

利用 DH 群体分析水稻产量与蒸煮品质的遗传相关性

严长杰¹ 陈峰² 严松¹ 张正球¹ 汤述翥¹ 李欣¹ 顾铭洪^{1,*}

(¹教育部植物功能基因组学重点实验室/江苏省作物遗传生理重点实验室/扬州大学农学院, 江苏扬州 225009; ²山东省水稻研究所, 山东济宁 272177)

摘要:以梗稻农垦 57 和武运 8 号杂交衍生的 DH 群体为试材, 分析了各株系产量和蒸煮品质之间的关系。结果表明, 在 DH 群体中有效穗数、每穗粒数、着粒密度、单株产量与 PKV、HPV、BDV、CPV、SBV、CSV 显著或极显著相关, 而其他产量性状与品质指标间没有显著的相关关系。利用在亲本间表现多态性的 60 个 SSR 标记分析了 DH 群体各株系的基因型, 单标记分析和复合区间作图结果显示, 第 7 染色体上 RM234 ~ RM505 区间内存在同时控制单株产量、PKV、HPV 和 CPV 的 QTL, 在第 6 染色体的 RM454 ~ RM162 同时存在控制着粒密度、BDV、SBV 的 QTL。没有发现共同控制单株产量和最能反映蒸煮品质的 BDV 和 SBV 的相关 QTL。总之, 水稻产量和蒸煮品质性状确实存在一定程度的相关性, 但通过优化产量构成因子的结构, 选择合适的品质性状相关基因可以实现优质与高产的重组, 从而培育优质、高产水稻新品种。

关键词: 水稻; 产量; 蒸煮品质; 相关分析

Genetic Correlation Analysis between Yield and Its Components and Cooking Quality by Using a Rice DH Population

YAN Chang-Jie¹, CHEN Feng², YAN Song¹, ZHANG Zheng-Qiu¹, TANG Shu-Zhu¹, LI Xin¹, and GU Ming-Hong^{1,*}

(¹The Key Laboratory for Plant Functional Genomics, Ministry of Education; The Jiangsu Province Key Laboratory of Crop Physiology and Genetics; Agricultural College, Yangzhou University, Yangzhou 225009, Jiangsu; ²Shan Dong Institute of Rice Research, Jining, 272177, Shandong, China)

Abstract: Many high-yield cultivars usually exhibit inferior grain quality in rice. The understanding of the relationship between rice yield and its components, cooking and edible qualities is beneficial for successfully breeding the high-yield cultivar with good quality. A DH population, consisting of 130 lines, derived from the cross between *japonica* cultivar Nongken 57 and Wuyunjing 8, was employed to explore the genetic correlation between yield traits and cooking quality. In the DH population, the productive panicles per plant, grains per panicle, grain density, and yield per panicle significantly correlated with PKV (peak viscosity), HPV (hot viscosity), BDV (breakdown), CPV (cool viscosity), SBV (setback), and CSV (consistence) positively or negatively, while no significant correlations between other yield traits and cooking quality indices were detected, preliminarily indicating the certain correlation between yield and grain quality. Furthermore, to fully understand these correlation relationships, 60 SSR markers distributed on the entire rice genome, being polymorphic between two parents, were used to detect the genotypes of each line; composite interval mapping and marker-based analysis of variance were employed to analyze the genetic basis for yield traits and cooking quality indices. The results showed that there were a QTL in the interval of RM234 ~ RM505 on chromosome 7 conferring yield per plant, PKV, HPV, and CPV simultaneously, and another QTL at RM454 ~ RM162 on chromosome 6, with effects on grain density, BDV, and SBV. But it also should be pointed out that no QTLs were found contributing to yield per plant, BDV, and SBV, simultaneously, the latter two indices were related to cooking quality. Taken together, it is possible that high yield cultivar with good quality can be achieved through optimizing the structure of yield components, together with selection of favorable alleles on the gene loci conferring rice grain quality.

Keywords: Rice; Yield; Cooking quality; Correlation analysis

随着国家人口的增长、人民生活水平的提高, 人们对稻米的品质和产量要求越来越高, 大力发展高

产优质稻米已势在必行。自从 20 世纪 60 年代矮秆育种到 70 年代杂交水稻的推广应用以来, 水稻单产

基金项目: 国家自然科学基金项目(30270809, 30300220); 江苏省博士后科研基金项目

作者简介: 严长杰(1970-), 男, 江苏省海安人, 副教授, 博士, 主要从事水稻遗传育种研究。E-mail: yichuan@yzu.edu.cn

* 通讯作者(Corresponding author): 顾铭洪。E-mail: gumh@yzu.edu.cn

Received (收稿日期): 2006-03-13; Accepted (接受日期): 2006-07-02.

