



水稻功米3号高抗性淀粉性状的遗传分析

罗曦^{1*} 黄锦峰^{1,2*} 朱永生¹ 谢鸿光¹ 吴方喜¹ 张木清² 张建福^{1**} 谢华安^{1**}

1 福建省农业科学院水稻研究所/农业部华南杂交水稻种质创新与分子育种重点实验室/福州国家水稻改良分中心/福建省作物分子育种工程实验室/福建省水稻分子育种重点实验室/福建省作物种质创新与分子育种省部共建国家重点实验室培育基地/杂交水稻国家重点实验室华南基地/水稻国家工程实验室, 福州 350003; 2 福建农林大学, 福州 350002

* 同等贡献作者

** 通讯作者, jianfzhang@163.com; huaanxie@163.com

摘要 抗性淀粉具有降低糖尿病患者饭后血糖值、减少肠机能失调及结肠癌发病率、提供能量以及防止脂肪堆积等重要生理功能。为了了解水稻(*Oryza sativa* L.)中抗性淀粉含量这一性状的遗传特点,本研究以高抗淀粉水稻品种籼稻(*indica*)功米3号和粳稻(*japonica*)日本晴的正、反交组合 F_1 及其自交后代 F_2 、 $F_{2:3}$ 群体为研究材料,分别测定各单株的抗性淀粉含量以分析其遗传特点。结果显示,正、反交组合的 F_1 抗性淀粉含量及淀粉颗粒形态均表现出与相应母本相似的遗传现象,但是正、反交组合 F_2 的抗性淀粉含量没有显著差异,而且 $F_{2:3}$ 发生性状分离,说明这一性状受母性效应的影响。通过对功米3号/日本晴 $F_{2:3}$ 群体的群分离体混合分析,在1号和6号染色体上分别筛选出3对和6对可能与抗性淀粉含量位点连锁的微卫星标记;利用QTL(quantitative trait locus)作图软件检测到3个抗性淀粉含量QTL(*qRS6-1*、*sqRS6-2*和*qRS6-3*),均分布在6号染色体上,其中*qRS6-2*和*qRS6-3*可解释表型变异分别为20.36%和40.13%,同时检测到1号和6号染色体之间存在着1对上位性QTLs。以上结果说明,抗性淀粉含量这一性状是由少数主效基因和多个微效基因以及非等位基因间互作所控制的数量性状(QTL)。以上结果为高抗性淀粉水稻育种的母本选择提供了理论依据,为精确定位抗性淀粉含量相关的主效基因提供了基础资料。

关键词 抗性淀粉含量,遗传分析,QTL定位,功米3号,水稻

Genetic Analysis of High Resistant Starch Characteristics for Rice Variety Gongmi 3(*Oryza sativa* ssp. *indica*)

LUO Xi^{1*} HUANG Jin-Feng^{1,2*} ZHU Yong-Sheng¹ XIE Hong-Guang¹ WU Fang-Xi¹ ZHANG Mu-Qing²
ZHANG Jian-Fu^{1**} XIE Hua-An^{1**}

1 Rice Research Institute, Fujian Academy of Agricultural Sciences/Key Laboratory of Germplasm Innovation and Molecular Breeding of Hybrid Rice for South China, Ministry of Agriculture/Fuzhou branch, National Rice Improvement Center of China/Fujian Engineering Laboratory of Crop Molecular Breeding/ Fujian Key Laboratory of Rice Molecular Breeding/Incubator of National key Laboratory of Fujian Germplasm Innovation and Molecular Breeding between Fujian and Ministry of Sciences & Technology/South China Bases of National Key Laboratory of Hybrid Rice for China/National Rice Engineering Laboratory of China, Fuzhou 350003, China; 2 Fujian Agriculture and Forestry University, Fuzhou 350002, China

* The authors who contribute equally

** Corresponding authors, jianfzhang@163.com; huaanxie@163.com

Abstract Resistant starch has important physiological functions which reduce blood sugar levels of people

基金项目: 国家高技术研究发展计划(863)项目(No. 2010AA101801、No. 2010AA101804和No. 2011AA10A101)、国家水稻产业技术体系项目(No. CARS-01-11)、福建省自然科学基金项目(No. 2011J0901109)和福建省财政专项-福建省农业科学院科技创新团队建设项目(No. CXTD-1-1301)

