

· 研究报告 ·

东乡野生稻苗期耐冷性的遗传分析

简水溶^{1,3}, 万勇², 罗向东¹, 方军³, 储成才³, 谢建坤^{1,2*}

¹江西师范大学生命科学学院, 南昌 330022; ²江西省农业科学院水稻研究所, 南昌 300200

³中国科学院遗传与发育生物学研究所, 北京 100101

摘要 以强耐冷材料龙稻5号(*Oryza sativa* ssp. *japonica*)和冷敏感材料协青早B(*O. sativa* ssp. *indica*)为对照品种, 以萎蔫率和死苗率为鉴定指标, 利用江西东乡普通野生稻(*O. rufipogon*)/协青早B//协青早B构建的回交重组自交系(backcross inbred lines, BILs)群体(BC₁F₉)进行苗期耐冷性鉴定和遗传分析。结果表明, 10°C冷处理7天后, 228个BILs群体的平均萎蔫率为67.4%, 平均死苗率为70.8%。将死苗率≤20%的株系, 在更低温度(8°C昼/5°C夜)下处理5天, 结果显示5243和5335为强耐冷材料, 可用于构建东乡野生稻QTL(quantitative trait loci)近等基因系(near-isogenic lines, NILs)。实验结果显示, 群体萎蔫率和死苗率均呈偏态的连续分布, 暗示东乡野生稻苗期耐冷性表现为质量-数量性状遗传特征, 由主基因-多基因控制。

关键词 耐冷性, 东乡野生稻, 近等基因系, 质量-数量性状, 数量性状基因位点

简水溶, 万勇, 罗向东, 方军, 储成才, 谢建坤 (2011). 东乡野生稻苗期耐冷性的遗传分析. 植物学报 46, 21–27.

水稻(*Oryza sativa*)属喜温性植物, 由于其对低温的适应性较差, 全世界每年大约有 1×10^6 hm²水稻在不同生长时期遭受寒冷危害(IRRI, 1979)。我国每年因低温减产30–50亿kg稻谷(刘建丰和徐立云, 1996)。水稻幼苗期冷害多发生于南方早籼稻(*O. sativa* ssp. *indica*)和高纬度及高海拔地区, 常出现烂秧、烂芽现象, 严重影响早稻产量。不仅如此, 水稻的耐冷性还直接关系到水稻栽培区域及复种面积的扩大。因此, 水稻耐冷性已成为新时期育种学家共同关注的主要问题之一。

目前, 水稻的耐冷性研究主要集中在栽培稻上, 而野生稻(*O. rufipogon*)中蕴藏着栽培稻所没有或已丢失的优异基因(Tanksley and McCouch, 1997)。江西东乡野生稻(简称“东野”)是全世界分布纬度(28°14'N)最高的普通野生稻, 具有广亲和性(卢诚和潘熙淦, 1991; 肖晓春等, 2001; 余守武等, 2005; 杨空松等, 2007)、高产(Li et al., 2002; Tian et al., 2006)、耐冷(陈大洲等, 1996, 1997, 2002; 刘凤霞等, 2003; 夏瑞祥等, 2010)、耐旱(Zhang et al., 2006)和多种抗病虫(李湘民等, 2006)等优良特性, 而其中最突出的一个性状是抗寒。据报道“东野”地下茎能耐

受–12.8°C低温(应存山, 1993), 且苗期耐寒性极强, 比粳稻高1个等级(陈大洲等, 1996)。自1978年发现至今, 因人为破坏“东野”的野生群落已从原来的9个缩小到3个。最近有研究表明, “东野”异位保存圃已不能很好地保存其遗传多样性(Xie et al., 2010)。因此, 如何更好地保护和发掘这一强耐冷野生稻种资源是一个迫切的问题。陈大洲等(1997)利用低温((5±1)°C)对1叶1心期的5个栽培品种与“东野”杂交的F₁代处理6天, 恢复生长10天后统计成苗率, 结果表明“东野”耐寒性为完全显性, 由2对重复基因控制。他们进一步利用协青早B/“东野”构建的BC₁F₁群体, 在1叶1心期用6°C处理2天, 恢复生长1天后统计死苗率, 表明“东野”耐冷性是由多基因控制的数量性状, 并在第4、8号染色体上分别定位了1个与苗期耐冷性连锁的SSR(simple sequence repeat)标记(陈大洲等, 2002)。夏瑞祥等(2010)以根电导率为指标, 对“东野”与南京11构建的BC₂F₁群体4°C下处理2天, 在第10号染色体上定位了2个主效QTLs (quantitative trait loci)。由于不同学者采用不同的鉴定群体和方法等原因导致结论不同, 表明目前缺乏耐冷性鉴定标准体系。本文以萎蔫率和死苗率为鉴定指标, 对

