

DOI: 10.3724/SP.J.1005.2012.01591

籼稻米碾磨与外观品质性状的 QTL 定位

梅德勇, 朱玉君, 樊叶杨

中国水稻研究所, 国家水稻改良中心/水稻生物学国家重点实验室, 杭州 310006

摘要: 文章利用籼籼交组合特青/IRBB 衍生的重组自交系群体, 在 2 个环境下对稻米碾磨品质和外观品质进行 QTL 定位。共计检测到控制稻米碾磨品质的 QTL 12 个和控制外观品质的 QTL 18 个, 包括糙米率 8 个、精米率 2 个、整精米率 2 个、粒长 7 个、粒宽 5 个和长宽比 6 个, 这些 QTL 分布于除第 4 和 12 染色体外的其他 10 条染色体上。其中, 第 3 染色体涵盖粒形基因 *GS3* 的区域对粒长、长宽比、糙米率和整精米率具有较大效应, 其贡献率分别为 56.71%、42.23%、10.05% 和 4.91%; 第 5 染色体涵盖粒宽基因 *GW5* 的区域对粒宽、长宽比、糙米率和精米率具有较大效应, 表型变异贡献率分别为 59.51%、36.68%、19.51% 和 4.56%。此外, 第 6 染色体涵盖直链淀粉含量基因 *Wx* 的区域对糙米率和精米率具有较小效应。*GS3* 和 *GW5* 对糙米率和粒形具有重要作用。

关键词: 碾磨品质; 粒形; 数量性状座位; 籼稻

Mapping QTL for rice milling and appearance quality traits in *indica* rice

MEI De-Yong, ZHU Yu-Jun, FAN Ye-Yang

Chinese National Center for Rice Improvement/State Key Laboratory of Rice Biology, China National Rice Research Institute, Hangzhou 310006, China

Abstract: Quantitative trait loci (QTL) controlling six milling and appearance quality traits were analyzed over 2 years using recombinant inbred lines derived from two *indica* rice Teqing and IRBB. A total of 30 QTL for these traits were detected, of which eight were for brown rice rate (BRR), two for milled rice recovery (MRR), two for head rice recovery (HRR), seven for grain length (GL), five for grain width (GW), and six for length/width ratio (LWR). The QTL were distributed on all chromosomes except for chromosomes 4 and 12. A QTL cluster with major effects on GL, LWR, BRR, and HRR was located in the RM15139-RM15303 interval on chromosome 3, which includes the *GS3* gene for grain size. The phenotypic variances explained by the QTL were 59.51%, 36.68%, 19.51%, and 4.56%, respectively. QTL affecting GW, LWR, BRR, and MRR were clustered in the RM437-RM18038 region of chromosome 5, which covers the *GW5* gene for grain width, and contributed 59.51%, 36.68%, 19.51%, and 4.56% to the total variance. QTL with minor effects on BRR and MRR were mapped to the RM190-RM587 interval covering the *Wx* gene for amylose content on chromosome 6. These

收稿日期: 2012-03-03; 修回日期: 2012-06-19

基金项目: 国家高技术研究发展规划项目(863 计划)(编号: 2011AA10A101); 国家转基因生物新品种培育重大专项(编号: 2011ZX08001-004)

和中央级公益性科研院所基本科研业务费专项(编号: 2009RG002)资助

作者简介: 梅德勇, 博士, 研究方向: 基因组学与蛋白质组学。E-mail: mdyand333@foxmail.com

通讯作者: 樊叶杨, 博士, 研究方向: 作物遗传育种。E-mail: fanyeyang@hotmail.com

网络出版时间: 2012/8/10 16:02:13

URL: <http://www.cnki.net/kcms/detail/11.1913.R.20120810.1602.002.html>

results suggest that *GS3* and *GW5* may play a major roles in the genetic control of BRR and grain shape.

Keywords: milling quality; grain shape; quantitative trait locus; *indica* rice

水稻碾磨品质和外观品质一直受到人们的广泛重视,其优劣直接影响稻米在市场上的商品价值。稻米碾磨品质包括糙米率、精米率和整精米率 3 个衡量指标。粒长、粒宽和长宽比是粒形的 3 个主要评价指标,也是稻米外观品质的重要内容。稻米碾磨品质,尤其是整精米率,与粒形等因素密切相关。一般而言,谷粒中等长、较细而无腹白的整精米率高,谷粒长而粗、腹白大的米粒在加工时易破碎^[1,2]。遗传相关性分析表明,糙米率、精米率和整精米率与粒长、长宽比呈显著或极显著负相关,与粒宽呈显著或极显著正相关^[3-5]。