已经大幅度提高,2004 年全国平均单产为 6 311 kg hm^{-2} (<http://www.agri.gov.cn/>)。但是,高产品种的品质性状却不尽人意。吕文彦等^[1-2]研究辽宁省水稻品质与产量关系时发现辽宁近年育成新品系的品质状况总体欠佳,突出表现为米粒偏短、垩白粒率高、垩白面积大。农业部稻米质量检测中心 2000 年曾对全国 27 个省(市)919 个水稻品种稻米品质进行调查,结果显示只有 10.6% 的水稻品种的品质达到部颁标准三级以上水平。因此,从理论上弄清水稻产量和品质性状的遗传基础,以及二者的相互关系,对于协调产量和品质之间的矛盾、指导高产优质育种具有非常重要的意义。

目前国内外均从加工品质、外观品质、蒸煮食味品质和营养品质 4 个方面评价稻米品质。其中蒸煮食味品质是最重要的指标。以往大量研究表明,稻米蒸煮食味品质主要与 3 个理化特性有关,即直链淀粉含量 (amylose content, AC), 胶稠度 (gel consistency, GC) 和糊化温度 (gelatinization temperature, GT)。近年来稻米淀粉的黏滞性特征 (RVA) 也已作为评价稻米食味品质的一项重要指标。对这 4 个衡量稻米品质指标的遗传基础研究已经有许多报道^[3-11],而且控制稻米淀粉合成的基因功能及其生化代谢途径已基本清楚^[12]。相对而言,水稻的产量性状更为复杂。自 20 世纪 80 年代分子标记问世以来,国内外许多研究者利用分子标记开展了对水稻产量性状相关 QTL 的分析^[13-19],到目前为止,在 Gramene 网站上已经公布了关于产量性状相关的 2 457 个 QTL,分布于水稻所有 12 条染色体上。但是由于不同研究者所用的遗传分析群体不同,所得结果缺乏很好的可比性。

水稻品质和产量性状的遗传基础都极复杂,其相关性的遗传基础研究也较缺乏。本研究旨在阐明水稻产量和蒸煮品质性状之间的关系,为高产、优质育种提供理论依据。

1 材料和方法

1.1 供试材料

农垦 57/武运梗 8 号衍生的 DH 群体,共包含 130 个株系。

1.2 田间种植

2004 年正季在扬州大学农学院试验场,每株系种一个小区,每小区种 2 行,每行 10 株。5 月 14 日播种,6 月 14 ~ 16 日移栽;株行距 13.3 cm \times 25 cm,

常规田间管理。

1.3 产量和农艺性状的考察

每个 DH 株系选取小区中间 5 株,在成熟期单株收获考种。考察性状包括单株有效穗数、穗长、每穗粒数、每穗实粒数、着粒密度、结实率、千粒重、单株产量。以 5 株的平均数代表该株系的表型值。

1.4 品质性状的测定

直链淀粉含量 (AC) 和胶稠度 (GC) 测定均按国标 GB 1350-1999。RVA 谱采用澳大利亚 Newport Scientific 仪器公司生产的 3-D 型黏度速测仪测定,并用 TCW (thermal cycle for windows) 配套软件分析,黏滞性值用“cP” (centiPose) 表示。RVA 谱特征值含最高黏度 (peak viscosity, PKV)、热浆黏度 (hot viscosity, HPV)、冷胶黏度 (cool viscosity, CPV)、崩解值 (breakdown, BDV, 最高黏度 - 热浆黏度)、消减值 (setback, SBV, 冷胶黏度 - 最高黏度) 和回复值 (consistence, CSV, 冷胶黏度 - 热浆黏度)。同时记录起浆温度 (pasting temperature, PaT) 和峰值时间 (peak time, PeT)。

1.5 DNA 提取与 SSR 标记检测

采用 CTAB 法提取 DH 群体的 DNA^[20],参照文献^[5]检测 SSR 标记。

1.6 数据分析

表型数据的统计描述、相关分析等均采用 Microsoft Excel 软件。

1.7 遗传图谱的构建和 QTL 定位

DH 群体中与亲本农垦 57、武运梗 8 号带型相同的分别赋值 1 和 3。采用 Joinmap 3.0 软件构建 SSR 连锁图谱 ($LOD > 6.0$)。采用复合区间作图 (composite interval mapping) 和单标记的方差分析 (single marker analysis) 检测 QTL,均用 Map QTL5.0 软件,以 LOD 值 2.0 为阈值。

