

学校编码: 10384

学号: 9915001

分类号 \_\_\_\_\_ 密级 \_\_\_\_\_

UDC \_\_\_\_\_

厦 门 大 学  
硕 士 学 位 论 文

优质早籼稻“佳辐占”外观品质性状  
的遗传学研究及 QTL 分析

Genetic Research and QTL Mapping of Appearance  
Quality Traits in *indica* Rice *Jiafuzhan*

张 凯

指导教师姓名: 周克夫 副教授

黄育民 教授

专业名称:

论文提交日期:

论文答辩时间:

学位授予日期:

答辩委员会主席: \_\_\_\_\_

评 阅 人: \_\_\_\_\_

2005 年 7 月

---

## 厦门大学学位论文原创性声明

兹提交的学位论文，是本人在导师指导下独立完成的研究成果。本人在论文写作中参考的其他个人或集体的研究成果，均在文中以明确方式标明。本人依法享有和承担由此论文而产生的权利和责任。本研究得到国家 863 研究项目资助，为 2002AA211091 课题的组成部分之一。

声明人：

年 月 日

## 摘 要

稻米的外观品质性状主要包括粒长、粒宽、长宽比、垩白率、垩白度、整精米率和透明度等。这些性状很大程度上决定了稻米产品的商品品质和市场价值。因此揭示稻米外观品质性状的基因遗传行为将有助于选育优质水稻品种。本研究的主要目的就是利用 SSR (simple sequence repeat) 分子标记技术对稻米外观品质性状进行数量性状基因座位 (quantitative traits locus, QTL) 定位, 以期获得相关性状的遗传座位, 并进一步指导分子标记辅助育种的应用研究。

本研究以历史上主栽品种广陆矮 4 号为母本, 高产优质早籼稻新品种佳辐占为父本, 构建了一个包含 435 个株系的重组自交系 (RIL)。调查 RIL 每株系的粒长、粒宽、长宽比、垩白率以及粒重性状。分析表明粒宽和粒重性状存在超亲现象; 垩白率的平均值为 62.9%, 明显偏向广陆矮 4 号; 所有性状均表现为连续分布, 属于数量性状遗传。相关性分析发现粒长、粒宽与长宽比之间存在极显著相关性, 相关系数分别为 0.7970\*\*和-0.8033\*\*; 垩白率同粒宽之间相关系数为 0.5445\*\*, 达极显著水平; 粒重与粒长、粒宽、垩白率之间相关系数分别为 0.5620\*\*、0.5071\*\*和 0.5680\*\*, 均表现为极显著水平。分析结果表明佳辐占具有长粒型和低垩白率表现, 表现为大粒优质的和谐统一。

利用 559 对 SSR 引物对双亲及群体进行遗传差异分析和连锁图谱构建。所得遗传图谱包含 127 对引物, 覆盖 1015.7cM, 平均引物间距 8cM。利用该图谱进行 QTL 分析, 共获得 8 个粒长 QTL、6 个粒宽 QTL、8 个长宽比 QTL、5 个垩白率 QTL 和 8 个粒重 QTL, 每个性状总遗传贡献率分别为 74.69%、69.27%、73.56%、47.68% 和 58.39%。3 号染色体上的 RM411 标记附近存在粒长、长宽比和粒重的 QTL, 贡献率分别为 31.72%、18.25% 和 9.78%, 佳辐占的基因型能够有效增加粒长和长宽比; 5 号染色体上 RM289-RM598 区间同时检测到粒宽、长宽比、垩白率和粒重的 QTL, 贡献率分别为 16.13%、6.19%、27.35% 和 13.20%, 佳辐占的基因型能有效增加粒长和长宽比, 降低垩白率。上述两个区间同时检测到多个性状, 且具有较大遗传贡献率, 对于分子标记辅助育种具有很高的应用价值, 同时对于基因的精细定位甚至图位克隆也具有积极的指导作用。