前人利用亚种内、亚种间和种间各种组合衍生的群体,对控制碾磨品质和粒形的 QTL 开展了分子定位研究,主要包括:粳粳交组合珍汕 97/明恢 63^[6,7],粳粳交组合 Cypress/Panda^[8]和 IRAT109/越富^[9],粳粳交组合 Asominori/IR24^[10-12]、珍汕 97/武育粳 2^[13]、Nipponbare/Kasalath^[14,15]、川 7/南洋占^[16]、特青/Lemont^[17,18]和测 258/IR75862^[19],以及种间杂交栽培稻(*Oryza sativa*)与非洲稻(*O. glaberrima*, IRGC 103544)和普通野生稻(*O. rufipogon*)等衍生的群体^[20-23]。定位结果表明,控制稻米碾磨品质和粒形 QTL 分布于水稻 12 条染色体。其中,糙米率 QTL 在第 3 和 4 染色体上检测到较多,精米率 QTL 主要分布于第 5、6 和 10 染色体,整精米率 QTL 在第 1、5 和 6 号染色体上检测到较多,而粒形 QTL,除位于已克隆的 *GS3*^[24]和 *GW5*^[25]基因区域外,则在第 1 和 2 染色体检测到的较多^[26]。部分研究还将碾磨品质和粒形 QTL 定位于相同的染色体区间。如,上述粳粳交组合和 6 套粳粳交组合衍生的群体^[6,7,10-19]中,均检测到控制碾磨品质和粒形的 QTL 成簇分布,主要分布于第 1 染色体短臂、第 3 染色体涵盖 *GS3* 基因区域、第 4 染色体长臂、第 5 染色体涵盖 *GW5* 基因区域、第 6 染色体短臂和第 7 染色体长臂近末端区域。

稻米碾磨品质还易受到环境因素的影响,其中,温度和光照是影响稻米碾磨品质最为显著的气候因子,敏感期是抽穗至灌浆结实期^[27,28]。在前人研究中,

某些染色体区域同时对碾磨品质和抽穗期兼具显著作用,有可能是抽穗期基因/QTL 引起的多效性。如, Zheng 等^[17]将控制糙米率和抽穗期 QTL 定位于第 5 染色体 RM509-RM163 区间,将精米率和抽穗期 QTL 定位于第 6 染色体 OSR19-RM253 区间。因此,如能减少抽穗期的变异,尽量保证所有株系在相同的气候环境下抽穗灌浆,则有利于排除抽穗期 QTL 的干扰,提高碾磨品质 QTL 检测的效率。

本研究选用抽穗期变异较小的粳粳组合特青/IRBB 发展的重组自交系(RIL)群体,定位控制粳粳碾磨品质和粒形性状的 QTL,分析稻米碾磨品质和粒形的遗传关系。

1 材料和方法

1.1 水稻材料

水稻材料为特青/IRBB 重组自交系群体^[29]及其亲本,其中,母本特青是广东省农业科学院水稻研究所培育的高产水稻品种和恢复系,父本 IRBB 品系是国际水稻研究所培育的以 IR24 为背景、携带不同抗白叶枯病基因的近等基因系,包括 IRBB50、IRBB51、IRBB52、IRBB54、IRBB55 和 IRBB59,IRBB50 携带抗白叶枯病基因 *Xa4* 和 *xal3*, IRBB51 携带抗白叶枯病基因 *Xa4* 和 *xal3*, IRBB52 携带抗白叶枯病基因 *Xa4* 和 *Xa21*, IRBB54 携带抗白叶枯病基因 *xal3* 和 *Xa21*, IRBB55 携带抗白叶枯病基因 *xal3* 和 *Xa21*, IRBB59 携带抗白叶枯病基因 *xal3* 和 *Xa21*^[30]。在 204 个 RILs 中,122 个来源于特青/IRBB52,77 个来源于特青/IRBB59,其余 5 个来源于特青与其他 IRBB 品系配置的组合。

1.2 田间试验和性状考查

分别于 2008 和 2009 年夏,在浙江富阳中国水稻研究所试验基地种植 204 个重组自交系群体和亲本株系,每个株系种一行,每行 12 个单株,正常的田间管理。水稻成熟期,每个株系中间 10 株中随机选取 5 株混合收种,干燥后,选取颗粒饱满的谷粒

室温贮藏 3 个月以上, 用于测定稻米糙米率、精米率、整精米率、粒长、粒宽和长宽比。

稻米碾磨品质和粒形的测定方法参照中华人民共和国农业部颁标准米质测定方法 GB 5495^[31] 执行。具体步骤: 称取含水量为 $13 \pm 1\%$ 谷粒 130 g, 实验室用谷物脱壳机(中国水稻研究所, 中国, 杭州)脱壳 2 次, 称量糙米和谷粒的重量, 精确到 0.1 g。糙米率的计算公式为:

$$\text{糙米率}(\%) = \frac{\text{糙米重}(\text{g})}{[\text{试样谷重}(\text{g}) - \text{未脱壳谷重}(\text{g})]} \times 100$$

取两次测定的平均值作为计算数据; 称取 100 g 糙米, 精确到 0.1 g, 放入精米机碾米室内, 调节碾米时间, 使碾米精度达国家标准一等米水平, 精米率的计算公式为:

$$\text{精米率}(\%) = \frac{\text{精米重}(\text{g})}{\text{糙米重}(\text{g})} \times \text{糙米率}$$

取两次测定的平均值作为计算数据; 利用整米分离机, 从上述精米样品中人工分离出整精米, 称重, 精确至 0.1 g。整精米率的计算公式为:

$$\text{整精米率}(\%) = \frac{\text{整精米重}(\text{g})}{\text{糙米重}(\text{g})} \times \text{糙米率}$$