收稿日期: 2013-07-29 接受日期: 2013-08-14

with diabetes, reduce bowel dysfunction and colon cancer incidence of a disease, provide energy and prevent fat accumulation. In order to understand the genetic characteristics of resistant starch content in rice(*Oryza sativa* L.), the content of resistant starch of reciprocal cross F_1 and F_2 , $F_{2:3}$ was analyzed derived from high resistant starch content variety Gongmi 3(*indica*) and low resistant starch content variety Nipponbare (*japonica*). The results indicated that the content of resistant starch and the morphology of starch granule of reciprocal cross F_1 were similar to their female parent, but their F_2 had no significant difference in resistant starch content, the characteristics separation in $F_{2:3}$. So the content of resistant starch was significant by the influence of maternal effect. Three pairs of SSR markers from chromosome 1 and 6 pairs of SSR markers from chromosome 6 were screened possible linkage with resistant starch loci by bulked segregation analysis of $F_{2:3}$ population of Gongmi3/Nipponbare. Three QTL loci(*qRS6-1*, *sqRS6-2* and *qRS6-3*) were detected by QTL software. Among them, 20.3556% and 40.1349% phenotypic variation could be explained for the *qRS6-2* and *qRS6-3* of the total variation, respectively. Meanwhile, 1 epistasis effect was found between chromosome 1 and chromosome 6. The results demonstrated that resistant starch content was a quantitative trait controlled by a few main genes and several minor genes, the interactions of non-allelic genes. The above results provide theoretical basis for female parent choose of high resistant starch in rice breeding and make a solid foundation for fine mapping of main effect genes which associated with resistant starch content.

Keywords Resistant starch content, Genetic analysis, QTL mapping, Gongmi3, Rice

0 引言

抗性淀粉(resistant starch, RS)是指在小肠中不被吸收的淀粉及其降解产物(Englyst, Cummings, 1985)。抗性淀粉具有降低糖尿病患者饭后血糖值(Higgins et al., 2004)、减少肠机能失调及结肠癌发病率(Brouns et al., 2002)、提供能量以及防止脂肪堆积(Rashimi, urooj, 2003)等重要生理功能,是近年来功能食品领域的研究热点。

水稻(*Oryza sativa* L.)作为重要的粮食产物之一,增加其抗性淀粉含量对人类的健康有十分重要的意义。大多数品种稻米RS含量均在1%左右,只有少数接近3%(Hu et al., 2004)。目前,我国一些科研单位通过不同方法培育或选育出不少水稻高抗性淀粉水稻品种。吴殿星等(2005)以我国主推杂交水稻恢复系R7954为原始材料,经航天搭载诱变,筛选了富含RS的突变体RS111,其热米饭中RS含量高达7%;浙江大学沈伟桥等(2006)培育了首个高RS早粳稻新品种浙辐201,其抗性淀粉含量为3.6%;上海市农业科学院利用常规杂交和小孢子培养技术,培育出了国内首个高抗性淀粉含量的功能性粳稻新品系——降糖稻1号(朱辉明等, 2010);云南省农业科学院利用云南特有地方稻品种选育出了米饭抗性淀粉含量高达10%以上的功能型水稻品种功米3号。

尽管目前获得了一些高抗性淀粉的水稻材料,但有关高抗性淀粉的遗传研究还相对较少。本研究以高抗性淀粉品种功米3号为亲本与日本晴进行正、反交,测定其 F_1 、 $F_{1:2}$ 抗性淀粉含量并比较其淀粉颗粒结构,应用正交组合的 $F_{2:3}$ 分离群体筛选与抗性淀粉含量相关的分子标记,并分析QTLs的位置和遗传效应,以期了解该性状的遗传特点,为高抗性淀粉水稻的育种工作提供参考资料。

1 材料与方法

1.1 实验材料

高抗性淀粉水稻(*Oryza sativa* L.)品种粳稻(*indica*)功米3号由云南省农业科学院提供,粳稻(*japonica*)日本晴(Nipponbare)由本实验室保存。功米3号与日本晴正反交获得 F_1 ,其中功米3号和日本晴的 F_1 自交得到 F_2 分离群体, F_2 于2011年在海南省藤桥福建南繁基地种植,始穗前取叶片,植株成熟后按单株收取 $F_{2:3}$ 家系种子。

SSR引物及实验过程中所用到的所有相关引物均由上海生工生物工程技术有限公司合成;rTaq DNA聚合酶、 $10\times$ buffer(Mg^{2+} Free)、 $MgCl_2$ 、dNTPs购自宝生物工程(大连)有限公司;Genefinder(荧光染料)购自厦门百维信生物科技有限公司; α -淀粉酶、胃蛋白酶、淀粉葡萄糖苷酶、马