2 结果与分析

2.1 DH 群体的产量性状与蒸煮品质性状表现

DH 群体及其双亲的产量性状及构成因子和品质性状列表 1。亲本农垦 57 和武运梗 8 号在品质性状上差异较小,在穗长、着粒密度等农艺性状上存在较大差异。DH 群体的各个性状都发生了广泛的分离,而且都存在超亲分离现象,初步表明双亲控制产量和品质性状的遗传基础差异较大。

DH 群体各株系的结实率分离较小,其分布范围为 65.5% ~ 98.1%,平均结实率为 93.2%,所有

DH 株系的育性都达到了正常水平。表明该群体是同时研究产量和品质性状的理想群体,在很大程度上避免了在籼粳交群体中结实率广泛分离对品质和单株产量测定的影响。

表 1 DH 群体产量等重要农艺性状和蒸煮品质性状表现与分布
Table 1 Performances and distributions of yield and cooking quality traits in the DH population

性状 Trait	亲本 Parent		DH 群体 DH population	
	农垦 57 Nongken 57	武运粳 8 号 Wuyunjing 8	均值 Mean	分布范围 Range
	AC (%)	14.54	16.86	15.14
GC(mm)	82	64.7	71.33	42.2-96.0
PKV (cP)	2980	2658	2458.9	1532-3221
HPV (cP)	1861	1897	1577.4	780-2355
BDV (cP)	1119	761	881.5	530-1500
CPV (cP)	2837	2908	2647.6	1632-2355
SBV (cP)	-143	250	188.7	-445-631
CSV (cP)	976	1011	1070.2	399-1285
PeT (min)	6.4	6.53	6.38	5.87-6.87
PaT (°C)	72.05	71.2	72.75	66.55-90.15
有效穗数 Productive panicle per plant	9.2	8.2	7.72	2-15
穗长 Panicle length(cm)	22.84	15.8	20.95	12.75-27.90
每穗粒数 Grains per panicle	154.6	193.3	196.63	84-298
结实率 Seed setting rate(%)	92.7	89.8	93.2	65.5-98.1
着粒密度 Grain density	6.77	9.06	9.54	3.27-17.46
千粒重 1000-grain weight(g)	23.83	27.16	25.25	18.80-31.85
单株产量 Yield per plant(g)	21.35	26.44	27.57	6.28-60.62

AC: amylose content; GC: gel consistency; PKV: peak viscosity; HPV: hot viscosity; BDV: breakdown; CPV: cool viscosity; SBV: setback; CSV: consistency; PaT: pasting temperature; PeT: peak time.

2.2 DH 群体产量性状与蒸煮品质性状的相关分析

由表 2 可以看出,在 DH 群体中,有效穗数与 SBV 和 CSV 显著或极显著相关;每穗粒数与 PKV、HPV、BDV 和 CPV 都呈显著或极显著负相关,而与 SBV 呈极显著正相关;着粒密度与 PKV、HPV 和 BDV 都呈显著或极显著负相关,而与 SBV 呈极显著正相关;单株产量也存在同样的关系。其他产量性状与品质指标间没有发现显著的相关关系。

已有的研究表明,一般优质品种的 BDV 较大,而 SBV 较小,二者与食味品质之间存在较好的一致性^[21-22]。该结果初步表明,在 DH 群体中,随着着粒密度、每穗粒数和单株产量的提高,PKV、HPV 和 BDV 将下降,而 SBV 上升,因而可能引起食味品质下降。

2.3 产量性状和蒸煮品质指标的分子标记分析

为了从分子水平上了解部分产量性状与蒸煮品质指标间相关性的遗传基础,我们利用 SSR 标记对该 DH 群体各株系的基因型进行了检测。本研究共选择覆盖水稻整个基因组的约 500 个 SSR 标记用于多态性筛选,仅发现 60 个多态标记,多态性频率约为 12.0%。进一步用 60 个信息标记分析 DH 群体的 130 个株系的基因型,并采用 Joinmap 3.0 软件构建了 DH 群体的部分连锁图(图 1)。该连锁图包含了 32 个信息位点,全长 279.21 cM,平均图距为 8.73 cM。在 60 个 SSR 标记中,有 59 个标记在群体中的分离符合 1:1 的理论分离比,初步表明该群体是一个正态群体,适合于进一步的基因定位分析。

表 2 DH 群体产量性状与 RVA 谱特征值的相关分析

Table 2 Correlation between RVA profile characteristics and yield traits

有效穗数 Productive panicle per plant	穗长 Panicle length	每穗粒数 Grains per panicle	着粒密度 Seed density	结实率 Seed-setting rate	千粒重 1000-grain weight	单株产量 Yield per plant
PKV	0.100	0.085	-0.371**	-0.344**	0.021	-0.395**
HPV	0.076	0.038	-0.268**	-0.214*	-0.025	-0.324**
BDV	0.071	0.107	-0.286**	-0.326**	0.089	-0.238**
CPV	-0.019	0.000	-0.220*	-0.159	-0.065	-0.329**
SBV	-0.219*	-0.158	0.319**	0.371**	-0.149	-0.180*
CSV	-0.273**	-0.108	0.107	0.135	-0.119	0.007
PeT	-0.041	-0.12	-0.013	0.092	-0.016	-0.014
PaT	-0.001	0.01	0.049	0.005	0.052	-0.161
AC	-0.169	0.131	0.164	0.069	-0.044	0.163
GC	-0.022	0.066	0.049	0.003	0.15	-0.034

Abbreviations as in Table 1.

