

水稻直链淀粉含量与籼粳分化度的 QTL 及其相互关系研究

吴长明^{1,2}, 孙传清¹, 陈亮¹, 李自超¹, 王象坤¹

(1 中国农业大学作物学院; 2 吉林省农业科学院水稻所)

摘要 用 *A som inori*/R24 重组自交系 (RIL) 为材料, 对控制稻米直链淀粉含量和籼粳分化度的 QTL 进行了分析。检测到了 5 个控制直链淀粉含量的 QTL ($Am1 \sim Am5$); 分别位于第 1, 7, 8, 9, 12 染色体上; 贡献率分别为 16.6%, 13.2%, 17.1%, 13.2%, 14.6%; $Am1, Am3, Am5$ 的遗传正效应等位基因来源于 R24, $Am2, Am4$ 的遗传正效应等位基因来源于 *A som inori*。同时检测到了 5 个控制籼粳分化度的 QTL ($Ij1 \sim Ij5$), 分别位于第 1, 2, 11 染色体上; 贡献率分别为 21.9%, 21.4%, 13.4%, 25.0%, 14.5%; 其遗传正效应等位基因来源于 *A som inori*。另外通过稻米直链淀粉含量与籼粳分化度相互关系分析发现两者之间没有密切联系。

关键词 水稻; 重组自交系; 直链淀粉含量; 籼粳分化度; 数量性状位点
分类号 S511.033

Study on QTL Underlying Content of Amylose and Indica-Japonica Differentiation Using Recombinant Inbred Lines in Rice

Wu Changming^{1,2}, Sun Chuanqing¹, Chen Liang¹, Li Zichao¹, Wang Xiangkun¹

(1 College of Crop Sciences, CAU; 2 Jilin Academy of Agricultural Sciences)

Abstract QTL (quantitative trait loci) affecting content of amylose and *indica-japonica* differentiation were analyzed using a recombinant inbred (RIL) lines derived from a cross of *A som inori* × R24 by single marker analysis and interval mapping. Five QTLs ($Am1 \sim Am5$) for content of amylose were detected and mapped on chromosome 1, 7, 8, 9, 12 in this population. Variances explained by the QTL were 16.6%, 13.2%, 17.1%, 13.2%, 14.6% respectively. It was also found that the positive allele of $Am1, Am3, Am5$ was from the *indica* parent, R24 and $Am2, Am4$ was from the *japonica* parent, *A som inori*. Five QTLs ($Ij1 \sim Ij5$) for content of *indica-japonica* differentiation were detected on chromosome 1, 2, 11 and variances explained by $Ij1 \sim Ij5$ were 21.9%, 21.4%, 13.4%, 25.0%, 14.5% respectively. The positive allele detected was from *A som inori*. It was showed that there was not significant correlation between content of amylose and *indica-japonica* differentiation.

Key words rice; recombinant inbred lines; content of amylose; *indica-japonica* differentiation; quantitative trait loci (QTL)

水稻在粮食作物中占有极其重要的地位。近年来, 随着人们生活水平的提高和农产品生产的国际竞争日益激烈, 稻米的品质问题愈来愈受重视。影响水稻品质的主要因子的遗传研究与

收稿日期: 2000-03-28

吴长明, 吉林公主岭吉林省农业科学院, 136100

孙传清, 北京海淀区圆明园西路 2 号中国农业大学 (西校区), 100094

基因定位已有许多报道^[1], 水稻直链淀粉含量是影响稻米品质的最重要因子之一, 由于其既受胚乳本身三倍体基因型的影响, 又取决于母株的基因型^[2]。何平等^[3]曾就直链淀粉基因座位进行研究找到 1 个位于第六染色体的 Q TL。籼粳稻直链淀粉含量具有明显差异, 这种差异亦是导致籼粳稻食味不同的主要原因, 但利用籼粳杂交的重组自交系 (R L) 研究籼粳稻分化程度与直链淀粉含量之间的关系还未见报道。

水稻高密度分子标记图谱的发展, 为分析控制籼粳分化和直链淀粉含量的基因位点和每个位点的遗传效应及分子标记辅助选择提供了可行性, 亦为籼粳杂交育种改良米质创造了遗传基础。本研究用直链淀粉含量差异较大的 2 个亲本 A som ino ri 和 IR 24 培育的重组自交系 (recombinant inbred lines, R L) 群体^[4]为材料, 对稻米直链淀粉含量和籼粳分化度进行 Q TL 分析, 为利用分子标记辅助选择技术改良籼粳杂交后代的米质提供依据。