取两次测定的平均值作为计算数据。

粒形测定方法: 从整精米样品中随机取出整精米 10 粒, 在谷物轮廓仪上读出米粒的长度和宽度, 以毫米为单位, 读数精确至 0.1 mm。精米的长度系指整精米两端间的最大距离; 宽度系指米粒最宽处的距离。求出长度和宽度的平均值, 长宽比的计算公式为:

$$\text{长宽比} = \frac{\text{米粒平均长度}(\text{mm})}{\text{米粒平均宽度}(\text{mm})}$$

取两次测定的平均值作为计算数据。

1.3 分子连锁图谱构建和数据分析

在 2008 年夏, 从每个株系的一个单株上取叶片提取总 DNA。共计 869 个 DNA 标记用于亲本之间多态性筛选, 其中, 124 个 SSR 标记、2 个 STS 标记和 1 个基因标记用于群体基因型检测。利用 Mapmaker/Exp 3.0 软件^[32] 构建遗传连锁图谱, 以 LOD 3.0 为阈值将标记划分为不同的连锁群, 并确定其在各自连锁群中的顺序, 标记之间交换率用 Kosambi 函数转换为遗传距离, 单位为厘摩(cM)。

按公式: $H(\%) = 100 \times V_G / V_P$, 计算各个性状的广义遗传率, 其中, V_G 和 V_P 分别代表基因型方差和表型方差; 将在 2008 和 2009 年得到的碾磨品质

和粒形数据视为在两个不同环境条件下得到的实验结果, 利用 QTLNetwork 2.0 软件^[33] 检测主效 QTL, 模拟计算 1 000 次, 以 $P = 0.01$ 作为判断 QTL 存在与否的阈值。QTL 遵循 McCouch 和 CGSNL^[34] 建议的规则命名。

2 结果与分析

2.1 亲本及群体性状表现

在 2008 年和 2009 年, 母本特青的 3 个碾磨品质均高于父本 IRBB, 其中, 糙米率和精米率在亲本间差异较小, 整精米率在亲本间差异相对较大(表 1)。除粒宽外, 粒长和长宽比均是父本高于母本, 且差异较大。2 个环境下, 群体的所有性状均出现超亲分离, 特别是整精米率的变幅较大。除了精米率和整精米率遗传率较低外, 糙米率和 3 个粒形性状的遗传率较高, 分别达到 56.71%、70.83%、70.46% 以及 82.60%。表明糙米率和粒形性状主要受遗传因素控制, 而精米率和整精米率则受环境影响较大。

2.2 群体性状之间相关性

3 个碾磨品质之间的相关表现在 2 个环境下基本相似, 糙米率与精米率以及精米率与整精米率呈极显著正相关, 但整精米率与糙米率仅在 2008 年呈显著负相关(表 2)。3 个粒形性状之间的相关表现高度一致, 粒长与长宽比呈极显著正相关, 粒宽与长宽比以及粒长与粒宽呈极显著负相关。

比较碾磨品质和粒形性状之间的相关性, 发现糙米率与粒长和粒宽以及精米率与粒宽在 2 个环境下均呈极显著正相关, 整精米率与长宽比均呈极显著负相关, 整精米率与粒长呈显著和极显著负相关, 而精米率与长宽比以及整精米率与粒宽仅在 2009 年呈极显著负相关。

2.3 分子遗传图谱

本研究中所构建的遗传图谱包含 1 个抗白叶枯病基因 *Xa13* 标记、2 个 STS 标记和 124 个 SSR 标记共计 127 个分子标记, 总遗传图距为 1 197.7 cM, 平均两个标记之间的遗传距离为 10.6 cM。其中, 第 1 和 4 染色体被分为两个连锁群。标记之间的顺序与 gramene 网站(<http://www.gramene.org>) IRGSP(2005)

表 1 亲本及群体碾磨品质和粒形性状表现

性状	年份	亲本		特青/IRBB 重组自交系群体					
		特青	IRBB	范围	平均值	标准误	偏斜度	峰度	遗传率(%)
糙米率	2008	82.0	79.3	78.2~83.3	80.70	0.99	-0.21	-0.37	
	2009	82.2	79.0	77.0~83.1	80.77	1.09	-0.58	0.45	56.71
精米率	2008	74.6	71.7	66.4~73.8	70.64	1.38	-0.50	0.29	
	2009	73.2	70.8	68.7~75.1	72.84	1.20	-0.50	-0.03	7.34
整精米率	2008	65.3	55.0	22.1~70.1	50.70	9.88	-0.48	-0.37	
	2009	51.3	45.2	30.1~73.1	64.62	6.23	-1.68	4.89	6.13
粒长	2008	5.9	7.1	5.5~7.6	6.38	0.50	0.21	-1.16	
	2009	5.3	6.5	5.2~7.0	5.91	0.46	0.25	-1.17	70.83
粒宽	2008	2.8	2.5	2.2~3.0	2.56	0.19	0.48	-0.79	
	2009	2.7	2.2	2.1~2.9	2.47	0.18	0.37	-0.67	70.46
长宽比	2008	2.1	2.9	2.0~3.2	2.52	0.31	0.19	-0.78	
	2009	2.0	3.0	1.8~3.0	2.41	0.28	0.20	-0.65	82.60

