

文章编号 :1003-8701(2003)02-0006-09

# 稻米食味品质性状的 QTL 分析

吴长明<sup>1</sup>, 孙传清<sup>2</sup>, 王象坤<sup>2</sup>, 李自超<sup>2</sup>, 付秀林<sup>1</sup>, 张强<sup>1</sup>

(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:**本研究利用 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做图方法,对控制稻米食味品质性状的数量性状位点(QTL)进行分析。检测出控制稻米食味品质性状的 QTL 28 个,另有 6 个可能存在的 QTL 亦被检测到。从相关分析和 QTL 的连锁关系来看,稻米主要食味品质性状之间关系密切。米饭咬劲、粘弹性、味觉、食味及冷饭质地等均与第 4 染色体的分子标记 C445 有关。G1314B 同时影响米饭硬度、味觉、粘弹性和食味特性,G952B 是影响咬劲、硬度和食味等性状的分子标记。

**关键词:**水稻,重组自交系,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

食味品质是稻米作为人类粮食消费时最重要的性状,稻米能否受消费者欢迎,除外观品质、蒸煮品质、营养品质外,食味品质的影响更为重要。由于食味品质的诸性状检测比较困难,国内外学者对其遗传规律的研究报道很少。

食味品质主要包括米饭外观特性、米饭食味特性、冷饭质地和米饭气味或香味等几类性状,目前的文献只有稻米香味的遗传规律的研究报道,且不同研究结果存在明显差异。多数学者认为是隐性主基因控制的,且香味的遗传与细胞质无关(钟国瑞,1987;Berner,1986;吴升华,1990;黄超武,1990;黄河清,1992;Ali,1993)。顾铭洪等(1990)认为,米香除受一对隐性主基因控制外,还有一些微效基因参与作用。宋文昌等(1990)利用同源四倍体和二倍体水稻以 1.7% KOH 溶液浸泡法研究香气遗传,认为稻米香味为主基因控制。Tripathi(1979)认为,米香决定于两对互补基因,香对不香呈显性。有的学者认为香气受两对基因控制,其中一对为抑制基因,只有两对基因纯合时才有香气。

由于鉴别的困难和需要一定的种子量,以及利用杂合的群体难以准确的检定等,到目前为止尚无人就食味品质的 QTL 进行研究。本研究旨在利用高密度的水稻分子标记图谱以及食味差异大的粳稻亲本 Asominori 和籼稻亲本 IR<sub>24</sub> 杂交后代的重组自交系(RIL)群体(Tsunematsu,1996),对控制食味诸性状的 QTL 进行分析定位,利用分子标记辅助选择技术,为改善稻米食味品质提供参考。

## 2 材料方法

### 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教授提供,于 1997 年冬至 1998 年春种植于海南岛三亚市,田间管理采用普通的适用于当地生态条件的措施,成熟后收种子用于食味品质性状测定。

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。

## 2.2 食味性状评价方法

### 2.2.1 确定检测人员

选择具有一定经验的科技人员 6 名,其中老年男女、中年男女、青年男女各一名。

### 2.2.2 试样米饭的份数和试食时间

为避免试食时米饭温度相差过大和人员的疲劳,同时考虑到试验材料较多,确定每次评价的材料为 9 个,其中 2 个为 Asominori 和 IR<sub>24</sub>,每天上午 10 点、下午 3 点各一次,下午为上午试样的重复。冷饭试食时间与热饭试食时间相隔 6 h 和 18 h。

### 2.2.3 米饭蒸煮方法

每样品取 50 g 精米,洗净后放入直径 3.7 cm,高 5 cm 的铝盒内,加 65 g 水,盛好放置 30 min 左右,置于电饭锅内蒸熟,焖 30 min 左右,供试食用。

### 2.2.4 品尝方法

对米饭气味、口味、色泽和冷饭柔软性等指标依次评价,并逐项记分。首先趁热辨别米饭的香气,用 Asominori 和 IR<sub>24</sub> 作参照分别记分。

### 2.2.5 评分办法

对 6 位试食人员的逐项记分计算平均值,二次重复的平均值再计算平均值即为该性状的分值。

## 2.3 QTL 分析

采用 Nelson(1997)的 Qgene2.29 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 结果分析

