

利用重组自交系群体 定位水稻品质相关性状的 QTL

晁园 冯付春 高冠军 朱雪萍 何予卿

华中农业大学作物遗传改良国家重点实验室, 武汉 430070

摘要 以川香 29B 和中国香稻构建的重组自交系群体为材料, 通过建立 144 个 SSR 标记连锁遗传图谱, 采用复合区间作图法对水稻外观品质和蒸煮食味品质的相关性状进行了数量性状基因定位。共检测到了 45 个与水稻粒长、粒宽、长宽比、垩白率、直链淀粉含量、糊化温度相关的 QTL, 分布在水稻的第 1、2、3、4、6、7、9、10、12 染色体上, 其中有 9 个 QTL 的效应被重复检测到。

关键词 水稻; 重组自交系; 外观品质; 蒸煮食味品质; QTL

中图分类号 S 511.503.53 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2012)04-0397-07

水稻是我国及亚洲很多国家人民的主要粮食作物。稻米品质性状主要分为加工品质、外观品质、蒸煮食味品质和营养品质^[1]。由于稻米品质一般为多基因控制的数量性状, 易受环境条件的影响, 仅仅依靠常规育种技术聚合多个优良数量性状基因仍有很大难度。

随着分子标记的出现和遗传连锁图谱的构建, 数量性状基因定位研究发展迅速, 复杂性状的遗传分解已成为可能。目前, 对于外观品质来说, 已有很多相关 QTL 被发现, 并且已经克隆了主效 QTL: *GS3*^[2], *GW2*^[3], *GW5*^[4] 等。垩白不仅受一些小的加性效应基因控制, 而且还受环境影响。目前关于垩白 QTL 的定位已有一些报道^[5-8], 但定位到的有关垩白的 QTL 数目还是比较有限的。对于蒸煮食味品质来说, Wang 等^[9]报道 *Waxy* 基因区域 (*Wx* 位点) 主要控制稻米直链淀粉含量, 碱消值主要受 *alk* 位点控制, *Wx* 和 *alk* 基因已经被克隆^[10-11]。

本研究以川香 29B 和中国香稻为亲本构建的重组自交系为作图群体, 利用 144 个 SSR 标记构建分子标记遗传连锁图谱并定位外观品质和蒸煮食味品质相关性状的 QTL, 以期水稻品质遗传性状改良提供理论依据。

1 材料与方 法

1.1 材料与田间试验管理

水稻亲本材料川香 29B 和中国香稻杂交后利用单粒传培育的 235 个 F_9 ; F_{10} 重组自交系分别于 2008、2009 年种植于华中农业大学试验农场, 生产管理、籽粒收获同一般大田管理。川香 29B 是由四川农科院培育而成的优良保持系, 其不育系具有味香、开花习性好和异交结实率高等特点。中国香稻是中国水稻研究所培育而成的优质晚籼香稻品种。

1.2 样品制备

水稻种子收获后在常温下储藏 3 个月后进行品质分析, 脱粒后稻谷可用于粒长、粒宽、长宽比的测量。各株系取约 50 g 稻谷在出糙机上脱壳, 将糙米以国产 JMJ-100 型精米机碾米出精, 在旋风式粉碎机 (LJdy corporation, Colorado, USA) 上打成米粉, 过 0.147 mm 筛后装入封口塑料袋, 置于 -20 °C 冰箱中保存。所制得米粉主要用于直链淀粉含量、糊化温度 (用碱消值代替) 的测定。

1.3 数据收集

按照中华人民共和国农业部标准米质测定方法^[12], 对川香 29B 和中国香稻及其构建的重组自交系的 235 个家系考察以下性状: 粒长 (GL)、粒宽

收稿日期: 2011-11-03

基金项目: 国家自然科学基金项目 (30971550)、国家“863”项目 (2012AA101102)、植物转基因专项 (2011ZX08001-002) 和现代农业水稻产业技术体系项目 (CARS-01-03)

