

## 水稻粒形遗传及 QTLs 定位研究进展

黎毛毛<sup>1,2,3</sup>, 徐磊<sup>1</sup>, 刘昌文<sup>1,4</sup>, 曹桂兰<sup>1</sup>, 贺浩华<sup>2</sup>, 韩龙植<sup>1</sup>

- (1. 中国农业科学院作物科学研究所, 国家农作物基因资源与基因改良重大科学工程, 农业部作物种质资源与生物技术重点开放实验室, 北京 100081;  
2. 江西农业大学农学院, 南昌 330045; 3. 江西省农业科学院水稻研究所, 南昌 330020;  
4. 新疆兵团农四师农业科学研究所, 新疆 伊宁 835004)

**摘要:**粒形性状是水稻产量的重要构成因子, 不仅影响水稻产量的高低, 还影响着稻米品质的优劣, 因此有关水稻粒形的遗传、粒形与稻米品质的相关性、粒形性状的 QTLs 定位等研究一直受到人们广泛的关注, 至今已有许多研究报告, 取得了可喜的研究进展。但至今所报道的研究中大多数采用籼稻与籼稻或籼稻与粳稻的杂交后代为材料, 而利用粳稻与粳稻杂交后代为材料开展粳稻粒形性状遗传研究报道较少, 且研究主要集中在于粒长、粒宽、长宽比和粒重, 而对粒厚的研究报道甚少。今后应加强对粳稻粒形的遗传及分子机理、水稻粒厚的遗传、粒形性状与稻米功能性成分的相关性等研究。

**关键词:** 籼稻; 粳稻; 粒形性状; 产量; 稻米品质; 数量性状基因座

**中图分类号:** S511 **文献标识码:** A **文章编号:** 1008-0864(2008)01-0034-09

## Progress of Genetic Research and QTL Analysis for Grain Shape in Rice

LI Mao-mao<sup>1,2,3</sup>, XU Lei<sup>1</sup>, LIU Chang-wen<sup>1,4</sup>, CAO Gui-lan<sup>1</sup>, HE Hao-hua<sup>2</sup>, HAN Long-zhi<sup>1</sup>

- (1. Institute of Crop Science, National Key Facility for Crop Gene Resources and Genetic Improvement, Key Laboratory of Crop Germplasm Resources and Biotechnology, Ministry of Agriculture, Chinese Academy of Agricultural Sciences, Beijing 100081; 2. College of Agronomy, Jiangxi Agricultural University, Nanchang 330045; 3. Rice Research Institute, Jiangxi Academy of Agricultural Sciences, Nanchang 330020; 4. Institute of Agricultural Sciences, Regimental Farm No. 4 Agricultural Division, Xinjiang Production and Construction Corps, Xinjiang Yili 835004, China)

**Abstract:** Grain shape is one of the important factors, which were associated with rice yield. It is not only directly correlated with grain yield, but also indirectly affects the rice quality. Therefore, research works concerning genetics of grain shape, the relativities between grain shape, rice grain qualities, and QTLs of grain shape characteristics have been paid wide attention by the people. Up to now, many research activities have obtained remarkable progress in these areas. But most of the results were obtained by using genetic materials derived from a crossing between *Indica/Indica* or *Indica/Japonica*. There are few research activities carried out for studying the genetic characteristics of genetic materials crossed between *Japonica and Japonica* and all these studies were mainly focused on grain length, grain width, ratio of grain length to width and grain weight. Few studies were concentrated on grain thickness. Therefore, attention should be paid to strengthen studies related to genetic and molecular mechanism of grain shape in *Japonica* rice, the inheritance of grain thickness, and relationships between grain shape and rice function components in the future.

**Key words:** *Indica* rice; *Japonica* rice; grain shape characteristics; grain yield; rice grain quality; quantitative trait loci

水稻广泛分布于全球五大洲, 是世界上最重要的粮食作物之一, 属中国第一大粮食作物。目前世界近 50% 的人口, 中国则有 65% 以上的人口, 以稻米作为主食, 水稻对中国乃至世界的粮食

安全及社会经济的稳定发展具有举足轻重的地位。随着人民生活水平的提高, 稻米消费者对稻米品质的要求也在不断提高, 且国际稻米市场竞争日益激烈, 当前的形势迫使水稻育种目标不仅

收稿日期: 2007-10-22; 修回日期: 2007-12-12

基金项目: 国家科技支撑项目(2006BAD13B01), 作物种质资源保护项目(NB06-070401(22-27)-01)和国家科技基础条件平台项目(2005DKA21001-01)资助。

作者简介: 黎毛毛, 博士研究生, 副研究员, 主要从事水稻粒形遗传及 QTLs 定位研究。通讯作者: 韩龙植, 研究员, 博士, 博士生导师, 主要从事水稻种质资源研究。Tel: 010-62176784; E-mail: lzhan58@yahoo.com.cn

在单产上有突破,而且要兼顾稻米品质的改良。粒形性状是水稻产量的重要构成因子,不仅影响水稻产量的高低,还影响着稻米品质的优劣。已有研究表明,谷粒粒长、粒宽、粒厚、长宽比和长厚比等粒形性状与着粒密度、粒重、穗重、结实率和每穗粒数等产量性状有着密切的相关性,同时与稻米垩白粒率、糙米率、精米率和整精米率等品质性状有紧密的联系。水稻粒形性状的遗传及分子机理的研究对水稻高产及优质育种具有重要的实践和理论指导意义。

## 1 水稻粒形的遗传

### 1.1 粒长

水稻粒长是由单基因、双基因、多基因或微效基因所控制,至今仍有各种不同的研究报道,但近年来国内外多数研究结果倾向于粒长由多基因控制<sup>[1]</sup>。泷田正<sup>[2]</sup>研究表明,粒长由 2~5 对基因所控制;武田和义等<sup>[3]</sup>利用“H-346(小粒)/房吉(大粒)”后代材料研究认为,多个主效基因控制粒长;Mckenize 等<sup>[4]</sup>研究指出,粒长由 2~3 对或更多基因所控制;石春海<sup>[5,6]</sup>、Takite<sup>[7]</sup>、Chang<sup>[8]</sup>、汤文通<sup>[9]</sup>等研究发现,粒长是由多基因控制的数量性状。

芮重庆等<sup>[10]</sup>研究表明,粒长的遗传以加性效应为主,且存在正向部分显性,未观察到上位效应和细胞质影响,但认为可能存在细胞质与细胞核间的互作效应。郭益全等<sup>[11]</sup>研究证实,粒长存在细胞质效应;石春海等<sup>[6]</sup>对早籼谷粒性状的研究认为,粒长以加性效应为主。