收稿日期: 2010-07-27; 接受日期: 2010-11-22

基金项目: 国家自然科学基金(No.30860120)、教育部留学回国人员科研启动基金(No.2008-809)、江西省教育厅重点项目(No.GJJ08146)和江西师范大学研究生创新基金(No.XSD-Y-09037)

* 通讯作者。E-mail: xiejiankun@yahoo.com

“东野”回交重组自交系(backcross inbred lines, BILs)群体(BC₁F₉)进行苗期耐冷性鉴定实验,并采用双重低温筛选强耐冷株系,以期为“东野”耐冷性鉴定标准体系的建立及揭示其耐冷性的遗传机理提供参考,为更好地发掘和利用“东野”耐冷基因奠定基础。

1 材料与方 法

1.1 供试材料

以“东野”(Oryza rufipogon Griff.)为供体亲本,栽培稻协青早B(O. sativa ssp. indica Kato)为受体亲本, F₁代与协青早B回交获得BC₁F₁群体,经单粒传加代获得228个“东野”/协青早B//协青早B BC₁F₉ BILs 群体。以不耐冷亲本协青早B和强耐冷材料龙稻5号(O. sativa ssp. japonica Kato)为对照品种。

1.2 苗期耐冷性鉴定

选用成熟的228个BC₁F₉群体和对照品种的种子放于50℃烘箱中干燥2天,打破休眠。每个实验材料挑选40粒饱满一致的种子经消毒、37℃浸种2天催芽,将露白种子按株系均匀播种于垫有2张湿润滤纸或纱布的培养皿(直径为9 cm)中,放入28℃光照培养箱内生长,每天光照12小时,光照强度为2 500 lux。待苗长至14天(即3叶1心期)剔除弱苗,统计每皿中成苗数。将温度先调至15℃,待温度稳定后再设为10℃,冷处理7天,统计萎蔫率。之后先升温至15℃,稳定后再调为28℃,恢复生长7天,统计死苗率。期间在冷处理前后各加1次1/2MS培养液。每个材料冷处理实验独立重复3次,结果取平均值。

1.3 耐冷性评价方法

萎蔫率(%)=(萎蔫苗数/成苗数)×100%

死苗率(%)=(死苗数/成苗数)×100%

以萎蔫率、死苗率考查群体苗期耐冷性强弱,以叶片全部青枯卷缩作为判断整株苗萎蔫的标准。苗期耐冷性评价等级参照严长杰等(1999)的方法,略有改动。采用1-9级评定法:即将萎蔫率、死苗率为0%定为1级,0.1%-20.0%为3级,20.1%-50%为5级,50.1%以上为7级,100%定为9级。每个株系的萎蔫率

和死苗率取3次实验的平均值,之后统计群体各株系的平均萎蔫率和平均死苗率在相应耐冷等级区间内出现的频率。根据耐冷性评价等级,将10℃处理7天后等级为3级以下的株系,采用更低的温度(8℃昼/5℃夜)处理5天,恢复生长7天,统计死苗率,比较2次耐冷性鉴定结果,以此筛选强耐冷株系,为构建“东野”QTL-近等基因系(near-isogenic lines, NILs)群体提供材料。

2 结果与讨论

2.1 低温胁迫下亲本及BILs群体萎蔫率的遗传分析

亲本及228个BILs群体各株系经低温(10℃)处理7天后,幼苗与处理前(图1A)对比均表现出不同程度的萎蔫(图1B)。北方强耐冷对照品种龙稻5号的平均萎蔫率为4.5%,不耐冷对照品种协青早B的平均萎蔫率为86.1%。BILs群体的平均萎蔫率为67.4%,群体萎蔫率的耐冷等级频率分布图(图2A)显示萎蔫率在0%-100%之间呈偏态的连续分布,偏向亲本协青早B,表明“东野”苗期耐冷性表现为典型的数量性状遗传。如果以萎蔫率≤50%为临界值划分耐冷株和不耐冷株,群体的耐冷性分离比例(不耐冷和耐冷)为3:1($\chi^2=3.368 < \chi^2_{0.05}=3.84$, $0.05 < P < 0.1$),说明表现为数量遗传的“东野”苗期耐冷性状可能包含有控制协青早B的主效耐冷基因。