为进一步分析产量性状和蒸煮品质指标的遗传基础,我们采用了单标记分析和复合区间作图相结合

的方法,分析了各性状可能存在的遗传基础。复合区间作图的结果表明,对于穗长和着粒密度,在第

9 染色体检测到两个 QTL。对于着粒密度,在第 6 染色体还检测到一个效应较小的 QTL,能解释表型变

异的 8.9%。对于单株产量,在第 7 染色体检测到 1 个微效 QTL(表 3)。

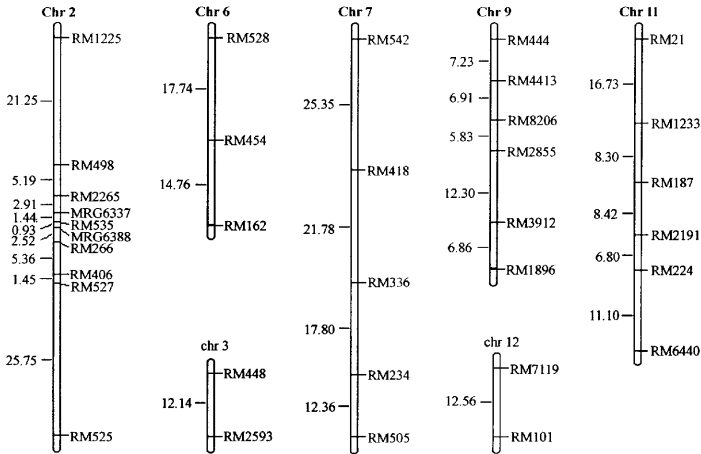


图 1 DH 群体 SSR 连锁图谱
 Fig. 1 SSR linkage map based on the Nongken 57/Wuyunjing 8 DH population

表 3 DH 群体农艺性状、产量性状及品质性状的 QTL 检测
 Table 3 Mapping of QTLs for yield and cooking quality traits in DH lines

性状 Trait	QTL	染色体 Chromosome	标记区间 Interval	LOD value	贡献率 Variance expl. (%)	加性效应 Additive effect
穗长 Panicle length	<i>qP19-1</i>	9	RM2855-RM3912	4.77	17	-1.34
	<i>P19-2</i>	9	RM3912-RM1896	5.63	19.5	-1.45
着粒密度 Seed density	<i>qSD9-1</i>	9	RM2855-RM3912	2.56	11.2	0.91
	<i>qSD9-2</i>	9	RM3912-RM1896	2.54	9.5	0.84
	<i>qSD6</i>	6	RM454-RM162	2.12	8.9	0.79
单株产量 Yield per plant	<i>qGYP7</i>	7	RM234-RM505	2.13	7.3	-2.90
PKV	<i>qPKV7-1</i>	7	RM336-RM234	3.04	12.6	145.87
	<i>qPKV7-2</i>	7	RM234-RM505	3.11	12.2	146.41
HPV	<i>qHPV7-1</i>	7	RM336-RM234	6.63	26.1	179.70
	<i>qHPV7-2</i>	7	RM234-RM505	6.07	21.1	167.05
BDV	<i>qBDV2</i>	2	RM527-RM525	2.84	9.6	-56.99
	<i>qBDV6</i>	6	RM454-RM162	2.96	12.5	-65.38
	<i>qBDV7</i>	7	RM542-RM418	2.29	11.2	-62.54
CPV	<i>qCPV7-1</i>	7	RM336-RM234	3.88	16	148.48
	<i>qCPV7-2</i>	7	RM234-RM505	3.57	12.6	136.24
SBV	<i>qSBV2-1</i>	2	RM498-RM2265	2.12	7.6	56.82
	<i>qSBV2-2</i>	2	RM2265-MRG6337	2.49	9.8	64.50
	<i>qSBV2-3</i>	2	RM535-RM525	2.47	10.4	65.78
	<i>qSBV6</i>	6	RM454-RM162	2.87	12.5	72.53
PeT	<i>qPeT7</i>	7	RM336-RM234	6.11	21.4	0.11

Abbreviations as in Table 1.