### 1.2 粒宽

多数研究结果表明,粒宽由多基因所控制,但也有研究认为,个别品种的粒宽受单基因或主效基因所控制,显性方向因组合而不同,且存在细胞质效应。泷田正<sup>[2]</sup>研究认为,粒宽呈单基因分离,受 2 个基因所控制,而其高代群体则仅由 1 个基因所控制。Mckenize 等<sup>[4]</sup>研究表明,有 3~7 个基因控制着稻米宽度;Chang 等<sup>[8]</sup>研究认为,谷粒宽由多基因或等效异位基因(3~5 个基因)所控制;石春海<sup>[5]</sup>和熊振民等<sup>[12]</sup>研究指出,粒宽受多基因所控制。

芮重庆等<sup>[10]</sup>研究表明,粒宽的狭义遗传力高达 94.5%,可能不存在上位效应,但加性效应明

显,可能存在核质互作效应。Takite 等<sup>[7]</sup>利用 28 个组合研究指出,其中 18 个组合粒宽表现为部分显性;在  $F_1$  代宽粒对窄粒表现为部分显性或无显性,由 1~4 对基因所控制。石春海等<sup>[5]</sup>研究认为,粒宽以加性效应为主;符福鸿等<sup>[13]</sup>对三系杂交稻谷粒性状的研究认为,粒宽以加性效应为主,广义遗传力和狭义遗传力均较高,分别为 92.5% 和 89.53%。

### 1.3 粒厚

Mckenize 等<sup>[4]</sup>、石春海<sup>[5]</sup>、Takite<sup>[7]</sup>、Chang 和 Li<sup>[8]</sup>、汤文通<sup>[9]</sup>、熊振民和孔繁林<sup>[14]</sup>研究表明,粒厚受多基因控制;芮重庆等<sup>[10]</sup>利用 6 个粒重及粒形差异较大的籼稻品种做完全双列杂交分析认为,粒厚的母性效应显著,可能存在细胞质遗传,受环境影响较大;石春海等<sup>[15]</sup>对 8 个粗短粒品种与 5 个细长粒品种进行不完全双列杂交分析认为,粒厚的基因加性效应明显,其狭义遗传率为 50.9%~95.0%。

### 1.4 长宽比

符福鸿等<sup>[13]</sup>研究认为,杂种  $F_1$  代长宽比主要受母本的影响,父本的影响甚微,另外父母本互作效应也不容忽视,认为长宽比有超亲优势;石春海和申宗坦<sup>[15]</sup>研究认为,谷粒长宽比受粒长和粒宽两性状的影响,一些组合以加性效应为主。

### 1.5 粒重

粒重是构成水稻产量的重要因素之一,是粒长、粒宽和粒厚的综合体现。在  $F_2$  代粒重基本上呈正态分布,粒重是由多基因加性效应所控制的数量性状。也有研究认为,粒重的遗传受许多非等位基因的相互作用,存在细胞质效应<sup>[1]</sup>。Chang<sup>[8]</sup>和熊振民等<sup>[12]</sup>研究认为,无论大粒/大粒、大粒/小粒或小粒/小粒,都有可能获得大粒型品种,特别是不同类型间的杂交后代很容易出现超亲遗传,证明控制粒重遗传的基因有累加效应。熊振民等<sup>[16]</sup>研究发现,粒重有向小粒亲本或向大粒亲本超亲分离现象,推测微效基因之间存在着互补和累加效应。桂树勋<sup>[17]</sup>研究认为,千粒重超亲分离的原因之一是谷粒长、宽、厚性状基因的累加结果。刘晓辉<sup>[18]</sup>研究指出,千粒重是由主效基因和一些分布不均衡的微效基因共同控制的数量性状。

综上所述,谷粒长、宽、厚、长宽比、千粒重等

粒形性状在分离世代中均呈正态的连续分布,表现为由多基因控制的数量性状;控制粒形各性状的基因存在互补和累加的效应,因此,在早期分离世代中会出现超亲遗传的现象。

## 2 粒形各性状间的相关关系

石春海<sup>[5]</sup>研究认为,粒长与长宽比和粒重间呈显著或极显著正相关,与粒宽呈极显著负相关,与粒厚的相关性不明显;粒宽与粒厚呈显著正相关,与长宽比呈极显著负相关。芮重庆等<sup>[10]</sup>研究发现,粒长、粒宽和粒厚3个性状对粒重的总贡献率占94.4%,其中粒长对粒重的影响大于粒宽和粒厚。符福鸿等<sup>[13]</sup>研究认为,粒宽与千粒重、粒长与长宽比均呈极显著正相关,粒宽和千粒重与长宽比均呈极显著负相关。王余龙等<sup>[19]</sup>研究指出,谷粒重与粒厚关系密切,而与粒长和宽的关系不密切。杨联松等<sup>[20]</sup>研究认为,粒长与粒宽和粒厚呈负相关,而与粒重呈正相关;粒宽与粒厚和粒重呈正相关,粒厚与粒重呈正相关;粒长、粒宽和粒厚对粒重的贡献率大小顺序为粒长>粒厚>粒宽。徐正进等<sup>[21]</sup>研究认为,粒长与粒厚和粒宽呈极显著负相关,千粒重与粒长、粒宽和粒厚均呈显著或极显著正相关,千粒重主要由谷粒宽和厚决定。Zhang等<sup>[22]</sup>研究表明,水稻种子对千粒重、粒宽和长宽比的遗传效应较大,对粒长的遗传效应次之。多数研究认为,粒长与长宽比、千粒重以及粒宽与粒厚、千粒重均呈正相关;粒宽与长宽比呈负相关,与粒厚呈正相关;粒厚与千粒重呈正相关;粒长与粒宽、粒厚的关系因材料而异。

## 3 粒形与稻米品质的相关性

### 3.1 粒形与碾磨品质

石春海等<sup>[23]</sup>研究表明,糙米率、精米率和整精米率与粒长、长宽比呈极显著负相关,而与粒宽呈极显著正相关。武小金<sup>[24]</sup>研究认为,糙米率与粒长和长宽比呈极显著负相关,而与粒宽的相关性不显著,与粒厚呈显著正相关。李成荃等<sup>[25]</sup>研究指出,对糙米率具有正向贡献的性状中,糙米厚度是最主要的,其次是谷粒长宽比和糙米千粒重;谷粒长和宽则表现为负向贡献,其中以谷粒长最为显著。杨联松等<sup>[26,27]</sup>研究表明,整精米率的高