2.2 低温胁迫下亲本及BILs群体死苗率的遗传分析

苗期耐冷性鉴定结果显示,经10℃处理7天并恢复生长7天后,各株系耐冷性强弱的表现差异显著(图1C)。对照品种龙稻5号的平均死苗率为0%,耐冷等级为1级,为强耐冷品种。亲本协青早B和BILs群体的耐冷性表现差异明显,协青早B的平均死苗率为91.2%,耐冷等级为7级,为不耐冷品种;228个BILs群体平均死苗率为70.8%,由群体死苗率的耐冷等级频率分布图(图2B)可知,BILs群体死苗率在0%-100%之间呈偏态的连续分布,表明“东野”苗期耐冷性表现为数量性状遗传特征。同样以死苗率≤50%(即耐冷等级为5级以下)为临界值划分耐冷区和不耐冷区,群体的耐冷性分离比例(不耐冷和耐冷)为3:1($\chi^2=1.15 < \chi^2_{0.05}=3.84$, $0.05 < P < 0.1$),进一步说明“东野”的

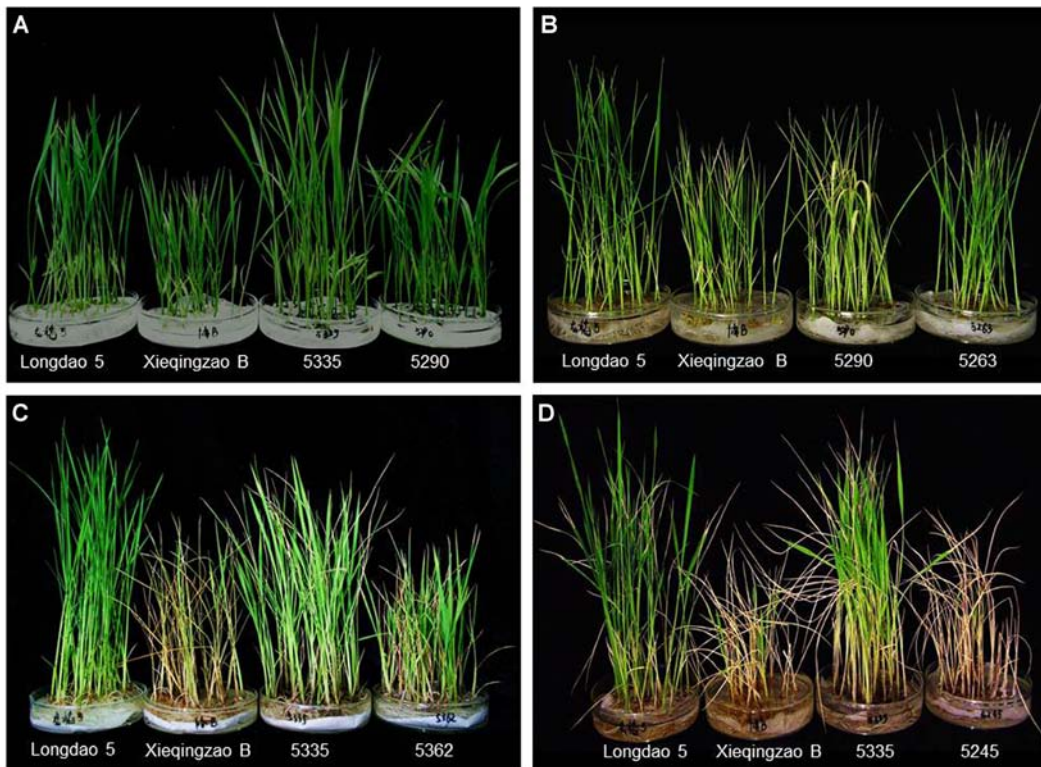


图1 东乡野生稻/协青早B//协青早B回交重组自交系(BILs)群体的苗期耐冷性表现

(A) 28°C正常生长2周的幼苗; (B) 10°C冷处理7天后幼苗发生萎蔫; (C) 10°C冷处理7天, 恢复生长7天后幼苗的耐冷性表现; (D) 8°C昼/5°C夜冷处理5天, 恢复生长7天后幼苗的耐冷性表现

Longdao 5: 龙稻5号(正对照); Xieqingzao B: 协青早B(负对照); 5335、5290、5263、5362和5245为参试材料

Figure 1 The cold tolerance of seedlings of a BILs population of Dongxiang wild rice/Xieqingzao B//Xieqingzao B

(A) Two-week-old seedlings grown at normal temperature (28°C); (B) Cold treatment of 2-week-old seedlings under 10°C for 7 days; (C) Seedlings were grown for recovery at 28°C for 7 days after cold treatment (10°C, 7 days); (D) Seedlings were grown for recovery at 28°C for 7 days after cold treatment (8°C day/5°C night, 5 days)

Longdao 5 and Xieqingzao B were respectively used as positive and negative controls. Lines of 5335, 5290, 5263, 5362 and 5245 were tested materials.