晁园, 硕士, 研究方向: 水稻品质遗传。E-mail: chao20578331@126.com

通讯作者: 何予卿, 博士, 教授, 研究方向: 水稻分子遗传和育种。E-mail: yqhe@mail.hzau.edu.cn

(GW)、长宽比(LWR)、垩白率(CR)、直链淀粉含量(AC)和碱消值(ASV)。各个性状以重复间的平均值作为分析数据进行 QTL 定位。

1.4 遗传图构建和 QTL 定位

DNA 抽提采用 CTAB 法,抽提的具体操作过程、SSR 扩增反应体系、程序及电泳过程参照文献[9]介绍的方法。用 Mapmaker/EXP 3.0 软件^[13]进行遗传连锁图的构建。并对粒长、粒宽、长宽比、垩白率、直链淀粉含量、糊化温度(GT)6 个品质性状进行 QTL 定位。采用 LOD 值 2.00 作为阈值来判断 QTL 存在与否,若标记区间 $LOD \geq 2.00$,则认为该区间存在 1 个控制该性状的 QTL,同时计算每个 QTL 对各性状的贡献率和加性效应。

2 结果与分析

2.1 分子标记遗传连锁图谱构建

采用复合区间作图法构建的分子标记遗传连锁图总共含有 144 个 SSR 标记,覆盖水稻 12 条染色

体。用 WinQTLCart 软件对控制各性状的 QTL 进行全基因组扫描分析。

2.2 亲本间性状的差异及在群体中的变异

t-测验表明,2 个亲本的粒长、粒宽、长宽比、直链淀粉含量、碱消值、垩白率在 $P=0.01$ 水平上均存在显著差异。其中,在粒宽、垩白率、直链淀粉含量、碱消值性状方面川香 29B 为高值亲本。所有考察性状在群体中表现正态分布,呈现双向超亲分离,表现出数量性状的特征(表 1)。粒长与长宽比呈极显著正相关,粒宽与长宽比呈极显著负相关,垩白率与直链淀粉含量呈显著负相关,与碱消值呈极显著负相关,直链淀粉含量与碱消值呈极显著正相关(表 2)。

2.3 QTL 定位

利用复合区间作图法对水稻外观品质和蒸煮食味品质相关性状进行了数量性状基因定位。结果表明,共检测到了 45 个相关的 QTL,分布在水稻的第 1、2、3、4、6、7、9、10、12 染色体上,其中有 9 个

表 1 亲本及重组自交系的外观品质和蒸煮食味品质的描述性统计

Table 1 Descriptive statistics of appearance quality of rice and the cooking and eating quality of rice in parents and the population

性状 Traits	年份 Year	亲本 Parents		RIL 群体 RIL population
		川香 29B Chuanxiang 29B	中国香稻 Zhongguoxiangdao	
粒长/mm	2008	9.03±0.05	10.98±0.10	9.90±0.51
Grain length(GL)	2009	9.46±0.13	10.55±0.10	10.10±0.39
粒宽/mm	2008	3.03±0.05	2.76±0.05	2.94±0.12
Grain width(GW)	2009	2.90±0.04	2.64±0.05	2.81±0.01
长宽比	2008	2.98±0.02	3.96±0.04	3.37±0.21
Length width ratio(LWR)	2009	3.26±0.05	4.00±0.09	3.62±0.17
垩白率/%	2008	93.00±0.04	12.0±0.01	84.17±21.90
White core rate(CR)	2009	90.75±2.22	1.50±1.29	65.80±26.63
碱消值	2008	4.75±0.29	3.58±0.21	4.08±1.42
Alkali spread value (ASV)	2009	5.02±0.24	3.75±1.73	4.20±1.50
直链淀粉含量/%	2008	24.00±0.82	14.10±0.31	15.43±24.54
Amylose content(AC)	2009	28.20±0.08	14.80±0.10	16.48±4.99

表 2 群体中外观品质和蒸煮食味品质性状间的相关系数¹⁾

Table 2 Correlation coefficients for appearance quality of rice and the cooking and eating quality of rice