来酸、 α -萘酚- β -磺酸钾、4-氨基安替比林、葡萄糖氧化酶、过氧化物酶等酶反应物购自 Sigma 公司(美国); NaCl、冰乙酸、无水乙醇等购自国药。

Millipore 纯水仪系统(德国), Eppendorf 5810f 离心机(德国), ZHWY-110 水浴锅(国产), Eppendorf 振荡混匀器(德国), Eppendorf 移液枪(德国), BECKMAN DU800 紫外分光光度计(美国), Bio-Rad DNA Engine Dyad PCR 仪(美国), C.B.S. MGA-202-33 垂直电泳仪(美国), Bio-Rad 水平电泳仪(美国), BIO-RAD 凝胶成像系统(美国)。

1.2 实验方法

1.2.1 抗性淀粉含量的测定

抗性淀粉含量的测定参考罗曦等(2011)文献, 每份样品3次重复。

1.2.2 淀粉颗粒结构差异性分析

将谷粒脱壳后, 沿着胚乳边沿纵切, 切后的籽粒用金粉固定后, 分成上、中、下3个部位, 在电子扫描显微镜下观察功米3号、日本晴、功米3号与日本晴正反交 F_1 籽粒中淀粉颗粒结构的差异。

1.2.3 水稻基因组DNA的提取

用CTAB(李建武等, 2001)法对水稻叶片基因组DNA进行提取。

1.2.4 PCR反应与基因池的构建

10.5 μ L PCR反应体系: 6.5 μ L 超纯水, 正、反向引物(10 μ mol/L)各0.5 μ L, 1.6 μ L 1 mol/L PCR buffer(Mg^{2+}), 0.4 μ L dNTP(10 mmol/L), 0.8 μ L DNA 模板(50 ng/ μ L), 0.2 μ L *rTaq* 酶(5 U/ μ L)。

PCR反应程序: 94 $^{\circ}$ C预变性5 min; 94 $^{\circ}$ C变性1 min, 55 $^{\circ}$ C退火1 min, 72 $^{\circ}$ C延伸2 min, 35个循环; 72 $^{\circ}$ C延伸7 min, 保存温度为4 $^{\circ}$ C。

聚丙烯酰胺凝胶电泳, 卸胶, 染色(Genefinder) 20 min后, 在BIO-RAD凝胶成像系统中成像。参照 Micheltore 等(1991)提出的BSA法, 构建抗性淀粉高低基因池。

1.2.5 SSR引物的筛选

通过 www.gramene.org 网站寻找均匀分布于水稻12条染色体上的SSR引物序列, 委托上海生物工程技术有限公司合成1600对SSR引物。用亲本功米3号、日本晴及杂交 F_1 的DNA对合成的均匀分布于水稻12条染色体上的引物进行筛选, 选

出具有多态性的引物。再利用亲本、 F_1 及之前构建的高低抗性淀粉基因池对多态性的引物进行进一步的筛选, 选出条带在基因池里的差异与高低抗性淀粉含量亲本上差异一样的引物。

1.3 数据统计与分析

1.3.1 抗性淀粉含量差异分析

抗性淀粉含量计算公式: RS含量= $A1/A0 \times 0.1 \times 10.5/0.1 \times 0.9 \times 100/(W \times (1-H))$, 其中 $A0$ 为葡萄糖标准样品在510 nm处的吸光值, $A1$ 为待测样品的吸光值, H 为样品的水分含量; 简便的计算公式为: RS含量=样品吸光值/标准葡萄糖吸光值 $\times 90$ 。利用DPS7.05软件进行差异性分析。中亲值 $m=(P_1-P_2)/2$, P_1 : 功米3号的抗性淀粉含量; P_2 : 日本晴的抗性淀粉含量。显性效应 $h=F_1-m$, F_1 : F_1 的抗性淀粉含量。

1.3.2 连锁图的构建与QTL效应分析

利用QTL IciMapping 3.2 和QTL Network 2.1等软件进行连锁图的构建, 分析QTL的位置及遗传效应。IciMapping 3.2 设置LOD>2.5为检出阈值, QTL Network 2.1 $F=5.3$ 为检出阈值。QTL的命名采用McCouch等(1997)提出的规则。

2 结果与分析

2.1 正、反杂交组合 F_1 、 $F_{1:2}$ 及正交 $F_{2:3}$ 的遗传分析

表1结果显示, 正交组合 F_1 的抗性淀粉含量大于中亲值(4.874%), 而反交组合 F_1 小于中亲值, 两者差异达极显著水平($P<0.01$)。当功米3号作为母本时, F_1 表现出偏向于母本功米3号的部分显性效应(显性效应值为1.676%); 当功米3号作为父本时, F_1 表现出偏向于母本日本晴的部分显性效应(显性效应值为-3.339%), 且日本晴作母本时, 显性效应更高。由正、反交 F_1 自交获得正、反交 $F_{1:2}$ 的抗性淀粉含量没有显著差异, 而且与功米3号作母本时正交组合 F_1 的抗性淀粉含量也没有差异。

