

分子植物育种 2011 年 第 9 卷 第 5 期 第 547-553 页
Molecular Plant Breeding, 2011, Vol.9, No.5, 547-553

研究报告

A Letter

稻米垩白和粒形的主效 QTL 定位分析

王情英 江良荣 郑景生 黄荣裕 王侯聪 黄育民*

厦门大学生命科学学院, 厦门, 361005

* 通讯作者, hym@xmu.edu.cn

摘要 本研究用珍佳 B (佳辐占 / 珍汕 97B // 珍汕 97B 的回交重组自交系 F_{11} , 即 BC_1F_{11}) × 珍汕 97B 的 F_2 群体, 对稻米粒长、粒宽、长宽比、粒厚和垩白粒率性状进行遗传分析与 QTL 定位。结果表明, 粒宽、长宽比、粒厚和垩白粒率均属于由多基因控制的数量性状, 而粒长受一个主效基因控制。共检测到 13 个控制糙米粒长、粒宽、长宽比、粒厚和垩白粒率的 QTLs。其中, 在第 3 号染色体着丝粒附近 RM16-RM411 区间同时控制粒长、粒宽、长宽比和粒厚性状, 遗传贡献率分别为 49.8%、12.6%、39.3% 和 5.3%; 在第 5 号染色体着丝粒附近 RM7118-RM3683 区间同时控制垩白粒率、粒宽、长宽比和粒厚性状, 遗传贡献率分别为 43.9%、44.5%、28.0% 和 15.0%; 同时, 在 RM169-RM289 区间也同时控制垩白粒率、粒宽、长宽比和粒厚性状, 但各性状的遗传贡献率均较 RM7118-RM3683 区间的小。

关键词 水稻, 数量性状基因座位, 外观品质, 垩白, 粒形

Major QTLs Mapping and Analysis for Rice Grain Chalkiness and Grain Shape Traits

Wang Qingying Jiang Liangrong Zheng Jingsheng Huang Rongyu Wang Houcong Huang Yumin*

School of Life Sciences, Xiamen University, Xiamen, 361005

* Corresponding author, hym@xmu.edu.cn

DOI: 10.3969/mpb.009.000547

Abstract The F_2 population was derived from the cross ZS97B (Zhenshan97B) × ZJB (ZhenjiaB) which was the backcross recombinant inbred line from Jiafuzhan × ZS97B. Based on the F_2 population, the genetic analysis and QTL mapping of grain appearance quality traits, included grain length, grain width, grain shape (grain length-width ratio), grain thickness and PGWC (percentage of grain with chalkiness), was conducted. Grain width, grain shape, grain thickness and PGWC, belonged to the quantitative trait inheritance. But grain length showed the polygenic inheritance with a major gene. 13 QTL associated with grain appearance quality traits were detected in this study. RM16-RM411 located in the pericentromeric region of rice chromosome 3 could explain 49.8%, 39.3%, 12.6%, 5.3% of the phenotypic variation, respectively, for grain length, grain shape, grain width and grain thickness. RM7118-RM3683 located in the centromeric region of rice chromosome 5 was associated with PVE (phenotypic variation explained) of 43.9%, 44.5%, 28.0% and 15.0%, respectively, for PGWC, grain width, grain thickness and grain shape. In addition, another pleiotropic QTL located between RM169 and RM289 on rice chromosome 5 was associated with less PVE for PGWC, grain width, grain thickness and grain shape than RM7118-RM3683.

Keywords Rice (*Oryza sativa* L.), QTL (quantitative trait locus), Appearance quality, Chalkiness, Grain shape

水稻生产对中国乃至世界的粮食安全及社会经济稳定发展, 具有举足轻重的作用。联合国粮食与农业组织估计, 到 2050 年稻米的需求量将达到 5.24×10^8 t, 也就意味着按照目前的生产水平, 水稻生产量必须以每年 2.0×10^6 t 的增速才能满足需求 (Jeon et al., 2011)。同时, 随着人们生活水平的不断

基金项目 本研究由福建省科技创新平台建设项目(2007N2005)、福建省科技重大专项(2008NZ0001)、福建省自然科学基金项目(2011J01249)、中央高校基本科研业务费专项资金(2010121088)和厦门市科技计划项目(3502Z20083003)共同资助

提高,消费者对稻米品质的要求越来越高,且国际稻米市场的竞争日趋激烈,水稻生产也由片面追求高产发展到高产优质并重。高产和优质并重已成为水稻育种工作者必须关注的课题,也是水稻育种工作的重点和难点。