关键词: 水稻; 外观品质性状; 数量性状基因座位

## ABSTRACT

Rice appearance quality trait is mainly referred to grain length (GL), grain width (GW), ratio of length and width (L/W), chalkiness (CH), degree of white core (DWC), milling rice (MR) and transparenance (TR). Appearance quality trait is one of the most important elements which affect commercial values directly. Credible results on genetic research of appearance trait will be beneficial to breeding research. Recently, appearance trait research has made progress because of the improvement of molecular marker. We made attempt to obtain both genetic and Quantitative Traits locus (QTLs) information of appearance trait of elite rice Jiafuzhan by using SSR, and the result will be helpful to molecular marker-aided selection (MAS)

A RIL population derived from Guangluai 4×Jiafuzhan was constructed, the number of RIL individuals is 435. The grain of F6 is the target of our research, and the result of phenotyping investigation showed that super-parents phenomena only existed in GW and WE. The average value of CH is 62.9%, which similar to Guangluai 4. All the appearance quality traits belong to quantitative traits. Correlation analysis among appearance traits indicates that GL and L/W, GW and L/W get very significantly correlation.  $r^2$  values are 0.7970\*\* and -0.8033\*\* respectively. Correlation between CH and GW is also very significantly positive,  $r^2$  value is 0.5445\*\*. Correlations between WE and GL, WE and GW, WE and CH are all very significantly positive,  $r^2$  value is 0.5620\*\*、0.5071\*\* and 0.5680\*\* respectively. The result indicated that Jiafuzhan is high quality indica with relative high yield.

Polymorphism analysis was conducted between GuangLuAi4 and Jiafuzhan, an elite *indica* rice variety, with 559 SSR markers. 201 SSR markers are polymorphic, with a ration of 35.95% and 157 SSR were chosen to construct linkage map. The genetic map consists of 127 SSR markers, with a total length 1015.7cM and an average distance of 8 cM. 35 QTLs were detected in total, 8 for GL, 6 for GW, 8 for L/W, 5 for CH and 8 for WE, which could explain the total variance 74.69%, 69.27%, 73.56%, 47.68% and 49.62% respectively. Mapping result shows that there are 4 regions on linkage map including 25 QTLs, which are RM462-RM600 on chromosome 1, RM16-RM5475 on chromosome 3, RM169-RM440 on chromosome 5 and RM566-RM189 on chromosome 9 respectively. In these regions, the two flanks of RM411 on chromosome 3 confer the phenotypes of GL, GW, L/W and WE, which explain variance 31.72%, 13.34%, 18.25%, 13.81% respectively and could increase GL, L/W effectively. RM289-RM598 on chromosome are the loci of GW, L/W, CH and WE that explain variance 16.13%, 6.19%, 27.35%, 13.20% and could decrease GW, CH at quite high degree. The genotype from Jiafuzhan could increase GL and L/W, but decrease CH. There are many QTLs in these two loci and could explain high variance relatively.

In conclusion, we can take advantage of these two loci in rice breeding with aim to improve appearance quality trait of rice.

Key word: Rice; Appearance Quality Traits; QTL

# 目 录

中文摘要	
英文摘要	
1.前言	1
2.稻米外观品质性状的研究现状与展望	2
2.1 稻米外观品质性状及其评价标准	3
2.2 稻米外观品质性状的经典遗传学研究	4
2.2.1 稻米外观品质性状的遗传模式	4
2.2.2 稻米外观品质性状的相关性	5
2.3 稻米外观的分子遗传学分析	6
2.4 稻米外观品质性状 QTL 分析的研究现状与展望	10
2.4.1 SSR 标记在水稻性状 QTL 分析中的广泛应用	10
2.4.2 稻米外观品质性状 QTL 的研究现状	11
2.4.2 稻米外观品质性状 QTL 分析的应用与展望	13
3 本研究目标	17
4.材料与amp;方法	30
4.1 材料	30
4.2 方法	32
5.结果与分析	34
5.1 稻米外观品质性状的遗传学特性	34
5.1.1 稻米外观品质性状在群体中的表现	34
5.1.2 外观品质性状相关性	35
5.2 亲本遗传差异分析	36
5.3 遗传图谱构建	36
5.3.1 多态性引物在基因组中的分布	36
5.3.2 遗传图谱构建	37
5.4 QTL 定位	37
5.讨论	54
6.1 亲本选择的要素	54
6.2 遗传图谱的构建	55
6.3 外观品质性状 QTL 的对比分析	57
6.4 目标区域精细定位	62
6.5 大粒高产与优质的关系	63
附录：实验药品与amp;实验方法	72