表 2 特青/IRBB RIL 群体碾磨品质与粒形在 2008 年和 2009 年的相关系数

	糙米率	精米率	整精米率	粒长	粒宽	长宽比
糙米率		0.549**	-0.158*	0.290**	0.392**	-0.033
精米率	0.566**		0.227**	-0.088	0.232**	-0.184**
整精米率	0.012	0.254**		-0.137*	-0.226**	0.058
粒长	0.205**	0.022	-0.345**		-0.290**	0.822**
粒宽	0.412**	0.250**	0.129	-0.246**		-0.770**
长宽比	-0.093	-0.126	-0.305**	0.818**	-0.746**	

注：**：显著性水平 0.01，*：显著性水平 0.05；左下角和右上角分别是 2008 和 2009 年群体性状之间相关系数。

所公布的标记顺序相一致。

2.4 碾磨品质 QTL 的定位

共检测到控制稻米碾磨品质的 QTL 12 个，包括糙米率 8 个、精米率 2 个和整精米率 2 个，分布于水稻第 2、3、5、6、7、8、10 染色体上(表 3 和图 1)。其中位于第 5 染色体短臂 RM437-RM18038 区域和第 3 染色体短臂 RM15139-RM15303 区域的 2 个 QTL 对糙米率的贡献率最大，分别为 19.51% 和 10.05%，其增效等位基因分别来自特青和 IRBB。其余 6 个糙米率 QTL 的效应较小，贡献率在 0.58%~6.49% 之间。第 5 染色体短臂 RM437-RM18038 区域还同时对精米率和整精米率具有效应，贡献率分别为 4.56% 和 0.94%，其增效等位基因分别来自特青和 IRBB。第 3 染色体短臂 RM15139-RM15303 区域还同时对整精米率具有效应，贡献率为 4.91%，增效等位基因来自特青。另一个精米率 QTL 位于第 6 染色体短臂 RM190-RM587 区域，贡献率为 2.71%，它

同时对糙米率具有效应，增效等位基因均来自特青。

2.5 粒形 QTL 的定位

共计检测到控制粒形的 QTL 18 个，包括粒长 7 个、粒宽 5 个和长宽比 6 个，分布于水稻除第 4 和 12 染色体外的其他 10 条染色体上(表 3 和图 1)。其中，第 3 染色体短臂 RM15139-RM15303 区域对粒长和长宽比具有较大效应，其贡献率分别达到 56.71% 和 42.23%，增效等位基因均来自 IRBB；第 5 染色体短臂 RM437-RM18038 区域对粒宽和长宽比具有较大效应，其贡献率分别达到 59.51% 和 36.68%，增效等位基因分别来自特青和 IRBB。除此之外，其他控制粒长、粒宽和长宽比的 QTL 的贡献率则相对较小，均小于 6%。其中，第 2 染色体 RM71-RM327 区域同时对粒长和长宽比具有微效，增效等位基因均来自 IRBB，第 6 染色体 RM469-RM589 区域同时对粒宽和长宽比具有微效，增效等位基因分别来自特青和 IRBB。

表 3 控制稻米碾磨品质和粒形的主效 QTL

性状 ¹⁾	QTL ²⁾	染色体	区间	加性效应 ³⁾	<i>P</i>	<i>R</i> ² (%) ⁴⁾	
BRR	<i>qBRR2</i>	2	RM263-RM6	0.164	0.0001	0.58	
	<i>qBRR3.1</i>	3	RM15139-RM15303	0.439	<0.0001	10.05	
	<i>qBRR3.2</i>	3	RM16048-RM16184	0.258	<0.0001	1.31	
	<i>qBRR5</i>	5	RM437-RM18038	-0.549	<0.0001	19.51	
	<i>qBRR6</i>	6	RM190-RM587	-0.298	<0.0001	6.49	
	<i>qBRR7</i>	7	RM70-RM18	0.222	<0.0001	2.79	
	<i>qBRR8</i>	8	RM547-RM22755	-0.213	<0.0001	2.54	
	<i>qBRR10</i>	10	RM6100-RM3773	-0.320	<0.0001	4.81	
	MRR	<i>qMRR5</i>	5	RM437-RM18038	-0.427	<0.0001	4.56
		<i>qMRR6</i>	6	RM190-RM587	-0.270	<0.0001	2.71
HRR	<i>qHRR3</i>	3	RM15303-RM16	-2.591	<0.0001	4.91	
	<i>qHRR5</i>	5	RM592-RM437	1.193	0.0031	0.94	
GL	<i>qGL1</i>	1	RM12178-RM12210	0.052	<0.0001	3.49	
	<i>qGL2</i>	2	RM71-RM327	0.060	<0.0001	0.49	
	<i>qGL3</i>	3	RM15139-RM15303	0.427	<0.0001	56.71	
	<i>qGL5.1</i>	5	RM437-RM18038	0.099	<0.0001	5.05	
	<i>qGL5.2</i>	5	RM146-RM164	0.039	0.0002	1.07	
	<i>qGL7</i>	7	RM214-RM11	0.057	<0.0001	0.95	
	<i>qGL9</i>	9	RM242-RM107	-0.081	<0.0001	4.89	
GW	<i>qGW2</i>	2	RM13576-RM263	0.026	<0.0001	0.93	
	<i>qGW3</i>	3	RM232-RM15139	-0.040	<0.0001	4.37	
	<i>qGW5</i>	5	RM437-RM18038	-0.158	<0.0001	59.51	
	<i>qGW6</i>	6	RM469-RM589	-0.037	<0.0001	2.60	
	<i>qGW8</i>	8	RM5647-RM25	-0.028	<0.0001	0.96	
LWR	<i>qLWR2</i>	2	RM71-RM327	0.018	0.0035	0.11	
	<i>qLWR3</i>	3	RM15139-RM15303	0.204	<0.0001	42.23	
	<i>qLWR5</i>	5	RM437-RM18038	0.196	<0.0001	36.68	
	<i>qLWR6</i>	6	RM469-RM589	0.028	<0.0001	0.25	
	<i>qLWR7</i>	7	RM5672-RM3859	0.025	<0.0001	0.57	
	<i>qLWR11</i>	11	RM287-PTA248	-0.035	<0.0001	1.34	