稻米的外观品质性状是稻米商品性优劣的直接体现,而且影响稻米的加工、蒸煮食味品质等,对稻米的商品价值有极大地影响(江良荣等, 2003)。另一方面,稻米的外观品质性状与水稻的产量性状密切相关,如粒重性状就是稻谷粒形各性状(粒长, 粒宽, 长宽比和粒厚)的综合体现。从分子水平研究结果看出,很多控制稻米外观品质性状的基因同时也控制产量性状,如粒长粒重主效控制基因 *GS3* (Fan et al., 2006; Noriko et al., 2009; Mao et al., 2010)、粒宽和粒重主效控制基因 *GW2* (Song et al., 2007)和 *GW5* (Weng et al., 2008; Wan et al., 2008)、小圆粒种子基因 *srs-3* (Tanabe et al., 2007; Kitagawa et al., 2010)、对粒长、粒宽、粒厚、千粒重和结实率均有影响的 *qGL7* (Bai et al., 2010)等。

近年的研究已获得大量稻米外观品质性状的 QTLs。粒长 QTLs 达 110 个,以第 3、第 2、第 1 和第 10 号染色体上最多,粒宽 QTLs 达 91 个,以第 5、第 2、第 3 和第 1 号染色体上最多,长宽比 QTLs 达 67 个,主要位于第 3、第 5、第 2 和第 1 号染色体,粒厚

QTLs 达 61 个,主要位于第 3、第 2、第 1 和第 5 号染色体,垩白 QTLs 达 80 个,主要分布在第 6、第 5、第 3 和第 8 号染色体。总结分析发现在某些染色体上同一区域的 QTL 能在不同环境和群体中重复检测到,有些贡献率较大,有时单个 QTL 对多个性状有效应。在后来的研究中往往发现这些 QTL 往往是某个性状的主效基因,并且克隆获得了基因,如 *GS3* (Fan et al., 2006)、*GW5* (Weng et al., 2008; Wan et al., 2008)、*qGL7* (Bai et al., 2010)。

本研究应用 SSR (simple sequence repeats)分子标记技术对控制稻米粒长(GL, grain length)、粒宽(GW, grain width)、长宽比(GS, grain shape)、粒厚(GT, grain thickness)和垩白粒率(PGWC, percentage of grain with chalkiness)的外观品质性状基因进行遗传分析与 QTL (quantitative trait locus)定位,以期获得稻米粒形及垩白性状的主效 QTLs,为进一步构建这些主效基因的基因片段代换系,继而精细定位与克隆相关基因提供准备条件。

1 结果与分析

1.1 稻米外观品质性状的表型分析

对亲本珍佳 B 和珍汕 97B 及其杂交后代 F_1 、 F_2 群体的糙米粒长、粒宽、长宽比、粒厚和垩白粒率进行表型分析(表 1)。结果表明,珍佳 B 和珍汕 97B 双

表 1 珍佳 B/ 珍汕 97B 群体糙米外观品质性状表现

Table 1 The phenotype of appearance quality traits for the brown rice of ZJB/ZS97B population

材料	粒长(mm)	粒宽(mm)	长宽比	粒厚(mm)	垩白粒率(%)
Materials	GL (mm)	GW (mm)	GS	GT (mm)	PGWC (%)
珍佳 B (♀)	7.12	2.07	3.44	1.759	1.5
ZhenjiaB (♀)					
珍汕 97B (♂)	6.10	2.68	2.28	1.853	97.5
Zhenshan97B (♂)					
F_1	6.70	2.48	2.70	1.877	63.0
F_2					
最小值	6.10	2.13	2.38	1.643	1.0
Min					
最大值	7.50	2.70	3.26	1.895	100.0
Max					
均值	6.70	2.43	2.77	1.776	67.0
Mean					
中亲值	6.61	2.375	2.86	1.806	49.5
MP					
标准差	0.273	0.107	0.191	0.043	28.727
S.D.					
方差	0.075	0.011	0.037	0.002	825.218
Variance					
峰度	0.013	-0.566	-0.388	-0.145	-0.699
Kurtosis					
偏度	0.591	-0.052	0.436	-0.003	-0.680
Skewness					

亲间糙米粒长、粒宽、长宽比、粒厚和垩白粒率的差异较大。F₁ 代糙米的粒长、粒宽、长宽比和垩白粒率均介于双亲之间,而粒厚略显杂种优势。在 F₂ 分离群体的糙米外观品质性状中,粒长和粒宽有高值超亲优势,长宽比无超亲优势,粒厚和垩白粒率具有双向超亲优势。糙米外观品质各性状都表现为连续的变异(图 1),其中粒长表现出明显的双峰分布,表明粒长可能受一个主效基因影响,而粒宽、长宽比、粒厚和垩白粒率均属于典型的多基因控制的数量性状。