# Index

<b>Abstract in Chinese</b>	
<b>Abstract in English</b>	
<b>1. Preface</b>	1
<b>2. Status and Prospect of Appearance</b>	
<b>Quality Traits of Rice</b>	2
<b>2.1 Appearance Quality Traits of Rice and Standard</b>	3
<b>2.2 Genetics Analysis of Appearance Quality Traits of Rice</b>	4
2.2.1 Genetics mode of Appearance Quality Traits of Rice	4
2.2.2 Correlation between Appearance Quality Traits of Rice	5
<b>2.3 Molecular Analysis of Appearance Quality Traits of Rice</b>	6
<b>2.4 Status and Prospect of QTL Mapping for Appearance Quality Traits of Rice</b>	10
2.4.1 Application of SSR in QTL Research of Rice	10
2.4.2 Status of QTL for Appearance Quality Traits of Rice	11
2.4.2 Application of QTL for Appearance Quality Traits of Rice Prospect	13
<b>3 Our Research objective</b>	17
<b>4. Material and Methods</b>	30
<b>4.1 Materials</b>	30
<b>4.2 Methods</b>	32
<b>5. Result and Analysis</b>	34
<b>5.1 Genetics Analysis of Appearance Quality Traits of Rice</b>	34
5.1.1 Phenotype of Appearance Quality Traits of RIL	34
5.1.2 Correlation Between Appearance Quality Traits	35
<b>5.2 Analysis of genetic Polymorphism</b>	36
<b>5.3 Linkage Map Constructing</b>	36
5.3.1 Distribution of Polymorphic SSR in genome	36
5.3.2 Linkage Map Constructing	37
<b>5.4 QTL Mapping</b>	37
<b>6. Discussion</b>	54
<b>6.1 Factor of Parents Choosing</b>	54
<b>6.2 Linkage Map Constructing</b>	55
<b>6.3 Comparison of QTL for Appearance Quality Traits</b>	57
<b>6.4 Fine Mapping in Target Region</b>	62
<b>6.5 Relationship Between High Quality and Big Seed High Yield</b>	63
<b>Appendix:</b>	
<b>Reagent and Program</b>	72

## 1 前言

我国是水稻生产和消费的大国，全国近 60% 的人口以水稻作为主要粮食来源。针对提高水稻产量的栽培技术与育种技术的研究一直是我国稻作研究的主要目标。二十世纪五十年代中国的稻作研究集中在传统水稻品种的收集、提纯、和选择育种，通过扩大良种的种植面积提高稻谷产量；六十年代全面开展水稻矮秆育种研究，通过推广矮秆水稻品种大幅度提高水稻的单位面积产量，为基本解决中国人的温饱问题作出了极大的贡献；七十年代初中国首先实现了水稻的三系配套，杂交水稻开始大面积应用于生产实践。中国稻作的单位面积产量实现了质的飞跃和提高。由于新品种的推广连续大幅提高了稻作的单产和总产，有效缓解了国家人口增长所带来的对粮食需求量增加的压力而得到推崇，所以高产育种一直引领着水稻育种的工作方向。长期的高产育种研究形成了目前我国水稻品种普遍表现高产不优质的特点。随着国家经济的发展，人民生活水平的提高和经济全球化的影响，市场经济的客观规律和人民对高品质生活的追求，使我国水稻品种的品质问题突现出来。缺乏满足消费者要求的优质稻米产品使得国外稻米产品逐步占领国内稻米市场。同时，由于品质较差使得中国的稻米产品在国际市场上缺乏竞争力。因此，加强水稻品质研究，积极采用现代科学技术培育优质水稻品种已成为目前水稻育种的主要研究方向。

稻米品质性状主要包括：营养品质性状、加工品质性状、蒸煮与食味品质性状和外观品质性状。这些性状主要从口感（蒸煮与食味品质性状）和外观表现（外观和加工品质性状）两方面影响稻米的商业品质。消费者在选择稻米商品时主要考虑的就是外观表现是否美观、食用口感是否好、营养价值是否高。在众多的品质性状中外观品质性状是消费者首要关注的性状之一，直接影响消费者对稻