注: ¹⁾ BRR: 糙米率; MRR: 精米率; HRR: 整精米率; GL: 粒长; GW: 粒宽; LWR: 长宽比; ²⁾ QTL命名遵照McCouch和CGSNL (2008)建议的规则命名; ³⁾ 加性效应是指母本等位基因被父本等位基因取代所产生的效应; ⁴⁾ 某一QTL所能解释的表型变异占群体表型总变异的比例。

3 讨论

本研究检测到 2 个对稻米碾磨品质和粒形遗传均起重要作用的染色体区域, 它们分别是第 3 染色体短臂 RM15139-RM15303 区域和第 5 染色体短臂 RM437-RM18038 区域。第 3 染色体区域内分别检测到控制糙米率、整精米率、粒长、粒宽和长宽比的 QTL, 其中, 糙米率、粒长和长宽比 QTL 的效应较大, 贡献率分别为 10.05%、56.71% 和 42.23%, 其增效等位基因均来自于 IRBB。第 5 染色体区域内检测

到控制所有 6 个性状的 QTL, 其中, 糙米率、粒宽和长宽比 QTL 的效应较大, 贡献率分别为 19.51%、59.51% 和 36.68%, 前两者增效等位基因来自特青, 后者等效等位基因来自 IRBB。前人也在这两个区域检测到控制稻米碾磨品质和粒形的 QTL^[6,7,10-12,16-18,20]。根据日本晴基因组位置比对发现, 已克隆的粒形基因 *GS3* 和粒宽基因 *GW5* 坐落于这两个区域内, 因此, 本研究在这两个区域同时检测到粒形和碾磨品质 QTL, 很可能是 *GS3* 和 *GW5* 的一因多效性。

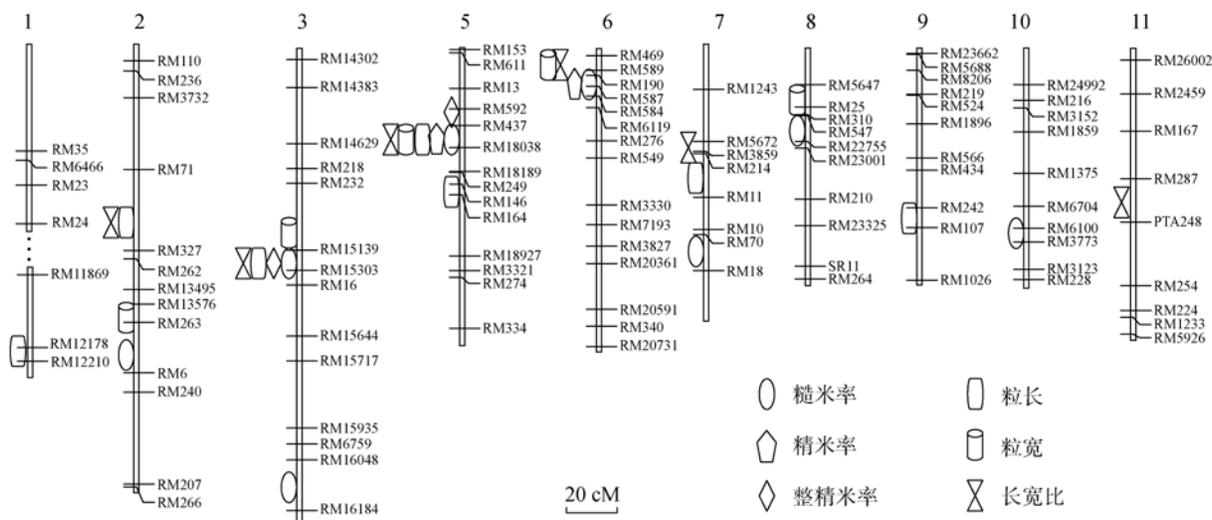


图 1 控制稻米碾磨品质和粒形 QTL 在水稻基因组中的分布

第 6 染色体短臂 RM190-RM587 区域检测到控制糙米率和精米率 QTL, 在其相邻的 RM469-RM589 区域则检测到粒宽和长宽比 QTL, 除长宽比外, 其余增效等位基因均来自特青。该区域涵盖直链淀粉含量基因 Wx [35], 前人在该区间也多次检测到稻米碾磨品质 QTL [8,9,17,20,36], 但 Wx 和碾磨品质的关系尚待进一步研究。