### 3.1 表型分析

#### 3.1.1 米饭外观性状的表型分析

表 1 重组自交系群体食味品质性状分布情况

米饭性状		RIL 分布情况									Asominori	IR <sub>24</sub>
气 味	测定值	0.9 ~ 1.0	1.1 ~ 1.2	1.3 ~ 1.4	1.5 ~ 1.6	1.7 ~ 1.8	1.9 ~ 2.0	2.1 ~ 2.2	2.3 ~ 2.4	3.3	1.5	
	RILs	5	8	11	20	12	10	3	2			
完整性	测定值	0.6 ~ 0.7	0.8 ~ 0.9	1.0 ~ 1.1	1.2 ~ 1.3	1.4 ~ 1.5	1.6 ~ 1.7	1.8 ~ 1.9	2.0 ~ 2.1	2.0	1.3	
	RILs	4	12	14	16	12	5	5	3			
光 泽	测定值	0.1 ~ 0.4	0.5 ~ 0.6	0.7 ~ 0.8	0.9 ~ 1.0	1.1 ~ 1.2	1.3 ~ 1.4	1.5 ~ 1.8	1.8	1.4		
	RILs	2	8	12	25	10	10	4				
颜 色	测定值	0.4 ~ 0.5	0.6 ~ 0.7	0.8 ~ 0.9	1.0 ~ 1.1	1.2 ~ 1.3	1.4 ~ 1.5	1.6 ~ 1.7	1.1	1.4		
	RILs	12	18	17	7	8	5	4				
外 观	测定值	1.8 ~ 2.1	2.2 ~ 2.4	2.5 ~ 2.7	2.8 ~ 3.0	3.1 ~ 3.3	3.4 ~ 3.6	3.7 ~ 3.9	4.0 ~ 4.2	1.1	0.7	
	RILs	2	5	11	18	16	7	7	3			
咬 劲	测定值	1.2 ~ 1.3	1.4 ~ 1.5	1.6 ~ 1.7	1.8 ~ 1.9	2.0 ~ 2.1	2.2 ~ 2.3	2.4 ~ 2.5	2.6 ~ 2.7	4.0	3.5	
	RILs	4	7	12	11	10	9	9	3			
硬 度	测定值	1.4 ~ 1.5	1.6 ~ 1.7	1.8 ~ 1.9	2.0 ~ 2.1	2.2 ~ 2.3	2.4 ~ 2.5	2.6 ~ 2.8	2.9 ~ 3.0	1.8	2.5	
	RILs	4	7	8	17	12	7	8	8			
粘弹性	测定值	1.3 ~ 1.5	1.6 ~ 1.8	1.9 ~ 2.1	2.2 ~ 2.4	2.5 ~ 2.7	2.8 ~ 3.0	3.1 ~ 3.3	3.4 ~ 3.6	1.4	2.6	
	RILs	9	10	13	14	16	4	1	3			
味 觉	测定值	0.9 ~ 1.1	1.2 ~ 1.4	1.5 ~ 1.7	1.8 ~ 2.0	2.1 ~ 2.3	2.4 ~ 2.6	2.7 ~ 2.9	3.0 ~ 3.2	3.0	1.4	
	RILs	3	11	11	17	15	7	2	2			
食 味	测定值	5.5 ~ 6.0	6.1 ~ 7.0	7.1 ~ 8.0	8.1 ~ 9.0	9.1 ~ 10.0	10.1 ~ 11.0	11.1 ~ 12.0	12.1 ~ 13.0	9.5	8.0	
	RILs	4	15	17	13	9	8	3	2			
冷饭质地	测定值	0.7 ~ 1.0	1.1 ~ 1.5	1.6 ~ 2.0	2.1 ~ 2.5	2.6 ~ 3.0	3.1 ~ 3.5	3.6 ~ 4.0	4.1 ~ 4.5	4.1	1.8	
	RILs	2	2	6	16	25	12	5	3			

从表 1 可以看出,重组自交系(RIL)群体的米饭外观性状饭粒完整性、米饭光泽、米饭颜色及外观等的评价值均呈正态分布趋势,表现出数量性状的特点。比较表 1 结果可以看出,RIL 群体的米饭咬劲、硬度、粘弹性、米饭气味、味觉和食味的评价值均有超亲优势出现。

### 3.1.2 冷饭质地的表型分析

从表 1 可以看出,重组自交系(RIL)群体的冷饭质地评价值呈正态分布,表现出典型的数量性状特点,该群体的冷饭质地最高值高于高亲 Asominori,最低值低于低亲 IR<sub>24</sub>,表现出超亲分离特点。

## 3.2 食味品质的 QTL 分析

于第 4 和第 10 染色体上,标记位点分别为 C140 和 C148,贡献率分别为 13.6%和 12.8%,遗传正效应等位基因来源于 Asominori,加性效应分别为 0.26 和 0.25。4 个 QTL 的贡献值总和为 55.7%。

### 3.2.1 米饭光泽的 QTL 分析

采用两种方法对米饭光泽进行 QTL 定位,均检测到 2 个控制米饭光泽的 QTL(表 2 和图 1),其中 Lu1 位于第 6 染色体,Lu2 位于第 1 染色体上,两个 QTL 的贡献率分别为 18.2%和 14.7%,标记位点分别为 C282B 和 C1370,其遗传正效应等位基因来源于 Asominori,加性效应分别为-0.27 和-0.23。