1.2 稻米外观品质性状的 QTL 定位

应用 SSR 分子标记技术对珍佳 B/ 珍汕 97B F₂ 群体的糙米粒长、粒宽、长宽比、粒厚和垩白粒率进行 QTL 定位,获得控制糙米粒长、粒宽、长宽比、粒厚和垩白粒率的 QTL 共 13 个(表 2),分布在第 2、第 3 和第 5 号染色体上(图 2)。

在第 2 号染色体的 RM208-RM530 和第 3 号染色体近着丝粒区域的 RM16-RM41 区间个各检测到 1 个控制粒长的 QTL,即 *qGL2* 和 *qGL3*,贡献率分别为 11.2%和 49.8%,其粒长增加的效应均来自珍佳 B。

在第 3 号染色体近着丝粒区域的 RM16-RM411 区间和第 5 号染色体近着丝粒区域的 RM7118-RM-3683、RM169-RM289 区间,都定位到同时控制粒宽、长宽比和粒厚的 QTL,但它们的贡献率却各不相同。3 个粒宽 QTLs (*qGW3*, *qGW5a* 和 *qGW5b*)和 2 个粒厚 QTLs (*qGT5a* 和 *qGT5b*)的增加效应均来自珍汕 97B,3 个长宽比 QTLs (*qGS3*, *qGS5a* 和 *qGS5b*)和 1 个粒厚 QTL (*qGT3*)的增加效应均来自珍佳 B。

第 5 号染色体近着丝粒区域的 RM7118-RM3683 和 RM169-RM289 区间,各定位到控制 1 个控制垩白粒率的 QTL,即 *qPGWC5a* 和 *qPGWC5b*,分别可解释垩白粒率 43.9%和 37.0%的表型变异,其加性效应值均较大,其垩白增加效应均来自于珍汕 97B。

根据定位到的稻米外观品质性状各 QTL 能够解释的表型变异大小(即贡献率)推测, RM16-RM411 区间存在控制粒长和长宽比的主效 QTL,同时对粒宽和粒厚具有微效作用; RM7118-RM3683 和 RM169-RM289 区间可能存在控制粒宽和垩白粒率的主效 QTL,同时对长宽比和粒厚具有微效作用。说明这 3 个区间均存在一因多效 QTL,能够较好地解析稻米外观品质各性状间呈极显著的相关关系,为优质稻育种提供良好的分子基础。

