

# 水稻抽穗期的 QTL 剖析

黄 成<sup>1</sup>, 姜树坤<sup>1</sup>, 刘梦红<sup>2</sup>, 徐正进<sup>1</sup>, 陈温福<sup>1</sup>

(1. 沈阳农业大学 水稻研究所, 农业部作物生理生态遗传育种重点开放实验室, 辽宁省北方粳稻育种重点实验室, 辽宁 沈阳 110161; 2. 黑龙江农垦科学院植保所, 黑龙江 佳木斯 154000)

**摘要:** 利用沈农 265/ 丽江新团黑谷的  $F_2$  群体对抽穗期进行定位分析表明, 该群体共定位到 7 个控制抽穗期的 QTLs, 分别位于第 2, 3, 6 和 7 染色体上。单个 QTL 对性状表型贡献率在 9.7% ~ 23% 之间。与其他研究结果比较表明, 多数控制抽穗期的 QTLs 在不同的材料、不同遗传背景下重演性较好。同时, 发现一个新的 QTL 位点, 这些为北方粳稻育种的生育期选择提供基础性数据。

**关键词:** 水稻; 抽穗期; 数量性状位点

**中图分类号:** S511 **文献标识码:** A **文章编号:** 1000-7091(2009)03-0007-03

## QTL Dissection of Heading Date in Rice( *Oryza sativa* L. Japonica)

HUANG Cheng<sup>1</sup>, JIANG Shu-kun<sup>1</sup>, LIU Meng-hong<sup>2</sup>, XU Zheng-jin<sup>1</sup>, CHEN Wen-fu<sup>1</sup>

(1. Key Laboratory of Crop Physiology, Ecology, Genetics and Breeding, Ministry of Agriculture, Key Laboratory of Northern Japonica Rice Breeding of Liaoning Province, Shenyang Agricultural University, Shenyang 110161, China; 2. Plant Protection Institute of Heilongjiang Academy of Land Reclamation Sciences, Jiamusi 154000, China)

**Abstract:** Quantitative trait loci (QTL) for heading date were detected in rice by using an  $F_2$  population derived from the cross Shennong 265/Lijiangxintuanheigu. Totally, 7 QTLs for heading date were detected on chromosome 2, 3, 6 and 7, respectively. Comparison among different studies revealed that most QTLs for heading date were easy to be redetected in different materials and environments. And a new QTL locus for heading date was detected in this study. These results provide the basic data for selecting heading date of the Japonica rice breeding.

**Key words:** Rice; Heading date; QTLs

水稻是最主要的粮食作物, 抽穗期决定着品种的种植地区和适应的耕作制度, 是水稻育种的重要目标性状之一。抽穗期属于数量性状, 其遗传基础较为复杂, 一般认为抽穗期是由主效基因和微效基因共同控制, 其遗传基础的研究对指导育种实践、品种改良及推广均具有重要意义。利用分子标记进行水稻抽穗期 QTL (Quantitative trait locus) 定位和克隆已有不少研究报道。Yano 等<sup>[1]</sup>以粳稻品种 Nipponbare 和籼稻品种 Kasalath 组合的  $F_2$ 、BIL 和高代回交群体为试验材料定位了 Hd1 - Hd3a, Hd3b - Hd14 等 14 个抽穗期 QTL, 其中 Hd1、Hd3a 和 Hd6 已被克隆<sup>[2-5]</sup>, Hd2、Hd4、Hd5、Hd8 和 Hd9 已被精细定位<sup>[6-9]</sup>。Doi 等<sup>[10]</sup>克隆了抽穗期 QTL-Ehd1, 该基因在拟南芥中找不到同源基因。Izawa 等<sup>[11]</sup>克隆了控

制水稻光周期相关基因 *Se5*。Xue 等<sup>[12]</sup>克隆了同时控制抽穗期、株高和产量的 *Ghd7*, 该基因与 *Hd4* 的位置相同, 可能为同一基因或等位基因。本试验利用沈农 265/ 丽江新团黑谷的  $F_2$  群体对抽穗期进行定位, 研究这些控制抽穗期的基因在北方特定生态环境下的存在与表达, 并检测新的 QTL 位点, 以期作为北方粳稻的育种生育期的选择提供基础性数据。