在第 2 染色体长臂 RM263-RM6 区域检测到糙米率 QTL, 在其上部相邻区域亦检测到粒宽 QTL, 增效等位基因均来自于 IRBB, 但其效应较小。梅捍卫等 [18] 和 Septiningsih 等 [22] 在该区域均检测到控制整精米率的 QTL, 胡霞等 [19] 在该区域检测到控制整精米率和粒宽的 QTL, Lou 等 [16] 在该区域检测到控制粒宽的 QTL, 因此, 该区域可能存在控制稻米碾磨品质和粒宽的 QTL, 但尚不明确是否为同一个基因。

第 7 染色体长臂 RM70-RM18、第 8 染色体短臂 RM547-RM22755 和第 10 染色体长臂 RM6100-RM3773 区域均检测到糙米率 QTL, 贡献率在 2.54%~4.81% 之间, 前者增效等位基因来自 IRBB, 后两者增效等位基因则来自特青。前人的研究中亦有这些区间内稻米碾磨品质 QTL 定位的报道 [10,11,13,14,17,18,20]。除第 8 染色体相邻区域定位到一个粒宽 QTL 外, 这 3 个区间均未检测到粒形 QTL, 表明这 3 个 QTL 仅对碾磨品质具有效应, 而对粒形无影响。

第 3 染色体长臂近末端 RM16048-RM16184 区域检测到 1 个糙米率 QTL, 增效等位基因来自 IRBB,

而该区间尚未见前人关于稻米碾磨品质 QTL 的报道, 表明该 QTL 可能是一个新的座位。

本研究所应用的特青/IRBB RIL 群体, 抽穗期变异较小, 2008 年和 2009 年的变异幅度仅为 81~94 和 78~89 [29], 有效地减小了抽穗期变异对碾磨品质和粒形 QTL 定位的影响, 使主效 QTL 效应的估算更为精确和可靠, 同时还有利于检测到效应较小的 QTL。结果显示, $GS3$ 和 $GW5$ 是粒形和糙米率最主要的遗传控制因子, 能够解释粒长、粒宽、长宽比和糙米率等变异的 56.71%、59.51%、78.91% 和 29.56%。此外, 还检测到较多效应较小的 QTL, 包括一个新的控制糙米率的 QTL, 说明 QTL 检测的效率确实得到了提高。

在本研究中, 精米率和整精米率的遗传率不高, 也仅各定位到 2 个效应较小的主效 QTL, 说明其确实易受环境影响。但本研究并没有检测到显著的加性-环境互作, 可能是由于本研究的两年试验仅在单点实施, 而且这两年的气候条件相似, 可进行多点多年试验, 以进一步剖析其遗传基础。

参考文献(References):

- [1] 周立军, 江铃, 翟虎渠, 万建民. 水稻垩白的研究现状与改良策略. 遗传, 2009, 31(6): 563-572. DOI
- [2] 张玉华. 稻米的碾磨品质及其影响因素. 中国农学通报, 2003, 19(1): 101, 158. DOI
- [3] 石春海, 朱军. 水稻植株农艺性状与稻米碾磨品质的遗传相关性分析. 浙江大学学报(农业与生命科学版),