有关品质性状,共检测到 14 个 QTL。对于 PKV、HPV、CPV 均在第 7 染色体的相同区间检测到

2 个 QTL,来自亲本武运梗 8 号 QTL 的表达可以不同程度地增加最高黏度、热浆黏度、冷胶黏度,解释

的遗传变异率在 12.2% ~ 26.1% 之间。对于 BDV 检测到 3 个 QTL, 分别位于第 2、6 和 7 染色体, 可解释的遗传变异量分别为 9.6%、12.5% 和 11.2%。对于 SBV, 检测到 4 个 QTL, 3 个位于第 2 染色体, 1 个位于第 6 染色体, 可解释的遗传变异为 7.6% ~ 12.5%。对于峰值时间, 检测到一个 QTL, 位于第 7 染色体。

进一步分析发现, 第 7 染色体上 RM234 ~ RM505 区间内存在同时控制单株产量、PKV、HPV 和 CPV 的 QTL, 在第 6 染色体上的 RM454 ~ RM162 同时存在控制着粒密度、BDV、SBV 的 QTL, 而在其他区间内没有发现类似的情况。

表 4 单标记方差分析
Table 4 Analysis of variance based on marker genotype

性状 Trait	标记 Marker	染色体 Chromosome	LOD value	贡献率 Variance expl. (%)	加性效应 Additive effect
穗长 Panicle length	RM257	2	7.68	24.2	-1.60
	RM264	8	2.25	7.6	-0.90
	RM410	9	23.07	55.8	-2.41
着粒密度 Seed density	RM257	2	2.23	7.6	0.74
	RM410	9	4.83	15.7	1.05
千粒重	RM480	5	2.45	8.3	0.72
1000-grain weight	RM80	8	2.04	8	0.71
GC	RM428	1	2.54	8.6	-0.35
	RM1235	8	2.09	7.1	-0.54
	RM478	7	2.45	8.3	97.15
HPV	RM478	7	2.45	8.3	97.15
PKV	RM303	4	2.09	7.3	-102.65
PeT	RM1235	8	3.01	10.1	0.069

Abbreviations as in Table 1.

3 讨论

3.1 产量性状与蒸煮品质指标的遗传相关性

水稻产量及产量构成因子与品质关系的研究, 对于协调高产与优质关系有重要意义。人们希望产量和品质性状之间可以自由组合或不存在不利相关, 从而培育既高产又优质的水稻新品种。但是自从 20 世纪水稻杂种优势以及半矮秆基因成功应用以来, 水稻的产量水平得到大幅度的提高, 而品质的改良却进展较慢。熊振明等^[24]按照国家二级优质米标准评价了我国稻米品质, 认为总体上糙米率、精米率、糊化温度和蛋白质含量等指标达标率较高, 而垩白米率、直链淀粉含量等指标的达标率不到 30%。吕文彦等^[2]认为近年来辽宁省育成的直立穗型粳稻品种的外观品质和适口性均比较差。陈志德等^[24]分析了江苏省 15 个常规粳稻品种的稻米品质, 认为绝大多数品种的适口性不尽人意。然而高产与优质之间的矛盾是基于二者存在遗传上的相关

性, 还是由于育种家疏于对品质的改良, 亦或是对品质的改良难以进行, 至今研究较少。

为了对全基因组进行搜索, 防止漏检 QTL, 本研究利用 MapQTL5.0 对所有没有定位到连锁群的标记进行了单标记的方差分析, 共检测到 9 个与品质或产量性状显著或极显著相关的标记(表 4), 分布于第 1、2、4、5、7、8 和 9 染色体。与穗长相关的标记有 3 个, 与着粒密度相关的标记 2 个, 其中 RM257、RM410 对这两个性状有较大贡献率, 表明在这两个标记附近可能存在效应较大的 QTL。对于千粒重, 共检测到 2 个相关标记 RM480 和 RM80。与 GC、HPV 和 PKV 相关的标记有 4 个, 效应都比较小。单标记方差分析表明, 没有检测到既与产量性状又与品质性状相关的标记。

性, 还是由于育种家疏于对品质的改良, 亦或是对品质的改良难以进行, 至今研究较少。

本研究中, 随着着粒密度和每穗粒数的提高, BDV 降低, SBV 上升, 表明淀粉品质有变差的趋势, 暗示了优质与高产之间存在一定的矛盾, 也在一定程度上解释了目前生产上水稻高产品种往往品质不佳的原因。DH 群体的分子标记分析表明, 产量水平的高低会影响稻米淀粉的理化特性和食味品质。因此, 在高产优质水稻新品种的培育过程中, 需要对产量构成因子进行进一步的优化组合, 通过适当降低每穗粒数和着粒密度, 提高有效穗数等途径来提高产量水平。徐大勇等^[25]通过对江苏省今年育成的高产粳稻品种的品质性状分析, 也提出要通过选择着粒密度适中、二次枝梗较少的品系, 达到培育优质高产新品种的目的。