图1是功米3号/日本晴 $F_{2:3}$ 群体抗性淀粉含量的频数分布图。如图1所示, 抗性淀粉含量呈连续偏正态分布, 并有一定数量的超亲类型存在, 说明这一性状受多基因控制, 符合数量性状的遗传特点。偏度为0.592说明大于抗性淀粉含量平均值5.128%的单株数稍多一点; 峰度小于0说明该群体的频数分布比正态分布的峰度更加平缓。

2.2 淀粉颗粒形态分析

为了进一步研究功米3号、日本晴及其正、反交F₁RS含量的遗传差异,通过电子扫描显微镜观察其胚乳结构中的淀粉颗粒形态(图2)。日本晴的谷粒淀粉颗粒棱角分明,呈多边形体居多,颗粒之间挨的紧密,横切谷粒时较费劲,切出的平面光滑

表1 功米3号与日本晴正、反交F₁、F_{1:2}抗性淀粉含量差异
Table 1 The RS content difference of reciprocal cross F₁, F_{1:2} made between Gongmi3 and Nipponbare

亲本及其杂交组合	抗性淀粉含量/%
Parents and their crossing combinations	Resistance starch content
功米3号 Gongmi 3	11.085±0.669A
日本晴 Nipponbare	1.338±0.087C
正交组合 F ₁	6.549±0.146B
F ₁ derived from Gongmi 3 × Nipponbare	
反交组合 F ₁	1.535±0.175C
F ₁ derived from Nipponbare × Gongmi 3	
正交组合 F _{1:2}	6.677±0.157B
F _{1:2} derived from Gongmi 3 × Nipponbare	
反交组合 F _{1:2}	6.382±0.173B
F _{1:2} derived from Nipponbare × Gongmi 3	

不同大写字母表示在0.01水平上相差极显著
Different capital letters following the means indicate very significant differences at P= 0.01

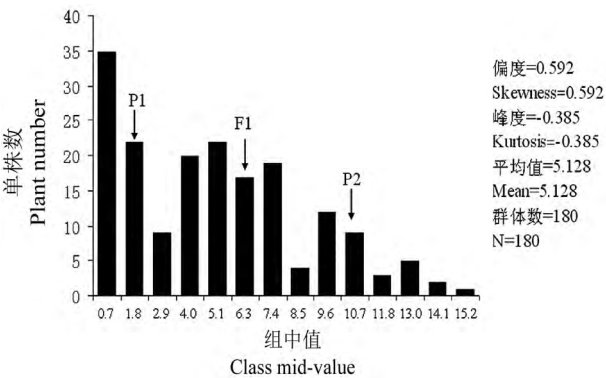


图1 功米3号和日本晴的F_{2:3}群体抗性淀粉含量频率分布
Figure 1 Frequency distribution of RS content in F_{2:3} groups of Nipponbare and Gongmi 3

P1: 日本晴; P2:功米3号; F1:功米3号×日本晴
P1:Gongmi 3; P2: Nipponbare; F1: Gongmi 3 × Nipponbare

平整(图2A);而功米3号谷粒中的淀粉颗粒形态棱角比较钝滑,以不规则的形状为主,颗粒之间较分散,致密性较低,较易切割,切割面粗糙、粉末居多(图2B)。电镜扫描结果可以看出,二者的淀粉颗粒也存在的明显的差异,而以日本晴为母本的F₁籽粒淀粉颗粒形态棱角分明,多边体的形态居多(图3A);以功米3号为母本的F₁的淀粉形态与功米3号相类似,棱角钝滑、以球形为主(图3B)。所以,从淀粉

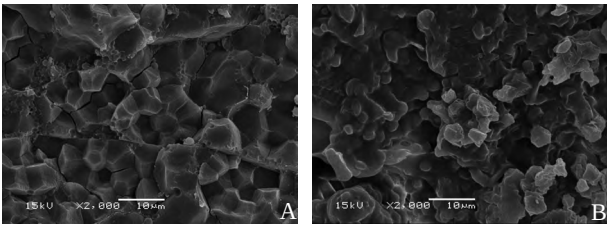


图2 日本晴(A)及功米3号(B)淀粉颗粒电镜扫描
Figure 2 Starch particles between Nipponbare (A) and Gongmi 3 (B) under scanning electron microscopy