米产品的第一印象。由于稻米外观品质性状的重要性，近年来科研工作者大量地开展稻米外观品质性状的研究工作，尤其是从分子水平上对控制稻米外观品质性状的遗传机制进行诠释。

大量的国内外研究表明，稻米外观品质性状均属于多基因调控的数量性状遗传。粒长、粒宽、长宽比、垩白率和粒重同时受到遗传效应和环境效应的共同影响，以遗传效应为主，其中垩白相关性状受环境效应的影响程度相对较大。粒长、粒宽、长宽比和粒重性状主要受母体加性效应的控制，显性效应也有一定影响；大部分研究结果认同垩白受三倍体胚乳基因型控制，存在加性效应和显性效应。由于分子标记在基因组中分布广泛，能够在基因水平较客观反应目标性状的表现，非常适合于全基因组分析和多基因调控数量性状的研究，故而被广泛应用于水稻的 QTL 分析中。众多对水稻外观品质性状的 QTL 分析大多得到多个位点，单个 QTL 的贡献率都较小，表现数量性状特点。但是由于采用的研究材料、分子标记和定位方法的差异，不同的研究结果所得的 QTL 数量、区间位点和贡献率方面均不尽相同，尤其是由于选用的材料在目标性状上表现不佳造成 QTL 定位结果不够全面且重复性不高。以上多种因素导致了分子标记辅助选择技术仍很难被大规模应用到稻米外观品质性状的改良工作中。

本研究选择外观品质性状表现较差的广陆矮 4 号作为母本，以本课题组培育的优质早籼稻品种佳辐占作为父本，通过杂交以及分离群体的加代构建重组自交系。利用 SSR 标记构建遗传图谱，基于该图谱进行稻米外观品质性状的全基因组 QTL 分析，从而获得“佳辐占”的优质品质性状的 QTL，以便通过分子标记辅助选择改良稻米外观品质性状。



## 2 稻米外观品质性状的研究现状与展望

目前,我国大部分生产用籼稻品种的产量都达到较高水平,但同时存在垩白率和粒长难以同时达到优质标准的情况。2001年参加福建省优质米评选的62份籼稻品种中,长宽比性状有19.4%未达部颁标准,垩白率性状有41%未达部颁标准<sup>[1]</sup>。池晓雯等(2002)对福建省的42份早籼稻材料的调查显示,其中七银占的长宽比值最大,高达4.1,但是其垩白率也达到28%<sup>[2]</sup>。罗玉坤等(2002)在全国范围进行稻米品种品质性状普查,在所有1109份材料中,属于优质品种的籼稻仅13份,且晚籼品种的外观品质性状和加工品质性状均优于早籼品种<sup>[3]</sup>。黄发松(1994)研究表明我国10个出口优质籼稻米品种长宽比为3.1—3.9,垩白率为1%—16%;同时该研究的所有目标材料千粒重均不超过17g<sup>[4]</sup>。

总结上述研究可以发现长宽比较大同时垩白率低的优质稻米品种具有较强市场竞争力。但是,培育优质早籼稻品种的难度较大,且品质性状较好的籼稻米品种的粒重普遍偏低,产量不高,导致难以实现优质与高产的有机结合。

### 2.1 稻米外观品质性状及其评价标准

稻米的外观性状,主要是指粒长(grain length, GL)、粒宽(grain width, GW)、长宽比(ratio of length and width, L/W)、垩白率(chalkiness, CH)等。

根据我国农业部颁发食用稻品种品质标准(NY/T593—2002)将籼型稻的米粒长分为三等级:长(>6.5mm)、中(6.5—5.6mm)、短(<5.6mm)。垩白是稻米胚乳中的不透明部分,是评价稻米品质优劣的重要指标之一。农业部标准(NY/T593—2002)将籼型稻的垩白率分为五个等级:1级(≤10%)、2级(11—20%)、3级(21—30%)、4级(31—60%)、5级(>60%)。根据垩白的存在位置可将垩白分为

心白、腹白和背白，而衡量稻米垩白性状时一般都采用垩白率和垩白度作为指标。垩白的存在对米饭硬度、回弹性、耐嚼性都有不同程度的影响，具有垩白的米粒透明度差、硬度较小、碾米时易断裂造成整精米率下降，影响稻米的碾米品质和外观品质，严重降低了消费者对于稻米商品感观印象。一般垩白粒率高的品种多数米粒较宽厚，粒形偏向短圆，整米率低，饭味较差，米饭粗糙。

