

# 水稻粒重基因定位克隆研究

姚国新<sup>2</sup>, 卢磊<sup>1</sup> (1. 孝感学院生命科学技术学院, 湖北孝感 432100; 2. 中国农业大学农学与生物技术学院, 北京 100094)

**摘要** 增加水稻粒重是提高粮食产量的有效途径。综述了在水稻粒重上的 QIL 定位和克隆情况, 得知目前共有 4 个精细定位的粒重基因, 包括 1 个克隆的 GS3 粒长及 1 个克隆的 GW2 粒宽基因。

**关键词** 水稻; 粒重; 定位; 克隆

中图分类号 S511 文献标识码 A 文章编号 0517-6611(2007)27-08468-01

## Research on the Localization and Clone of Grain Weight in Rice

YAO Guo-xin et al (School of Life Science and Technology, Xiaogan University, Xiaogan, Hubei 432000)

**Abstract** The grain weight is a effective component in the improvement of rice yield. In the paper, QIL mapping and clone of rice grain weight were summarized. At present, there were four fine mapping grain weight QILs including one cloned GS3 gene and GW2 gene.

**Key words** Rice; Grain weight; Localization; Clone

水稻产量主要由千粒重、有效穗数和每穗粒数决定。在构成水稻产量的三要素中, 千粒重的遗传比较稳定, 其变异系数为 40%~60%。国际水稻研究所研究认为, 增加粒重可提高水稻产量 30% 以上, 是提高产量的有效途径。而水稻千粒重由谷粒长度、宽度和厚度三者决定, 是一个典型的数量性状遗传。笔者综述了目前国内外水稻粒重基因的 QIL 定位及克隆研究的进展。

### 1 水稻大粒种质

大粒的种质在各国均有分布, 但多集中在东南亚国家, 例如老挝、菲律宾、泰国、印尼、印度和中国等。千粒重最大的可达 70 g 以上, 全球千粒重超过 45 g 的水稻品种有 18 个, 我国在“七五”和“八五”期间共筛选出优质大粒种质 115 份, 可为生产和育种利用<sup>[1]</sup>。

### 2 水稻粒重 QIL 研究的情况

从 20 世纪 70 年代以来, 许多科学家从经典遗传学的角度对水稻谷粒的粒长、粒宽和粒厚的遗传特性进行了研究。水稻籽粒是生长在母体植株上并由雌雄配子结合发育而来的, 因此它的生长发育既受到父母本的基因控制, 又受到母体植株的部分影响, 所以水稻粒重是一个非常复杂的性状。根据国际网站 *granere* 公布的数据整理, 截至 2006 年 12 月共有 224 个关于粒重的 QIL 被定位。在水稻 12 条染色体中(图 1), 粒重 QIL 在第 1、3、5、6、10、11 染色体上分布较多, 但在所有染色体上都检测到了影响粒重的 QIL, 说明粒重的遗传受很多因素影响和控制。

**2.1 谷粒长度 QIL 的初步定位研究** 对谷粒长度的遗传很多人做过研究, 有认为是单基因控制, 也有认为是双基因、多基因控制, 但大多认为属于多基因控制, 属于数量性状。1980 年报道小粒受单一 M 基因控制, 长粒受单一主效基因 LKf 控制<sup>[2]</sup>。但是 1983 年 McKenzie 等研究得到粒长由 2~3 个或更多基因控制<sup>[3]</sup>。林鸿宣等在 1995 年用特三矮 2 号/CB1128 和外引 2 号/CB1128 两个群体检测到 5 个粒长微效 QILs<sup>[4]</sup>; 1997 年利用粳粳杂交 DH 系定位检测到控制粒长的 4 个 QIL。2001 年刑永忠等利用珍粳 97B/明灰 63 衍生的 F2 3 家系和 F9 重组自交系中检测到 3 号染色体区域控制

