

两种供氮水平下水稻穗长 QTLs 的检测

方 萍¹ 季天委¹ 陶勤南¹ 吴 平²

(¹浙江大学 环境与资源学院, 浙江 杭州 310029; E-mail: fangping@mail.hz.zj.cn; ²浙江大学 生命科学学院, 浙江 杭州, 310029)

Detecting QTLs for Rice Panicle Length under Two Nitrogen Levels

FANG Ping¹, Ji Tian-wei¹, TAO Qing-nan¹, WU Ping²

(¹College of Environmental and Resources Science, Zhejiang University, Hangzhou 310029, China; E-mail: fangping@mail.hz.zj.cn;

²College of Life Science, Zhejiang University, Hangzhou 310029, China)

Abstract: Quantitative trait loci (QTLs) for rice panicle length under two nitrogen levels were mapped on to the molecular marker linkage map by using a rice doubled haploid population derived from a cross between IR64 and Azucena. Two QTLs for panicle length, one on chromosome 1 and the other on chromosome 4 were detected at high N level, while five QTLs for panicle length were identified at low N level. The interaction between N levels and QTL for rice panicle length was therefore suggested. Based on this interaction and different response to low N stress between two parents, it was supposed that some QTLs only detected at low N level might be related with the ability of rice to tolerate low N stress.

Key words: rice; panicle length; molecular marker; quantitative trait loci

摘 要: 在水稻(IR64×Azucena) DH 群体中应用分子标记连锁图, 对不同供氮水平下的穗长性状进行 QTL 区间作图分析。在高氮水平下检测到控制穗长的 QTLs 2 个, 分别位于第 1 和第 4 染色体上; 在低氮水平下检测到 5 个穗长 QTLs, 其中 3 个分别位于第 1、4 和 6 染色体上, 2 个位于第 3 染色体的不同部位, 说明穗长 QTL 与供氮水平之间可能存在交互效应。基于这种互作效应及研究中观察到的两供试亲本对低氮胁迫的耐性差异, 推测仅在低氮水平下检测到的穗长 QTLs 可能跟水稻对低氮胁迫耐性有一定的关联。

关键词: 水稻; 穗长; 分子标记; 数量性状位点

中图分类号: Q943; Q945; S511.032

文献标识码: A

文章编号: 1001-7216(2002)02-0176-03

氮是水稻生长发育的必需元素, 但是化学氮肥的长期大量施用也带来了水稻生产成本提高、肥料利用率降低、环境污染等一系列对农业可持续发展的负面影响^[1], 培育耐低氮胁迫水稻品种是解决这一问题的有效途径。为此, 有必要运用分子标记技术, 定位控制水稻耐低氮胁迫的基因。有关农艺性状 QTL 与环境互作正受到人们的关注, Lu 等^[2]、Zhuang 等^[3]分别研究了同一群体在不同地区、不同年份种植的情况下 QTL 位置和效应的差异, 发现不同性状的 QTL 数目和效应都不同程度受到环境的影响。然而这些研究中所指的环境是一个笼统的空间或时间概念, 并未真正涉及诸如温度、光照、营养条件等影响水稻生长发育的特定环境因子的作用, 如果能在某个特定环境因子的不同水平下测定农艺性状的 QTLs, 研究该环境因子与某农艺性状 QTL 的互作, 这将有更大的实际意义。

本研究在充分和不充分供氮两种栽培条件下分析水稻(IR64×Azucena)DH 群体中穗长的分离, 应用分子图谱检测控制穗长 QTL, 通过两种供氮水平下穗长 QTLs 检测结果的比较, 来推测存在耐低氮胁迫基因的可能性。

1 材料与方法

1.1 试验材料

本研究的 DH 群体及其分子标记连锁图谱来自 IRR1^[4], 连锁图谱的构建过程见 Huang 等的报道^[5]。本研究所用材料为 107 个 DH 株系及其双亲。所用连锁图谱包含覆盖于 12 条

染色体的 175 个分子标记, 标记间的平均距离为 10.3 cM。

1.2 土培试验

用于测定 DH 群体及其双亲穗长性状的土培试验于 1998 年 5 月至 11 月在浙江大学网室完成。试验设不施氮肥和每框施尿素 N 55 g 两个供氮水平, 每框装土 250 kg 并施磷酸二氢钠 60 g 和硫酸钾 120 g 作底肥, 各框土壤在移栽前泡水 2 周, 移栽前 1 d 按设计施入相应的氮肥和底肥并翻入土中。各供氮水平下每 DH 株系分别种植 1 行, 每亲本分别种植 3 行, 完全随机排列, 每框种 9 行, 每行种 6 株, 行株距约为 16.5 cm×14.0 cm, 移栽后灌水, 至收获前 1 周排干水, 并及时防治病虫害。收获时逐株测定主穗穗长。

1.3 QTL 检测

利用 Mapmaker/QTL 软件对穗长性状进行 QTL 区间作图分析, 以 LOD 值 2.4 为阈值, 同时计算每个 QTL 的加性效应以及对性状总变异的贡献率^[6]。

2 结果

2.1 不同供氮水平下 DH 群体及亲本穗长的表型特征

高氮水平下, 亲本 Azucena 的穗长为 33.1 cm, 高于 IR64 的穗长 26.6 cm, 低氮时亲本 Azucena 的穗长为 26.6 cm, 也

收稿日期: 2001-03-17; 修改稿收到日期: 2001-05-24。

基金项目: 浙江省自然科学基金资助项目(396291)。

第一作者简介: 方萍(1957—), 女, 副教授, 博士。

表 1 不同供氮水平下控制水稻穗长的 QTLs

Table 1. QTLs for panicle length detected from a DH (IR64/Azucena) population under high and low nitrogen levels.