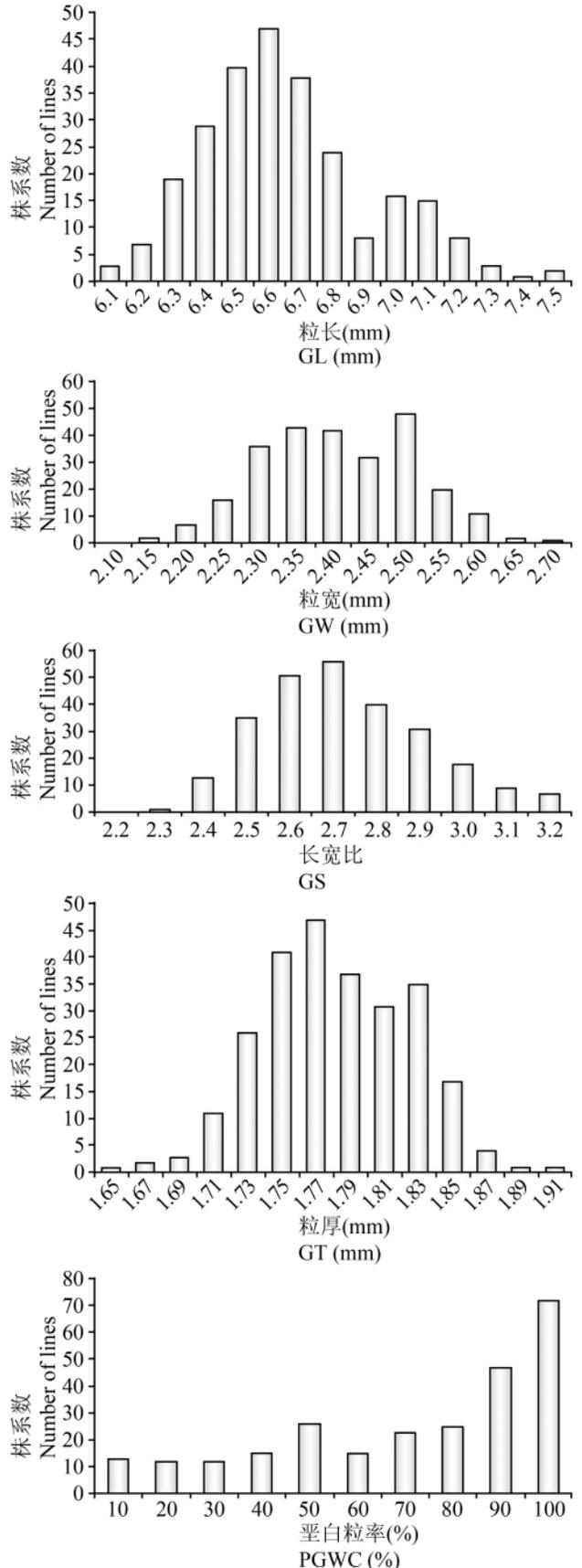


图 1 珍佳 B/ 珍汕 97B F₂ 群体糙米外观品质性状的分布
Figure 1 Distribution of appearance quality traits for the brown rice of ZJB/ZS97B F₂ population

表 2 珍佳 B/ 珍汕 97B F₂ 群体稻米外观品质性状的 QTL 定位结果
Table 2 QTL of grain appearance quality traits for ZJB/ZS97B F₂ population

性状 Trait	基因座 QTL	染色体 Chrom.	区间 Interval	LOD 值 LOD Score	加性效应 Additive	贡献率(%) PVE (%)
粒长 GL	<i>qGL2</i>	2	RM208-RM530	3.22	-0.092 1	11.2
粒宽 GW	<i>qGL3</i>	3	RM16-RM411	34.46	-0.265 1	49.8
长宽比 GS	<i>qGW3</i>	3	RM16-RM411	7.54	0.049 0	12.6
粒厚 GT	<i>qGW5a</i>	5	RM7118-RM3683	30.91	0.101 2	44.5
	<i>qGW5b</i>	5	RM169-RM289	24.34	0.090 1	34.1
垩白粒率 PGWC	<i>qGS3</i>	3	RM16-RM411	28.16	-0.161 0	39.3
	<i>qGS5a</i>	5	RM7118-RM3683	18.06	-0.139 3	28.0
粒厚 GT	<i>qGS5b</i>	5	RM169-RM289	11.89	-0.122 1	22.2
	<i>qGT3</i>	3	RM16-RM411	2.88	-0.145 4	5.3
粒厚 GT	<i>qGT5a</i>	5	RM7118-RM3683	7.71	0.242 7	15.0
	<i>qGT5b</i>	5	RM169-RM289	6.16	0.210 4	11.3
垩白粒率 PGWC	<i>qPGWC5a</i>	5	RM7118-RM3683	27.88	27.907 0	43.9
	<i>qPGWC5b</i>	5	RM169-RM289	25.26	25.162 0	37.0

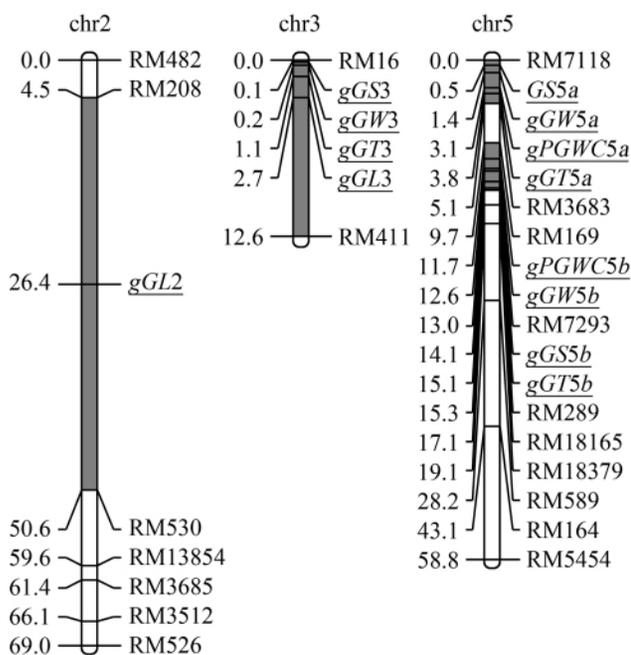


图 2 珍佳 B/ 珍汕 97B F₂ 群体中检测到的稻米外观品质性状 QTL

Figure 2 QTL of grain appearance quality traits based on ZJB/ZS97B F₂ population

2 讨论

2.1 第 5 号染色体上主效 QTL

本研究在第 5 号染色体的短臂近着丝粒区域 RM7118-RM3683 和 RM169-RM289 检测到一因多效的 QTL,对垩白粒率、粒宽、长宽比和粒厚都有效应。张志勇(2008)的研究也结果表明, RM169-RM289

区间含有粒重和长宽比的 QTL。此外,杨亚春等(2011)在此区段也检测到了一个多效 QTL,位于 RM267-RM18142 区间,对垩白大小、垩白度、粒长和粒宽都有效应,其中对垩白大小和垩白度的贡献率都超过为 30%。