A: 日本晴的谷粒淀粉颗粒棱角分明,呈多边形体居多,颗粒之间挨的紧密,切割平面光滑平整;B: 功米3号谷粒中的淀粉颗粒形态棱角比较钝滑,以不规则的形状为主,颗粒之间较分散,切割面粗糙、粉末居多

A: The morphology of starch granule of Nipponbare was angular, more polygon, the starch granule was closely, and the cut surface was smooth and level; B: The morphology of starch granule of Gongmi 3 was blunt, most of them had an irregular shape, the starch granule was dispersive, and the surface more rough, it had more powder

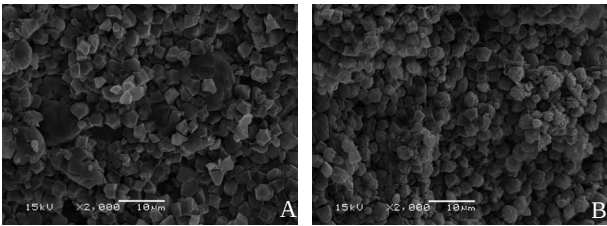


图3 正交F₁(A)及反交F₁(B)淀粉颗粒电镜扫描
Figure 3 Starch particles of crossing F₁ (A) and anti-crossing F₁ (B) under scanning electron microscopy

A: 以日本晴为母本的F₁籽粒淀粉颗粒形态棱角分明,多边体的形态居多;B: 而以功米3号为母本的F₁的淀粉形态与功米3号相类似,棱角钝滑、以球形为主

A: The morphology of starch granule of F₁ which female parent was Nipponbare was similar with Nipponbare, the characteristic was angular,more polygon; B: The morphology of starch granule of F₁ which female parent was Gongmi 3 was similar with Gongmi 3, the characteristic was blunt and spherical

粉颗粒形态的角度来分析,正、反交 F_1 也表现出了与母本相似遗传趋势。

2.3 正交组合 $F_{2:3}$ 群体的 QTL 效应分析

首先,对均匀分布于水稻 12 条染色体的 1600 对引物进行多态性筛选,其中在两亲本间具有多态性的引物有 242 对,多态性比例为 15.2%。然后,将上述引物通过已构建好的高低基因池进行筛选,结果在 1 号染色体得到 3 对、6 号染色体上得到 6 对与抗性淀粉性状连锁紧密的标记,再利用 QTL IciMapping 3.2 和 QTL Network 2.1 软件对 1 号染色体和 6 号染色体筛选出的标记,构建遗传连锁图,分析 QTL 的位置及遗传效应。结果表明,1 号染色体没有检测到数量性状位点,6 号染色体检测到 3 个数量性状位点(图 4),其中 $qRS6-2$ 和 $qRS6-3$ 两个位点贡献率较高,分别达到 20.3556% 和 40.1349%。3 个位点的加性效应均为正值,说明抗性淀粉含量的增效位点来自功米 3 号,位点 $qRS6-1$ 显性效应值为负,说明显性增效位点来自日本晴。 $qRS6-2$ 和 $qRS6-3$ 两个位点的显性增效位点则来自功米 3 号,其中 $qRS6-3$ 的显性效应值较高(表 3)。

由于这两种软件的定位方法都是基于混合线性模型的复合区间定位法(Zhu, Weir, 1998),所以得到的结果基本一致,利用 QTL Network 2.1 在 1 号和 6 号染色体之间又检测到一对上位效应,其加性 $\times$ 加性效应(AA)为 2.3586,正值表示当 2 个互作位点上为同一亲本(功米 3 号或日本晴)的基因型时,表现出增效互作,而其重组基因型表现出减效互作,QTL 互作效应贡献率 $h^2(aa)=4.33\%$ 。

3 讨论

稻米品质性状的遗传受母体、细胞质和核基因三方面效应共同控制。稻米品质中的蒸煮食味品

质如直链淀粉含量、胶稠度等都由胚乳基因型控制(夏玉梅, 2008),而抗性淀粉含量也可能是由胚乳基因型控制的性状之一。从遗传学的角度来看,胚乳基因型是三倍体基因型,其中 $2n$ 配子来自母本, n 个配子来自父本,而且胚乳组织需要二倍体母本植株提供营养物质,所以抗性淀粉含量这一性状受到母本植株的影响很大。目前,稻米品质性状的遗传研究也有相关的报道;徐辰武等(1998)认为粳交直链淀粉含量同时受胚乳基因型和母体基因型的控制,而胚乳基因型起主要作用;Pooni 等(1993)认为直链淀粉含量具有三倍体胚乳遗传特性并存在细胞质效应和质核互作效应;石春海等(1994)发现胶稠度同时受种子遗传效应和母体遗传效应的影响,其中母体遗传效应作用更加明显;李欣等(1989)认为胶稠度的遗传主要受胚乳基因型控制,