低取决于粒宽、粒厚和长宽比的大小;糙米率、精米率、整精米率与粒长和长宽比呈极显著负相关,而与粒宽呈极显著正相关。综上所述,糙米率、精米率、整精米率与粒长和长宽比呈负相关,而与粒宽和粒厚呈正相关。

### 3.2 粒形与外观品质

多数研究表明,稻米垩白粒率与谷粒宽和厚呈正相关,而与谷粒长和长宽比呈负相关。Takite<sup>[7]</sup>利用不同籽粒宽度的籼粳稻品种研究认为,垩白粒率与粒宽呈显著正相关,当粒宽大于3.1 mm时,其垩白粒率均大于90%,而与粒长无相关性。泷田正<sup>[2,28]</sup>利用粳稻近等基因系研究指出,宽粒型腹白粒率明显高于窄粒型,长粒型腹白粒率略多于短粒型;籼稻中圆宽粒型品种稻米品质较差,腹白粒率和心白粒率与粒宽呈正相关,当粒宽与粳稻相近时,腹白和心白粒率接近100%,稻米品质明显下降;在粒宽相近的条件下,粳稻腹白粒率和心白粒率明显低于籼稻。李欣等<sup>[29]</sup>研究认为,籼稻垩白大小与粒宽呈极显著正相关,而与长宽比呈显著负相关;粳稻垩白大小与粒长和长宽比相关性不明显。李成荃等<sup>[25]</sup>研究表明,垩白大小与糙米宽和厚呈极显著正相关,而垩白粒率与糙米长呈显著负相关。

鲍根良等<sup>[30]</sup>研究表明,垩白粒率与籽粒长宽比呈明显的负相关;在不改良穗型和着粒结构下,可以通过调节籽粒长宽比来改良密穗型品种籽粒外观品质。张坚勇等<sup>[31]</sup>研究认为,外观品质性状的稳定性因品种而不同,随着稻米粒长和长宽比的增加,其相应品质性状的稳定性趋于下降;相反,垩白粒率和垩白度越小的品种,其相应品质性状的稳定性则越高。

### 3.3 粒形与蒸煮、营养品质

多数研究认为,碱消值和蛋白质含量与粒长呈显著负相关,碱消值与长宽比呈显著负相关,碱消值和直链淀粉含量与粒宽呈显著正相关。石春海<sup>[5]</sup>研究认为,蛋白质和赖氨酸含量与粒长、胶稠度与粒宽和长宽比的表型协方差和遗传协方差呈显著或极显著相关性,对粒长的正向选择会明显降低蛋白质含量和氨基酸含量,减小粒宽会显著增加长宽比,同时会增加胶稠度。钟旭华等<sup>[32]</sup>研究指出,籼粘品种直链淀粉含量随着千粒重的增加而增加,而籼糯品种直链淀粉含量随着千粒

重的增加而减少。杨联松等<sup>[27]</sup>研究表明,碱消值与粒长和长宽比呈显著负相关,而碱消值与粒宽呈显著正相关,与千粒重相关性不显著;直链淀粉含量与粒宽呈显著正相关。陈能等<sup>[33]</sup>研究认为,籼稻食味与粒长和长宽比呈极显著正相关,而与直链淀粉含量呈极显著负相关,即粒形细长、直链淀粉含量较低的籼稻有较好的食味品质。张名位等<sup>[34]</sup>研究发现,籼稻黑米品种籽粒中 Fe、Zn、Mn 和 P 的含量与粒重、粒长、粒宽和长宽比存在明显的表现型相关和基因型相关,并存在较明显的种子直接加性相关、直接显性相关、细胞质相关、母体加性相关和母体显性相关;Fe 和 Mn 含量与粒长的种子直接加性相关为正,而 Zn 和 P 含量与粒长的种子直接加性相关为负,均呈极显著水平;Mn 含量与粒宽的负向种子直接加性相关呈极显著水平;Zn、Mn、P 含量与粒重表现为显著或极显著负向种子直接加性相关,P 含量与粒重呈极显著正向母体加性相关。Zhang 等<sup>[35]</sup>研究认为,种子效应、母性效应、细胞质效应同时影响着籽粒中矿质元素含量;在 Fe、Zn、Mn 的含量中,种子效应大于母性效应,且种子效应对所有矿质元素含量均达极显著水平。

## 4 水稻粒形性状的 QTLs 分析

### 4.1 粒长

Redona 等<sup>[36]</sup>共检测到与粒长有关的 QTLs 7 个,分别位于第 2、第 3(2 个)、第 4(2 个)、第 7 和第 10 染色体上,并认为在第 7 染色体 RG711 ~ RG650 区间存在着同时控制粒长、粒宽和长宽比的 QTL。林鸿宣等<sup>[37]</sup>利用特三矮 2 号/CB1128 群体,在第 1(2 个)、第 7、第 8 和第 10 染色体上检测到与粒长相关的 QTL 5 个;利用外引 2 号/CB1128 群体,在第 2、第 3、第 6、第 7 和第 10 染色体上检测到与粒长相关的 QTL 5 个,且这 5 个 QTLs 的加性效应比特三矮 2 号/CB1128 群体大。林荔辉等<sup>[38]</sup>检测到与粒长有关的 QTLs 15 个,粒长和粒宽间虽然存在相关性,但相关系数很小;QTLs 分析结果也显示,两者的 QTLs 位置很少相同,说明粒长和粒宽有不同的遗传基础。张光恒等<sup>[39]</sup>在北京、杭州和海南等 3 种不同环境下共检测到与粒长有关的 QTLs 3 个,分别位于第 3、第 6 染色体上。谭耀鹏等<sup>[40]</sup>检测到与粒长相关的