性状 Traits	年份 Year	粒长 GL	粒宽 GW	长宽比 LWR	垩白率 CR	直链淀粉含量 AC	糊化温度 GT
粒宽	2008	0.19					
GW	2009	0.14					
长宽比	2008	0.74**	-0.52**				
LWR	2009	0.70**	-0.58**				
垩白率	2008	-0.01	-0.01	0.05			
CR	2009	-0.02	-0.05	0.01			
直链淀粉含量	2008	-0.04	0.14	-0.13	-0.33**		
AC	2009	0.01	0.12	-0.06	-0.25*		
碱消值	2008	0.09	0.18	-0.05	-0.38**	0.32**	
ASV	2009	-0.02	0.19	-0.16	-0.46**	0.31**	

1) *, ** 分别表示在 $P < 0.05$ 和 $P < 0.01$ 水平上差异显著, *, ** show significance at $P < 0.05$ and $P < 0.01$, respectively.

QTL的效应在2 a内被重复检测到。表3给出了2008年和2009年定位到的QTL。图1是2 a内重复检测到的QTL在染色体上的直观表示。

粒长(GL):2008、2009年共检测到了9个QTL,分布在第1、2、3、4、9、10染色体上,单个QTL的贡献率在3.0%~18.2%之间。其中在第3染色体RM3513-RM168区间检测到了1个重复的QTL($qGL3-1$), $qGL3-1$ 的加性效应在2 a中分别为0.20、0.17,贡献率分别为14.8%、18.2%,其来自亲本中国香稻等位基因的作用。另外,2 a内还有2个QTL定位在第3染色体上($qGL3-2$, $qGL3-3$),尽管两者的置信区间不重叠,但都是来自中国香稻等位基因的作用,其中 $qGL3-2$ (RM15774-RM6329)于2008年检测到,LOD和 R^2 值均较大(7.9和15.2%)。其他的6个QTL都是微效QTL,贡献率在3.0%~6.0%之间。

粒宽(GW):2008、2009年共检测到了8个QTL,分布在第6、7、9、10染色体上,单个QTL的贡献率在3.2%~14.0%之间。其中在第9染色体上RM257-RM160区域检测到了1个重复的QTL($qGW9$)。 $qGW9$ 的加性效应在2 a内分别为-0.05、-0.03,贡献率分别为14.0%、11.8%,是来自川香29B等位基因的作用。在第10染色体上共定位到4个微效QTL,尽管它们的置信区间不重叠,但均是来自川香29B等位基因的作用。另外还有3个微效QTL被检测到,贡献率在5.5%~5.8%之间。

长宽比(LWR):2008年、2009年共检测到了7个QTL,分布在第1、2、3、4、12染色体上,单个QTL的贡献率在3.3%~15.7%之间。第4染色体位于标记RM471-RM16653区域的 $qLWR4$ 两年重复检出,加性效应分别为0.10、0.10,贡献率分别为9.3%、9.5%,是来自中国香稻等位基因的作用。在第12染色体上有2个控制长宽比的QTL($qLWR12-1$, $qLWR12-2$),尽管它们的置信区间不同,但均是来自中国香稻亲本等位基因的作用。在第3染色体上检测到了2个效应值较大的QTL($qLWR3-1$, $qLWR3-2$),分别位于标记RM3513-RM168,RM168-RM15774区域,其中 $qLWR3-1$ 于2009年检测到,其加性效应和贡献率分别为0.07和16.3%, $qLWR3-2$ 于2008年检测到,其加性效应和贡献率分别为0.08和15.7%。另外还有2个

微效QTL被检测到,位于第1、2染色体上,贡献率分别为4.2%、3.3%。

垩白率(CR):2008、2009年共检测到了10个QTL,分布在第2、4、6、7染色体上,单个QTL的贡献率在4.0%~25.4%之间。其中在第6、7染色体上各检测到了1个重复的QTL, $qCR6-4$ (RM19382-RM510)和 $qCR7-1$ (RM481-RM3859)。 $qCR6-4$ 的加性效应在2 a内分别为7.90、11.50,贡献率分别为5.9%、8.6%,是来自中国香稻等位基因的作用。 $qCR7-1$ 的加性效应在2 a内分别为-7.50、-10.60,贡献率分别为8.6%、11.9%,是来自川香29B等位基因的作用。另外2009年在第7染色体上还定位到2个控制垩白率的QTL($qCR7-2$, $qCR7-3$),尽管它们的置信区间不同,但均是来自川香29B亲本等位基因的作用。其中 $qCR7-2$ 的LOD和 R^2 值均较大(-10.90和12.2%)。