- 1997, 23(3): 331–337. [DOI](#)
- [4] 徐正进, 陈温福, 马殿荣, 吕英娜, 周淑清, 刘丽霞. 稻谷粒形与稻米主要品质性状的关系. 作物学报, 2004, 30(9): 894–900. [DOI](#)
- [5] 王丹英, 章秀福, 朱智伟, 陈能, 闵捷, 姚青, 严建立, 廖西元. 食用稻米品质性状间的相关性分析. 作物学报, 2005, 31(8): 1086–1091. [DOI](#)
- [6] Tan YF, Xing YZ, Li JX, Yu SB, Xu CG, Zhang QF. Genetic bases of appearance quality of rice grains in Shanyou 63, an elite rice hybrid. *Theor Appl Genet*, 2000, 101(5-6): 823–829. [DOI](#)
- [7] Tan YF, Sun M, Xing YZ, Hua JP, Sun XL, Zhang QF, Corke H. Mapping quantitative trait loci for milling quality, protein content and color characteristics of rice using a recombinant inbred line population derived from an elite rice hybrid. *Theor Appl Genet*, 2001, 103(6-7): 1037–1045. [DOI](#)
- [8] Kepiro JL, McClung AM, Chen MH, Yeater KM, Fjellstrom RG. Mapping QTLs for milling yield and grain characteristics in a tropical *japonica* long grain cross. *J Cereal Sci*, 2008, 48(2): 477–485. [DOI](#)
- [9] 穆平, 郭咏梅, 刘家富, 卢义宣, 李自超. 稻米外观和碾磨品质QTL定位及其与土壤水分环境互作分析. 农业生物技术学报, 2007, 15(4): 654–660. [DOI](#)
- [10] Dong YJ, Tsuzuki E, Lin DZ, Kamiunten H, Terao H, Matsuo M, Cheng SH. Molecular genetic mapping of quantitative trait loci for milling quality in rice (*Oryza sativa* L.). *J Cereal Sci*, 2004, 40(2): 109–114. [DOI](#)
- [11] 翁建峰, 万向元, 郭涛, 江玲, 翟虎渠, 万建民. 利用CSSL群体研究稻米加工品质相关QTL表达的稳定性. 中国农业科学, 2007, 40(10): 2128–2135. [DOI](#)
- [12] Wan XY, Wan JM, Weng JF, Jiang L, Bi JC, Wang CM, Zhai HQ. Stability of QTLs for rice grain dimension and endosperm chalkiness characteristics across eight environments. *Theor Appl Genet*, 2005, 110(7): 1334–1346. [DOI](#)
- [13] Jiang GH, Hong XY, Xu CG, Li XH, He YQ. Identification of quantitative trait loci for grain appearance and milling quality using a doubled-haploid rice population. *J Integr Plant Biol*, 2005, 47(11): 1391–1403. [DOI](#)
- [14] Li ZF, Wan JM, Xia JF, Zhai HQ, Ikehashi H. Identification of quantitative trait loci underlying milling quality of rice (*Oryza sativa*) grains. *Plant Breed*, 2004, 123(3): 229–234. [DOI](#)
- [15] Li ZF, Wan JM, Xia JF, Zhai HQ. Mapping quantitative traits loci underlying appearance quality of rice grains (*Oryza sativa* L.). *Acta Genet Sin*, 2003, 30(3): 251–259. [DOI](#)
- [16] Lou J, Chen L, Yue GH, Lou Qj, Mei HW, Xiong L, Luo LJ. QTL mapping of grain quality traits in rice. *J Cereal Sci*, 2009, 50(2): 145–151. [DOI](#)
- [17] Zheng TQ, Xu JL, Li ZK, Zhai HQ, Wan JM. Genomic regions associated with milling quality and grain shape identified in a set of random introgression lines of rice (*Oryza sativa* L.). *Plant Breed*, 2007, 126(2): 158–163. [DOI](#)
- [18] 梅捍卫, 罗利军, 郭龙彪, 王一平, 余新桥, 应存山, 黎志康. 水稻加工品质数量性状基因座(QTLs)分子定位研究. 遗传学报, 2002, 29(9): 791–797. [DOI](#)
- [19] 胡霞, 石瑜敏, 贾倩, 徐琴, 王韵, 陈凯, 孙勇, 朱苓华, 徐建龙, 黎志康. 影响水稻穗部性状及籽粒碾磨品质的QTL及其环境互作分析. 作物学报, 2011, 37(7): 1175–1185. [DOI](#)
- [20] Aluko G, Martinez C, Tohme J, Castano C, Bergman C, Oard JH. QTL mapping of grain quality traits from the interspecific cross *Oryza sativa* × *O. glaberrima*. *Theor Appl Genet*, 2004, 109(3): 630–639. [DOI](#)
- [21] Li JM, Xiao JH, Grandillo S, Jiang LY, Wan YZ, Deng QY, Yuan LP, McCouch SR. QTL detection for rice grain quality traits using an interspecific backcross population derived from cultivated Asian (*O. sativa* L.) and African (*O. glaberrima* S.) rice. *Genome*, 2004, 47(4): 697–704. [DOI](#)
- [22] Septiningsih EM, Trijatmiko KR, Moeljopawiro S, McCouch SR. Identification of quantitative trait loci for grain quality in an advanced backcross population derived from the *Oryza sativa* variety IR64 and the wild relative *O. rufipogon*. *Theor Appl Genet*, 2003, 107(8): 1433–1441. [DOI](#)
- [23] 刘家富, 奎丽梅, 朱作峰, 谭禄宾, 王桂娟, 黎其万, 束继红, 孙传清. 普通野生稻稻米加工品质和外观品质性状QTL定位. 农业生物技术学报, 2007, 15(1): 90–96. [DOI](#)
- [24] Mao HL, Sun SY, Yao JL, Wang CR, Yu SB, Xu CG, Li XH, Zhang QF. Linking differential domain functions of the GS3 protein to natural variation of grain size in rice. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2010, 107(45): 19579–19584. [DOI](#)
- [25] Weng JF, Gu SH, Wan XY, Gao H, Guo T, Su N, Lei CL, Zhang X, Cheng ZJ, Guo XP, Wang JL, Jiang L, Zhai HQ, Wan JM. Isolation and initial characterization of GW5, a major QTL associated with rice grain width and weight. *Cell Res*, 2008, 18(12): 1199–1209. [DOI](#)
- [26] 高志强, 占小登, 梁永书, 程式华, 曹立勇. 水稻粒形