QTLs 6 个,对粒长表型变异的联合贡献率达 67.71%。吴长明等<sup>[41]</sup>定位与粒长有关的 QTLs 4 个,确认检测 3 个,分别位于第 2、第 3 和第 7 染色体上,对粒长表型变异的贡献率分别为 -25.8%、20.6% 和 -12.6%。刑永忠等<sup>[42]</sup>检测到与粒长有关的 QTLs 8 个,分别位于第 1、第 2、第 3、第 5 和第 11 染色体上。严长杰等<sup>[43]</sup>检测到与粒长相关的 QTL 1 个。Huang 等<sup>[44]</sup>检测到与粒长有关的 QTLs 4 个,分别位于第 1、第 3 和第 10 染色体上。Zhou 等<sup>[45]</sup>定位了控制水稻籽粒长短的基因 1 个,即 *LK-4(t)*,位于第 3 染色体着丝点附近,离标记  $P_1$ -*EcoRV* 和  $P_2$ -*SacI* 分别有 0.90 cM 和 0.50 cM 距离。Rabiei 等<sup>[46]</sup>检测到与粒长相关的 QTLs 5 个,其中 1 个主效 QTL 位于第 3 染色体上,对粒长的贡献率达 19.3%。徐建龙等<sup>[47]</sup>检测到与粒长有关的 QTLs 8 个,分别位于第 1(2 个)、第 2、第 3、第 5、第 7、第 10 和第 12 染色体上,其中位于第 3、第 7 染色体上的 QTLs 作用最大,其贡献率分别为 17.3% 和 13.9%。袁玲等<sup>[48]</sup>检测到与粒长有关的 QTL 1 个,位于第 2 染色体上。Wan 等<sup>[49]</sup>利用 Asomunori /IR24 组合 RILs 群体,在 2 年 4 个点共 8 种环境下共检测到与粒长有关 QTLs 4 个,分别位于第 1、第 2、第 3 和第 4 染色体上,其中第 1、第 3 染色体上的 QTL 在 8 种环境下均能检测到。李泽福等<sup>[50]</sup>检测到与粒长有关的 QTLs 5 个,分别位于第 2(2 个)、第 5、第 6 和第 12 染色体上。曾瑞珍等<sup>[51]</sup>利用单片段代换系检测到与粒长有关的 QTLs 1 个,位于第 3 染色体上。综上所述,在水稻第 12 条染色体上均存在与粒长有关的 QTLs,从出现的频率看,与粒长相关的 QTLs 主要位于第 2、第 3、第 7 和第 10 染色体上。

### 4.2 粒宽

Redona 等<sup>[36]</sup>检测到与粒宽有关的 QTLs 4 个,分别位于第 2、第 3、第 7 和第 8 染色体上。林鸿宣等<sup>[37]</sup>利用特三矮 2 号/CB1128 组合  $F_2$  群体检测到与粒宽有关的主效基因 2 个,分别位于第 5 和第 7 染色体上,另外还发现微效基因 2 个;而利用外引 2 号/CB1128  $F_2$  群体检测到与粒宽相关的主效基因 2 个,分别位于第 2 和第 7 染色体上,以及微效基因 3 个。林荔辉等<sup>[38]</sup>检测到与粒宽有关的 QTLs 17 个,在第 5 染色体上检测到控制

表 1 水稻粒形性状的 QTLs 定位状况

Table 1 Status of QTLs analysis for traits of grain shape in rice.

作图群体 Mapping population	性状 Trait	QTLs 数目 No. of QTLs	染色体 Chromosome	文献 Reference
Labelle/Black cora (F <sub>2</sub> population)	粒长 GL	7	2,3(2),4(2),7,10	[36]
	粒宽 GW	4	2,3,7,8	
	长宽比 RLW	3	3,4,7	
特三矮 2 号/CB1128 Tesanaï 2/CB1128 (F <sub>2</sub> 群体 F <sub>2</sub> population)	粒长 GL	5	1(2),7,8,10	[37]
	粒宽 GW	4	1,3,5,7	
	粒厚 GT	5	1,2,5,7,8	
外引 2 号/CB1128 Waiyin 2/CB1128 (F <sub>2</sub> 群体 F <sub>2</sub> population)	粒长 GL	5	2,3,6,7,10	[37]
	粒宽 GW	5	1,2,5,6,7	
	粒厚 GT	3	1,5,10	
H359/Acc8558 (RIL 群体 RIL population)	粒长 GL	15	2,3(3),4(2),7,8(3),10(3),11,12	[38]
	粒宽 GW	17	1(4),2(2),3(2),4,5,6(2),8(2),9,11(2)	
	千粒重 GWT	16	1,3(5),4,5,7(2),8(2),9,10(3)	
窄叶青 8 号/京系 17 Zhaiyeqing 8/Jingxi 17 (DH 群体 DH population)	粒长 GL	3	3,6(2)	[39]
	粒宽 GW	9	1(2),2(2),3,4,6,8,12	
	长宽比 RLW	6	1,2(2),3,4,6	
圭 630/02428 Gui630/02428 (DH 群体 DH population)	粒长 GL	6	4,5(2),9,10,10	[40]
	粒宽 GW	6	3,4,7,9,11,12	
	长宽比 RLW	3	5,7(2)	
Asominori/IR24 (RIL 群体 RIL population)	粒长 GL	4	2,3,7,9	[41]
	粒宽 GW	2	1,5	
	长宽比 RLW	4	3,5,7,9	
珍汕 97/明恢 63 Zhenshan 97/Minghui 63 (RIL 群体 RIL population)	粒长 GL	8	1(2),2,3(3),5,11	[42]
	粒宽 GW	5	5,6,7,11,12	
	长宽比 RLW	5	1(2),3,5,6	
Balilla/NTH (回交群体 Backcross population)	粒长 GL	1	12	[43]
	粒宽 GW	2	2,3	
	长宽比 RLW	3	2,6,7	
IR64/Azucena (DH 群体 DH population)	粒长 GL	4	1,3(2),10	[44]
	粒宽 GW	5	1,2,3,10,11	
	长宽比 RLW	3	2,3(2)	
蜀恢 527//蜀恢 527/小粒 Shuhui 527//Shuihui527/xiaoli (BC <sub>2</sub> F <sub>2</sub> 群体 BC <sub>2</sub> F <sub>2</sub> population)	粒长 GL	LK-4(t) 3		[45]
Domsephid/Gerdeh (F <sub>2</sub> population)	粒长 GL	5	2,3,5,7,8	[46]
	粒宽 GW	7	2,3,5,6,7,8,9	
	长宽比 RLW	6	2,3,5,7,8(2)	
Hwaseongbyeo/IRge10549 (BC <sub>3</sub> F <sub>3</sub> population)	千粒重 GWT	1	8	[52]
Lemont/特青 Lemont/Teqing (RIL 群体 RIL population)	粒长 GL	8	1(2),2,3,5,7,10,12	[47]
	粒宽 GW	6	1(2),2,4,5,7	
	长宽比 RLW	7	1(2),3,4,5(2),7	
	粒厚 GT	3	1,3,5	
台中本地 1 号/B14 Taizhongbendi 1/B14 (RIL 群体 RIL population)	千粒重 GWT	11	1(3),2,3(2),4,5(2),10,12	[48]
	粒长 GL	1	2	
	长宽比 RLW	4	2(3),7	
Asomunori/IR24 (RIL population)	粒长 GL	4	1,2,3,4	[49]
	粒宽 GW	3	1,5,6	
	长宽比 RLW	4	1,2,3,5	
Nipponbare/Kasalath (BC1F9 population)	粒长 GL	5	2(2),5,6,12	[50]
	粒宽 GW	4	2,3,5(2)	
	长宽比 RLW	4	3,5(2),12	
IRAT109/越富 IRAT109/Yuefu (DH 群体 DH population)	千粒重 GWT(GE)	2	1(2)	[53]
	千料重 GWT(PFE)	3	1(2),7	
华梗籼 74/Basmati385、华梗籼 74/IR58025B Huajingxian74/Basmati385、 Huajingxian74/IR58025B (SSSL 群体 SSSL population)	粒长 GL	1	3	[51]
	粒宽 GW	1	8	
IR64/Azucena (DH 群体 DH Population) 千粒重 GWT		2	1,10	[54]