耐冷性可能表现为由主效耐冷基因控制的数量性状遗传。

2.3 8°C昼/5°C夜处理条件下25个株系的耐冷性分析

228个BILs群体经苗期耐冷性鉴定(10°C, 7天), 共筛选出25个死苗率低于20%的耐冷株系。将这些株系进行更低温度的苗期耐冷性鉴定(8°C昼/5°C夜, 5天), 其死苗率与10°C冷处理7天的死苗率相比较(图3), 显示对照品种龙稻5号的平均死苗率由0%变为9.3%, 协青早B的平均死苗率由91.2%变为98.9%, 经冷处

理的25个株系的死苗率均有所提高。其中耐冷等级为3级的有2个株系: 5243和5335。株系5243在2次苗期耐冷性鉴定中平均死苗率分别为0%和7.9%; 株系5335的平均死苗率分别为0%和3.1%(图1D), 均为强耐冷株系。

2.4 耐冷性鉴定指标分析

群体萎蔫率和死苗率的耐冷等级频率比较分布图(图2C)显示228个BILs群体萎蔫率与死苗率结果较一致, 说明萎蔫率与死苗率相关性高, 相关系数 r 为0.962 3, 表明以萎蔫率和死苗率为苗期耐冷性鉴定评价指标

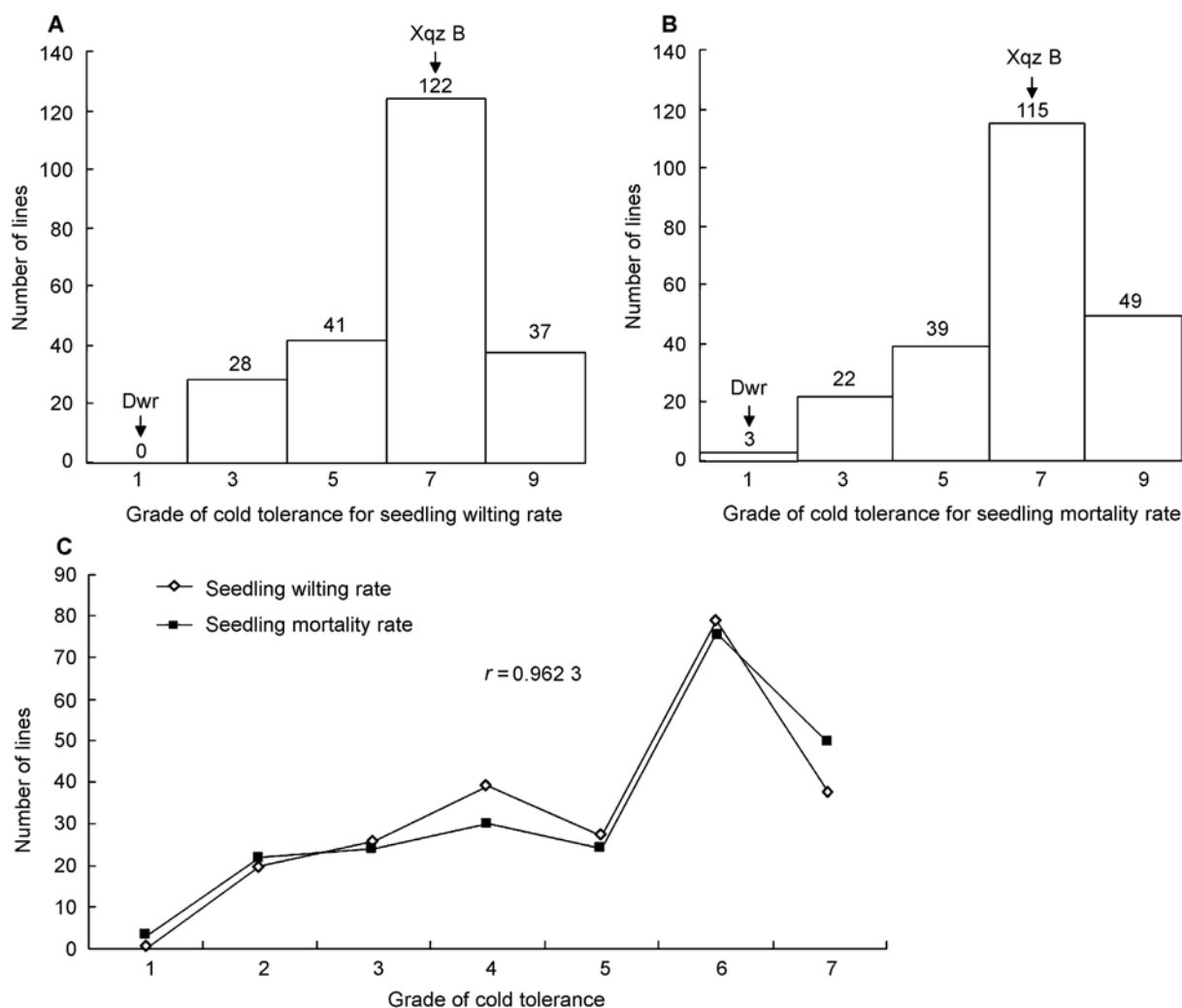


图2 东乡野生稻/协青早B//协青早B 228个回交重组自交系(BILs)的群体萎蔫率和死苗率耐冷性等级频率分布图
(A) 群体萎蔫率的耐冷等级频率分布; **(B)** 群体死苗率的耐冷等级频率分布; **(C)** 群体萎蔫率和死苗率的耐冷等级频率比较分布
 Dwr: 东乡野生稻; Xqz B: 协青早 B

Figure 2 The frequency distribution of cold-tolerance grade for seedling wilting rate and mortality rate of 228 BILs population of Dongxiang wild rice/Xieqingzao B//Xieqingzao B
(A) Cold-tolerance grade of seedling wilting rate; **(B)** Cold-tolerance grade of seedling mortality rate; **(C)** Comparison of the frequency distribution of cold-tolerance grade for seedling wilting rate and mortality rate
 Dwr: Dongxiang wild rice; Xqz B: Xieqingzao B

均可行。在耐冷性鉴定实验中也观察到，冷处理后很多表现为青枯萎蔫的幼苗，经恢复生长(28°C, 7天)后不能返青成活，这表明低温(10°C)对幼苗造成的伤害是不可逆的。群体的平均死苗率(70.8%)比平均萎蔫率(67.4%)稍高，并且死苗率的卡方检测值($\chi^2=1.15$)小于萎蔫率($\chi^2=3.368$)，可见，以死苗率作为耐冷性