碱消值(ASV):2008、2009年共检测到了8个QTL,分布在第2、3、6染色体上,单个QTL的贡献率在2.9%~33.5%之间。其中在第6染色体上检测到了3个重复的QTL。 $qASV6-1$ (RM589-RM588), $qASV6-4$ (RM253-RM276)和 $qASV6-5$ (RM276-RM402)。 $qASV6-1$ 的加性效应在2 a内分别为-0.70、-0.74,贡献率分别为14.6%、13.4%,是来自川香29B等位基因的作用。 $qASV6-4$ 的加性效应在2 a内分别为1.00、0.95,贡献率分别为33.5%、27.0%,是来自中国香稻等位基因的作用。 $qASV6-5$ 的加性效应在2 a内分别为0.98、0.92,贡献率分别为31.57%、24.90%,是来自中国香稻等位基因的作用。2 a内还有2个QTL定位在第6染色体上($qASV6-2$, $qASV6-3$),尽管两者的置信区间不重叠,但均是来自川香29B等位基因的作用,另外还有3个与糊化温度相关的微效QTL被检测到,贡献率在2.9%~7.3%之间。

直链淀粉含量(AC):2008、2009年共检测到了3个QTL,分布在第1、2、6染色体上。在第6染色体上检测到了1个重复的QTL($qAC6$)。 $qAC6$ 的加性效应在2 a内分别为-6.03、-6.64,贡献率分别为71.5%、81.4%,均是来自川香29B等位基因的作用。另外在第1、2染色体上也发现有控制直链淀粉含量的微效QTL,贡献率分别为2.5%、3.3%,均是来自川香29B亲本等位基因的作用。

表 3 2008 年和 2009 年检测到的影响外观品质和蒸煮食味品质的 QTLs¹⁾

Table 3 QTLs for appearance quality of rice and the cooking and eating quality of rice in 2008 and 2009