GL: Grain length; GW: Grain width; RLW: Ratio of grain length to width; GT: Grain thickness; GWT: Grain weight; GE: 旱种环境, Glebe environment; PFE: 水田环境, Paddy field environment.

粒宽的主效 QTL 1 个。张光恒等<sup>[39]</sup>检测到与粒宽有关的 QTLs 9 个,分别位于第 1、第 2、第 3、第 4、第 6、第 8 和第 12 染色体上。谭耀鹏等<sup>[40]</sup>检测到与粒宽有关的 QTLs 6 个,对粒宽的贡献率达 50.08%;其中 4 个 QTLs 与环境间存在显著互作效应。吴长明等<sup>[41]</sup>定位到与粒宽有关的 QTLs 2 个,分别位于第 1 和第 5 染色体上,对粒宽的贡献率分别为 25.8% 和 14.8%。刑永忠等<sup>[42]</sup>检测到与粒宽有关的 QTLs 5 个,其中位于第 5 染色体 RG360 ~ C734B 区间的 QTL 同时影响着粒宽和粒形,是主效 QTL。严长杰等<sup>[43]</sup>检测到与粒宽相关的 QTLs 2 个,其中位于第 2 染色体 RM154 ~ RM211 区间的 QTL 同时控制着粒宽和长宽比。Huang 等<sup>[44]</sup>检测到与粒长有关的 QTLs 5 个,分别位于第 1、第 2、第 3、第 10 和第 11 染色体上。Rabiei 等<sup>[46]</sup>定位到与粒宽有关的 QTLs 7 个,其中 2 个主效 QTLs 分别位于第 3 染色体和第 8 染色体上,对粒宽的贡献率分别为 34.1% 和 20.0%。徐建龙等<sup>[47]</sup>定位到与粒宽有关的 QTLs 6 个,分别位于第 1(2 个)、第 2、第 4、第 5 和第 7 染色体上,其中位于第 5 和第 7 染色体上的 QTLs 效应最大,其贡献率分别为 17.6% 和 14.8%。万向元等<sup>[49]</sup>共检测到与粒宽有关 QTL 3 个,分别位于第 1、第 5 和第 6 染色体上;其中位于第 5 染色体上的 QTL 在 8 种环境下均能检测到。李泽福等<sup>[50]</sup>检测到与粒宽有关的 QTLs 4 个,分别位于第 2、第 3 和第 5(2 个)染色体上。曾瑞珍等<sup>[51]</sup>检测到与粒宽有关的 QTLs 1 个,位于第 8 染色体上。综上所述,在除第 10 染色体外,其余 11 条染色体上均发现与粒宽有关的 QTLs,从出现频率看,主要位于第 2、第 3、第 5 和第 6 染色体上。

### 4.3 长宽比

Redona 等<sup>[36]</sup>定位到与长宽比有关的 QTLs 3 个,分别位于第 3、第 4 和第 7 染色体上,其中位于第 3 染色体和第 7 染色体上的 2 个 QTLs 贡献率均在 20% 以上。张光恒等<sup>[39]</sup>检测到与长宽比有关的 QTLs 6 个,包括 3 个主效基因和 3 个微效基因,分别位于第 1、第 2、第 3、第 4 和第 6 染色体上。谭耀鹏等<sup>[40]</sup>定位了与长宽比有关的 QTLs 3 个,分别位于第 5 和第 7(2 个)染色体上。吴长明等<sup>[41]</sup>定位到与长宽比有关的 QTLs 4 个,分别位于第 3、第 5、第 7 和第 9 染色体上,对长宽比的贡献率分别为 23.5%、20.0%、17.1% 和 18.0%。

刑永忠等<sup>[42]</sup>检测到与长宽比有关的 QTLs 5 个。严长杰等<sup>[43]</sup>检测到与长宽比有关的 QTLs 3 个,位于第 2 染色体 RM154 -RM211 区间的 QTL 同时控制着粒宽和长宽比。Huang 等<sup>[44]</sup>检测到与粒长有关的 QTLs 3 个,分别位于第 2、第 3 染色体上。Rabiei 等<sup>[46]</sup>定位到与长宽比相关的 QTLs 6 个,其中 2 个主效 QTLs 分别位于第 3 和第 8 染色体上,对长宽比的贡献率分别为 27.1% 和 20.5%,且这 2 个 QTLs 与粒长、粒宽的主效 QTLs 相对应。徐建龙等<sup>[47]</sup>定位到与长宽比有关的 QTLs 7 个,分别位于第 1(2 个)、第 3、第 4、第 5(2 个)和第 7 染色体上,其中位于第 1 和第 7 染色体上的 QTLs 效应最大,贡献率分别为 11.7% 和 13.9%。袁玲等<sup>[48]</sup>检测到与长宽比有关的 QTLs 4 个,分别位于第 2(3 个)和第 7 染色体上。Wan 等<sup>[49]</sup>共检测到与长宽比有关 QTLs 4 个,分别位于第 1、第 2、第 3 和第 5 染色体上,其中位于第 3 和第 5 染色体上的 QTLs 在 8 种环境下均能检测到。李泽福等<sup>[50]</sup>检测到与长宽比有关的 QTLs 4 个,分别位于第 3、第 5(2 个)和第 12 染色体上。综上所述,在第 1 ~ 第 9 和第 12 染色体上均检测到与长宽比有关的 QTLs,从出现的频率看,主要位于第 3、第 5 和第 7 染色体上。