鉴定指标比萎蔫率更准确。

2.5 讨论

目前，水稻苗期耐冷性的鉴定主要有2种方法，即间接法和直接法。间接法(即生理生化指标鉴定)多采用叶绿素含量、光合速率、外渗电导率、SOD活性、

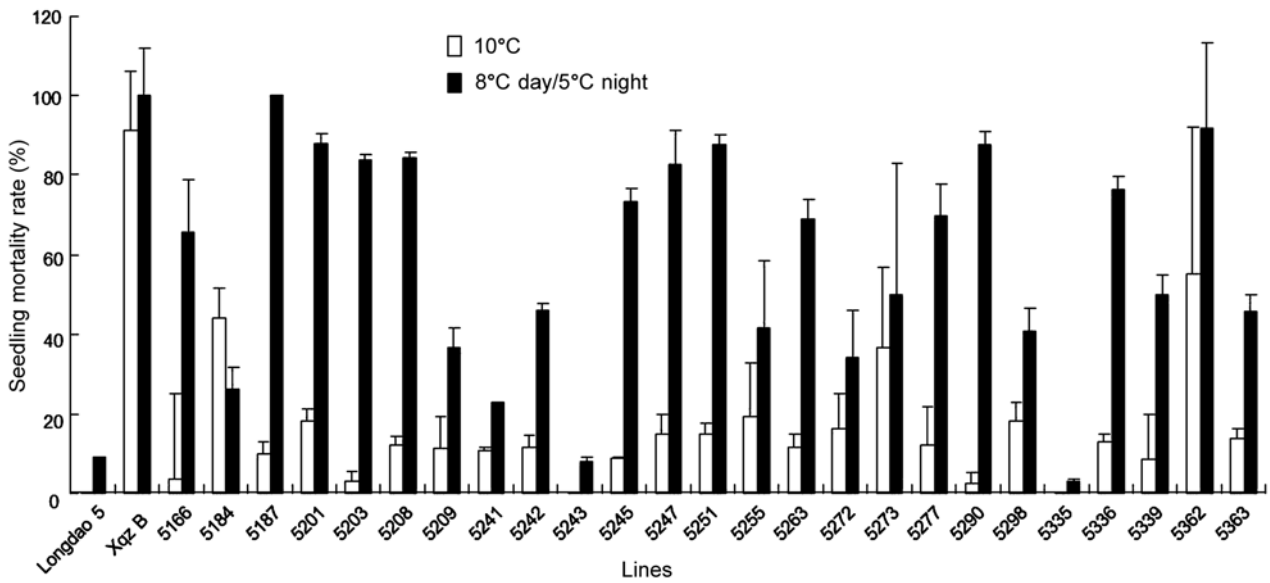


图3 25个东乡野生稻/协青早B//协青早B BILs群体耐冷株系在10°C和8°C昼/5°C夜处理条件下的死苗率比较

Figure 3 Comparison of seedling mortality rate of 25 lines in the BILs population of Dongxiang wild rice/Xieqingzao B//Xieqingzao B under different cold treatments (10°C and 8°C day/5°C night)

MDA含量、脯氨酸含量和可溶性糖含量等为鉴定指标 (Wang and Guo, 2005; 李霞等, 2006; 张成良等, 2007; 夏瑞祥等, 2010)。而直接法的鉴定指标有苗高、苗重、叶绿素含量、凋萎率、枯死率、存活率和死苗率等(徐云碧和申宗坦, 1989; 熊振民, 1990; 金润洲等, 1992; 戴陆圆等, 1999; Kazemitabar et al., 2003; 杨永霞等, 2005)。处理温度从-2-18°C不等, 处理时间从6小时到10天不等, 处理时期从1叶期到4叶期, 所鉴定的群体有F₂、RILs、BILs、DH等不同群体, 且多为籼/粳交构建的群体。这说明水稻耐冷性的鉴定技术已基本成熟, 但缺乏系统的技术规范。研究报告, 水稻苗期耐冷性由单基因控制(熊振民, 1990)、2对重复基因控制(徐云碧和申宗坦, 1989)和5-7对显性基因控制(金润洲等, 1992)。不同学者采用的处理方法、鉴定指标和耐冷性评价术语存在差异, 导致实验结果缺乏可比性。本文以萎蔫率和死苗率为鉴定指标, 采用双重低温处理, 结果表明萎蔫率和死苗率作为耐冷性鉴定指标可行, 但死苗率鉴定的准确性优于萎蔫率。低温处理的温度不宜太高或太低, 处理时间长短也要合理。本文采用低温(10°C)冷处理7天、再恢复生长7天的鉴定方法是可取的, 考虑到鉴定周期

过长, 实验中也观察到恢复生长至第5天就能反映株系的恢复状况。因此, 建议今后可采用以死苗率为鉴定指标, 10°C处理7天后恢复生长5天的鉴定方法, 为水稻耐冷性评价标准体系的建立提供参考。

本文中228个BILs群体的萎蔫率和死苗率的表型变异均为0%-100%, 耐冷性表现为偏态的连续分布, 由此提出“东野”苗期耐冷性表现为数量性状遗传特征, 其中可能包含有主基因或效应较大的QTL, 这与之前研究报告“东野”苗期耐冷性由2对重复基因控制(陈大洲等, 1997)的结论不同, 其原因可能是由于采用了不同的研究材料和处理方法所致。陈大洲等(2002)指出“东野”耐冷性是由多基因控制的数量性状, 并分别在第4、8号染色体上各定位了1个微效QTL; 夏瑞祥等(2010)在第10号染色体上定位了2个主效QTLs。本文与他们的结论相一致, 表明“东野”苗期耐冷性确为数量遗传性状。莫惠栋(1993)认为具有主基因效应的数量性状是质量-数量(qualitative-quantitative, Q-Q)性状。因此, 本文在前人研究认为“东野”苗期耐冷性是数量遗传性状的基础上, 提出更进一步的结论, 认为“东野”苗期耐冷性为质量-数量性状, 由主基因和多基因共同控制。

本文结果显示群体的耐冷性表现为偏态的连续分布,而且偏向协青早B,这可能是由于群体中个体的偏态造成的,偏态现象在水稻种间远缘杂交群体中较常见,尤其在野栽群体中更为严重。另外,由于是以“东野”为母本构建的BILs群体,因此不能排除存在细胞质遗传的可能性。