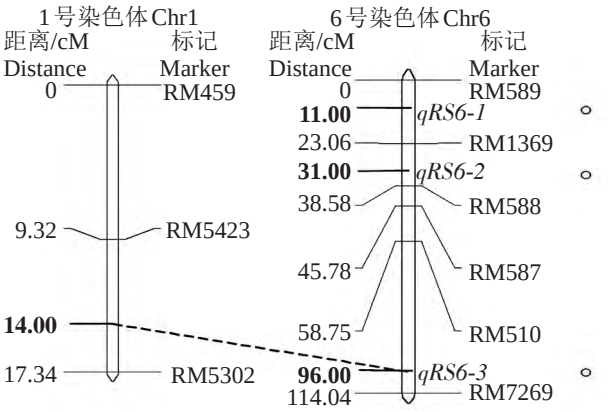


图 4 功米 3 号和日本晴的 $F_{2:3}$ 群体的 QTL 位置和上位性 QTL

Figure 4 The QTLs loci and epistasis QTLs for population of Gongmi3 and Nipponbare

○为 QTL 位点;加粗线为 QTL 在连锁图上的位置;虚线为上位效应

○ means QTLs loci; Bold line shows the position of the QTL on the linkage map; Dashed lines shows epistasis effects

表 3 QTL RS 的位置、贡献率及效应值

Table 3 QTL RS position and effect, contribution value

性状与 QTL	染色体	位置 ⁽¹⁾	区间	LOD 值	贡献率/ %	加性效应	显性效应 ⁽²⁾
Trait and QTL	Chromosome	Position	Interval	LOD value	Variation explained	Additive effect	Dominance effect
$qRS6-1$	6	11	*RM589-RM1369	2.9860	4.5925	0.9010	-0.5284
$qRS6-2$	6	31	RM1369-*RM588	11.5135	20.3556	2.1260	0.4571
$qRS6-3$	6	96	RM510-*RM7269	17.9606	40.1349	2.1129	2.0257

(1): QTL 在连锁图上的遗传距离; (2): 正值表示增效基因来自功米 3 号, 负值来自日本晴; *: 表示距离 QTL 最近的标记
(1): The genetice distance of the QTLon the linkage map; (2): Positive means positive effect contribute by Gongmi 3 and negative means positive effect contribute by Nipponbare; *: Indicates the nearest marker from putative QTL

基因型的作用以加性效应为主。稻米品质性状的遗传研究中,关于抗性淀粉含量的却鲜见报道。

本研究从数量遗传学的角度,对功米3号和日本晴的正反交 F_1 、 $F_{1:2}$ 以及正交的 $F_{2:3}$ 群体的抗性淀粉含量进行分析。结果表明,以功米3号为母本的 F_1 抗性淀粉含量高于以日本晴为母本的 F_1 且差异显著,淀粉颗粒结构的电镜扫描结果也从另一个角度表现出正反交 F_1 的显著差异。但是正、反交组合 F_1 分别自交得到的 $F_{1:2}$ 的抗性淀粉含量却没有显著差异,而且在 $F_{2:3}$ 群体中发生性状分离,这种遗传现象不属于细胞质遗传的范畴,一般认为是核基因的产物在细胞质中积累所产生的母性效应(朱军等, 2002)。

本研究在6号染色体上发现3对主效QTLs,其中在RM1369-RM588和RM510-RM7269之间检测到的 $qRS6-2$ 和 $qRS6-3$,解释表型贡献率达到20.3556%和40.1349%;同时,在1号染色体和6号染色体之间发现了一对上位效应。说明抗性淀粉含量这一性状是由少数主效基因和多个微效基因以及非等位基因的互作所控制的数量性状。目前报道的稻米蒸煮性状如直链淀粉含量(Wang et al., 2007; Dian et al., 2005; 唐绍青, 2007; 黄祖六等, 2000)、胶稠度(Lanceras et al., 2000; Tian et al., 2007)、糊化温度(田瑞, 2006)等QTL位点多集中于第6染色体上,本研究中抗性淀粉含量也在第6染色体上发现了3个主效QTL,其中 $qRS6-1$ 、 $qRS6-2$ 所在区域覆盖了控制直链淀粉的主效基因 Wx ,而 $qRS6-3$ 离 Wx 较远。