GW5 是粒宽和粒重的主效控制基因,也位于水稻第 5 号染色体短臂着丝粒附近,对应于 9311 测序图谱的位置(5'-3')在 5727083-5727339 区间(www.gramene.org)。通过比较分析, RM7118-RM3683 和 RM169-RM289 对应于 9311 测序图谱的位置(5'-3')分别在 6005524-7091628 区间和 7397690-7807745 区间,约为 3.9 cM 和 1.5 cM (1 cM ≈ 280 kb)。初步推测 RM7118-RM3683 很可能是一个新的垩白粒率和粒宽主效 QTL,同时对长宽比和粒厚有微弱作用。

为了进一步验证垩白粒率和粒宽主效 QTL (RM7118-RM3683)与 *GW5* 的关系,我们正在针对此目标区段进行佳辐占、珍佳 B 和珍汕 97B 的基因组测序工作,以期尽快揭示两者的内在关系。两个主效 QTL (RM7118-RM3683 与 RM169-RM289)相距较近,我们将通过构建基因代换系来分离这两个主效 QTL,以进一步确认主效 QTL 的存在。

2.2 第 3 号染色体主效 QTL

本研究发现,靠近第 3 号染色体着丝粒附近的区间 RM16-RM411 是控制粒长、粒宽、长宽比和粒厚性状的共同位点,此位点对粒长和长宽比的效应较大,而对粒宽和粒厚的效应较小。研究也发现 RM16-RM411 区间同时控制抽穗期、直链淀粉含

量、粒宽和长宽比,但各性状的贡献率都较小(Yoon et al., 2006)。

第 3 号染色体着丝粒区域是一个热点区域,如控制糙米长宽比位点 RZ403-R19 (Tan et al., 2000) 和控制精米长宽比的位点 C1087-RZ403 (Tan et al., 2000) 处于此区域,粒重基因 *gw3.1* (Li et al., 2004)、对粒长粒宽和粒厚都有调控作用的 *qgs3* (张分云, 2010)、粒长 QTL *gl-3* (曾瑞珍等, 2006)、控制垩白粒率的 *qPGWC3* (RM6832-RM411) (黎毛毛等, 2009) 都位于第 3 号染色体着丝粒附近。

本研究粒长和长宽比主效 QTL (RM16-RM411) 位于第 3 号染色体着丝粒附近, *GS3* 也位于第 3 号染色体着丝粒附近,也是一因多效位点,既是控制水稻粒重和粒长的主效 QTL,又是控制水稻粒宽、粒厚和籽粒充实度的微效 QTL。但由于本研究粒长长宽比主效 QTL 所处的位点不是很精准,因此粒长与长宽比主效 QTL 与粒长粒重基因 *GS3* 的关系有待进一步的确定和验证。

2.3 一因多效基因和 QTL 热点区域

本研究在 RM16-RM411、RM7118-RM3683 和 RM169-RM289 区间均检测到一因多效的主效 QTL,水稻 QTL 研究的很多研究结果也已经证实,同一性状在不同的染色体上有多个 QTL 定位结果,同时同一染色体区段也可能定位到控制多个性状的 QTL,即一个基因具有一因多效作用。如微效 QTL *qGL7* 对粒长、粒宽、粒厚、千粒重和每穗结实率均有影响, *GW2* 的等位基因能显著地增加粒宽和千粒重,从而增加单株产量,同时也能增加每株穗数、延长生育期,并显著地降低每穗粒数和主穗长度;主效 QTL *Ghd7* (Xue et al., 2008) 同时控制水稻每穗粒数、株高和抽穗期 3 个性状, *GS3* 对水稻粒重和粒长有主效作用,同时对粒宽和籽粒充实度有微效作用, *Ghd8* (Yan et al., 2011) 能够同时影响水稻籽粒产量、抽穗期和株高。

根据目前的 QTL 定位结果分析,水稻染色体的某些区域在不同的遗传背景和条件下均能被检测到,这些出现频率较高的染色体区段或染色体即为 QTL 热点区域,它反应出相关基因的表达强度较大且受环境的影响较小。而在进行某个性状的 QTL 定位时,该性状 QTL 定位在热点区域的可能性也较大,例如很多粒形相关的 QTL 定位于第 3 号染色体的近着丝粒附近。水稻全基因组的测序结果也表明,水稻染色体上存在基因的富集和匮乏区域,基因的

排列并非随机而无序。

如果深入了解基因的一因多效机理以及不同性状 QTL 簇的存在形式,将给多性状的同步改良或分子标记辅助选择提供良好的途径,例如籼稻品质改良,减少垩白而增加粒长,在提高稻米品质的同时保证粒重的平稳,从而培育出优质高产的新品种。所以,如何在优质与高产间找到平衡,或者兼顾优质高产稳产,也许可以从一因多效关键基因的挖掘和 QTL 热点区域的剖析中找到答案。