供氮水平	染色体	标记区间	LOD 值	贡献率	加性效应 ¹⁾
N level	Chromosome	Interval	LOD score	R ² /%	Additive effect ¹⁾ /cm
高氮 High	1	RZ730 ~ RG801	2.97	17.0	2.34
	4	RG163 ~ RZ590	4.06	25.0	2.84
低氮 Low	1	RZ730 ~ RG801	3.03	16.1	1.79
	3	RZ284 ~ RZ394	3.07	13.7	-1.49
	3	RG910 ~ RG418A	4.13	19.2	1.84
	4	RG190 ~ RG908	3.03	14.4	-1.63
	6	Amy2A ~ RG433	3.44	14.8	-1.56

¹⁾正值加性效应,表示 QTL 对穗长的增进作用来自亲本 Azucena,负值加性效应表示 QTL 对穗长的增进作用来自亲本 IR64。

¹⁾The positive additive effect indicates the effect of QTL to increase panicle length from parent Azucena, while the negative additive effect indicates the effect of QTL to increase panicle length from parent IR64.

高于 IR64 的穗长 22.2 cm,差异均达 1%显著水平,表明两供试亲本穗长性状的遗传背景差异十分明显。然而,穗长的亲本差异在高氮水平下为 6.5 cm,低氮水平下为 4.4 cm,两者相差 2.1 cm,方差分析表明,这种交互效应达 5%显著水平,说明穗长在两亲本间的遗传背景差异的表达受到一定的限制。另一方面,在低氮水平下各亲本的穗长相对于高氮水平均显著降低,而且 Azucena 的降低幅度为 6.5 cm,也显著大于 IR64 的降低幅度 4.4 cm,这反映了 Azucena 受低氮胁迫的程度大于 IR64,由此可见,两供试亲本对低氮胁迫的耐性存在一定差异。两个供氮水平下穗长在 DH 群体中的分离符合正态分布,因此适于 QTL 区间作图分析。

2.2 不同供氮水平下控制水稻穗长的 QTL 区间作图分析

QTL 检测结果如表 1 和图 1 所示。在高氮水平下,检测到 2 个控制水稻穗长的 QTLs,分别位于第 1 染色体的 RZ730~RG801 和第 4 染色体的 RG163~RZ590 区间。在低氮水平下共检测到 5 个控制水稻穗长的 QTLs,分别位于第 1 染色体的 RZ730~RG801、第 3 染色体的两个非相邻区间 RZ284~RZ394 和 RG910~RG418A、第 4 染色体的 RG190~RG908 及第 6 染色体的 Amy2A~RG433 区间。

3 讨论

穗长是水稻产量的重要构成因子之一,对水稻穗长的 QTL 定位已有过许多研究,在不同遗传群体和环境下检测到的穗长 QTLs 结果有较大差异^[2,3,7,9,10]。由于 QTLs 定位分析是基于亲本间等位基因效应差异而实现的。因此,如果采用双亲等位基因效应差异不尽相同的遗传群体作 QTL 定位分析,所得到定位结果也将有所差别,所以, QTL 检测结果具有组合特异性。然而,对于为何采用相同遗传群体在不同环境下检测出的 QTL 存在差异的问题,也即存在 QTL 与环境互作效应的原因及其意义却尚未引起足够的关注。

本研究在高氮水平下检测到穗长 QTLs 2 个,而低氮水平下却检出 5 个,显然水稻穗长 QTL 与供氮水平间存在明显的互作。原因何在? 众所周知,水稻穗长性状属于数量性状,不仅具有复杂的遗传控制还受到环境条件诸如氮素营养状况的制约,不难设想,在合适的环境条件下控制穗长的基

因效应可得到充分的发挥,而环境不适时其基因效应的表达将受到制约,而制约的程度又受到对环境胁迫耐性基因的控制。本研究发现,两供氮水平下亲本 Azucena 的穗长均大于亲本 IR64,说明控制穗长的基因效应在两亲本存在明显差异;而在低氮胁迫条件下 IR64 的穗长降幅却显著小于 Azucena,表明控制耐低氮胁迫的基因效应在两亲本间也存在一定的差异,并通过穗长性状表达出来。由此推测,在供氮不足时检测出的穗长 QTLs 中将有一部分跟低氮胁迫耐性有关。本研究共检测到 6 个穗长 QTLs,其中位于第 1 染色体的 RZ730~RG801 区间的 QTL,在两个供氮水平同时被检测到,且两者的增效等位基因均来自长穗亲本 Azucena,说明这是控制穗长性状的 1 个主效 QTL。位于第 3、4 和第 6 染色体上共 4 个 QTLs 仅在低氮胁迫条件下被检出,且其中分别位于第 3 染色体的 RZ284~RZ394、第 4 染色体的 RG190~