粒长的主效 QIL, 贡献率已达 50%<sup>[5]</sup>。

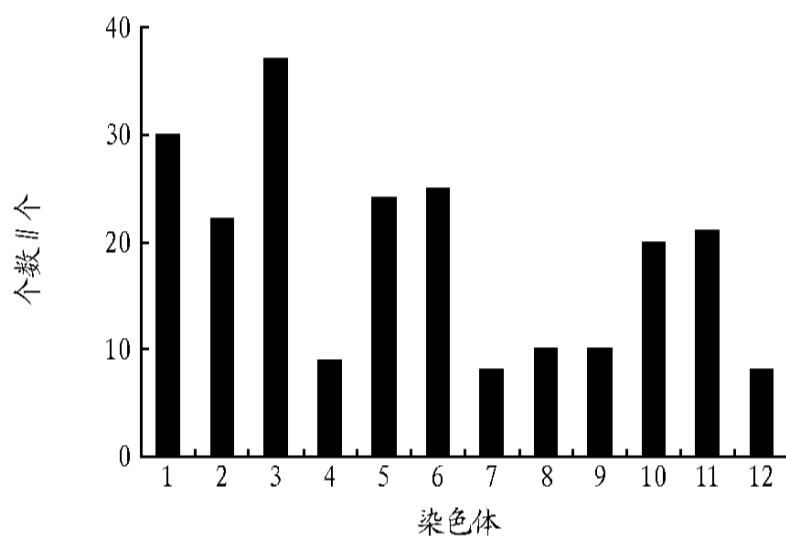


图 1 粒重 QIL 在水稻染色体上的分布

**2.2 粒宽的初步 QIL 定位情况** 很多学者研究认为, 粒宽由多基因控制, 1983 年 McKenzie 等在对谷宽的检测中认为有 3~7 个基因控制<sup>[3]</sup>。林鸿宣等 1995 年检测到 2 个主效 QIL 和 2 个微效 QIL 同时控制粒宽<sup>[4]</sup>。1997 年 Huang 等在染色体 1、2、3、10 和 11 号上定位了 5 个控制粒宽的基因<sup>[6]</sup>。刑永忠等在第 5 号染色体 RG360~C734B 区域检测到影响粒宽的基因 *gw5*, 其贡献率达 40% 以上<sup>[5]</sup>。

**2.3 粒厚的初步 QIL 定位情况** 樊龙江等 2000 年研究认为, 粒厚同时受三倍体胚乳、二倍体母体植株基因的加性和显性效应以及细胞质效应的影响<sup>[7]</sup>, 受环境的影响比较大。林鸿宣等在 1995 年用特三矮 2 号/CB1128 群体检测到 5 个控制粒厚的 QILs, 其中位于 5 号染色体的 *tg5* 为主效基因<sup>[4]</sup>。2005 年 Jiang 等利用珍粳 97B/武玉粳 2 号得到的 DH 系中检测到 7 个控制粒厚的 QIL<sup>[8]</sup>。

**2.4 精细定位及克隆情况** 尽管已定位的粒重 QIL 位点达 200 个以上, 但是能够将粒重基因精细定位的很少。根据现有文献, 关于粒重基因的精细定位仅有 *gw8.1*、*Lk-4(t)*、*GS3*、*gw8.1* 和 *GW2*, 克隆的粒重基因仅有 *GS3* 和 *GW2*。

**2.4.1 *gw8.1* 粒重基因的精细定位。** Li 等利用康乃尔大学组配的热带粳稻品种 Jefferson 作为轮回亲本与普通野生稻材料 IRGC 105491 配置的组合, 利用回交群体, 将用来初步定位的源于野生稻的控制粒重的基因 *gw8.1* 精细定位在第 3 号染色体标记 JL123h 和 JL109 的 93.8 kb 区间<sup>[9]</sup>。*gw8.1* 具有增加粒重的作用。该研究表明, 利用回交能够剔除其他微效基

作者简介 姚国新(1977-), 男, 湖北宜昌人, 博士研究生, 研究方向: 水稻分子遗传育种。

收稿日期 2007-05-19

(上接第8468页)

因的影响,增加主效QIL的贡献率,提高定位准确度。

**2.4.2 Lk-4(t) 水稻粒长的主效基因精细定位。**Zhou等利用蜀恢527为轮回亲本与一个小粒品种配置组合,得到BC<sub>2</sub>F<sub>2</sub>的群体中800株隐性长粒,将控制水稻粒长的一个主效基因Lk-4(t)定位在P1-EcoRV和P2-Sac之间的1.4cM范围内<sup>[9]</sup>。该研究结果同样表明回交能够将大部分对目标基因有干扰的微效基因去除,提高定位的准确性。

**2.4.3 gw8.1 水稻粒重QIL精细定位。**Xie等利用韩国的优良栽培品种(Hvaseongbyeon)和野生稻IRGC105491杂交构建回交群体BC<sub>3</sub>F<sub>4</sub>,将gw8.1定位在第8号染色体RM23201.CNR151和RMB0000.CNR99的306.4kb范围,该粒重基因与水稻谷粒品质性状及株高没有相关性<sup>[11]</sup>。