3 材料与方法

3.1 供试材料

以佳辐占作为稻米优质基因供体构建的珍佳 B (佳辐占 / 珍汕 97B // 珍汕 97B 的回交重组自交系 F_{11} , 即 BC_1F_{11}) 与珍汕 97B 杂交,建立包含 261 个株系的 F_2 分离群体。 F_2 群体各株系及其亲本于 2009 年早季种植于厦门大学现代农业科研与教学基地,每行种植 8 株,株行距为 20 cm × 20 cm,单本插。田间管理同一般大田管理。

3.2 稻米外观品质性状调查及各性状间的相关性分析

成熟时收获晒干亲本及各株系的稻谷,用浙江台州市粮仪厂生产的检验砻谷机 (JLG4.5) 把谷子碾成糙米,对糙米进行表型鉴定。随机取 10 粒发育正常、结实饱满的糙米,纵向或横向排列,不重叠,无空隙,然后用直尺测量长度,重复三次,取平均值得到粒长或粒宽,粒长均值与粒宽均值的比值即长宽比;随机选取 10 粒发育正常、结实饱满的糙米,有胚的一面朝外,用数显式游标卡尺量出每粒糙米的厚度,精确到 0.01 mm,重复一次,取其平均值得到粒厚。随机选取 100 粒发育正常、结实饱满的糙米,放在自制的稻米垩白测定仪上,在光照下用肉眼逐粒观察,挑出有垩白的米粒并计数,重复一次,取其平均值,计算垩白粒率百分数。

应用 SPSS 17.0 版统计软件对稻米外观品质性状数据进行数理统计分析,并计算各性状间的相关系数。

3.3 SSR 分析及 QTL 定位

在各试验材料移栽后的分蘖期,分别剪取亲本及群体各株系的幼嫩叶片 2~3 片于密封袋后,立即放入冰盒,带回实验室保存于 -20℃ 冰柜或超低温冰箱用于 DNA 提取, DNA 提取参考王珍和方宣钧 (2003) 方法。

本研究共用 556 对 SSR 标记对珍佳 B 和珍汕

97B 进行亲本间多态性筛选,用筛选出的 SSR 多态性标记对 F₂ 群体各株系进行基因型检测,并记录带型。PCR 反应程序为 94℃ 5 min 94℃ 30 s 55℃ 40 s 72℃ 1 min 35 个循环 72℃ 10 min。PCR 反应体系 ddH₂O 10.35~10.05 μL 模板 DNA 1.5 μL; 引物 10 μmol/L 0.3~0.6 μL; 10× PCR Buffer 1.5 μL; dNTPs 2.5 mmol/L 1.2 μL Taq 酶 5 U/μL 0.15 μL; 总体积 15 μL。PCR 扩增产物采用 6% 非变性聚丙烯酰胺凝胶电泳和银染法染色,参考郑景生和吕蓓(2003)方法。

根据 F₂ 群体各株系的 SSR 标记扩增带型结果,用 Mapmaker/EXP3.0 软件构建遗传连锁图谱,然后利用 F₂ 群体的稻米外观品质性状表型数据和构建的遗传连锁图谱数据,用 Mapmaker/QTL1.1 软件定位控制糙米粒长、粒宽、长宽比、粒厚和垩白性状的 QTL,并估算各 QTL 的效应和贡献率。