4 结论

抗性淀粉分子结构复杂,目前,尚无抗性淀粉化学上的精确分类(吴殿星等, 2009),又由于抗性淀粉的定义相对性较强,所以和直链淀粉、胶稠度等品质性状相比,抗性淀粉这一性状缺乏稳定性,例如,不同高抗性淀粉材料其遗传特点可能不同、同一种高抗性淀粉材料也受到环境效应的影响等等,上述因素给高抗性淀粉水稻的选育工作带来了困难。本研究以高抗性淀粉材料功米3号为研究对象,发现其杂交后代受到显著的母性效应的影响,为今后高抗性淀粉水稻育种上的母本选择提供了理论依据。本研究中以粳稻日本晴为母本与籼稻功米3号的杂交组合接近完全显性,说明两亲本遗传背景差别较大,基因的互作效应明显,适合基

因定位分析,而育种上建议选择籼稻与其配组以增强其后代的杂种优势。本研究以 $F_{2:3}$ 家系为定位群体将影响抗性淀粉含量高低的QTL位点初步定位到6号染色体上,为以后精确定位抗性淀粉含量相关的主效基因提供了基础资料。

参考文献

- 李建武. 2001. 生物化学实验原理和方法[M]. 北京: 北京大学出版社, pp. 264-265. (Li J W. 2001. Biochemistry Experiment Principle and Method[M]. Beijing, Peking University Press, pp. 264-265.)
- 李欣, 顾铭洪, 潘学彪. 1989. 稻米品质研究 II. 灌浆期间环境条件对稻米品质的影响[J]. 江苏农学院学报, 10(1): 7-12. (Li X, Gu H M, Pan X B. 1989. A study on grain quality of rice II. The effect of environmental factors in the period of grain filling on rice grain quality[J]. Journal of Jiangsu Agricultural College, 10(1): 7-12.)
- 罗曦, 黄锦峰, 朱永生, 等. 2011. 稻米抗性淀粉含量测定方法的比较分析[J]. 福建农业学报, 26(5): 822-826. (Luo X, Huang J f, Zhu Y S, et al. 2011. Analysis of rice resistant starch content determination method[J]. Journal of Fujian Agriculture, 26(5): 822-826.)
- 黄祖六, 谭学林, 徐辰武, 等. 2000. 稻米胶稠度基因位点的标记和分析[J]. 中国农业科学, 33(6): 1-5. (Hang Z L, Tan X L, Xu C W, et al. 2000. Molecular mapping QTLs for gel consistency in rice(*Oryza sativa* L.) [J]. Scientia Agricultura Sinica, 33(6): 1-5.)
- 沈伟桥, 舒小丽, 张琳琳, 等. 2006. 加工型功能早籼稻新品种“浙辐201”的选育与特性[J]. 核农学报, 20(4): 312-314. (Shen W Q, Shu X L, Zhang L L, et al. 2006. Development and characteristics of processing-functional indica early rice cultivar “Zhefu201” [J]. Journal of Nuclear Agricultural Sciences, 20(4): 312-314.)
- 石春海, 朱军. 1994. 籼稻稻米蒸煮品质的种子和母体遗传效应分析[J]. 中国水稻科学, 8(3): 129-134. (Shi C H, Zhu J. 1994. Analysis of seed and maternal genetic effects for characters of cooking quality in indica rice [J]. Chinese Journal of Rice Science, 8(3): 129-134.)
- 唐绍青. 2007. 稻米蒸煮和营养品质性状的QTL定位[D]. 博士学位论文. 杭州: 浙江大学, 导师: 石春海, pp. 46-47. (Tang S Q. 2007. QTL mapping for cooking and nutrient quality traits of rice (*Oryza Sativa* L.) [D]. Doctoral Dissertation. Hang Zhou, Zhe Jiang University, Supervisor: Shi C H, pp. 46-47.)
- 田瑞. 2006. 稻米蒸煮与食味品质, 米饭特性相关性状的