在稻米蒸煮品质性状的遗传研究中, 诸多研究表明直链淀粉含量是决定稻米品质的主要因子。包劲松等^[10]认为稻米的 RVA 谱特征主要受 w_x 基因

控制,包括 BDV 和 SBV^[10],Tan 等^[7]在以珍汕 97/明恢 63 衍生的 RIL 群体的研究发现,水稻 3 个重要的蒸煮品质指标均受控于第 6 染色体上 Wx 基因或其附近的一个位点。这些研究都表明稻米的蒸煮食用品质主要由 Wx 基因控制,以及一些微效基因的修饰。而 Wx 基因位点上目前认为至少存在 3 种复等位基因,即 Wx^a , Wx^b 和 wx ,它们分别存在于普通籼稻、普通粳稻和糯稻中。 $Wang$ 等^[3]研究发现, Wx^a 与 Wx^b 等位基因的差别主要在于第一内含子 +1 位碱基 G/T 的突变,造成转录后加工产生成熟 mRNA 水平的差异,使得直链淀粉含量在籼粳稻中存在较大的差异。一般籼稻的直链淀粉含量比粳稻高 8% ~ 10%。因此选择合适的 Wx 等位基因是培育优质品种的关键。当然,除了 Wx 基因以外,其他与淀粉合成相关的基因也非常重要,特别是与支链淀粉结构形成有关的基因,在今后水稻高产育种中也应引起足够的重视。

需要指出的是,在本研究中对能反映稻米食味品质的两个重要特征值 BDV 和 SBV 的相关基因位点,与单株产量却无直接的关系。而且本研究中品质性状和产量性状相关 QTL,大部分在染色体的位置上没有重叠,说明产量与品质性状之间尽管存在比较复杂的相关性,但由于它们都是十分复杂的性状,具有较为复杂的遗传基础,通过优化产量构成因子结构,选择合适的控制品质性状的优良等位基因,培育高产、优质品种还是可能的。刘巧泉等^[26]对转反义 Wx 基因的材料进行分析,发现在直链淀粉含量降低至 2% 左右,而其他农艺性状基本不变的转基因株系里,其千粒重下降 6% ~ 8%,但产量却没有发生显著的变化,也间接证明了产量与品质性状可以同步改良。

在以往的水稻育种过程中,以提高产量性状为目标,许多育种家都意识到相互利用水稻亚种间的有利基因,通过塑造理想株型与杂种优势利用相结合培育了许多高产、优质品种。但品质性状的遗传基础尚未得到充分的认识,而且在品种选育的实践中也并没有可以利用的选择工具,客观上给优质株系的选择带来了困难。因此,通过分子生物学手段研明控制淀粉合成相关基因在淀粉品质形成中的作用,筛选合适的等位基因,发展相应的分子标记 (STS, CAPS) 将极大提高优质育种的效率。

3.2 DH 群体在产量和品质研究中的应用

DH 群体由于遗传上的纯合性,可永久保存,适

于进行各种持续性研究。特别是对复杂的数量性状的遗传基础研究有比较独特的优势。因而 DH 群体在数量性状的研究中得以广泛应用^[6,9,10]。水稻的产量和品质性状,以前已有许多学者利用不同的遗传分析群体分别研究,而应用同一个群体同时对产量和品质研究的报道几乎没有。从 20 世纪 80 年代分子标记在植物上应用以来,数量遗传学得到了快速发展。人们在构建遗传分析群体时,往往选择亲缘关系比较远的亲本配制杂交组合,以方便构建饱和的分子标记连锁图。然而由于亲本间的亲缘关系比较远,在后代群体中往往会出现育性的分离,相当一部分单株(株系)的育性比较低,因而无法准确测定产量和品质性状。本研究采用两个粳稻品种衍生的 DH 群体研究产量和品质性状,几乎所有株系的育性都达到正常水平 (> 70%),克服了以往研究中遗传分析群体在育性上广泛分离,影响产量准确度和部分株系品质无法测定的缺点。但两个亲本都是典型的粳稻,两者之间的亲缘关系比较近,给分析产量和品质性状的遗传基础带来了一定的困难。我们选用了 500 对左右的 SSR 标记,仅有 60 对标记在双亲间具有多态性,多态性频率仅为 12.0%,远低于种间亲本的多态性低。由此构建的分子标记图谱覆盖率较低,在 QTL 分析过程中容易造成 QTL 漏检。本研究第 10 染色体仅找到两个多态标记,如果一些影响产量和品质性状的数量基因座位于这 2 个标记之外,将无法被检测出来。我们正在利用 ISSR 和 AFLP 等高通量的分子标记进一步饱和和连锁图谱。相信随着连锁图谱的饱和,利用该群体将会发现产量和品质性状之间更准确、全面的相关关系。