1 材料与方法

1.1 试验材料

A som ino ri/IR 24 的 71 个重组自交系群体和相应的 RFLP 图谱资料均由日本九州大学吉村教授提供, 于 1997 年冬~ 1998 年春种植于海南省三亚市, 田间管理采用普通的适应于当地气候条件的措施, 成熟后收种子用于直链淀粉含量分析, 选取与籼粳分化有关的性状进行调查用于分析籼粳分化度。

1.2 直链淀粉含量的测定

按照中华人民共和国国家标准 GB/T 15683-1995 稻米直链淀粉含量的测定方法分析样品的直链淀粉含量。

1.3 R L 的籼粳分化度分析

用 A som ino ri/IR 24 的重组自交系构建了 375 个 RFLP 标记的图谱, 每个 R L 的粳稻基因组比率根据其 375 个位点上粳稻 A som ino ri 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。

1.4 Q TL 定位

采用 Q gene 2.9 软件^[5]对所有标记与稻米直链淀粉含量和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 ($P < 0.01$)。同时进行区间作图定位分析, 当 $LOD = 2.0$ 时, 就认为该位置存在 1 个 Q TL^[6], 并计算出其贡献。

2 结果与分析

2.1 表型分析

从图 1, 2 可以看出, R L 群体的稻米直链淀粉含量和籼粳分化度值均呈正态分布, 表现为典型的数量性状特点。

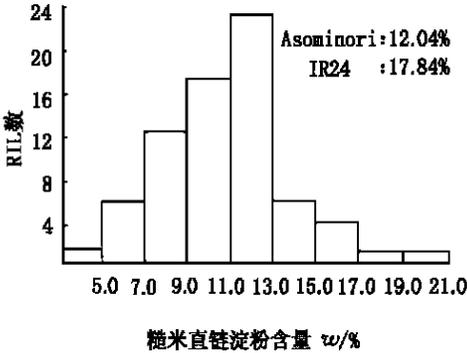


图1 R L 群体的直链淀粉含量分布图

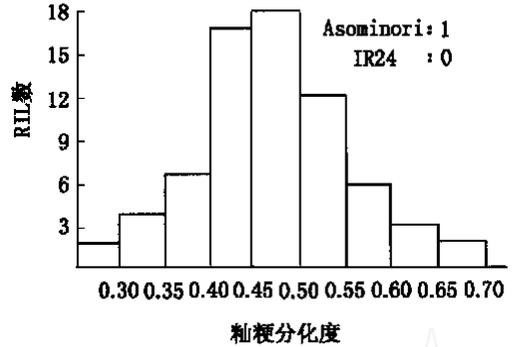


图2 R L 群体的籼粳分化度分布图

2.2 QTLs 分析

2.2.1 直链淀粉含量的QTLs 分析 利用单因子方差分析及区间作图对稻米直链淀粉含量进行QTL 定位, 检测到4个QTL 位点, 分别位于第1, 7, 8, 9, 12 染色体上。单因子方差分析检测出的结果与区间作图分析得出的结果相同(表1、图3)。检测到的位于第1 染色体的QTL 的贡献率为16.6%, 其遗传正效应等位基因来源于IR24, 加性效应为-3.09%, 标记位点为XNpb93; 第7 染色体的QTL 的贡献率为13.2%, 其遗传正效应等位基因来源于Asominori, 加性效应为2.75%, 标记位点为C451; 第8 染色体的QTL 的贡献率为17.1%, 其遗传正效应等位基因来源于IR24, 加性效应为-3.08%, 标记位点为XNpb278; 第9 染色体的QTL 的贡献率为13.2%, 其遗传正效应等位基因来源于Asominori, 加性效应为2.74%, 标记位点为C397; 第12 染色体的QTL 的贡献率为14.6%, 其遗传正效应等位基因来源于IR24, 加性效应为-4.09%, 标记位点为XNpb193。