**2.4.4 GS3 水稻粒重基因的精细定位和克隆。**Fan等利用明恢63作为轮回亲本与和川7配置组合,通过回交方法,构建了5740株BC<sub>3</sub>F<sub>2</sub>群体,将控制粒重的基因GS3定位在第3号染色体7.9kb的片断范围内,其候选基因包括5个外显子,全长编码232个氨基酸,与大粒变异的基因序列比较,发现在假定的GS3基因第2外显子区发现1个无意突变,该突变引起预测蛋白C端的178位氨基酸缺失,从而增加粒重。据检测,相当部分大粒种质都含有此片断<sup>[12]</sup>。

**2.4.5 GW2 水稻粒宽基因的精细定位和克隆。**宋献军等利用WY3和丰矮粘1(FAZ1)杂交,组配回交群体,利用BC<sub>3</sub>F<sub>2</sub>群体,成功将控制粒宽基因的GW2定位于第2号染色体的8.2kb的范围,并将其克隆,该基因包括8个外显子和7个内含子。序列比较结果显示:GW2的等位基因在外显子4上的一个核苷酸缺失造成了翻译的提前终止,切断了310个残余氨基酸,从而增加了细胞的数量,使得颖壳宽度增加。功能预测显示,GW2具有泛素连接酶E3的功能<sup>[13]</sup>。而且该基因对水稻品质性状影响不大,在育种上有很大利用价值。

### 3 粒重基因的定位克隆发展

克隆控制粒重的主要基因并加以改造利用是提高粮食

产量的有效方法。目前水稻的全基因组测序工作已经完成,在水稻上已经积累了相当详细的资料,为水稻重要性状基因的定位克隆提供了便利。但是关于水稻粒重的基因定位克隆任务依然艰巨,在已经定位的200多个QIL位点中,仅有4个QIL被精细定位,2个基因被克隆。相信随着分子标记技术、基因芯片技术和定位群体的不断完善,定位克隆基因的速度将会越来越快,随着粒重和品质基因的大量定位克隆,水稻的产量和品质会再上一个新的台阶。

### 参考文献

- [1] 马丽莲,郭龙彪,钱前.水稻大粒种质资源和遗传分析[J].植物学通报,2006,23(4):395-401.
- [2] TAKEDA K,SAITO K. Major genes responsible for grain slip in rice[J]. Japan J Breed,1980,30:280-282.
- [3] MCKENZIE K S,RUTGER J N. Genetic analysis of amylose content,alkali spreading score and grain dimension in rice[J]. Crop Sci,1983,23:306-313.
- [4] 林鸿宣,闵绍楷,熊钱民,等.应用RFLP图谱分析籼稻粒型数量性状基因座位[J].中国农业科学,1995,28(4):1-7.
- [5] 刑永忠,谈移芳,徐才国,等.利用水稻重组自交系定位谷物外观性状的数量性状基因[J].植物学报,2001,43(8):840-845.
- [6] HUANG N,PARCO A,MEWT,et al. RFLP mapping of isozymes,RAPD and QILs for grain shape,brown planthopper resistance in a doubled haploid rice population[J]. Mol Breed,1997,3:105-113.
- [7] 樊龙江,吴平.籼稻糙米厚度的发育遗传研究[J].遗传学报,2000,27:870-877.
- [8] JIANG G H,HONG X Y,XUC G,et al. Identification of quantitative trait loci for grain appearance quality using a double haploid rice population[J]. Integr Plant Biol,2005,47:1391-1403.
- [9] LI J,THOMSON M,MCCUCHS R. Fine mapping of a grain weight quantitative trait locus in the pericentromeric region of rice chromosome 3[J]. Genetics,2004,168:2187-2195.
- [10] ZHOU LQ,WANG YP,LI SG. Genetic analysis and physical mapping of Lk-4(t),a major gene controlling grain length in rice,with a BC<sub>2</sub>F<sub>2</sub> population[J]. Acta Genetica Sinica,2006,33(1):72-79.
- [11] XIE XB,SONG M,JIN FX,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]. Theor Appl Genet,2006,113:885-894.
- [12] FAN CC,XING YZ,MAO HL,et al. GS3,a major QIL for grain length and weight minus QIL for grain width and thickness in rice,encodes a putative transmembrane protein[J]. Theor Appl Genet,2006,6:1164-1171.
- [13] SONG X J,HUANG WEI,SHI MIN,et al. A QIL for rice grain width and weight encodes a previously unknown RING-type E3 ubiquitin ligase[J]. Nature Genetics,2007,39:623-630.