4 结论

4.1 在 DH 群体中有效穗数、每穗粒数、着粒密度、单株产量与 PKV、HPV、BDV、CPV、SBV、CSV 显著或极显著相关,而其他产量性状与品质指标间没有显著的相关关系。

4.2 第 7 染色体上 RM234 ~ RM505 区间内存在同时控制单株产量、PKV、HPV 和 CPV 的 QTL,在第 6 染色体上的 RM454 ~ RM162 同时存在控制着粒密度、BDV、SBV 的 QTL。没有发现共同控制单株产量和最能反映蒸煮品质的 BDV 和 SBV 的相关 QTL。

4.3 水稻产量和蒸煮品质性状确实存在一定程度的相关性,但是通过优化产量构成因子的结构,选择合适的品质性状相关基因可以实现优质与高产的重

组,从而培育优质、高产水稻新品种。

References

- [1] Lü W-Y (吕文彦), Cao P (曹萍), Hou X-Y (侯秀英), Shao G-J (邵国军). Studies on the grain qualities and relationships between qualities and yields in rice of Liaoning province: I. Survey on rice grain yield and quality. *Liaoning Agric Sci* (辽宁农业科学), 2000, (5): 1-4 (in Chinese)
- [2] Lü W-Y (吕文彦), Shao G-J (邵国军), Cao P (曹萍), Liu B-C (刘炳晨), Hou X-Y (侯秀英), He P (和萍), Han Y (韩勇), Qiu F-L (邱福林). Studies on the grain qualities and relationships between qualities and yields in rice of Liaoning province: III. The difference of grain quality between vigorous and weak grains in different panicle types. *Liaoning Agric Sci* (辽宁农业科学), 2001, (1): 1-3 (in Chinese with English abstract)
- [3] Wang Z Y, Zheng F Q, Shen G Z, Gao J P, Smustad D P, Li M G, Zhang J L, Hong M M. The amylose content in rice endosperm is related to the post-transcriptional regulation of the *Waxy* gene. *Plant J*, 1995, 7(4): 613-622
- [4] Li X (李欣), Tang S-Z (汤述翥), Chen Z-X (陈宗祥), Gu M-H (顾铭洪). Inheritance of gelatinization temperature in *japonica* rice. *J Jiangsu Agric Coll* (江苏农学院学报), 1995, 16(1): 15-20 (in Chinese with English abstract)
- [5] Yan C-J (严长杰), Xu C-W (徐辰武), Yi C-D (裔传灯), Liang G-H (梁国华), Zhu L-H (朱立煌), Gu M-H (顾铭洪). Genetic analysis of gelatinization temperature in rice via microsatellite markers. *Acta Genet Sin* (遗传学报), 2001, 28(11): 1006-1011 (in Chinese with English abstract)
- [6] He P, Li S G, Qian Q, Ma Y Q, Li J Z, Wang W M, Chen Y, Zhu L H. Genetic analysis of rice grain quality. *Theor Appl Genet*, 1999, 98: 502-508
- [7] Tan Y F, Li J X, Yu S B, Xing Y Z, Xu C G, Zhang Q F. The three important traits for cooking and eating quality of rice grains are controlled by a single locus in an elite rice hybrid, Shanyou 63. *Theor Appl Genet*, 1999, 99: 642-648
- [8] Han Y P, Xu M L, Liu X Y, Yan C J, Chen X L, Gu M H. Gene coding for starching enzymes are major contributors to starch viscosity characteristics in waxy rice (*Oryza sativa* L.). *Plant Sci*, 2004, 166: 357-364
- [9] Liu X Y, Gu M H, Han Y P, Ji Q, Lu J F, Gu S L, Zhang R, Li X, Chen J M, Korban S S, Xu M L. Developing gene-tagged molecular markers for functional analysis of starch-synthesizing genes in rice (*Oryza sativa* L.). *Euphytica*, 2004, 135: 345-353
- [10] Bao J-S (包劲松), He P (何平), Xia Y-W (夏英武), Chen Y (陈英), Zhu L-H (朱立煌). Rice starch RVA profile characters are mainly controlled by *Wx* gene. *Chin Sci Bull* (科学通报), 1999, 44(18): 1973-1976 (in Chinese)
- [11] Cravos K A, Webb B D. Inheritance of long grain rice amylograph viscosity characteristics. *Euphytica*, 1997, 97: 25-29
- [12] Nakamura Y. Towards a better understanding of the metabolic system for amylopectin biosynthesis in plants: rice endosperm as a model tissue. *Plant Cell Physiol*, 2002, 43(7): 718-725