### 4.4 粒厚

林鸿宣等<sup>[37]</sup>在特三矮 2 号/CB1128 组合 F<sub>2</sub> 群体中,检测到与粒厚有关的主效 QTL 1 个和微效 QTLs 4 个,其中主效 QTL 位于第 5 染色体上;而在外引 2 号/CB1128 组合 F<sub>2</sub> 群体中,检测到与粒厚有关的微效 QTLs 3 个,分别位于第 1、第 5 和第 10 染色体上。徐建龙等<sup>[47]</sup>定位到与粒厚有关的 QTLs 3 个,分别位于第 1、第 3 和第 5 染色体上,其贡献率分别为 8.1%、10.5% 和 11.1%。综上所述,在第 1、第 3、第 5 和第 10 染色体上检测到与粒厚有关的 QTLs,从出现的频率看,主要位于第 1 和第 5 染色体上。

### 4.5 粒重

徐建龙等<sup>[47]</sup>检测到与千粒重相关的 QTLs 11 个,分别位于第 1(3 个)、第 2、第 3(2 个)、第 4、第 5(2 个)、第 10 和第 12 染色体上;其中,位于第 1 和第 2 染色体上的 QTLs 效应最大,贡献率分别为 7.9% 和 8.1%。Xie 等<sup>[52]</sup>定位到与粒重有关的 QTL 1 个,位于第 8 染色体 RM42-RM210 区间,

间距为 6.1 cM;遗传分析表明,千粒重受长宽比尤其受粒长的影响较大。穆平等<sup>[53]</sup>在 IRAT109/越富 DH 群体早种情况下,检测到与粒重有关的加性 QTLs 2 个,位于第 1 染色体上;而在水田栽培条件下,检测到与粒重相关的 QTLs 3 个,分别位于第 1(2 个)和第 7 染色体上。Shailaja 等<sup>[54]</sup>利用 IR64/Azucena 获得的 DH 群体检测到与粒重有关的 QTLs 2 个,分别位于第 1 和第 10 染色体上。综上所述,除第 6 和第 11 染色体外,其余染色体上均检测到与粒重有关的 QTLs,从出现的频率看,主要位于第 1 染色体上。

## 5 水稻粒形性状 QTL 的精细定位及图位克隆

随着多种作图群体的利用和统计分析方法的不断完善,已对许多作物重要性状的 QTLs 进行了初步的定位,但由于基因互作的存在和定位区间距离较大,QTL 初步定位结果的可靠性还需进一步证实。因此,有必要使用高级群体进行精细定位和图位克隆。利用图位克隆方法已成功克隆了一些水稻主要数量性状基因,其中 *Hd3*<sup>[55]</sup>和 *Ehd1*<sup>[56]</sup>与抽穗期有关;*sd-1*<sup>[57]</sup>与株高有关;*MOCI*<sup>[58]</sup>控制分蘖;*Xa26*<sup>[59]</sup>控制白叶枯病;*Gn1*<sup>[60]</sup>控制穗粒数。

Li 等<sup>[61]</sup>利用 BC<sub>5</sub>F<sub>7</sub>回交重组自交系,将同时控制粒长、粒宽和粒重的 QTL 精细定位在第 3 染色体 93.8kb 区域。Wan 等<sup>[62]</sup>利用 Asominori/IR24 回交后代 BC<sub>4</sub>F<sub>2</sub>群体,将控制粒长的 QTL 基因 *gl-3* 精细定位在第 3 染色体 Rmw357 - Rmw353 区域,标记间距 87.5kb。Fan 等<sup>[63]</sup>利用 Minghui63 和 Chuan7 构建的 BC<sub>3</sub>F<sub>2</sub>群体,将一个控制粒长和粒重的主效 QTL *GS3* 基因精细定位到 7.9kb 区域,该基因同时为控制粒宽和粒厚的微效 QTL,结合图位克隆的方法最终克隆得到 *GS3* 基因,并确认该基因编码一个横跨膜蛋白质。Song 等<sup>[64]</sup>利用 Wy3 和 Fengaizhan-1 构建的 BC<sub>3</sub>F<sub>2</sub>群体,将控制粒宽和粒重的主效基因 *GW3* 精细定位到 8.2 kb 区域,随后利用图位克隆的方法克隆了 *GW3* 基因,该基因编码一个未知的环形 E3 泛素连接酶。

## 6 展望及建议

### 6.1 加强粳稻粒形的遗传及分子机理研究

目前关于水稻粒长、粒宽、长宽比的遗传及 QTL 检测研究报道较多,但多数研究所采用的作图群体是利用粳/粳或粳/粳杂交构建的群体。由于粳稻亚种内各品种间亲缘关系较近,遗传差异小,亲本间分子标记多态性相对较低,为构建分子连锁图谱带来一定难度,故在 QTL 检测中利用粳/粳杂交所构建的群体比较少,且对粒厚的 QTL 检测报道很少。但在实际粳稻育种中,采用的杂交方式多数为粳/粳杂交,因此利用粳/粳杂交构建的作图群体获得的遗传及分子机理将对粳稻育种更具实用性和有效性,今后应加强粳稻粒形的分子机理研究。

### 6.2 重视水稻粒厚的研究

粒厚是水稻粒形的重要性状之一,与水稻产量及稻米品质有着密切的相关性,但至今为止,粒形的研究大多集中于粒长、粒宽、长宽比和粒重,而对粒厚的研究报道较少,今后应重视对粒厚的遗传及 QTL 检测,将为水稻粒形的遗传育种研究提供更丰富的遗传信息。

### 6.3 加强水稻粒形与功能性成分的相关性研究

随着国民生活水平的提高和市场需求,促进了功能性水稻的研究与开发,富含微量元素、维生素、 $\gamma$ -氨基丁酸等成份的功能性稻米的市场前景看好。功能性成分与粒形可能存在密切的联系,但关于水稻营养成分与粒形的相关性等遗传机理研究报道较少,应引起充分的重视。

## 参 考 文 献

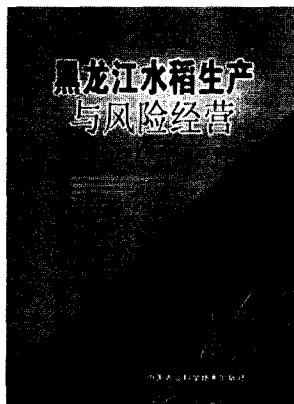
- [1] 杨联松,白一松,许传万,等. 水稻粒形类型及其遗传的研究进展[J]. 安徽农业科学,2001,29(2):164-167.
- [2] 泷田正. 水稻籽粒大小的遗传及其与诸性状的关系[J]. 国外农学-水稻,1987,1:18-20.
- [3] 武田和义,斋藤健一. 控制水稻籽粒大小的主效基因[J]. 育种学杂志,1980,30(3):280-282.
- [4] Mckenize K S, Rutger J N. Genetic analysis of amylase content, alkali spreading score and grain dimensions in rice[J]. Crop Sci., 1983,23(2):306-313.
- [5] 石春海. 水稻粒形与优质米育种[J]. 中国农学通报,1994,10(10):41-45.
- [6] 石春海,申宗坦. 早籼粒形的遗传和改良[J]. 中国水稻科学,1995,9(1):27-32.