性状 Trait	染色体 Chr.	QTL	区间 Interval	2008			2009			
				LOD	加性效应 Add.	贡献率/% Var.	LOD	加性效应 Add.	贡献率/% Var.	
粒长 GL	1	<i>qGL1-1</i>	RM10105-RM3746	3.16	0.12	5.0				
	1	<i>qGL1-2</i>	RM3341-RM297	3.20	0.12	5.1				
	2	<i>qGL2</i>	RM301-RM5812				2.10	0.07	3.0	
	3	<i>qGL3-1</i>¹⁾	RM3513-RM168	7.60	0.20	14.8	9.14	0.17	18.2	
	3	<i>qGL3-2</i>	RM15774-RM6329	7.90	0.20	15.2				
	3	<i>qGL3-3</i>	RM114-RM3586				3.50	0.09	5.2	
	4	<i>qGL4</i>	RM471-RM16653	2.10	0.14	6.0				
	9	<i>qGL9</i>	RM1026-RM205				2.50	-0.07	3.7	
	10	<i>qGL10</i>	RM25294-RM271	2.00	0.11	4.6				
	粒宽 GW	6	<i>qGW6</i>	RM439-RM5753	2.30	-0.03	5.8			
7		<i>qGW7-1</i>	RM481-RM3859				3.00	0.03	5.5	
7		<i>qGW7-2</i>	RM3859-RM418				2.20	0.02	5.7	
9		<i>qGW9</i>	RM257-RM160	7.00	-0.05	14.0	6.10	-0.03	11.8	
10		<i>qGW10-1</i>	RM228-RM5494				2.20	-0.02	3.6	
10		<i>qGW10-2</i>	RM25914-RM4771				2.60	-0.02	4.3	
10		<i>qGW10-3</i>	RM4771-RM590				2.40	-0.02	4.3	
10		<i>qGW10-4</i>	RM590-RM6824	2.20	-0.02	3.2				
长宽比 LWR		1	<i>qGLW1</i>	RM297-RM212				2.80	0.04	4.2
		2	<i>qGLW2</i>	RM301-RM5812				2.20	0.03	3.3
	3	<i>qLWR3-1</i>	RM3513-RM168				8.50	0.07	16.3	
	3	<i>qLWR3-2</i>	RM168-RM15774	8.20	0.08	15.7				
	4	<i>qLWR4</i>	RM471-RM16653	2.90	0.10	9.7	3.30	0.10	9.5	
	12	<i>qLWR12-1</i>	RM27973-RM27970	2.60	0.04	4.1				
	12	<i>qLWR12-2</i>	RM28678-RM235				3.00	0.34	4.8	
	垩白率 CR	2	<i>qCR2</i>	RM301-RM5812				2.70	-5.40	4.0
		4	<i>qCR4</i>	RM261-RM16434				2.10	-5.50	4.1
		6	<i>qCR6-1</i>	RM469-RM589	8.00	13.00	25.4			
6		<i>qCR6-2</i>	RM589-RM588				2.90	7.30	4.6	
6		<i>qCR6-3</i>	RM587-RM19382	2.20	7.10	4.2				
6		<i>qCR6-4</i>	RM19382-RM510	2.80	7.90	5.9	5.70	11.50	8.6	
6		<i>qCR6-5</i>	RM510-RM585				6.00	12.50	10.7	
7		<i>qCR7-1</i>	RM481-RM3859	4.60	-7.50	8.6	6.30	-10.60	11.9	
7		<i>qCR7-2</i>	RM3859-RM418				6.50	-10.90	12.2	
7		<i>qCR7-3</i>	RM418-RM336				3.50	-7.60	6.7	
碱消值 ASV	2	<i>qASV2</i>	RM5812-RM3630	2.20	-0.24	2.9				
	3	<i>qASV3-1</i>	RM251-RM5748				2.20	0.28	3.5	
	3	<i>qASV3-2</i>	RM5489-RM15281	2.70	0.38	7.3				
	6	<i>qASV6-1</i>	RM589-RM588	9.60	-0.70	14.6	8.30	-0.74	13.4	
	6	<i>qASV6-2</i>	RM587-RM19382				3.30	-0.59	6.5	
	6	<i>qASV6-3</i>	RM225-RM314				6.00	-0.75	14.2	
	6	<i>qASV6-4</i>	RM253-RM276	18.80	1.00	33.5	14.90	0.95	27.0	
6	<i>qASV6-5</i>	RM276-RM402	18.70	0.98	31.5	14.10	0.92	24.9		
直链淀粉含量 AC	1	<i>qAC1</i>	RM580-RM7075				2.60	-0.01	2.5	
	2	<i>qAC2</i>	RM12949-RM301	2.20	-0.20	3.3				
	6	<i>qAC6</i>	RM588-RM19382	37.00	-6.03	71.5	42.40	-6.64	81.5	

1) 黑体表示 2008 年和 2009 年重复检测到的 QTL The letters in bold indicate that the repeated QTLs were detected in 2008 and 2009.