- [13] Xu J-L (徐建龙), Xue Q-Z (薛庆中), Luo L-J (罗利军), Li Z-K (黎志康). Genetic dissection of grain weight and its related traits in rice (*Oryza sativa* L.). *Chin J Rice Sci* (中国水稻科学), 2002, 16(1): 6-10 (in Chinese with English abstract)
- [14] Xu J-L (徐建龙), Xue Q-Z (薛庆中), Luo L-J (罗利军), Li Z-K (黎志康). QTL dissection of panicle number per plant and spikelet number per panicle in rice (*Oryza sativa* L.). *Acta Genet Sin* (遗传学报), 2001, 28: 752-759 (in Chinese with English abstract)
- [15] Yu S-B (余四斌), Li J-X (李健雄), Xu C-G (徐才国), Tan Y-F (谈移芳), Gao Y-J (高友军), Li X-H (李香花), Zhang Q-F (张启发), Saghai Maroof M A. Epistasis is an important basis for rice heterosis. *Sci China (Ser C)* (中国科学·C辑), 1998, 28(4): 333-342 (in Chinese)
- [16] Ken Ishimaru. Identification of a locus increasing rice yield and physiological analysis of its function. *Plant Physiol*, 2003, 133: 1083-1090
- [17] Li Z K, Pinson S R M, Park W D, Paterson A H, Stansel J W. Epistasis for three grain yield components in rice (*Oryza sativa* L.). *Genetics*, 1997, 145: 453-465
- [18] Lin H X, Qian H R, Zhuang J Y, Lu J, Min S K, Xiong Z M, Huang N, Zheng K L. RFLP mapping of QTL for yield and related characters in rice (*Oryza sativa* L.). *Theor Appl Genet*, 1995, 92: 920-927
- [19] Xiao J, Li J, Yuan L, Tanksley S D. Identification of QTLs affecting traits of agronomic importance in a recombinant inbred population derived from a subspecies rice cross. *Theor Appl Genet*, 1996, 92: 230-244
- [20] Rogers S O, Bendich A J. Extraction of DNA from plant tissues. *Plant Mol Biol Man*, 1988, A6: 1-10
- [21] Shu Q-Y (舒庆尧), Wu D-X (吴殿星), Xia Y-W (夏英武), Gao M-W (高明尉), Anna McClung. Relationship between RVA profile character and eating quality in *Oryza sativa* L. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 1998, 31(3): 25-29 (in Chinese with English abstract)
- [22] Sui J-M (隋炯明), Li X (李欣), Yan S (严松), Yan C-J (严长杰), Zhang R (张蓉), Tang S-Z (汤述翥), Lu J-F (陆驹飞), Chen Z-X (陈宗祥), Gu M-H (顾铭洪). Studies on the rice RVA profile characteristics and its correlation with the quality. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2005, 38(4): 657-663 (in Chinese with English abstract)
- [23] Xiong Z-M (熊振明), Cai H-F (蔡洪法). Rice in China (中国水稻). Beijing: Agriculture Press, 1990. pp 250-269 (in Chinese)
- [24] Chen Z-D (陈志德), Zhong W-G (钟伟功), Xiong Z-Y (熊元忠), Yang J (杨杰), Song X-L (宋小禄). Development of economic characters of conventional late *japonica* rice in Jiangsu province and discussion about breeding's strategy. *J Nanjing Agric Technol Coll* (南京农专学报), 2000, 16(1): 10-15 (in Chinese with English abstract)
- [25] Xu D-Y (徐大勇), Jin J (金军), Du Y (杜水), Pan Q-M (潘启民), Zhu Q-S (朱庆森). Analysis of quality properties of high yielding *japonica* rice cultivars in Jiangsu province. *Jiangsu J Agric Sci* (江苏农业学报), 2002, 18(4): 203-207 (in Chinese with English abstract)
- [26] Liu Q-Q (刘巧泉), Wang X-W (王兴稳), Chen X-H (陈秀花), Wang Z-Y (王宗阳), Tang S-Z (汤述翥), Hong M-M (洪孟民), Gu M-H (顾铭洪). Effect of dominant *Waxy* character on kernel weight of transgenic rice with antiense *Wx* gene. *Sci Agric Sin* (中国农业科学), 2002, 35(2): 117-122 (in Chinese with English abstract)