al. RFLP framework map using recombinant lines in rice. Breeding Science, 1996, 46: 279-284.

Study on QTLs Underlying Gel Consistency, Alkali Spreading Value and Indica-Japonica Differentiation Using Recombinant Inbred Lines in Rice

WU Chang-ming¹, SUN Chuan-qing², WANG Xiang-kun², et al.

1. Jilin Academy of Agricultural Sciences, Gongzhuling 136100, China;

2. China Agricultural University, Beijing 100094, China)

Abstract: QTLs (Quantitative trait loci) affecting content of gel consistency, alkali spreading value and indica-japonica differentiation were analyzed using a recombinant inbred (RI) lines derived from a cross of Asominori×IR₂₄ by single marker analysis and interval mapping. Four QTLs (Ge1 ~ Ge4) for gel consistency were detected and mapped on chromosome 2, 7, 9 in this population. Variances explained by the QTLs were 16.9%、13.2%、14.0%、11.3% respectively. Two QTLs (As1 ~ As2) for Alkali spreading value were detected and mapped on chromosome 5, 4 in this population. Variances explained by the QTLs were 17.5%、13.0% respectively. (下转第 17 页)

4号)与标准品种最为接近($r=0.844$),而标准品种是综合性状最好的,所以T10(海禾4号)综合性状最好;其次是T12(丹2109)、T5(登海9号)、T7(海禾3号)、T8(丹3020)和T11(丹DS32);其余品种(T1、T2、T3、T4、T9)综合性状比不上对照品种新铁10。

3 结论与讨论

①本文运用灰色关联分析方法,对国内新近育成的 11 个玉米杂交种进行了综合评价。试验结果表明,引进的这 11 份玉米杂交种中有 6 份在综合性状上明显优于对照品种新铁 10,所以这 6 份玉米杂交种可以在适宜推广种植对照品种的区域加以推广试种。

②运用灰色关联分析方法对玉米杂交种进行评价,不仅考虑到丰产性优劣,而且对其它性状,诸如植株性状、穗部性状、适应性、生育期等许多性状进行综合评价,对生产实践具有指导意义。作者认为,该方法不象过去仅根据产量性状进行方差分析,以决定品种的优劣,而是对品种的综合性状进行评价,此种方法在作物引种或试验统计中值得推广。

参考文献：

- [1] 邓聚龙. 灰色预测与决策 [M]. 武汉: 华中理工大学出版社, 1998.
- [2] 刘录祥, 等. 灰色系统理论应用于作物新品种评估初探 [J]. 中国农业科学, 1989, (3): 22-27.
- [3] 韩美善, 等. 法国玉米新品种引种试验研究 [J]. 杂粮作物, 2001, 21 (1): 21-23.
- [4] 郭海鳌, 等. 温带与亚热带玉米种质在贵州省试验初报 [J]. 杂粮作物, 2000, 20 (4): 13-16.
- [5] 王汉宁, 等. 我国北方玉米杂交种在甘肃省的丰产性和稳产性分析 [J]. 甘肃农业大学学报, 2000, 35 (4): 431-435.
- [6] 陈玉水, 等. 亚热带玉米优良种质的引进鉴定 [J]. 福建农业科技, 2000, (4): 8-9.
- [7] 王玉龙, 等. 杂交玉米新品种 (组合) 试验初报 [J]. 种子, 2000, (3): 36-37.

Test of Newly Introduced Maize Hybrids in China

JIA En-ji ,HU Wen-he ,DENG Shao-hua ,HE Wen-an

(College of Agronomy, Jilin Agricultural University, Changchun 130118, China)

Abstract: In recent years, a lot of maize hybrids have been developed. In order to observe their adaptability in Changchun Jilin province. The introduction test has been done in 2000 and 2001. It showed that 6 hybrids out of 11 introduced hybrids performed better than the control xintie 10. They are Haihe No.4, Dan 2109, Denghai No.9, Haihe No.3, Dan 3020 and Dan DS32, which can be used for further test in Changchun area that are suitable for growing xintie 10.

Key words :Maize ;Hybrids ;Introduction test

(上接第 8 页) Five QTLs (Ij1 ~ Ij5) for indica-japonica differentiation were detected on chromosome 1, 2, 11 and variances explained by Ij1 ~ Ij5 was 21.9%, 21.4%, 13.4%, 25.0%, 14.5% respectively. It was showed that there was significant correlation between gel consistency, alkali spreading value and indica-japonica differentiation.

Key words: Rice; Recombinant inbred lines; Gel consistency; Alkali spreading value; Indica-japonica differentiation; Quantitative trait loci