表 2 米饭外观品质性状单因子方差分析检测出的 QTL

米饭性状	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
完整性	In1	Rib13-C970	2.60	0.29	XNpb216	1.43	1	0.169	0.000 5
	In2	R3192-XNpb359	2.41	0.28	R3192	1.41	1	0.147	0.000 6
	In3	XNpb271-C891	2.05	0.26	C140	1.36	4	0.136	0.009 4
	In4	C571B-XNpb68-3	2.21	0.25	C148	1.37	10	0.128	0.002 3
光 泽	Lu1	G2028-L688	3.24	-0.27	C282B	0.81	6	0.182	-0.000 2
	Lu2	C1370	2.57	-0.23	C1370	0.88	1	0.147	-0.001 1
颜 色	Co1	R3156-C606	2.84	-0.32	R3156	0.68	3	0.180	-0.000 2
	Co2	R1957B-R1466	2.18	0.27	R1957B	1.06	11	0.147	0.001 0
	Co3	R1394A	2.18	0.28	R1394A	1.05	8	0.149	0.001 1
	Co4	G1314B-C777	2.84	-0.27	XNpb132	0.75	2	0.142	-0.001 1
外 观	Ou1	R1613-C970	2.44	0.42	XNpb216	3.38	1	0.124	0.002 5
	Ou2	XNpb397-R2027	1.78	0.41	XNpb397	3.37	8	0.124	0.004 3
	Ou3	XNpb237	1.49	0.38	XNpb237	3.34	4	0.110	0.009 2
	Ou4	XNpb74	1.20	-0.41	XNpb74	2.85	3	0.101	-0.009 4

### 3.2.2 米饭颜色的 QTL 分析

采用单因子方差分析( $P \leq 0.01$ )和区间做图法( $LOD \geq 2.0$ )对米饭颜色进行 QTL 定位,检测出 4 个控制米饭颜色的 QTL(表 2 和图 2)。其中 Co1 和 Co4 位于第 3 和第 2 染色体上,标记位点为 R3156 和 XNpb132,两个 QTL 的贡献率分别为 18.0%和 14.2%,遗传正效应等位基因来源于 IR<sub>24</sub>,加性效应分别为-0.32 和-0.27。Co2 和 Co3 位于第 11 和第 8 染色体上,标记基因位点为 R1957B 和 R1394A,两个 QTL 的贡献率分别为 14.7%和 14.9%,遗传正效应等位基因来源于 Asominori,加性效应值分别为 0.27 和 0.28。

### 3.2.3 米饭外观的 QTL 分析

采用单因子方差分析法( $P \leq 0.01$ )对米饭外观进行 QTL 定位,检测到 4 个 QTL(表 2)。而利用区间做图法( $LOD \geq 2.0$ )只检测到 1 个 QTL(图 3),故只能检测出一个 QTL,而其它 3 个 QTL 亦有可能存在。被检测到的 Ou1 位于第 1 染色体上,分子标记位点是 XNpb216,贡献率为 12.4%,遗传正效应等位基因来源于 Asominori,加性效应值为 0.42。

### 3.3 米饭食味特性的 QTL 分析

#### 3.3.1 米饭咬劲的 QTL 分析

表 3 米饭食味品质性状单因子方差分析检测出的 QTL

米饭性状	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
咬 劲	Cs1	R728-C952B	2.90	-0.42	C952B	1.78	11	0.175	-0.000 3
	Cs2	C112	2.14	-0.35	C112	1.88	1	0.130	-0.002 0
	Cs3	C445-R416	2.04	-0.34	C445	1.85	4	0.123	-0.002 7
硬 度	Ha1	R728-C535	3.02	-0.39	C952B	1.97	11	0.180	-0.000 2
	Ha2	R1957-R1466	2.57	0.37	R1957B	2.43	11	0.158	0.000 6
	Ha3	G1314B	2.29	-0.33	G1314B	2.03	2	0.137	-0.001 4
粘 弹 性	St1	C445-R416	2.49	0.43	C445	1.96	4	0.150	-0.000 8
	St2	G1314B	2.44	-0.42	G1314B	1.96	2	0.147	-0.000 9
	St3	C777	1.93	-0.40	C777	1.95	2	0.118	-0.006 9
味 觉	Ts1	C445-R416	2.36	-0.42	C445	1.73	4	0.142	-0.001 1
	Ts2	G1314B	2.16	-0.40	G1314B	1.73	2	0.129	-0.002 0
食 味	Ta1	R728-C952B	2.57	-1.42	C952B	7.55	11	0.159	-0.000 6
	Ta2	C445-R416	2.54	-1.35	C445	7.69	4	0.152	-0.000 7
	Ta3	G1314B	2.37	-1.31	G1314B	7.69	2	0.143	-0.001 1
冷饭质地	Cm1	Kyb-XNpb250	2.32	-0.53	XNpb250	2.52	2	0.144	-0.001 5
	Cm2	XNpb67	2.01	-0.51	XNpb67	2.55	2	0.134	-0.002 7
	Cm3	C445-R416	2.10	-0.48	C445	2.53	4	0.127	-0.002 2
	Cm4	R2382	1.36	-0.45	R2382	2.52	8	0.104	-0.006 1
	Cm5	XNpb320	1.17	-0.42	XNpb320	2.55	11	0.099	-0.007 5
饭 香 味	See	C1121-C1115	3.16	0.31	R844C	1.75	8	0.188	0.000 1