## 1 材料和方法

### 1.1 材料

试验于 2007 年在沈阳农业大学水稻所试验田进行, 以粳稻品种沈农 265 和丽江新团黑谷及其 176 株  $F_2$  群体为试材, 4 月 12 日育苗, 5 月 18 日移栽, 行株距为 30 cm × 13.3 cm, 常规田间管理。

收稿日期: 2009-03-02

基金项目: 辽宁省高等学校优秀人才支持计划 (2006R48)

作者简介: 黄 成 (1983-), 男, 辽宁本溪人, 硕士, 主要从事作物分子标记及分子标记辅助育种研究。

通讯作者: 徐正进 (1958-), 男, 辽宁营口人, 博士, 博士生导师, 研究员, 主要从事水稻产量生理与遗传基础研究。

1.2 方法

抽穗期为从播种到抽穗的天数,单株第一穗穗尖露出叶鞘 1 cm 记为该单株抽穗。抽穗时逐株记载抽穗日期,再换算成抽穗期。

基因组 DNA 的提取采用 CTAB 法,扩增程序参照姜树坤等<sup>[13]</sup>的方法。扩增产物用 6 % 的变性聚丙烯酰胺凝胶分离,电泳缓冲液为 0.5 ×TBE。电泳后采用银染法染色<sup>[14]</sup>。遗传连锁图用 MAPMAKER/ EXP 3.0 软件构建<sup>[15]</sup>。F<sub>2</sub> 群体抽穗期的 QTL 定位用 MAPMAKER/ QTL1.1 程序<sup>[16]</sup>,以 LOD 值 3.0 为阈值。

2 结果与分析

2.1 F<sub>2</sub> 群体的抽穗期表现

双亲沈农 265 (102) 和丽江新团黑谷 (105) 的抽穗期差异不大,但在沈农 265 和丽江新团黑谷的 F<sub>2</sub> 群体中变异幅度较大,表现为接近正态的连续分布,符合数量性状的遗传特征,并呈现一定程度的双向超亲分离,这些结果表明,控制抽穗期的 QTL 效应

不大,且双亲中存在效应相反的 QTL (图 1)。

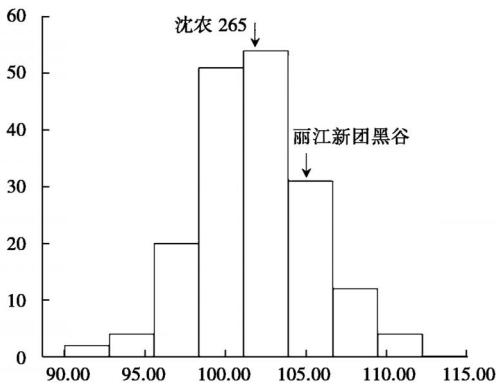


图 1 抽穗期在 F<sub>2</sub> 群体中的分布

Fig.1 Distributions of heading date in the F<sub>2</sub> populations

2.2 抽穗期的 QTL 分析

通过区间作图分析,在沈农 265/ 丽江新团黑谷的 F<sub>2</sub> 群体中共检测到 7 个抽穗期 QTLs,分别位于第 2,3,6 和 7 号染色体上(表 1,图 2)。

表 1 抽穗期的 QTL 定位结果

Tab.1 The QTL result of heading date

位点 Locus	染色体 Chromosome	区间 Interval	LOD 值 LOD value	贡献率/ % Contribution rate	加性效应 Additive effect
<i>qHD2</i>	2	PSM376 - RM116	3.0	9.7	- 1.5
<i>qHD3-1</i>	3	RM231 - RM545	3.1	11.1	2.3
<i>qHD3-2</i>	3	RM218 - RM232	3.2	9.8	2.2
<i>qHD3-3</i>	3	PSM132 - RM448	3.4	10.3	- 1.8
<i>qHD6-1</i>	6	RM508 - RM204	3.7	13.2	2.6
<i>qHD6-2</i>	6	RM528 - RM439	4.0	23.0	- 4.2
<i>qHD7</i>	7	PSM142 - RM214	3.2	12.6	- 1.9