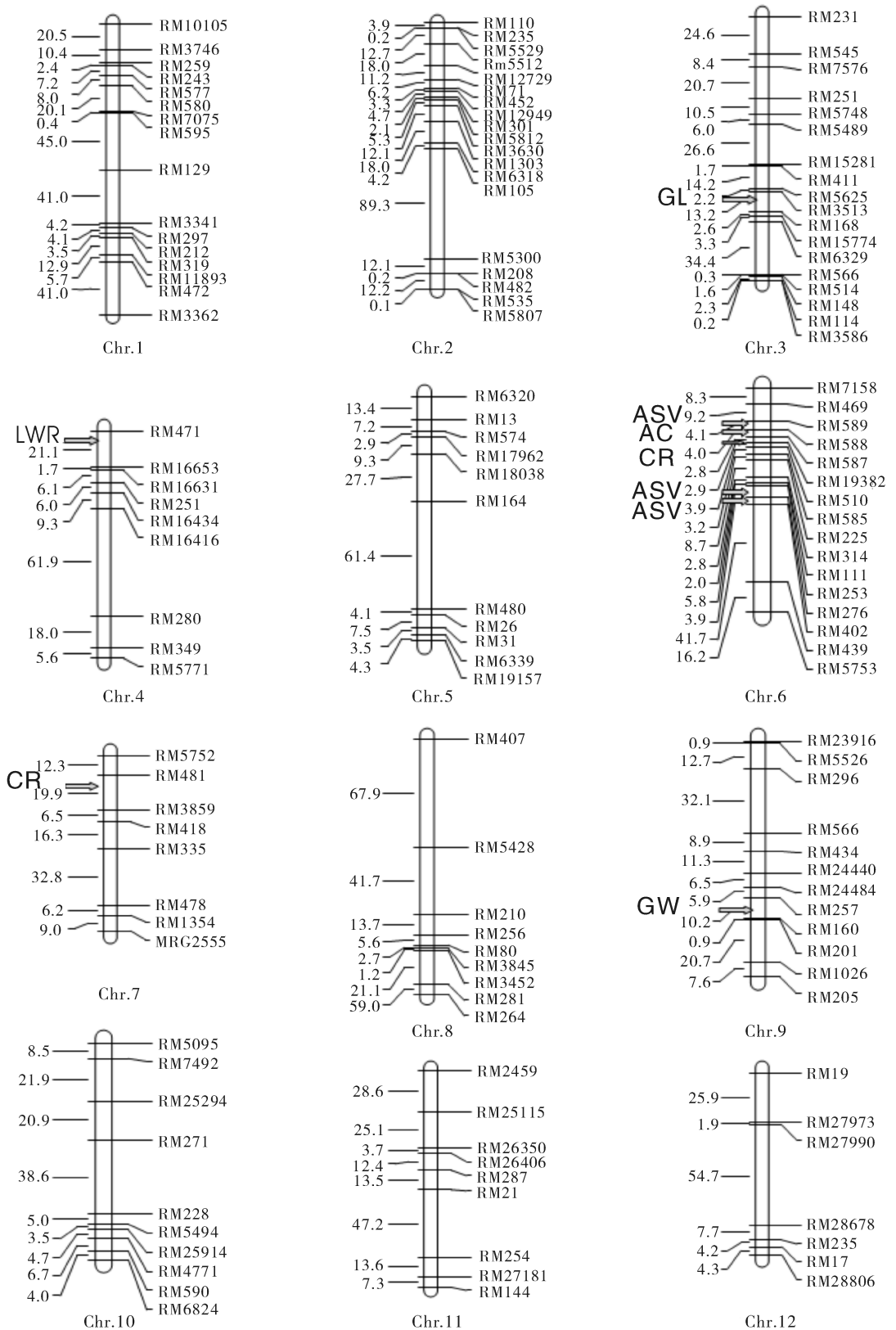


图 1 2 a 重复 QTL 在连锁图上的分布

Fig. 1 Distribution of the repeated QTLs on the linkage map

3 讨 论

3.1 水稻外观品质的 QTL 定位研究

稻米外观品质好坏直接关系到稻米商品性。水稻外观品质主要包括粒长、粒宽、长宽比和垩白等性状,这些性状的遗传和 QTL 定位研究较多。综合前人研究结果,粒长定位的主效 QTL 主要在水稻第 3、7 染色体上,粒宽定位的主效 QTL 主要以第 2、5 染色体为主,而垩白率的定位的主效 QTL 主要定位于第 5、6 染色体,同时不同群体在不同染色体上也分别定位了一些不同的微效 QTL^[5,7,14-16]。其中主效 QTL *GS3*、*GW2*、*GW5* 和 *GS5* 等已经克隆^[2-4,17]。本研究也很好验证前人的研究结果,如第 3 染色体标记 RM3513-RM168 区域之间重复检测到了 1 个控制粒长的主效 QTL *qGL3-1*,在第 6 染色体上 *Waxy* 基因处也检测到 1 个控制垩白率的主效 QTL *qCR6-4*。另外,还检测到与前人报道不一致的主效 QTL,如位于第 9 染色体上的粒宽主效 QTL *qGW9*,第 7 染色体上的垩白率主效 QTL *qCR7-1*。