表1 稻米直链淀粉含量单因子方差分析作图检测出的QTLs

| QTL 位点 | 标记区间 | LOD 值 | 加性效应 /% | 标记 | 等位基因 平均数/% | 染色体 | R^2^* |
|--------|-----------------|-------|------------|---------|---------------|-----|---------|
| Am1 | XNpb93~ C86 | 2.71 | 3.09 | XNpb93 | 11.30 | 1 | 0.166 |
| Am2 | C451~ C1008 | 2.02 | -2.75 | C451 | 9.05 | 7 | 0.132 |
| Am3 | XNpb278~ C277 | 2.56 | 3.08 | XNpb278 | 11.90 | 8 | 0.171 |
| Am4 | C397~ XNpb89-4 | 2.25 | -2.74 | C397 | 8.86 | 9 | 0.132 |
| Am5 | XNpb24-4~ C562B | 2.37 | 4.09 | XNpb193 | 13.70 | 12 | 0.146 |

* R^2 : 决定系数。

2.2.2 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, 利用区间作图对籼粳分化度进行QTL 定位, 也检测到5个QTL 位点(LOD 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1、图4)。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%, 13. 4%; 加性效应分别为 0. 07, 0. 07, 0. 06; 标记位点分别为 C466B, C178, C955; 第 2 染色体的 Q TL (Ij5) 的贡献率为 14. 5%, 加性效应为 0. 07, 标记位点为 C920; 第 11 染色体的 Q TL (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。