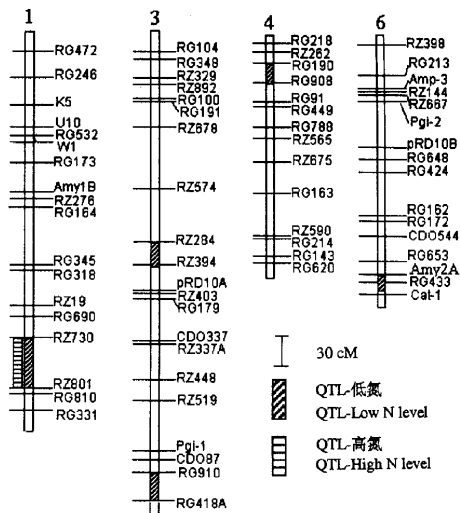


图 1 不同供氮水平下水稻穗长 QTLs 在染色体上的位置

Fig. 1. Molecular marker linkage map showing the QTL for rice panicle length detected at high and low N levels.

顶部数字表示染色体。

The numbers at top indicate the chromosomes.

RG908 和第 6 染色体的 AmyA~RG433 区间的 3 个 QTLs 的加性效应都来自对低氮胁迫耐性较强的父本 IR64,因此,我们推测这几个 QTLs 可能跟水稻对低氮胁迫耐性有一定的关联。

参考文献:

1 Senaratne R, Ratnasinghe D S. Nitrogen fixation and beneficial effects of some grain legumes and green-manure crops on rice. *Boil Fertil Soils*, 1995, 19: 49—54.

2 Lu C, Shen L, Tan Z, *et al.* Comparative mapping of QTLs for agronomic traits of rice across environments using a doubled haploid population. *Theor Appl Genet*, 1996, 93: 1211—1217.

3 Zhuang J Y, Lin H X, Lu J, *et al.* Analysis QTL×environment interaction for yield components and plant height in rice. *Theor Appl Genet*, 1997, 95: 799—808.

4 Guiderdoni E, Gallinato E, Luistro L, *et al.* Anther culture of tropical japonica×indica hybrids of rice. *Euphytica*, 1992, 62: 219—224.

5 Huang N, McCouch S, Mew T, *et al.* Development of an RFLP

map from a doubled-haploid population in rice. *Rice Genet Newslett*, 1994, 11: 134—137.

6 Lincoln S E, Daley M J, Lander E S. Mapping genes controlling quantitative traits with MAPMAKER/QTL version 1.1: a tutorial and reference manual. *In*: A Whitehead Institute for Biometrical Research Technical Report, 2nd ed. Cambridge, Mass: Whitehead Institute, 1993.

7 Wu P, Zhang G, Huang N. Identification of QTLs controlling quantitative characters in rice using RFLP markers. *Euphytica*, 1996, 89: 349—354.

8 Xiao J, Li J, Yuan L, *et al.* Identification of QTLs affecting traits of agronomic important in a recombinant population from a subspecific rice cross. *Theor Appl Genet*, 1996, 92: 230—244.

9 Liao C Y (廖春燕), Wu P (吴平), Yi K K (易可可), *et al.* QTLs and epistasis underlying rice (*Oryza sativa* L.) panicle length in different genetic background and environments. *Acta Gen Sin* (遗传学报), 2000, 27(7): 599—607. (in Chinese with English abstract)

• 新书征订 •

产量区域试验的统计分析
——因子设计的 AMMI 分析

[美]H. G. Gauch, Jr. 著
王磊 张群远 张冬晓译
中国农业科技出版社出版

AMMI(主效可加交互可乘)模型是一种广泛应用于品种区域试验数据分析的模型,可以帮助育种家和农学家更深入地理解试验数据,特别是品种和环境交互;可以更精确地估计产量,甚至是用更少的数据;可以作出更好的品种或品系选择;提出更有效的区域试验的试验设计。本书对 AMMI 的以上几个重要特性进行了系统的阐述。作为国际上公认的该领域的权威之一,本书原作者 H. G. Gauch 不仅仅综合了大量论文中所体现的思想和方法,而且提出了新的研究结果。另外,在中文版中还罗列了新近有关 AMMI 的文献,可供读者查找。

本书浅显易懂,对于育种家和农艺学家的科研工作,尤其是多点试验的数据分析有很高的参考价值。

本书已由中国农业科技出版社出版,大 32 开本,352 页。需要的读者,可汇款到 310006 杭州市体育场路 359 号《中国水稻科学》编辑部邮购,每册 40 元,不另收邮资,款到即寄。