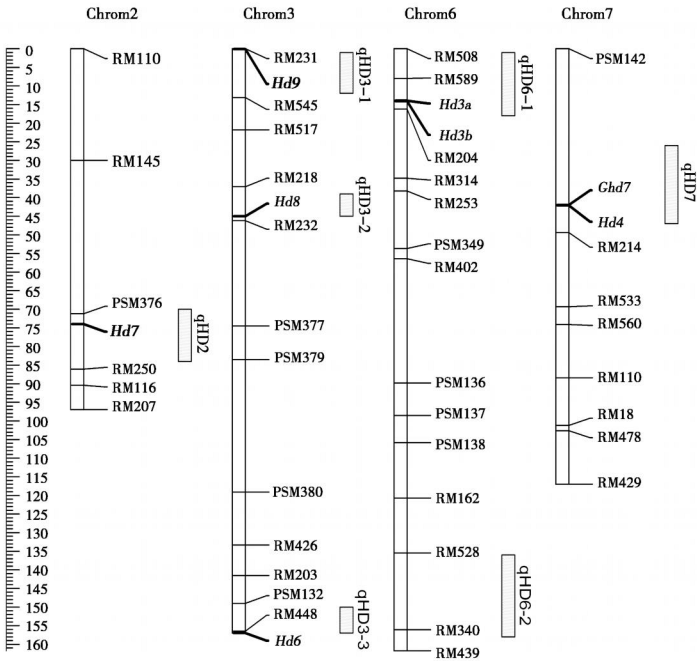


图 2 抽穗期 QTL 在图谱中的位置

Fig.2 Location of QTLs detected for heading date characteristics in the genetic map

其中位于第 6 染色体 RM528 - RM439 区间的 *qHD6-2* 的贡献率最大(贡献率为 23 %),其来自沈农 265 的等位基因促进提前 4.2 d 抽穗。另外 6 个 QTLs 的贡献率较小,其中位于第 2 染色体 PSM376 - RM116 区间的 *qHD2* 效应最小,贡献率仅为 9.7 %,其来自沈农 265 的等位基因促进提前 1.5 d 抽穗。另外,位于第 3 染色体的 *qHD3-3* (PSM132 - RM448) 和位于第 7 染色体的 *qHD7* (PSM142 - RM214) 的加性效应值分别为 - 1.8 和 - 1.9,二者的贡献率分别为 10.3 % 和 12.6 %,它们来自沈农 265 的等位基因均促进提前抽穗。而位于第 3 染色体的 *qHD3-1* (RM231 - RM545), *qHD3-2* (RM218 - RM232) 和位于第 6 染色体的 *qHD6-1* (RM508 - RM204) 的加性效应值均为正值,分别为 2.3, 2.2 和 2.6,贡献率分别为 11.1 %, 9.8 % 和 13.2 %,它们来自沈农 265 的等位基因均延迟抽穗。这 7 个 QTLs 的累积贡献率为 89.7 %。

### 3 结论与讨论

本研究共定位到 7 个控制抽穗期的 QTLs,分别位于第 2, 3, 6 和 7 染色体上。通过与前人多个不同群体对抽穗期这一性状 QTL 定位研究的比较发现,多数 QTLs 在不同的群体中都能检测到,且在染色体上的位置相近,说明控制抽穗期的基因在不同的材料、不同遗传背景下重演性较好。其中, *qHD2* 与 *Hd7* 位置相同<sup>[12]</sup>, *qHD3-1* 与 *Hd9* 位置相同<sup>[9]</sup>, *qHD3-2* 与 *Hd8* 位置相同<sup>[8]</sup>, *qHD3-3* 与 *Hd6* 位置相同<sup>[5]</sup>, *qHD6-1* 与 *Hd3* 位置相同<sup>[6]</sup>, *qHD7* 与 *Ghd7* (*Hd4*)<sup>[7, 12]</sup> 位置相同,在本试验中并未在 *Hd1* 和 *Hd2*<sup>[6]</sup> 的位置附近检测到 QTLs,表明,这些控制抽穗期的 QTLs 是在籼粳分化这一剧烈进化现象之后形成的。

同时,我们发现一个新的主效 QTL 位点 *qHD6-2*,其贡献率为 23 %,该位点以前并未被检测到 (<http://www.gramene.org/db/ql/>)。水稻生育期从生理上可分为营养生长期和生殖生长期,营养生长期又可分为基本营养生长期和感光生长期,该位点究竟是通过缩短哪一阶段进而促进抽穗及其生理机制是我们下一步研究的重点,这可能为我们加深了解抽穗期的遗传基础提供帮助。