参考文献

- Bai X.F., Luo L.J., Yan W.H., Mallikarjuna R.K., Zhan W., and Xing Y.Z., 2010, Genetic dissection of rice grain shape using a recombinant inbred line population derived from two contrasting parents and fine mapping a pleiotropic quantitative trait locus qGL7, *BMC Genetics*, 11: 16 (<http://www.BioMedcentral.Com/1471-2156/11/16>)
- Fan C.C., Xing Y.Z., Mao H.L., Lu T.T., Han B., Xu C.G., Li X.G., and Zhang Q.F., 2006, GS3, a major QTL for grain length and weight and minor QTL for grain width and thickness in rice, encodes a putative transmembrane protein, *Theor. Appl. Genet.*, 112(6): 1164-1171
- Jeon J.S., Jung K.H., Kim H.B., Suh J.P., and Khush G.S., 2011, Genetic and molecular insights into the enhancement of rice yield potential, *Journal of Plant Biology*, 54(1): 1-9
- Jiang L.R., Li Y.Z., Wang H.C., and Huang Y.M., 2003, Research progresses on appearance quality of rice grain and strategies for its molecular improvement, *Fenzi Zhiwu Yuzhong (Molecular Plant Breeding)*, 1(2): 243-255 (江良荣, 李义珍, 王侯聪, 黄育民, 2003, 稻米外观品质的研究进展与分子改良策略, *分子植物育种*, 1(2): 243-255)
- Kitagawa K., Kurinami S., Oki K., Abe Y., Ando T., Kono I., Yano M., Kitano H., and Iwasaki Y., 2010, A novel kinesin 13 protein regulating rice seed length, *Plant and Cell Physiology*, 51(8): 1315-1329
- Li J.M., Thomson M., and McCouch S.R., 2004, Fine mapping of a grain-weight quantitative trait locus in the pericentromeric region of rice chromosome 3, *Genetics*, 168(4): 2187-2195
- Li M.M., Xu L., Ren J.F., Cao G.L., Yu L.Q., Koh H.J., He H.H., and Han L.Z., 2009, Detection of quantitative trait loci for chalky traits in japonica rice, *Zhongguo Shuidao Kexue (Chinese Journal of Rice Science)*, 23(4): 371-376 (黎毛毛, 徐磊, 任军芳, 曹桂兰, 余丽琴, 高熙宗, 贺浩华, 韩龙植, 2009, 粳稻垩白性状的 QTL 检测, *中国水稻科学*, 23(4): 371-376)
- Mao H.L., Sun S.Y., Yao J.L., Wang C.R., Yu S.B., Xu C.G., Li X.H., and Zhang Q.F., 2010, Linking differential domain functions of the GS3 protein to natural variation of grain size in rice, *Proc. Natl. Acad. Sci., USA*, 107(45): 19579-19584
- Noriko T.K., Hui J., Takahiko K., Megan S., Takashi M., Hiroyuki K., Badri P., Carlos B., Atsushi Y., Kazuyuki D., and Susan M.C., 2009, Evolutionary history of GS3, a gene conferring grain length in rice, *Genetics*, 182(4): 1323-1334
- Song X.J., Huang W., Shi M., Zhu Z.M., and Lin H.X., 2007, A QTL for rice grain width and weight encodes a previously unknown RING-type E3 ubiquitin ligase, *Nature Genetics*, 39(5): 623-630
- Tanabe S., Kurinami S., Ashikari M., Kitano H., and Iwasaki Y., 2007, Mapping of small and round seed 3 gene in rice, *Rice Genetics Newsletters*, 23: 56-58
- Tan Y.F., Xing Y.Z., Li J.X., Yu S.B., Xu C.G., and Zhang Q.F., 2000, Genetic bases of appearance quality of rice grains in Shanyou 63, an elite rice hybrid, *Theor. Appl. Genet.*, 101: 823-829
- Wang Z., and Fang X.J., 2003, Plant DNA isolation, *Fenzi Zhiwu Yuzhong (Molecular Plant Breeding)*, 1(2): 281-288 (王珍, 方宣钧, 2003, 植物 DNA 分离, *分子植物育种*, 1(2): 281-288)
- Wan X.Y., Weng J.F., Zhai H.Q., Wang J.K., Lei C.L., Liu X.L., Guo T., Jiang L., Su N., and Wan J.M., 2008, Quantitative trait loci (QTL) analysis for rice grain width and fine mapping of an identified QTL allele gw-5 in a recombination hotspot region on chromosome 5, *Genetics*, 179(4): 2239-2252
- Weng J.F., Gu S.H., Wan X.Y., Gao T., Guo T., Su N., Lei C.L., Zhang X., Cheng Z.J., Guo X.P., Wang J.L., Jiang L., Zhai H.Q., and Wan J.M., 2008, Isolation and initial characterization of GW5, a major QTL associated with rice grain width and weight, *Cell Research*, 18(12): 1199-1209
- Xue W.Y., Xing Y.Z., Weng X.Y., Zhao Y., Tang W.J., Wang L., Zhou H.J., Yu S.B., Xu C.G., Li X.H., and Zhang Q.F., 2008, Natural variation in Ghd7 is an important regulator of heading date and yield potential in rice, *Nature Genetics*, 40(6): 761-767
- Yang Y.C., Ni D.H., Song F.S., Li Z.F., Yi C.X., and Yang J.B., 2011, Identification of QTLs for rice appearance quality traits across different ecological sites, *Zhongguo Shuidao Kexue (Chinese Journal of Rice Science)*, 25(1): 43-51 (杨亚春, 倪大虎, 宋丰顺, 李泽福, 易成新, 杨剑波, 2011, 不同生态地点下稻米外观品质性状的 QTL 定位分析, *中国*

水稻科学, 25(1): 43-51)