- 性状的遗传及相关基因定位与克隆研究进展. 遗传, 2011, 33(4): 314-321. [DOI](#)
- [27] 石春海, 何慈信, 朱军. 稻米碾磨品质性状遗传主效应及其与环境互作的遗传分析. 遗传学报, 1998, 25(1): 46-53. [DOI](#)
- [28] 胡钧铭, 周佳民, 刘开强, 江立庚, 夏瑜. 粳型稻谷碾磨品质研究进展. 中国粮油学报, 2008, 23(2): 194-198. [DOI](#)
- [29] 朱玉君, 屠国庆, 应杰政, 樊叶杨, 庄杰云. 应用恢复系重组自交系群体分析杂交晚粳的杂种优势. 杂交水稻, 2010, 25(S1): 131-133. [DOI](#)
- [30] Huang N, Angele ER, Domingo J, Magpantay G, Singh S, Zhang G, Kumaravadivel N, Bennett J, Khush GS. Pyramiding of bacterial blight resistance genes in rice: marker-assisted selection using RFLP and PCR. *Theor Appl Genet*, 1997, 95(3): 313-320. [DOI](#)
- [31] 中华人民共和国农业部部颁标准米质测定方法 NY147288. 米质测定方法. 北京: 中国标准出版社, 1989.
- [32] Lander ES, Green P, Abrahamson J, Barlow A, Daly MJ, Lincoln SE, Newburg L. MAPMAKER: an interactive computer package for constructing primary genetic linkage maps of experimental and natural populations. *Genomics*, 1987, 1(2): 174-181. [DOI](#)
- [33] Yang J, Hu CC, Hu H, Yu RD, Xia Z, Ye XZ, Zhu J. QTLNetwork: mapping and visualizing genetic architecture of complex traits in experimental populations. *Bioinformatics*, 2008, 24(5): 721-723. [DOI](#)
- [34] McCouch S R, CGSNL (Committee on Gene Symbolization, Nomenclature and Linkage, Rice Genetics Cooperative). Gene nomenclature system for rice. *Rice*, 2008, 1(1): 72-84. [DOI](#)
- [35] Fan CC, Yu XQ, Xing YZ, Xu CG, Luo LJ, Zhang QF. The main effects, epistatic effects and environmental interactions of QTLs on the cooking and eating quality of rice in a doubled-haploid line population. *Theor Appl Genet*, 2005, 110(8): 1445-1452. [DOI](#)
- [36] Hao W, Zhu MZ, Gao JP, Sun SY, Lin HX. Identification of quantitative trait loci for rice quality in a population of chromosome segment substitution lines. *J Integr Plant Biol*, 2009, 51(5): 500-512. [DOI](#)

• 综合信息 •

欢迎在《遗传学报》和《遗传》发布广告

《遗传学报》、《遗传》杂志是中国遗传学会和中国科学院遗传与发育生物学研究所主办、科学出版社出版的国家级学术期刊, 中国自然科学核心期刊。已被美国化学文摘(CA)、生物学数据库(BIOSIS)、生物学文摘(BA)、医学索引(Medical Index)和 MEDLINE 以及俄罗斯文摘杂志(AJ)等多种国内外重要检索系统与数据库收录。读者对象为基础医学、农林牧渔、生命科学领域的科研与教学人员、研究生、大学生、中学生物学教师等。

《遗传学报》(ISSN 0379-4172, CN11-5450/R)为月刊, 全年 12 期。国内外公开发行, 国内邮发代号 2-819, 国外发行代号: M63。2013 年定价 80 元, 全年 960 元。

《遗传》(ISSN 0253-9772, CN11-1913/R)为月刊, 全年 12 期。国内邮发代号 2-810, 国外发行代号: M62。2013 年定价 80 元, 全年 960 元。

广告面积: 210×285mm; 铜版纸印刷; 广告价格如下:

面向封二/正文首页	胶片 4000 元/期	全年刊登 6 次 9 折优惠, 刊登 12 次 8 折优惠
随机页(前/后)	胶片 3500 元/期 自备插页 3000 元/期	全年刊登 6 次 9 折优惠, 刊登 12 次 8 折优惠
面向封三/正文末页	胶片 4000 元/期	全年刊登 6 次 9 折优惠, 刊登 12 次 8 折优惠

配套赠送: 1、我刊网站 www.chinagene.cn“高新企业”专栏提供免费的友情链接。2、利用刊物和网站优势免费发布公司相关消息 5 次。

此外, 提供在“中国遗传网”(www.chinagene.cn)刊登网络广告, 有意者请电话咨询。

欢迎选择我刊刊登广告。期待我们的合作, 共创美好的未来!

联系地址: 北京安定门外大屯路 中国科学院遗传与发育所编辑室

邮政编码: 100101 《遗传学报》《遗传》编辑室广告负责人: 李绍武

电话: 010-64807669, E-mail: ycz@genetics.ac.cn