## 2.2 稻米外观品质性状的经典遗传学研究

### 2.2.1 稻米外观品质性状的遗传模式

稻米外观品质性状包括粒长、粒宽、长宽比和垩白率以及粒重的遗传均属于多基因位点调控的数量性状遗传模式<sup>[5-11]</sup>。

粒长性状以遗传效应为主，主要受母体加性效应控制<sup>[12,13-19]</sup>。个别研究还认为除了主要受控于加性效应外，显性效应也有一定作用<sup>[20]</sup>，而冷燕等（2004）的研究显示粒长性状的遗传控制还存在上位效应<sup>[21]</sup>。

粒宽主要受母体遗传效应控制<sup>[10,12,13,19]</sup>。部分研究认为加性效应是粒宽遗传效应的主要因素<sup>[14,18,20]</sup>，也有研究认为粒宽性状以显性效应为主，且显性基因间具有减效作用<sup>[21]</sup>。石春海等（1996，1999）得到的研究结果则显示粒宽以细胞质效应为主，受制于胚乳核基因效应和环境互作效应，基因的显性效应是遗传的主要因素<sup>[15,16]</sup>。

长宽比主要受二倍体母体基因型控制，以加性效应为主<sup>[15,16,18,20,22,23]</sup>。陈建国等（1998）的研究结果表明长宽比性状的变异还受到直接加性效应和环境互作效应控制<sup>[15]</sup>，方平等（2004）的研究则认为长宽比虽是主要受到遗传效应控制，但是种子直接加性效应占遗传主效应的99%以上，且具有累加效应<sup>[23]</sup>。

关于垩白率遗传大多研究认为遗传效应起主要作用。李欣等（2000）认为垩白率的遗传方式主要决定于二倍体母体基因型<sup>[10]</sup>，

黎杰强等（2000）的研究则表明垩白性状主要受制于三倍体胚乳基因型控制，存在细胞质效应，受环境影响较大<sup>[6]</sup>，其他的一些研究结果也支持这种结论<sup>[12, 22, 24]</sup>。而吕文彦等（2002）的结果显示垩白率受制于种子和母体两套遗传体系<sup>[25]</sup>。方平等（2004）的研究显示垩白率和垩白度的遗传控制均以种子直接加性效应为主，分别占遗传效应的 72.8% 和 98.6%，两者的基因型×环境互作效应均达到 30% 以上，说明环境对垩白的影响因基因型而异<sup>[26]</sup>，廖伏明等（2000）的研究也表明垩白率以加性效应为主<sup>[22]</sup>。但是，冷燕等（2004）的研究则显示垩白率以显性效应为主，具有增效作用<sup>[21]</sup>。

粒重性状以遗传效应为主，同时存在明显的遗传×环境互作效应<sup>[27]</sup>。粒重性状的遗传由二倍体母体基因型控制<sup>[12]</sup>，其加性效应大于显性效应，是遗传的主要效应<sup>[21, 28]</sup>。封功能等（2004）在粒重 QTL 的研究中还检测到上位效应<sup>[29]</sup>。

### 2.2.2 稻米外观品质性状的相关性

关于稻米外观品质性状相关性研究的报道数量较多，大部分的结果比较一致。

稻米外观品质性状间存在密切的相互关系，一般认为长宽比与粒长呈极显著正相关，粒宽与长宽比呈极显著负相关，粒长与垩白率呈极显著负相关，而粒宽与垩白率表现极显著正相关。甄海等（1996）对性状相关性分析表明：粒长、粒宽与长宽比均表现极显著相关（ $R=0.6079^{**}$ ， $R=-0.7348^{**}$ ），垩白率与粒宽和长宽比的相关系数分别为  $0.6174^{**}$  和  $-0.4651^{**}$ ，均达到极显著相关水平<sup>[34]</sup>。