采用两种分析方法均检测到 3 个控制米饭咬劲的 QTL(表 3 和图 4),检测出的 3 个 QTL (Cs1、Cs2 和 Cs3)分别位于第 11、1、4 染色体上,标记位点分别是 C952B、C112 和 C445,3 个 QTL 的贡献率分别为 17.5%、13.0%和 12.3%,遗传正效应等位基因来源于 Asominori,加性效应值分别为-0.42、-0.35 和-0.34。

#### 3.3.2 米饭硬度的 QTL 分析

采用单因子方差分析法( $P \leq 0.01$ )和区间做图法( $LOD \geq 2.0$ )对米饭硬度评价进行 QTL 分析,发现了 3 个控制米饭硬度的 QTL(表 3 和图 5)。Ha1 和 Ha2 位于第 11 染色体上,Ha3 位于第 2 染色体上。Ha1 和 Ha3 的分子标记位点分别是 C952B 和 G1314B, QTL 的贡献率分别为 18.0%和 13.7%,遗传正效应等位基因来源于 Asominori,加性效应值分别为-0.39 和-0.33。Ha2 的分子标记位点是 R1957B,贡献率为 15.8%,遗传正效应等位基因来自于 IR<sub>24</sub>,加性效应为 0.37。

#### 3.3.3 米饭粘弹性的 QTL 分析

采用两种 QTL 分析方法对 RIL 的米饭粘弹性进行 QTL 定位,检测到 3 个控制该性状的 QTL(表 3 和图 6),分别命名为 St1、St2 和 St3,并位于第 4 和第 2 染色体。3 个 QTL 的分子标记分别为 C445、G1314B 和 C777,贡献率分别为 15.0%、14.7%和 11.8%,遗传正效应等位基因来源于 IR<sub>24</sub>,加性效应分别为-0.43、-0.42 和-0.40。

#### 3.3.4 米饭味觉的 QTL 分析

采用两种 QTL 分析方法对 RIL 群体的米饭味觉进行 QTL 定位,检测到 2 个控制该性状的 QTL(表 3 和图 7),分别命名为 Ts1 和 Ts2,并位于第 4 和第 2 染色体。2 个 QTL 的分子标记为 C445 和 G1314B,贡献率分别为 14.2%和 12.9%,遗传正效应等位基因来源于 IR<sub>24</sub>,加性效应分别为-0.42 和-0.40。

#### 3.3.5 米饭食味的 QTL 分析

采用单因子方差分析法和区间做图法对米饭食味进行 QTL 定位,发现了 3 个控制米饭食味的 QTL(表 3 和图 8),命名为 Ta1、Ta2 和 Ta3,分别位于第 11、4、2 染色体。3 个 QTL 的分子标记为 C952B、C445 和 G1314B,贡献率分别为 15.9%、15.2%和 14.3%,遗传正效应等位基因来源于 IR<sub>24</sub>,加性效应分别为-1.42、-1.35 和-1.31。