“东野”和协青早B遗传背景不一致,杂交后代呈现较大范围的分离,为了更好地发掘和利用“东野”耐冷基因,必须构建QTL-NILs群体,使群体中只有单个的QTL位点发生分离,最大限度地减少因遗传背景不同对目标性状产生的干扰(张磊和张宝石,2007)。因此,本文采用双重低温筛选出的5243和5335两个强耐冷株系,可能聚有“东野”多个耐冷性QTLs,可用于构建“东野”QTL-NILs,这将为下一步精确定位“东野”耐冷基因奠定基础。研究表明,水稻的抗逆性是由多基因控制的数量性状,只转化单一功能基因很难获得理想抗性品种,需要转入一系列与耐冷相关的基因(王国莉和郭振飞,2003;李慧和强胜,2007),因此对“东野”耐冷基因的定位可为水稻耐冷基因的克隆提供材料。目前籼稻强耐冷新种质极其贫乏,因此本研究创新了籼稻耐冷育种新材料,将为耐冷育种提供新的种质。同时后续研究结果将用于分子标记辅助选择育种(marker-assisted selection, MAS)和标记辅助渗入回交育种(marker-assisted introgression, MAI),提高水稻耐冷性育种的效率和准确性。

参考文献

- 陈大洲,肖叶青,赵社香,皮勇华,熊焕金,罗利军(1997). 东乡野生稻苗期耐寒性的遗传研究. 江西农业大学学报(自然科学版) **19**(4), 56–59.
- 陈大洲,肖叶青,赵社香,熊焕金,皮勇华,罗利军(1996). 东乡野生稻苗期和穗期的耐寒性研究. 江西农业学报 **8**(1), 1–6.
- 陈大洲,钟平安,肖叶青,黄英金,谢建坤(2002). 利用SSR标记定位东乡野生稻苗期耐冷性基因. 江西农业大学学报(自然科学版) **24**, 753–756.
- 戴陆圆,叶昌荣,熊建华,王怀义(1999). 稻耐冷性鉴定评价方法. 中国水稻科学 **13**, 62–62.
- 金润洲,王景余,侯春香(1992). 粳稻离体细胞的耐冷性变异与遗传. 吉林农业科学 (2), 6–9.
- 李慧,强胜(2007). 植物冷驯化相关基因研究进展. 植物学通报 **24**, 208–217.
- 李霞,戴传超,程睿,陈婷,焦德茂(2006). 不同生育期水稻耐冷性的鉴定及耐冷性差异的生理机制. 作物学报 **32**, 76–83.
- 李湘民,黄瑞荣,兰波,肖叶青,陈大洲(2006). 东乡野生稻种质资源的抗病性研究. 江西农业大学学报(自然科学版) **28**, 493–498.
- 刘凤霞,孙传清,谭禄宾,李德军,付永彩,王象坤(2003). 江西东乡野生稻孕穗开花期耐冷基因定位. 科学通报 **48**, 1864–1867.
- 刘建丰,徐立云(1996). 水稻耐冷性研究现状与展望. 作物研究 **10**(2), 41–43.
- 卢诚,潘熙焄(1991). 东乡野生稻及02428、8504、CPSL017广亲和性遗传的研究. 江西农业学报 **3**(2), 93–98.
- 莫惠栋(1993). 质量-数量性状的遗传分析I. 遗传组成和主基因基因型鉴别. 作物学报 **19**, 1–6.
- 王国莉,郭振飞(2003). 植物耐冷性分子机理的研究进展. 植物学通报 **20**, 671–679.
- 夏瑞祥,肖宁,洪义欢,张超,苏琰,张小蒙,陈建民(2010). 东乡野生稻苗期耐冷性的QTL定位. 中国农业科学 **43**, 443–451.
- 肖晓春,王云基,肖诗锦,熊翔宇,周军湖,周铖勇(2001). 东乡野生稻细胞质源雄性不育系“东B11A”的选育. 江西农业学报 **13**(2), 8–11.
- 熊振民(1990). 早籼品种苗期耐冷性的遗传研究. 中国水稻科学 **4**, 75–78.
- 徐云碧,申宗坦(1989). 籼粳稻间苗期耐冷性的遗传研究. 中国农业科学 **22**, 14–18.
- 严长杰,李欣,程祝宽,于恒秀,顾铭洪,朱立煌(1999). 利用分子标记定位水稻芽期耐冷性基因. 中国水稻科学 **13**, 134–138.
- 杨空松,陈小荣,傅军如,朱昌兰,彭小松,贺晓鹏,贺浩华(2007). 东乡野生稻育性恢复性的鉴定与遗传分析. 中国水稻科学 **21**, 487–492.
- 杨永霞,Pathak PK,朱军(2005). 水稻苗重的耐冷性动态QTLs定位. 浙江大学学报(农业与生命科学版) **31**, 131–138.
- 应存山(1993). 中国稻种资源. 北京:中国农业科技出版社. pp. 334–335.
- 余守武,万勇,胡标林,张铮,谢建坤(2005). 东乡野生稻细胞质雄性不育性恢复的遗传研究. 分子植物育种 **3**, 761–767.