粒重性状与外观品质性状也存在紧密的关系。李仕贵等（1995）、徐建龙等（2002）及林荔辉等（2003）的研究一致认为粒重与粒长和粒宽呈极显著正相关<sup>[11, 31, 35]</sup>。李贤勇等（2003）研究表明，粒重与垩白率表现极显著正相关。李仕贵等（1996）的研究表明粒重与垩

白率显著正相关<sup>[36]</sup>，与粒形呈极显著正相关，相关系数分别为 0.2148\*和 0.2956\*\*<sup>[37]</sup>；

综上所述，粒宽的增加有助于提高粒重，但也会同时导致垩白率增加，而要获得外观表现优异的低垩白率稻米品种则可能导致粒重减小，产量降低，因而如何将大粒高产与优质外观品质性状融合在一个稻米品种中是一个现实难题。

### 2.3 稻米外观的分子遗传学分析

稻米外观品质性状 QTL 的定位研究大多得到数量较多的 QTL 位点，单个 QTL 的遗传贡献率普遍较低，这表明外观品质性状绝大多数都属于多基因调控的数量性状遗传。

林荔辉等（2003）的研究分别获得了 15 个粒长 QTL、17 个粒宽 QTL 和 16 个粒重 QTL，其中粒宽性状有一个主效遗传座位（贡献率 26.25%），粒重性状仅有一个贡献率相对较大的遗传座位（13.31%），其他 QTL 的贡献率均非常微小<sup>[11]</sup>；徐建龙等（2002）对粒重及相关性状的 QTL 分析发现粒长和粒宽各存在两个贡献率相对较大的 QTL（10%—20%），而粒重性状得到 11 个微效 QTL<sup>[35]</sup>；李泽福等（2003）对垩白率的研究中连续两年都检测到主效区间 R1962-C191B，贡献率分别为 10.4%和 28.5%，而其他位点重复性不高<sup>[38]</sup>。

综合分析上述研究可以判断，外观品质性状大多都属于多基因调控的数量性状，也可能具有效应值相对较大的主效遗传座位和多个微效遗传座位；垩白率性状可能存在 1-2 个效应较为突出的主效遗传座位；粒重性状得到的微效 QTL 相对较多，属于典型数量性状。

总结近年来众多相关研究结果发现调控稻米外观品质性状的基因位点或 QTL 区间具有覆盖面广，位点数量多，各位点贡献率相对小的特点，充分表现出外观品质性状多基因、微效性的数量性状遗

传特征。

关于粒长 QTL 的研究共获得 87 个遗传座位（次），涉及到 12 条染色体上，在 2、3、7 号染色体的分布较多，单个作图群体获得的 QTL 数量 1-15 个，平均 4.35 个，大部分 QTL 贡献率小于 10%。袁玲等（2002）和严长杰等（2003）的研究均只得到 1 个粒长 QTL，贡献率仅在 10—20% 间<sup>[39, 40]</sup>；林荔辉等（2003）报道获得 15 个粒长 QTL，是所有报道中 QTL 数量最多的，总贡献率达到 75.91%。但是，其结果没有任何一个 QTL 高于 10%，最低的 *qGL12* 仅 1.01%<sup>[11]</sup>；此外也有研究报道了贡献率极高的粒长 QTL，如 Tan 等（2000）采用珍汕 97/明恢 63 的 RIL 群体获得 4 个粒长 QTL，总贡献率 64.8%，其中位于区间 RG393-C1087 的粒长 QTL 贡献率高达 57.6%<sup>[41]</sup>；邢永忠等（2001）和何予卿等（2003）的研究采用同样组合的 RIL 群体，也在相同位点得到了类似结果，贡献率都在 60% 以上[42, 43]。根据表 1 和图 1 数据可以发现 RG393-C1087 被检测到的次数最多，同时吴长明等（2002）检测到的区间 R19-C1677 包含了该区间，贡献率为 25.8% [45]。此外汪斌等（2003）获得的粒长标记 RM156 也存在于区间 RG393-C1087 内，贡献率也达到 29.9%<sup>[46]</sup>，因而在这一区域内可能存在一个效应值较大的调控粒长的遗传座位，而在微效遗传座位的位点方面，众多研究在数量和位置上均有较大出入。