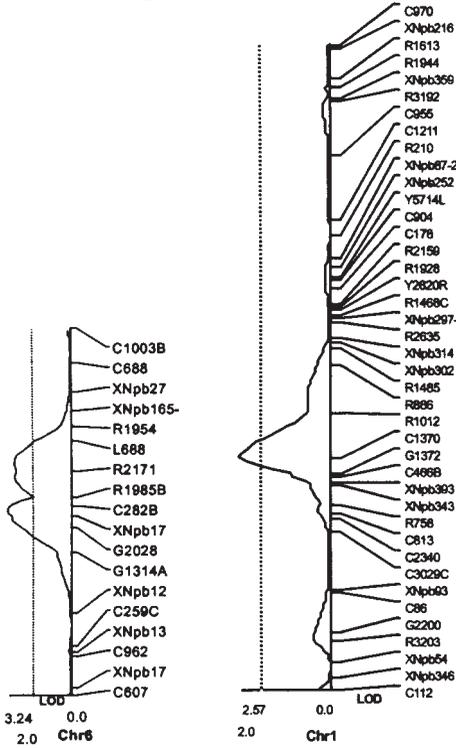


图 1 米饭光泽区间做图分析

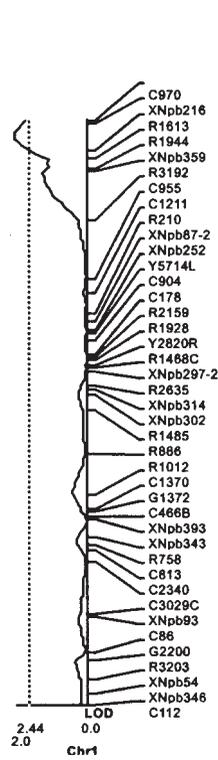


图 3 米饭外观区间做图分析

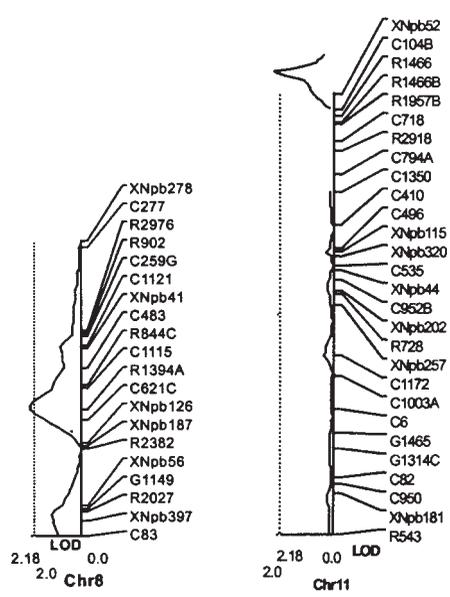
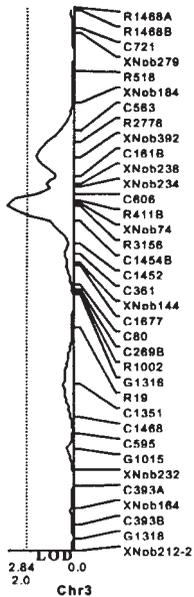
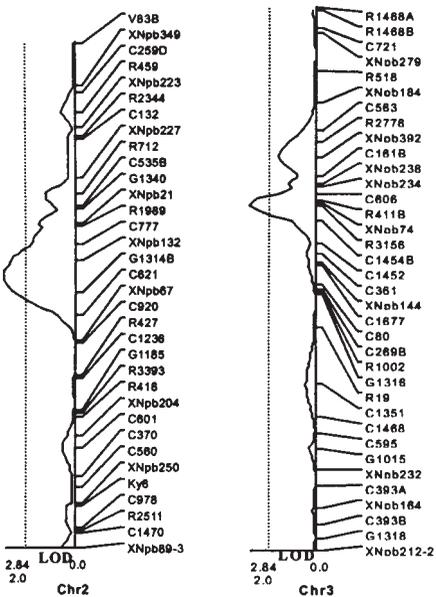