3.2 水稻蒸煮与食味品质的 QTL 定位研究

稻米的蒸煮和食味品质由淀粉的理化性质决定,很大程度上取决于直链淀粉与支链淀粉含量的比例。而 *Waxy* 基因和 *Alk* 基因是影响水稻食味和蒸煮品质的 2 个最重要的基因^[11,18]。Wang 等^[9]利用珍汕 97 与德陇 208 重组自交系群体综合研究了稻米食味和蒸煮品质的遗传以及淀粉粘滞谱相关性状的 QTL 定位,表明米饭的蒸煮和食味品质主要受 *Wx* 基因和 *Alk* 基因的共同影响,其中 *Wx* 基因主要影响稻米直链淀粉含量和胶稠度以及水稻淀粉糊化相关性状,同时微效影响糊化温度,而 *Alk* 主要影响稻米的糊化温度和碱消值,而微效影响直链淀粉含量以及与淀粉粘滞谱相关的性状。本研究结果也进一步证实了前人的研究结果,定位到蒸煮食味品质的直链淀粉含量基因 *qAC6* 位于 *Waxy* 基因处,而糊化温度基因 *qASV6-4* 和 *qASV6-5* 也位于第 6 染色体的 *alk* 基因处。

3.3 水稻品质分子遗传改良

关于利用分子标记辅助选择改良水稻品质的研究不多。主要的稻米品质改良主要在 *Waxy* 基因和香味基因^[19-20]。近几年来,一些稻米主要品质基因的克隆,如 *GS3*、*GW2*、*GS5*、*Fgr*、*Alk*、*Wx* 都已经克隆,同时大部分与水稻品质相关的基因均已定

位^[2-4,17-18,21],这些基因功能标记以及其紧密连锁的分子标记为分子标记辅助选择改良水稻品质提供了重要的基因和材料。本研究定位群体所用的亲本材料是我国应用面积较大的优良三系杂交稻保持系川香 29B 和优质品种中国香稻,根据本定位结果,中国香稻提供的长粒、低垩白、*Waxy* 基因和 *Alk* 基因等均可以作为优质基因源,建立它们的分子标记辅助选择体系改良川香 29B 的品质特性,这一工作正在进行之中。

参 考 文 献

- [1] JULIANO J B O. Rice chemistry and technology [M]. 2nd ed. Minnesota: American Association of Cereal Chemists, Incorporated Saint Paul, 1985.
- [2] FAN C C, XING Y Z, MAO H L, et al. *GS3*, a major QTL for grain length and weight and minor QTL for grain width and thickness in rice, encodes a putative transmembrane protein [J]. *Theor Appl Genet*, 2006, 112(6): 1164-1171.
- [3] SONG X J, HUANG W, SHI M, et al. A QTL for rice grain width and weight encodes a previously unknown RING-type E3 ubiquitin ligase [J]. *Nature Genetics*, 2007, 39(5): 623-630.
- [4] WENG J F, GU S H, WANG X Y, et al. Isolation and initial characterization of *GW5*, a major QTL associated with rice grain width and weight [J]. *Cell Research*, 2008, 18: 1199-1209.
- [5] TAN Y F, XING Y Z, ZHANG Q F, et al. Genetic bases of appearance quality of rice grains in Shanyou 63, an elite rice hybrid [J]. *Theor Appl Genet*, 2000, 101(5/6): 823-829.
- [6] YOSHIDA S, IKEGAMI M, KUZE J, et al. QTL analysis for plant and grain characters of sake-brewing rice using a doubled haploid population [J]. *Breeding Science*, 2002, 52(4): 309-317.
- [7] LI Z F, WAN J M, XIA J F, et al. Mapping quantitative trait loci underlying appearance quality of rice grains (*Oryza sativa* L.) [J]. *Journal of Genetics and Genomics*, 2003, 30(3): 251-259.
- [8] WAN X Y, WAN J M, WENG J F, et al. Stability of QTLs for rice grain dimension and endosperm chalkiness characteristics across eight environments [J]. *Theor Appl Genet*, 2005, 110(7): 1334-1346.
- [9] WANG L Q, LIU W J, XU Y, et al. Genetic basis of 17 traits and viscosity parameters characterizing the eating and cooking quality of rice grain [J]. *Theor Appl Genet*, 2007, 115(4): 463-476.
- [10] MATSUMOTO A. The map-based sequence of the rice genome [J]. *Nature*, 2005, 436(7052): 793-800.
- [11] 高振宇, 曾大力, 崔霞, 等. 水稻稻米糊化温度控制基因 *Alk* 的图位克隆及其序列分析 [J]. *中国科学: C 辑*, 2003, 33(6): 481-487.
- [12] 中华人民共和国农业部. 米质测定方法 [S]. 北京: 中国标准出