- QTL 定位及香味基因的精细定位[D]. 硕士学位论文, 武汉: 华中农业大学, 导师: 何予卿, pp. 24-27. (Tian R. 2006. Mapping of QTLs underlying traits related to the cooking and eating quality of rice and cooked rice characteristics & fine mapping of aroma gene[D]. master's thesis, Wuhan, Huazhong Agricultural University, Supervisor: He Y Q, pp.24-27.)
- 吴殿星. 2009. 稻米淀粉品质研究与利用[M]. 中国农业出版社, 中国, 北京, pp.106-107. (Wu D X. 2009. Research and Utilization of Rice Starch Quality[M]. China Agriculture Press, BeiJing, China, pp. 106-107.)
- 夏玉梅. 2008. 稻米品质性状的 QTL 定位及遗传分析[D]. 硕士学位论文. 南京农业大学, 导师: 万建民, pp.6. (Xia Y M. 2008. QTL mapping and genetic analysis for rice quality traits[D]. Thesis for M.S., Nanjing Agricultural University, Supervisor: Wan J M, pp.6.)
- 徐辰武, 莫惠栋. 1998. 籼稻糊化温度的质量-数量遗传研究[J]. 作物学报, 22(4): 385-391. (Xu C W, Mo H D. 1998. Qualitative-quantitative analysis for inheritance of gelatinization temperature in indica rice (*D.sativa* subsp. *indica*)[J], Acta Agronomica Sinica, 22(4): 385-391.)
- 杨朝柱, 李春寿, 舒小丽, 等. 2005. 富含抗性淀粉水稻突变体的淀粉特性[J]. 中国水稻科学, 19(6): 516-520. (Yang C Z, Li C S, Shu X L, et al. 2005. Starch properties of rice mutant enriched with resistant starch[J]. Chinese Journal of Rice Science, 19(6): 516-520.)
- 朱辉明, 白建江, 王慧, 等. 2010. 高抗性淀粉粳稻新品系稻米淀粉特性[J]. 中国农学通报, 26(14): 108-112. (Zhu H M, Bai J J, Wang H, et al. 2010. Starch properties of japonica rice enriched with resistant starch[J]. Chinese Agricultural Science Bulletin, 26(14): 108-112.)
- 朱军. 2002. 遗传学[M]. 中国农业出版社, 中国, 北京, pp.274. (Zhu J. 2002. Genetics[M]. China Agriculture Press, Beijing, China, pp. 274.)
- Brouns F, Kettlitz B, Arrigoni E. 2002. Resistant starch and "the butyrate revolution"[J]. Trends in Food Science & Technology, 13(8): 251-261.
- Dian W, Jiang H, Wu P. 2005. Evolution and expression analysis of starch synthase III and IV [J]. Journal Experimental Botany, 56(412): 623-632.
- Englyst H N, Cummings J H. 1985. Digestion of the polysaccharides of some cereal foods in the human small intestine[J]. American Journal of Clinical Nutrition, 42: 778-787.
- Higgins J A. 2004. Resistant starch: Metabolic effects and potential health benefits[J]. Journal of AOAC International, 87(3): 761-768.
- Hu P S, Zhao H J, Duan Z Y, et al. 2004. Starch digestibility and the estimated glycemic score of different types of rice differing amylase contents[J]. Journal of Cereal Science, 40(3): 231-237.
- Lanceras J C, Huang Z L, Naivikul O, et al. 2000. Mapping of genes for cooking and eating qualities in thai jasmine rice(KDML105)[J]. DNA Research, 28: 93-101.
- McCouch S R, Cho Y G, Yano P E, et al. 1997. Report on QTL nomenclature[J]. Rice Genet News, 14:11-13.
- Michelmore R W, Paranand I, Kessali R V. 1991. Identification of markers linked to disease resistance gene by bulked segregant analysis: A rapid method to detect markers in specific genomic regions using segregating populations[J]. Proceedings of the National Academy of Sciences of the USA, 88: 9829-9832.
- Pooni H S, Kumar I S H, Khush G S. 1993. Genetic control of amylose content in a diallel set of rice crosses[J]. Heredity, 71: 603-616.
- Rashimi S, Urooj A. 2003. Effect of processing on nutritionally important starch fraction in rice varieties[J]. International Journal of Food Sciences and Nutrition, 54 (1): 27-36.
- Tian R, Jiang G H, Shen L H, et al. 2007. Mapping quantitative trait loci underlying the cooking and eating quality of rice using a DH population[J]. Molecular Breeding, 15(2): 117-124.
- Wang L Q, Liu W J, Xu Y, et al. 2007. Genetic basis of 17 traits and viscosity parameters characterizing the eating and cooking quality of rice grain[J]. Theoretical and Applied Genetics, 115: 463-476.
- Zhu J, Weir B S. 1998. Mixed Model Approaches for Genetic Analysis of Quantitative Traits[M]. Chen L S, Ruan S G, Zhu J, Advanced Topics in Biomathematics. Proceedings of International Conference on Mathematical Biology[M], World Scientific Publishing Co., Singapore, pp.321-330.

(责任编辑 靳晓霞)