图 2 米饭颜色区间做图分析

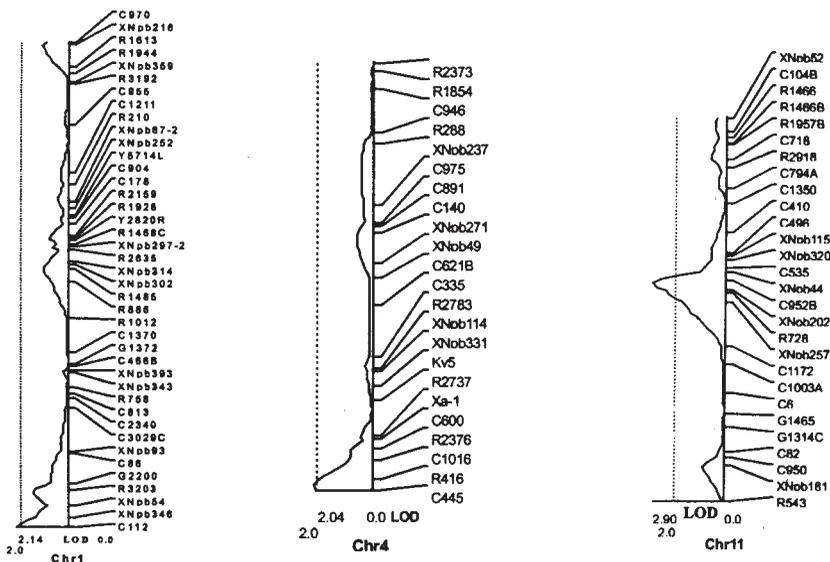


图 4 米饭咬劲区间做图分析

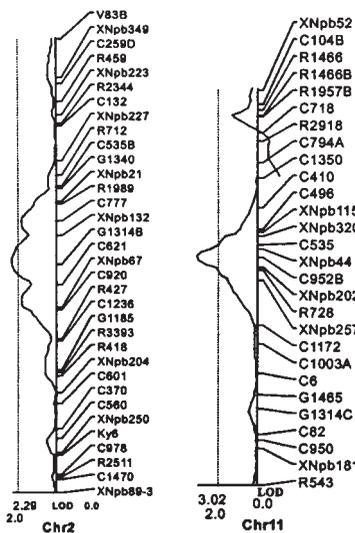


图 5 米饭硬度区间做图分析

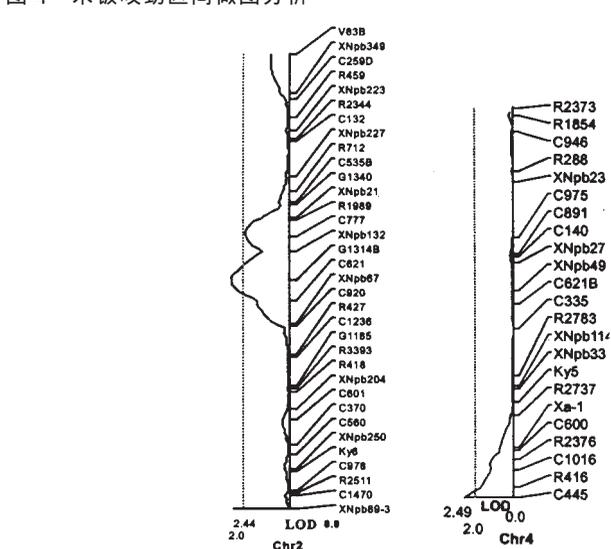


图 6 米饭粘性区间做图分析

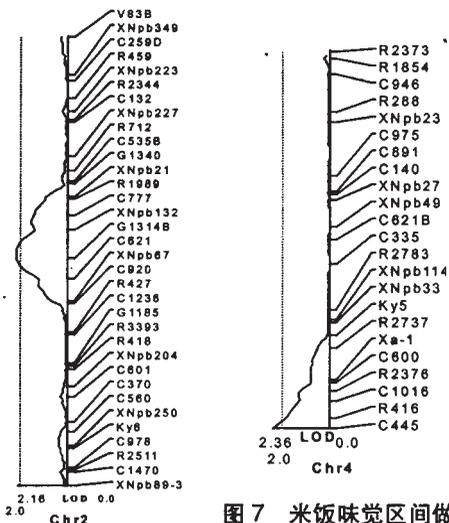


图 7 米饭味觉区间做图分析

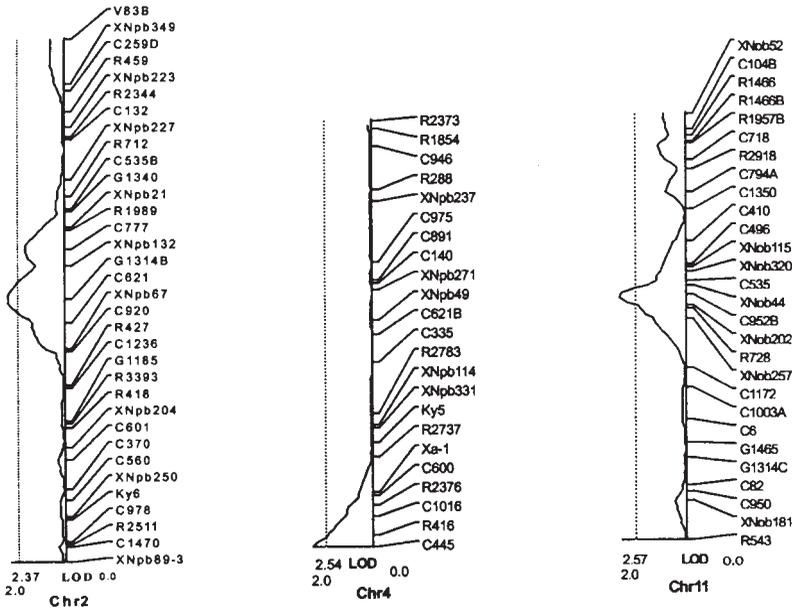


图8 米饭食味区间做图分析

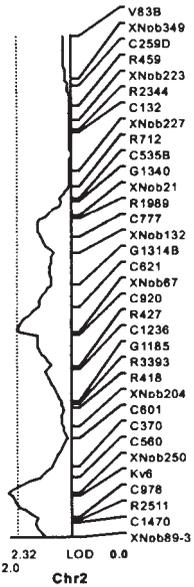


图9 冷饭质地区间做图分析

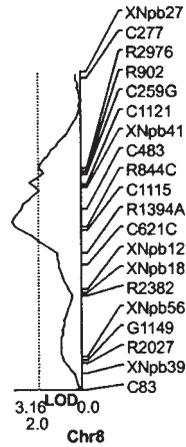
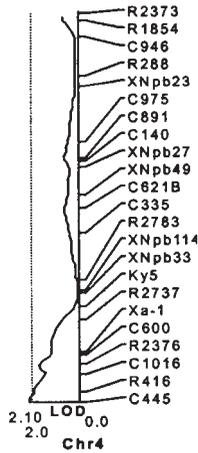