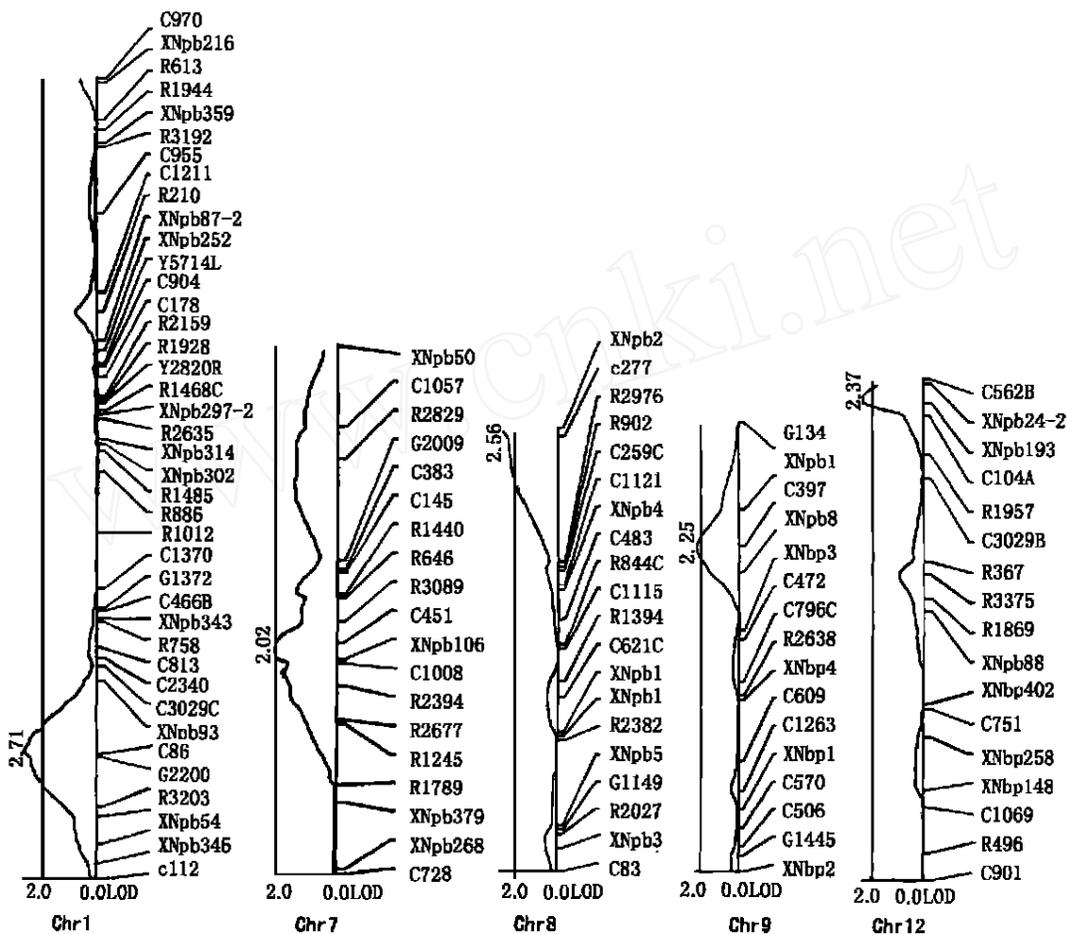


图 3 淀粉含量区间作图分析

2.3 稻米直链淀粉含量与籼粳分化度的关系

对照比较被检测到的控制稻米直链淀粉含量 5 个 Q TL 位点和控制籼粳分化度的 5 个 Q TL 以及 Q TL 所在位点看, 只有 Am 1 与 Ij1, Ij2, Ij3 同位于第一染色体上, Am 1 和 Ij1 处于同一染色体臂上, 2 个 Q TL 的标记位点相距 29. 3cM。利用 71 个 R L 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。

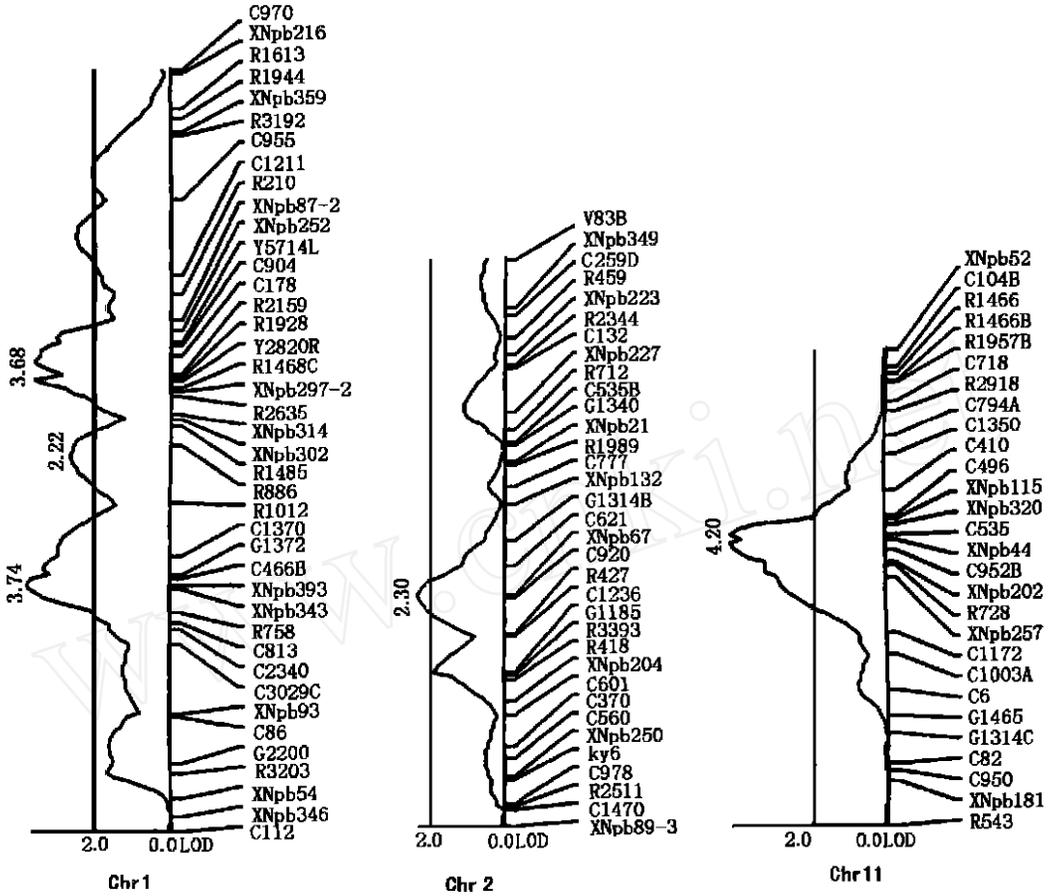


图 4 籼粳分化度区间作图分析

表 2 籼粳分化度单因子方差分析作图检测出的 Q TL s

| Q TL 位点 | 标记区间 | LOD 值 | 加性效应 | 标记 | 等位基因 平均数 | 染色体 | R ² |
|---------|-----------------|-------|------|--------|-------------|-----|----------------|
| Ij1 | R 758~ R 1485 | 3.74 | 0.07 | C 466B | 0.50 | 1 | 0.219 |
| Ij2 | R 2653~ XNpb252 | 3.68 | 0.07 | C 178 | 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 |