粒宽性状共获得 69 个相关遗传座位（次），分布于除 9 号染色体外的所有染色体上，1、2、5、6 号染色体上粒宽 QTL 数量较多，位点也相对较为集中。单个作图群体获得的 QTL 数量 1-17 个，平均 4.9 个，大部分 QTL 贡献率小于 10%。综合众多研究报道（表 2 和图 2）发现 5 号染色体上区间 RG360-C734 是一个非常重要的位点。Tan 等（2000）、邢永忠等（2001）和何予卿等（2003）在多年多个群体中都在该区间得到了粒宽 QTL，贡献率 41.6%—55.9%<sup>[41, 42, 43]</sup>；

林鸿宣等（1995）在两个不同组合中检测到的 QTL 区间 RG9-RG182 也在这个区域内，贡献率 21.1%<sup>[8]</sup>。汪斌等（2003）获得的粒宽 QTL 位点 RM267-RM249 与 RG360-C734 部分重叠，贡献率 29.4%<sup>[46]</sup>；此外吴长明等（2002）、徐建龙等（2002）和李泽福等（2003）在包括区间 RG360-C734 的相对较大范围内都检测到粒宽 QTL，贡献率分别为 25.8%、17.6% 和 32.5%<sup>[35, 38, 45]</sup>，因而可能在 R830-C734 区域内存在一个调控粒宽性状的主效遗传座位。

长宽比性状总共获得 56 个 QTL 座位（次），除了 8、10、11 号染色体外其他染色体上都有得到（表 3，图 3），单个作图群体获得的 QTL 数量 2-7 个，平均 4 个。综合分析显示，长宽比性状遗传座位明显集中分布在三个区域内：3 号染色体上 RZ452-C944 区域，贡献率 10.6%-36.4%<sup>[41, 42, 43, 45, 48]</sup>，尤其是区间 RG393-C1087 被多次检测到；5 号染色体上 R830-C734 区域，贡献率 7.3% -37.8%<sup>[35, 38, 41, 42, 43, 45]</sup>，其中区间 RG360-C734 不但多次被得到，且贡献率达到 26.1%-37.8%<sup>[41, 42, 43]</sup>；7 号染色体上 RG650-RM234 区域，贡献率 17.7%-26.2%<sup>[40, 45, 48]</sup>。对比不同性状的 QTL 分析结果发现第一区域和第二区域分别包括粒长性状和粒宽性状各自的主效遗传位点，在同一研究中往往粒长与长宽比或粒宽与长宽比被同时检测到；第三区域中的区间 RG711-RG650 和 R1245-R2677 也都在各自的研究中检测到粒长或粒宽性状的 QTL<sup>[45, 48]</sup>，这一分布特点说明长宽比性状在一定程度上是由粒长与粒宽性状共同作用所调控，而其他微效 QTL 在不同研究结果中一致性不高。

对于垩白性状的 QTL 分析研究并不多，总共得到 46 个垩白性状遗传座位（次），5、6、8 号染色体上 QTL 数量较多（表 4，图 4），尤其 6 号染色体上分布较集中，各遗传座位的贡献率一般不超过 20%。在同一研究中，垩白率、垩白大小和垩白度的检测结果一致性

非常高,说明可能都是由同一套遗传体系所调控。何平等(1998)将一个垩白率 QTL 定位在 8 号染色体上区间 G187-RZ66,贡献率为 21.9%,同时该位点也是垩白度 QTL<sup>[49]</sup>;曾大力等(2002)对垩白米粒的横切面、侧面和腹面的垩白面积性状进行 QTL 分析,结果其 QTL 都位于 8 号、11 号和 12 号染色体上相似的区间内,且贡献率均在 10%—20%间<sup>[51]</sup>;李泽福等(2003)连续两年的研究表明,透明度性状 QTL 在 6 号染色体 R2147-G1478 区间,贡献率为 25.2%和 19.3%,与其相邻的区间 R1962-C191B 为垩白率 QTL,两年的贡献率分别是 10.4%和 28.5%,同时这个区间也是垩白度 QTL 位点<sup>[38]</sup>;Tan 等(2000)的垩白率 QTL R1952-C226 和心白 QTL wx-R1952 也和区间 R1962-C191B 紧密相连,该研究还在分析腹白和垩白率性状时得到了同一个 QTL,位于 5 号染色体上的 RG360-C734a 区间,贡献率分别为 87.2%和 70.3%,这个 QTL 同时也在粒宽性状中被检测到,贡献率达 55.2%<sup>[41]</sup>。QTL 分析表明 5 号染色体上与粒宽主效遗传座位相近的位置上存在一个效应突出的垩白相关遗传座位,6 号染色体上 wx-R2171 间也可能存在一个垩白相关遗传座位,贡献率比较高(5.0%—28.5%),而 8 号染色体上存在一个垩白率主效遗传座位,但是相对位置不够明确。每个研究的垩白率 QTL 总贡献率均不高,说明环境因素对垩白率的影响较大。