培育适宜生育期的水稻品种是扩大水稻品种种植区域、提高稻米品质的重要途径,沈农 265 是沈阳农业大学水稻研究所于 20 世纪末育成的粳型超级稻品种,但由于熟期的限制,影响该品种的跨省推广。利用其高产的优良性状,培育适宜熟期的高产

优质水稻品种具有重要意义。本研究中鉴定到的控制抽穗期的位点将为以后通过分子标记辅助选择实现有利的 QTL 的重组,改良该品种的生育期提供基础性材料。

### 参考文献:

- [1] Yano M, Kojima S, Takahashi Y, *et al.* Genetic control of flowering time in rice, a short-day plant [J]. *Plant Physiology*, 2001, 127: 1425 - 1429.
- [2] Yano M, Katayosi Y, Ashikari M, *et al.* A major photoperiod sensitivity quantitative trait locus in rice, is closely related to the arabidopsis flowering time gene CONSTANS [J]. *The Plant Cell*, 2000, 12(1): 2473 - 2483.
- [3] Kojima S, Takahashi Y, Kobayashi Y, *et al.* Hd3a, a rice ortholog of the arabidopsis FT gene, promotes transition to flowering downstream of *Hd1* under short-day conditions [J]. *Plant Cell Physiol*, 2002, 43(10): 1096 - 1105.
- [4] Yamamoto T, Lin H X, Sasaki T, *et al.* Identification of heading date quantitative trait locus *Hd6* and characterization of its epistatic interactions with *Hd2* in rice using advanced back-cross progeny [J]. *Genetics*, 2000, 154: 885 - 891.
- [5] Takahashi Y, Shomuru A, Sasaki T, *et al.* *Hd6*, a rice quantitative trait locus involved in photoperiod sensitivity, encodes the a subunit of protein kinase CK2 [J]. *PNAS*, 2001, 98(14): 7922 - 7927.
- [6] Yamamoto T, Kuboki Y, Lin S Y, *et al.* Finemapping of quantitative trait loci *Hd1*, *Hd2* and *Hd3*, controlling heading date of rice, as single Mendelian factors [J]. *Theor Appl Genet*, 1998, 97: 37 - 44.
- [7] Lin H X, Liang Z W, Sasaki T, *et al.* Fine mapping and characterization of quantitative trait loci *Hd4* and *Hd5* controlling heading date in rice [J]. *Breeding Science*, 2003, 53: 51 - 59.
- [8] Takeuchi Y, Lin S Y, Sasaki T. Fine linkage mapping enables dissection of closely linked quantitative trait loci for seed dormancy and heading in rice [J]. *Theor Appl Genet*, 2003, 107: 1174 - 1180.
- [9] Lin H X, Ashikari M, Yamanouchi U, *et al.* Identification and characterization of a quantitative trait locus, *Hd9*, controlling heading date in rice [J]. *Breeding Science*, 2002, 52: 35 - 41.
- [10] 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 *Hd1* [J]. *Genes & Development*, 2004, 18: 926 - 936.
- [11] Izawa T, Oikawa T, Sugiyama N, *et al.* Phytochrome mediates the external light signal to repress FT orthologs in photoperiodic flowering of rice [J]. *Genes and Development*, 2006, 16: 2006 - 2020.
- [12] Xue W Y, Xing Y Z, Weng X Y, *et al.* Natural variation in *Ghd7* is an important regulator of heading date and yield potential in rice [J]. *Nature Genetics*, 2008, 40: 761 - 767.
- [13] 姜树坤, 王政海, 钟 鸣, 等. 辽宁省近十五年部分主栽水稻品种的 SSR 多态性分析 [J]. *植物生理学通讯*, 2007, 43(1): 69 - 72.
- [14] Panaud O, Chen X, McCouch S D. Development of micro-satellite marker and characterization of sample sequence length polymorphism (SSLP) in rice (*Oryza sativa* L.) [J]. *Mol Gen Genet*, 1996: 252 - 259.
- [15] Lander E S, Green P, Abrahamson J, *et al.* MAPMAKER: an interactive computer for constructing primary genetic linkage maps of experimental and natural populations [J]. *Genomics*, 1987, 1: 174 - 182.
- [16] Lincoln S, Daly M J, Lander E S. Mapping genes controlling quantitative traits with MAPMAKER/ QTL 1. 1 [R] // White Head Institute Technical Report. 2nd ed. Cambridge, MA: Whitehead Institute, 1992.