- [7] Takite T. Breeding for grain shape in rice [J]. *Agri. Sci.*, 1989, 44(6): 39-42.
- [8] Chang T T, Li C C. Genetics and breeding [A]. In: Luh, eds. *Rice: production and utilization* [M]. Westport, Connecticut: AVI press, 1980, 87-127.
- [9] 汤文通. 水稻小穗长度遗传的研究 [J]. *农学丛刊*, 1935, 2(1~2): 127-135.
- [10] 芮重庆, 赵安常. 籼稻粒重及粒形性状  $F_2$  遗传特性双列分析 [J]. *中国农业科学*, 1983, 5: 14-20.
- [11] 郭益全, 刘清, 张德梅, 等. 籼稻烹调与食用品质及谷粒性状之遗传 [J]. *中华农业研究*, 1985, 34(3): 243-257.
- [12] 熊振民, 孔繁林. 水稻粒重的超亲遗传及其在育种中的应用 [J]. *浙江农业大学学报*, 1982, 8(1): 17-25.
- [13] 符福鸿, 王丰, 黄文剑, 等. 杂交水稻谷粒性状的遗传分析 [J]. *作物学报*, 1994, 20(1): 39-44.
- [14] 熊振民, 孔繁林. 大粒型水稻品种的遗传及其选育 [J]. *浙江农业科学*, 1976, (2): 26-29.
- [15] 石春海, 申宗坦. 早籼稻谷性状遗传效应的分析 [J]. *浙江农业大学学报*, 1994, 20(4): 405-410.
- [16] 熊振民, 蔡洪法. *中国水稻* [M]. 北京: 中国农业科技出版社, 1992.
- [17] 桂树勋. 水稻大粒型性状遗传的初步研究 [J]. *云南农业科学*, 1983, 3: 2-5.
- [18] 刘晓辉. 谷子千粒重遗传的双列分析 [J]. *吉林农业科学*, 1989, 4: 33-35.
- [19] 王余龙, 姚友礼, 李芸云, 等. 水稻籽粒有关性状与粒重关系的初步探讨 [J]. *作物学报*, 1995, 21(5): 573-578.
- [20] 杨联松, 白一松, 陈多璞, 等. 粳稻谷粒性状间相关性研究 [J]. *安徽农业科学*, 2002, 30(3): 321-323.
- [21] 徐正进, 陈温福, 马殿荣, 等. 稻谷粒形与稻米主要品质的关系 [J]. *作物学报*, 2004, 9: 894-900.
- [22] Zhong M W, Guo B J, Peng Z M. Genetic Effects on grain characteristics of indica black rice and their uses on indirect selections for some mineral element contents in grains [J]. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 2005, 52: 1121-1128.
- [23] 石春海, 朱军. 水稻植株农艺性状与稻米碾磨品质的遗传相关性分析 [J]. *浙江农业大学学报*, 1997, 23(3): 331-337.
- [24] 武小金. 稻米蒸煮品质性状的遗传研究 [J]. *湖南农学院学报*, 1989, 15(4): 6-9.
- [25] 李成荃, 孙明, 许克农, 等. 杂交粳稻品质性状的遗传研究 [J]. *杂交水稻*, 1988, 3: 32-35.
- [26] 杨联松, 白一松, 许传万, 等. 水稻粒形与稻米品质间相关性研究进展 [J]. *安徽农业科学*, 2001, 29(3): 312-316.
- [27] 杨联松, 白一松, 张培江, 等. 水稻谷粒性状分类及其与稻米品质相关性研究 [J]. *杂交水稻*, 2001, 16(4): 48-54.
- [28] 泷田正. 水稻粒形特性及育种 [J]. *农业技术*, 1990, 44(6): 39-42.
- [29] 李欣, 莫惠栋, 王安民, 等. 粳稻杂交稻米几个品质性状的遗传表达 [J]. *中国水稻科学*, 1999, 13(4): 197-204.
- [30] 鲍根良, 王俊敏, 富田桂, 等. 密穗型水稻品种籽粒蛋白性状改良研究 [J]. *植物遗传资源学报*, 2004, 5(4): 378-381.
- [31] 张坚勇, 肖应辉, 万向元, 等. 水稻品种外观性状稳定性分析 [J]. *作物学报*, 2004, 6: 548-554.
- [32] 钟旭华, 李太贵. 不同结实温度下稻米直链淀粉含量与千粒重的相关性研究 [J]. *中国水稻科学*, 1994, 8(2): 126-128.
- [33] 陈能, 罗玉坤, 朱智伟, 等. 优质食用稻米的理化指标与食味的相关性研究 [J]. *中国水稻学*, 1997, 11(2): 70-76.
- [34] 张名位, 郭宝江, 彭仲明. 籼型黑米稻粒形性状与其中某些矿质元素含量的遗传相关性 [J]. *作物学报*, 2003, 3: 305-310.
- [35] Zhang M W, Guo B J, Peng Z M. Genetic effects on Fe, Zn, Mn and P content in Indica black pericarp rice and their correlations with grain characteristics [J]. *Euphytica*, 2004, 135: 315-323.
- [36] Redona E D, Mackill D J. Quantitative trait locus analysis for rice panicle and grain characteristics [J]. *Theor. Appl. Genet.*, 1998, 96: 957-963.
- [37] 林鸿宣, 闵绍楷, 熊振民, 等. 应用 RFLP 图谱定位分析籼稻粒形数量性状基因座位 [J]. *中国农业科学*, 1995, 28(4): 1-7.
- [38] 林荔辉, 吴为人. 水稻粒形和粒重的 QTL 定位分析 [J]. *分子植物育种*, 2003, 1(3): 337-342.
- [39] 张光恒, 张国平, 钱前, 等. 不同环境条件下稻谷粒形数量性状的 QTL 分析 [J]. *中国水稻科学*, 2004, 18(1): 16-22.
- [40] 谭耀鹏, 李兰芝, 李平, 等. 利用 DH 群体定位水稻谷粒外观性状的 QTL [J]. *分子植物育种*, 2005, 3(3): 314-322.
- [41] 吴长明, 孙传清, 陈亮, 等. 应用 RFLP 图谱定位分析稻米粒形的 QTL [J]. *吉林农业科学*, 2002, 27(5): 3-7.
- [42] 刑永忠, 谈移芳, 徐才国, 等. 利用水稻重组自交系群体定位谷粒外观性状的数量性状基因 [J]. *植物学报*, 2001, 43(8): 840-845.
- [43] 严长杰, 梁国华, 陈峰, 等. 利用籼粳回交群体分析水稻粒形性状相关 QTLs [J]. *遗传学报*, 2003, 30(8): 711-716.
- [44] Huang N, Arnold P, Teresita M, et al. RFLP mapping of isozymes, RAPD and QTLs for grain shape, brown planthopper resistance in a double haploid rice population [J]. *Molecular Breeding*, 1985, 45(2): 278-283.
- [45] Zhou L Q, Wang Y P, Li S G. Genetic analysis and physical mapping of *LK-4(t)*, a major gene controlling grain length in rice, with a BC2F2 population [J]. *Acta Genetica Sinica*, 2006, 33(1): 72-79.
- [46] Rabiei B, Valizadeh M, Ghareyazie B, et al. Identification of QTLs for rice grain size and shape of Iranian cultivars using SSR markers [J]. *Euphytica*, 2004, 11(137): 325-332.
- [47] 徐建龙, 薛庆中, 罗利军, 等. 水稻粒重及其相关性状的遗传解析 [J]. *中国水稻科学*, 2002, 6(1): 6-10.
- [48] 袁玲, 祝莉莉, 何光存. 稻米品质性状基因的 SSR 标记定位 [J]. *武汉大学学报*, 2002, 48(4): 507-510.
- [49] Wan X Y, Wan J M, Weng J F, et al. Stability QTLs for rice grain dimension and endosperm chalkiness characteristics across eight environments [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2005, 110: 1334-1346.
- [50] Li Z F, Wan J M, Xia J F, et al. Mapping quantitative trait loci underlying appearance quality rice grains (*Oryza sativa* L) [J]. *Acta Genetica Sinica*, 2003, 30(3): 251-259.
- [51] 曾瑞珍, Akshay Talukdar, 刘芳, 等. 利用单片断代换系定位水稻粒形 QTL [J]. *中国农业科学*, 2006, 39(4): 647-