已有的研究结果报道总共获得了 66 个粒重性状遗传座位,单个研究报道粒重 QTL 数量 1-11 个,平均 5.5 个,这些 QTL 几乎涵盖所有 12 条染色体,QTL 贡献率较小,重复性较低,充分表现出微效多基因的数量性状遗传特点。徐建龙等(2002)获得了 37 个粒重相关性状的 QTL,其中包括粒重、粒长、粒宽、粒型、粒厚、籽粒体积和籽粒容量,说明外观品质性状对粒重性状具有较大影响力<sup>[35]</sup>;林荔辉等(2003)对粒重的研究共获得 16 个 QTL 位点,覆盖 8 条染色体,

能够解释 81.42% 的遗传变异, 其中除了 *qQGW5* 和 *qGW8b* 的贡献率分别为 13.31% 和 9.51% 外, 其他 QTL 位点的贡献率均没有超过 5.2%<sup>[11]</sup>; 封功能等 (2004) 的研究则仅在 4 号和 7 号染色体上各获得一个粒重相关 QTL 区间, 总遗传贡献率不超过 30%<sup>[29]</sup>。总的看来粒重性状遗传座位比较分散, 部分结果与粒长和粒宽性状遗传座位位置比较接近。因而, 可以看出关于粒重 QTL 的分析研究往往获得较多位点, 位点贡献率普遍较低, 不同研究间的重复性不佳。

## 2.4 稻米外观品质性状 QTL 分析的研究现状与展望

### 2.4.1 SSR 标记在水稻性状 QTL 分析中的广泛应用

利用分子标记方法对外观品质性状进行 QTL 定的研究已经开展近十年, 比较常用的分子标记主要有随机扩增多态性 DNA (random amplified polymorphic DNA, RAPD)、限制性片段长度多态性 (restriction fragment length polymorphism, RFLP)、扩增片段长度多态性 (Amplified Fragment Length Polymorphism, AFLP) 和简单重复序列 (Simple Sequence Repeat, SSR)。相对其他种类, SSR 标记具有共显性、样本量少、信息量大、技术简单和成本较低的优点, 综合特性较好。因此, 近年来被广泛应用于水稻的多方面研究中, 如遗传差异分析<sup>[52-58]</sup>、杂种优势分析和种质鉴定<sup>[59-61]</sup>。尤其是近年来大量研究采用 SSR 技术对三方面性状进行 QTL 分析:

(1) 抗病虫害及抗逆性方面, 如针对抗白叶枯病基因的定位<sup>[62, 63]</sup>及抗旱性 QTL 的定位<sup>[64]</sup>, 詹庆才等 (2005) 还应用 SSR 标记在三种条件下定位到 11 个耐冷基因 QTL<sup>[65]</sup>;

(2) 育性及育性恢复性, 谭亚玲等 (2004) 将一个贡献率 83.2% 的育性恢复基因定位到 OSR33-RM228 区间内<sup>[61]</sup>, 此外还有何光华等 (2002) 和严长杰等 (2003) 较多相关的研究<sup>[59, 66]</sup>;

(3) 农艺性状和品质性状, 包括邓晓建等 (2001) 关于完全显



Degree papers are in the "[Xiamen University Electronic Theses and Dissertations Database](#)". Full texts are available in the following ways:

1. If your library is a CALIS member libraries, please log on <http://etd.calis.edu.cn/> and submit requests online, or consult the interlibrary loan department in your library.
2. For users of non-CALIS member libraries, please mail to [etd@xmu.edu.cn](mailto:etd@xmu.edu.cn) for delivery details.

厦门大学博硕士论文摘要库