图10 米饭香味区间做图分析

表4 稻米食味品质性状之间的相关性分析

性状	气味	饭粒形	米饭光泽	米饭颜色	米饭外观	米饭咬劲	米饭硬度	粘弹性	味觉	食味
饭粒形完整	0.293 2*									
米饭光泽	0.090 1	0.063 3								
米饭颜色	0.243 4*	0.173 7	-0.249 1*							
米饭外观	0.362 1**	0.717 7**	0.399 9**	0.594 6**						
米饭咬劲	0.338 3**	0.409 8**	0.236 9*	0.250 5*	0.519 5**					
米饭硬度	0.412 0**	0.179 1	-0.254 8*	0.519 2**	0.303 7**	0.523 8**				
粘弹性	0.450 3**	0.104 7	-0.000 2	0.360 1**	0.290 9*	0.628 4**	0.648 9**			
味觉	0.580 2**	0.166 7	-0.053 6	0.367 1**	0.289 5*	0.546 5**	0.632 9**	0.850 5**		
食味	0.513 1**	0.277 3**	0.022 9	0.441 7**	0.454 0**	0.812 5**	0.811 2**	0.911 6**	0.853 3**	
冷饭质地	0.215 6	-0.214 2	0.078 5	0.023 9	-0.069 1	0.371 8**	0.466 8**	0.711 9**	0.638 8**	0.612 3**

### 3.3.6 冷饭质地的 QTL 分析

采用单因子方差分析法对冷饭质地进行 QTL 定位,检测到 5 个控制该性状的 QTL(表 3),而利用区间做图法( $LOD \geq 2.0$ )只检测到 3 个 QTL(图 9),即 Cm1、Cm2 和 Cm3,另 2 个 QTL 可能也是控制该性状的微效基因位点。Cm1 和 Cm2 位于第 2 染色体上,分子标记位点分别是 XNpb250 和 XNpb67,贡献率分别为 14.4%和 13.4%,遗传正效应等位基因来源于 IR<sub>24</sub>,加性效应分别为-0.53 和-0.51。Cm3 位于第 4 染色体上,分子标记是 C445,贡献率为 12.7%,遗传正效应等位基因来源于 IR<sub>24</sub>,加性效应为-0.48。

### 3.3.7 米饭香味的 QTL 分析

利用单因子方差分析法及区间做图法对米饭香气进行 QTL 定位(图 10,表 3),检测到 1 个 QTL(Sce),位于第 8 染色体的短臂上,贡献率为 18.8%,其遗传正效应等位基因来源于粳稻亲本 Asominori,加性效应为 0.31。

## 4 讨论

食味品质是稻米作为粮食消费时的质量表现。由于食味品质诸性状评价困难,国内外的研究大多停留在其它性状对食味品质的影响,而对食味品质的遗传规律的研究很少。本研究就食味品质的主要性状从分子数量遗传学角度进行了较系统的分析,利用单因子方差分析方法(Nelson,1997)检测出控制各类性状的数量性状座位(QTL)34 个,利用区间做图法( $LOD \geq 2.0$ )验证出 34 个 QTL 中的 28 个。因此,可以肯定该研究中检测到了 28 个作用明显的稻米品质 QTL,另有一些微效基因由于群体的限制和检测标准较高而不能确定,但却是存在的。同时根据检测出的控制每个食味品质性状的 QTL 贡献率分析,除米饭完整性和米饭颜色外,其余都小于 50%,亦说明还有 50%以上的遗传变异不能被已检测出的 QTL 解释,尚有许多效应较小的 QTL 未被检测出来。

米饭外观感觉是米饭完整性、光泽和颜色的总体表现,其 QTL 的分布情况亦完全反映了这一密切相关的结果。控制米饭外观的 Ou1 与控制米饭完整性的 In1 是同一个位点,可能存在的控制米饭外观的 Ou2 与控制颜色的 Co3、Ou3 与 In3、Ou4 与 Co1 等均在同一位点或有极紧密的连锁。我们的研究结果还说明,米饭光泽是一个重要的外观特性,但控制光泽的 QTL 与控制外观总体表现的 QTL 之间没有紧密连锁关系。值得注意的是,从检测出的 QTL 看,控制米饭完整性、米饭光泽和米饭颜色的 QTL 之间亦无紧密的关系。所有外观特性 QTL 分析结果表明,育种中仅对米饭外观进行选择即可。