- 654 .
- [52] Xie X B, Song M H, Jin F X, *et al.* . Fine mapping of a grain weight quantitative trait locus on rice chromosome 8 using near isogenic lines derived from a cross between *Oryza sativa* and *Oryza rufipogon*[J]. *Theoretical and Applied Genetics*,2006,9 (113): 885 - 894.
- [53] 穆平,张洪亮,姜德峰,等. 利用水、旱稻 DH 系定位产量性状的 QTL 及其环境互作分析[J]. *中国水稻科学*,2005,38 (9):1725 - 1731.
- [54] Shailaja H, Shashidhar H E, Bagali P G, *et al.* . Molecular mapping of quantitative trait loci for plant yield and yield related traits across three diverse locations in a doubled haploid rice population[J]. *Euphytica*, 2002, 125:207 - 214.
- [55] Kojima S, Takahashi Y, Kobayashi Y, *et al.* . *Hd3a*, a rice ortholog of *Arabi dopsis FT* gene, promotes transition to flowering downstream of *Hdl* under short-day conditions[J]. *Plant Cell Physiol.*, 2002,43 (10): 1096 - 1105.
- [56] Doi K, Izawa T, Fuse T, *et al.* . *Ehd1*, a B-type response regulator in rice, confers short-day promotion of flowering and controls *FT*-like gene expression independently of *Hdl*[J]. *Genes & Development*, 2004,18 : 926 - 936.
- [57] Spielmeyer W, Ellis M H, Chandler P M. Semi-dwarf (*sd-1*), "green revolution" rice, contains a defective gibberellin 20-oxidase gene [J]. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 2002, 99 (13): 9043 - 9048.
- [58] Li X Y, Qian Q, Fu Z M, *et al.* . Control of tillering in rice [J]. *Nature*, 2003,422(6932): 618 - 621.
- [59] Sun X L, Cao Y L, Yang Z F, *et al.* . *Xa26*, a gene conferring resistance to *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* in rice, encodes an LRR receptor kinase-like protein[J]. *Plant J.*, 2004,37 (4): 517 - 27.
- [60] Ashikari M, Sakakibara H, Lin S, *et al.* . Cytokinin oxidase regulates rice grain production [J]. *Science*, 2005, 309 (5735): 741 - 745.
- [61] Li X Y, Thomson M, McCouch S R. Fine mapping of a grain-weight quantitative trait locus in the pericentromeric region of rice chromosome 3 [J]. *Genetics*, 2004, 168 (4): 2187 - 2195.
- [62] Wan X Y, Wan J M, Jiang L, *et al.* . QTLs analysis for rice grain length and fine mapping an identified QTL with stable and major effects [J]. *Theoretical and Applied Genetics*, 2006, 112: 1258 - 1270.
- [63] 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, encode a putative transmembrane protein [J]. *Theoretical Applied Genetic*, 2006, 112:1164 - 1171.
- [64] 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, 39:623 - 630.

## 【新书推介】



### 《黑龙江水稻生产与风险经营》

中本和夫(日),李宁辉,矫江 著 中国农业科学技术出版社

出版日期: 2007.4

I S B N: 7-80233-246-X

定 价: 20.00 元

开 本: 32 开

页 数: 227 页

本书是关于中日项目“中国粮食生产与应对市场变动的稳定供应系统的开发”中的子课题“农业气象灾害等生产变动风险和导入信息系统的经营性评价”的研究成果报告。该项目自2004年9月中方研究机构和日方国际农林水产业研究中心缔结备忘录之后开始启动,参加人员由以气象研究为中心的技术研究领域和经济、经营领域的研究者组成。

中国在加入WTO后,与日本等周边国家的关系变得更加紧密,以粮食生产及消费动向、沙漠化及沙尘暴为代表的环境问题等已越过国界,相互之间的影响正在进一步加强。

在本书中,作者建立了以黑龙江水稻经营为对象的、由线性规划制作的模型,进行了形成应对冻害风险的经营体和为经营稳定化提供信息为目的的研究。