Yan W.B., Wang P., Chen H.X., Zhou H.J., Li Q.P., Wang C.R., Ding Z.H., Zhang Y.S., Yu S.B., Xing Y.Z., and Zhang Q.F., 2011, A major QTL, *Ghd8*, plays pleiotropic roles in regulating grain productivity, plant height, and heading date in rice, *Molecular Plant*, 4(2): 319-330

Yoon D.B., Kang K.H., Kim H.J., Ju H.G., Kwon S.J., Suh J.P., Jeong O.Y., Ahn S.N., and 2006, Mapping quantitative trait loci for yield components and morphological traits in an advanced backcross population between *Oryza grandiglumis* and the *O. sativa japonica* cultivar Hwaseongbyeol, *Theor. Appl. Genet.*, 112(6): 1052-1062

Zeng R.Z., Talukdar A., Liu F., and Zhang G.Q., 2006, Mapping of the QTLs for grain shape using single segment substitution lines in rice, *Zhongguo Nongye Kexue (Scientia Agricultura Sinica)*, 39(4): 647-654 (曾瑞珍, Akshay TALUKDAR, 刘芳, 张桂权, 2006, 利用单片段代换系定位水稻粒形 QTL,

中国农业科学, 39(4): 647-654)

Zhang F.Y., 2010, Mapping of QTL associated with grain shape and grain weight in a large grain rice variety, Tedaxian, Thesis for M.S., College of Agriculture, Hunan Agricultural University, Supervisor: Chen L.Y., pp.23-25) (张分云, 2010, 水稻大粒品种“特大粳”的粒型和粒重 QTL 定位, 硕士学位论文, 湖南农业大学农学院, 导师: 陈立云, pp.23-25)

Zhang Z.Y., 2008, Mapping of major QTL for grain shape and weight traits in rice (*Oryza sativa* L.), Thesis for M.S., School of Life Science, Xiamen university, Supervisor: Huang Y.M., pp.35-40) (张志勇, 2008, 水稻粒型和粒重性状的主效 QTL 定位研究, 硕士学位论文, 厦门大学生命科学学院, 导师: 黄育民, pp.35-40)

Zheng J.S., and Lv B., 2003, PCR technique and its practical methods, *Fenzi Zhiwu Yuzhong (Molecular Plant Breeding)*, 1(3): 381-394 (郑景生, 吕蓓, 2003, PCR 技术及实用方法, 分子植物育种, 1(3): 381-394)

欢迎订阅 2012 年《中国草地学报》

《中国草地学报》是由中国农业科学院草原研究所和中国草学会共同主办的国家级草学学术期刊, 内容以草学基础理论研究和应用理论研究为主, 兼纳高新技术研究和直接产生生态效益、经济效益的开发性研究, 主要包括草地学、草原学、牧草学和草坪学等学科领域内有关草地与牧草资源、草地经营管理与改良利用、牧草遗传育种与引种栽培、牧草生理生化、草地建设与生态保护、草地生产与饲草料加工调制、草坪绿地、草业经济与可持续发展战略等。栏目主要有“研究报告”、“专题报告”、“综述与专论”、“研究简报”。读者对象为从事草业科研、教学、生产和管理的专家、学者、院校师生、领导及业内中高级科技人员, 也适合农学、畜牧学、林学、环境科学、地理科学等相关领域的科技人员阅读参考。

本刊为中国草学领域影响最大的专业期刊之一, 现为全国中文核心期刊、中国科技核心期刊、RCCSE 中国核心学术期刊、中国农业核心期刊、《中国科学引文数据库》来源期刊和全国优秀农业期刊, 并被《中国核心期刊(遴选)数据库》、《万方数据—数字化期刊群》、《中文电子期刊资料服务库》、《中国科技论文与引文数据库》、《中国学术期刊综合评价数据库》、《中国期刊全文数据库》、《中国学术期刊(光盘版)》、《中国期刊网》、《中国知网》、《中国生物学文献数据库》和《中国生物学文摘》等多种数据库及二次文献收录。2008 年影响因子已达 1.0 以上, 并进入到中国科技期刊 CSCD 影响因子 300 名排行表。据 2010 年版中国学术期刊影响因子年报, 2009 年本刊总被引频次为 3798, 复合影响因子为 1.535。双月刊, 大 16 开 A4 版本, 内文 120 页, 国内外公开发行, 每期定价 15.00 元, 全年共 90.00 元。国内统一刊号 CN15-1344/S, 国内邮发代号 16-32, 全国各地邮局(所)均可订阅, 错过订期可直接向本刊编辑部(010010 内蒙古呼和浩特市赛罕区乌兰察布东街 120 号)补订。

联系电话: 0471-4928361(办公室) 0471-4926880(总编室) 电子邮箱: zgcdxb@126.com