食味感觉好是品质育种的重要目的。本研究利用分子数量遗传方法检测到控制与食味感觉有关的有效 QTL 及其相应的分子标记 18 个,如能将这些性状的分子标记与其它易选择的性状的关系探讨清楚,有助于间接地对食味品质性状进行选择,从而克服杂交早代选择无法实现的困难。

综合分析表 4 和图 5~10 的结果可以看出,所有检测到的控制米饭食味性状的 QTL 均集中在第 1、2、4、8、11 条染色体上,其中分子标记 C445 是咬劲、粘弹性、味觉、食味和冷饭质地等 5 个性状的标记位点之一,且贡献率和加性效应均为负值,G1314B 是硬度、味觉、粘弹性和食味的标记位点之一,G952B 是咬劲、硬度和食味的标记之一。这一结果从分子基础上说明食味性状之间是相互联系的。这一结果从米饭食味品质性状之间的相关性分析也得到证实(表 4)。由于不同的人对各种食味指标的要求不同,要选择符合要求,各性状指标良好且食味优质的品种非常困难。

冷饭质地是一个特殊的食味品质性状,冷饭质地不好往往导致回生和变硬,甚至难以食用。选育冷饭质地优良的品种是育种的重要目标之一。研究表明,冷饭质地与其它食味品质性状有直接的联系,但亦有其特殊性,如 Cm1 尽管在第 2 染色体上,但与其它食味性状在第 2 染色体上的标记位点 C445 相距较远(57.2 cM),Cm4 虽是微效基因位点,但其与所有控制热饭食味性状的已知位点完全独立。这种特殊性可能是有些水稻品种热饭好吃冷饭难咽的分子遗传基础。

关于米饭香味的数量性状位点分析结果支持其受一对主基因控制和一些微效基因参与作用(顾铭洪等,1990)的观点,本研究检测到一个贡献率达 18.8%的 QTL,可以认为检测出一个主效基因(毛传藻,1999),同时尚有解释 80%以上变异的中效或微效基因未检测出来。

#### 参考文献:

- [1] 陈能,等. 优质食用稻米品质的理化指标与食味的相关性研究[J]. 中国水稻科学,1997,11(2):70-76.
- [2] 钟国瑞. 稻米的香味及其遗传[J]. 中国农学通报,1987,(5):14-15.
- [3] 黄发松,孙宗修,等. 食用稻米品质形成研究的现状与展望[J]. 中国水稻科学,1998,12(3):172-176.
- [4] 黄超武,等. 籼稻品种稻米游离氨基酸含量与饭味关系研究. 水稻品种种性研究[M]. 广州:广东科技出版社,1995.
- [5] Berner D K, et al. Inheritance of scent in American long grain rice. Crop Sci., 1986, 26(5): 876-878.
- [6] Lander E S, Botstein D. Mapping Mendelian factors underlying quantitative traits using RFLP linkage maps. Genetics, 1989, 121: 185-199.
- [7] Nelson J C. QGENE: Software for marker-based genomic analysis and breeding. Molecular Breeding, 1997, 3: 239-245.
- [8] Tsunematsu H, yosimura A, et al. RFLP framework map using recombinant lines in rice. Breeding Science, 1996, 46: 279-284.

## Study on QTLs of Grain Eating Quality Characters in Rice

WU Chang-ming<sup>1</sup>, SUN Chuan-qing<sup>2</sup>, WANG Xiang-kun<sup>2</sup>, et al.

(1. *Jilin Academy of Agricultural Sciences, Jilin 136100;*

2. *China Agricultural University, Beijing 100094, China*)

**Abstract:** QTLs (Quantitative trait loci) affecting main rice eating quality characters were analyzed using a recombinant inbred (RI) lines derived from a cross of Asominori × IR<sub>24</sub> and its RFLP map with 293 molecular markers by single marker analysis and interval mapping. Twenty eight QTLs for grain eating quality were found, and another six QTLs that could exist were also found. According to anlysis of correlation and link of QTLs, main eating quality traits existed relationship significantly. Molecular marker C445 on the chromosome 4 affected chew-streng, sticky, taste-sense, eating taste and cool meal quality of cooked rice. Marker G1314B on the chromosome 2 affected hardness, taste-sense, sticky and eating taste quality of cooked rice. G952B on the chromosome 11 was molecular marker of chew-streng, hardness and eating taste quality of cooked rice.

**Key words:** Rice; Recombinant inbred lines; Eating quality traits; Quantitative trait loci