- 版社,1998:1-10.
- [13] LINCOLN S, DALY M, LANDER E. Constructing genetics maps with MAPMAKER/EXP 3.0[R]. Cambridge:Whitehead Institute Technical Report, 1992.
- [14] 林鸿宣, 闵绍楷, 熊振民, 等. 应用 RFLP 图谱分析籼稻粒型数量性状座位[J]. 中国农业科学, 1995, 28(4):1-7.
- [15] HUANG N, PARCO A, MEW T, et al. RFLP mapping of isozymes, RAPD and QTLs for grain shape, brown planthopper resistance in a doubled haploid rice population[J]. Mol Breed, 1997, 3(2):105-113.
- [16] REDONA E D, MACKILL D J. Quantitative trait locus analysis for rice panicle and grain characteristics[J]. Theor Appl Genet, 1998, 96(6/7):957-963.
- [17] LI Y, FAN C, XING Y, et al. Natural variation in the promoter of GS5 plays an important role in regulating grain size and yield in rice[J]. Nature Genetics, 2011, 43(12):1266-1270.
- [18] WANG Z Y, ZHEN F Q, SHEN G Z, et al. The amylose content in rice endospermis related to the post-transcriptional regulation of the *waxy* gene[J]. Plant J, 1995, 7(4):613-622.
- [19] 王军, 杨杰, 陈志德, 等. 水稻香米基因标记的开发与应用[J]. 分子植物育种, 2008, 6(6):1209-1212.
- [20] ZHOU P H, TAN Y F, HE Y Q, et al. Simultaneously improvement for four quality traits of Zhenshan 97, an elite parent of hybrid rice, by molecular marker-assisted selection[J]. Theor Appl Genet, 2003, 106(2):326-331.
- [21] LOUIS M T, TIMOTHY L F, ROBERT J H, et al. The gene for fragrance in rice[J]. Plant Biotechnology Journal, 2005, 3(3):363-370.

Mapping QTLs related with rice qualities of appearance, cooking and eating using a recombinant inbred line population

CHAO Yuan FENG Fu-chun GAO Guan-jun ZHU Xue-ping HE Yu-qing

National Key Laboratory of Crop Genetic Improvement, Huazhong Agricultural University, Wuhan 430070, China

Abstract A linkage map consisted of 144 SSR (simple sequence repeat) markers was constructed based on a recombinant inbred line (RIL) population of rice from the cross between Chuanxiang 29B and Zhongguoxiangdao. Quantitative trait loci (QTLs) related with rice qualities of appearance, cooking and eating were analyzed. A total of 45 QTLs for grain length, grain width, length-width rate, chalkiness rate, amylase content and alkali spread value were identified and mapped onto the rice chromosome 1, 2, 3, 4, 6, 7, 9, 10 and 12. Nine QTLs can be repetively detected in two years. These QTLs were useful for improving the quality of Chuanxiang 29B through molecular marker-assisted selection.

Key words rice; recombinant inbred line (RIL); quality of appearance; quality of eating and cooking; quantitative trait loci (QTL)

(责任编辑:杨锦莲)