3 讨论

稻米品质是一个综合性状,包括加工品质、外观品质、蒸煮品质和营养品质 4 个方面,其中稻米直链淀粉含量对稻米食味品质的影响最大。对直链淀粉含量的遗传很多研究^[8-10]表明:

非糯性品种中直链淀粉含量由一个主效基因及几个修饰基因控制^[1], 控制非糯性品种中直链淀粉含量的一系列主效基因与 W_x 基因存在复等位关系^[7]; W_x 位点存在 2 个复等位显性位点 W_x^a 和 W_x^b , 亚洲栽培稻中, W_x^a 主要存在于籼稻中, 粳稻中主要为 W_x^b ^[11]。由于直链淀粉含量的遗传基础复杂, 分析又需要一定数量的种子, 对其基因定位研究较少, 但 B ligh 用微卫星标记在 13 个水稻品种中找到了 4 个等位位点^[12]; 何平等^[3]用加倍单倍体 (DH) 系定位出 2 个 Q TL 位点, 分别位于第 5, 6 染色体上; 利用 R FL 研究直链淀粉含量的 Q TL 尚未见报道。本研究在第 1, 7, 8, 9, 12 染色体上发现 5 个与直链淀粉含量有关的 Q TL 位点, 且均为其他研究未见报道的位点, 表明该性状受多个基因的影响。

籼粳稻的直链淀粉含量具有较明显差异, 籼粳杂交后代的米质较差一直是育种工作者关注的难题。直链淀粉含量与籼粳分化程度的相互关系及分子遗传基础未见报道。研究表明, 直链淀粉含量与籼粳分化度的 Q TL 之间没有直接关系。笔者认为, 籼粳杂交后代直链淀粉含量的不稳定与籼粳分化没有直接联系, 而是因其自身的遗传基础复杂所致, 在籼粳杂交育种中完全可以选育出直链淀粉含量符合要求的优质籼型或粳型品种。

参 考 文 献

- 1 熊振民, 蔡洪法. 中国水稻. 北京: 中国农业科技出版社, 1992
- 2 莫惠栋. 谷类作物胚乳性状遗传控制的鉴别. 遗传学报, 1995, 22(2): 126~ 132
- 3 何平, 李仕贵, 李晶焰, 等. 影响稻米品质几个重要数量性状的基因座位分析. 科学通报, 1998, 43(16): 1747~ 1750
- 4 Tsunematsu H, Yoshimura A, Harushima Y, et al. RFLP framework map using recombinant lines in rice. Breeding Science, 1996, 46: 279~ 284
- 5 Nelson J C. Q GEN E: Software for marker-based genomic analysis and breeding. Molecular Breeding, 1997, 3(3): 239~ 245
- 6 Lander E S, Botstein D. Mapping mendelian factors underlying quantitative traits using RFLP linkage maps. Genetics, 1989, 121: 185~ 199
- 7 Kumar I, Khush G S, Juliano B O, et al. Genetic analysis of waxy locus in rice (*Oryza sativa* L.), Theor Appl Genet, 1987, 73: 481~ 488
- 8 奥野员敏. 稻米淀粉的遗传变异及其在育种上的利用. 日本农林水产技术杂志, 1988, 11(6): 3~ 9
- 9 徐辰武, 张爱红, 朱庆森. 籼粳杂交稻米品质性状的遗传分析. 作物学报, 1995, 21(5): 530~ 534
- 10 申岳正, 闵绍楷, 熊振民, 等. 稻米直链淀粉含量的遗传及测定方法的改进. 中国农业科学, 1990, 23(1): 60~ 68
- 11 Sano Y, Katsumata M, Okuno K. Genetic studies of specialization in cultivated rice. Euphytica, 1986, 35: 1~ 9
- 12 B ligh H F J, Till R I, Jones C A. A micro-satellite sequence closely linked to the *Waxy* gene of *Oryza sativa*. Euphytica, 1995, 86: 83~ 85