- 张成良, 黄英金, 陈大洲, 肖叶青, 邬文昌, 胡兰香, 王利兵, 喻宁根 (2007). 东乡野生稻苗期根系耐冷性生理生化特性. 中国农业科技导报 **9**(2), 49–52.
- 张磊, 张宝石 (2007). 植物数量性状基因的定位与克隆. 植物学通报 **24**, 553–560.
- IRRI (1979). Report of a rice cold tolerance workshop. Suweon, Korea: IRRI Proceeding of Rice Cold Tolerance Workshop, Office of Rural Development. pp. 139–139.
- Kazemitabar SK, Tomsett AB, Collin HA, Wilkinson MC, Jones MG (2003). Effect of short term cold stress on rice seedlings. *Euphytica* **129**, 193–200.
- Li DJ, Sun CQ, Fu YC, Li C, Zhu ZF, Chen L, Cai HW, Wang XK (2002). Identification and mapping of genes for improving yield from Chinese common wild rice (*O. rufipogon* Griff.) using advanced backcross QTL analysis. *Chin Sci Bull* **47**, 1533–1537.
- Tanksley SD, McCouch SR (1997). Seed banks and molecular maps: unlocking genetic potential from the wild. *Science* **277**, 1063–1066.
- Tian F, Li DJ, Fu Q, Zhu F, Fu YC, Wang XK, Sun CQ (2006). Construction of introgression lines carrying wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.) segments in cultivated rice (*Oryza sativa* L.) background and characterization of unintrogressed segments associated with yield-related traits. *Theor Appl Genet* **112**, 570–580.
- Wang GL, Guo ZF (2005). Effects of chilling stress on photosynthetic rate and chlorophyll II fluorescence parameter in seedlings of two rice cultivars differing in cold tolerance. *Rice Sci* **12**, 187–191.
- Xie JK, Agrama HA, Kong D, Zhuang JY, Hu BL, Wan Y, Yan W (2010). Genetic diversity associated with conservation of endangered Dongxiang wild rice (*Oryza rufipogon* Griff.). *Genet Resour Crop Evol* **57**, 597–609.
- Zhang X, Zhou SX, Fu YC, Su Z, Wang XK, Sun CQ (2006). Identification of a drought tolerance introgression line derived from Dongxiang common wild rice (*O. rufipogon* Griff.). *Plant Mol Biol* **62**, 247–259.

Genetic Analysis of Cold Tolerance at the Seedling Stage in Dongxiang Wild Rice (*Oryza rufipogon*)

Shuirong Jian^{1,3}, Yong Wan², Xiangdong Luo¹, Jun Fang³, Chengcai Chu³, Jiankun Xie^{1,2*}

¹College of Life Science, Jiangxi Normal University, Nanchang 330022, China; ²Rice Research Institute, Jiangxi Academy of Agricultural Science, Nanchang 300200, China; ³Institute of Genetics and Developmental Biology, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China

Abstract We examined the cold tolerance of seedlings of a BILs population (BC₁F₉) of Dongxiang wild rice (Dwr)/Xieqingzao B (Xqz B)//Xqz B by cold treatment assay and genetic analysis. The control materials included the strong cold-tolerant variety, Longdao 5, and the cold-sensitive cultivar Xqz B, using seedling wilting rate and seedling mortality rate as evaluation indices. After cold treatment (10°C) for 7 days, the mean seedling wilting rate and seedling mortality rate for 228 BILs were 67.4% and 70.8%, respectively. The lines with only 20% seedling mortality rate or below were further treated with a colder temperature of 8°C day/5°C night for 5 days. The lines 5243 and 5335 were the most cold-tolerant and may be useful for constructing quantitative trait loci-near-isogenic lines of Dwr. Moreover, the skew-normal and continuous distribution of seedling wilting and mortality rates suggest that cold tolerance at the seedling stage in Dwr represents the inheritance of qualitative-quantitative traits which are controlled by major genes and polygenes.

Key words cold tolerance, Dongxiang wild rice, near-isogenic lines, qualitative-quantitative traits, quantitative trait loci

Jian SR, Wan Y, Luo XD, Fang J, Chu CC, Xie JK (2011). Genetic analysis of cold tolerance at the seedling stage in Dongxiang wild rice (*Oryza rufipogon*). *Chin Bull Bot* **46**, 21–27.

* Author for correspondence. E-mail: xiejiankun@yahoo.com