

朱小平, 李传旭, 宁卫东, 等. 利用重组自交系群体定位水稻茎粗QTL[J]. 华中农业大学学报, 2022, 41(4): 178-183.  
DOI: 10.13300/j.cnki.hnlkxb.2022.04.022

## 利用重组自交系群体定位水稻茎粗QTL

朱小平<sup>1</sup>, 李传旭<sup>1</sup>, 宁卫东<sup>1</sup>, 张建国<sup>1</sup>, 曾静<sup>1</sup>, 毛毳<sup>1</sup>, 李永洪<sup>2</sup>, 林拥军<sup>1</sup>

1. 华中农业大学生命科学技术学院/作物遗传改良全国重点实验室, 武汉430070;  
2. 农业农村部西南水稻生物学与遗传育种重点实验室, 德阳618000

**摘要** 为开展水稻茎粗相关基因的精细定位, 利用岗46B/A232的高世代重组自交系群体和基于重测序构建的高密度遗传连锁图谱, 采用复合区间作图法(CIM), 利用R/qtl软件包对水稻倒二节的节间直径(RSID)和倒三节的节间直径(RTID)进行QTL分析, 共检测到3个控制倒二节茎粗的QTL和7个倒三节茎粗的QTL, 分布在第2、3、4、7、11号染色体上。其中2号染色体上的*qRSID2-1*和*qRTID2-1*距离较近, *qRSID2-2/qRTID2-2*和*qRTID2-3*可能是同一位点, 并在多次试验中被重复检测到, 表型贡献率为7.89%~12.36%, 物理区间在100 kb之内。

**关键词** 水稻; 抗倒伏; 茎粗; QTL; 重组自交系

**中图分类号** S511.2<sup>+</sup>1 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2022)04-0178-06

抗倒伏和高产一直是水稻育种的重要方向, 水稻的株型与水稻的抗倒伏能力、产量密切相关。国内外学者针对不同的生态地区和籼粳亚种提出了多种水稻的理想株型模型, 粗壮秆是其中重要的指标<sup>[1]</sup>, 粗秆水稻品种能够积累更多的生物量和提供更强的大穗和大粒性状, 在保证高产的同时具有良好的抗倒伏能力<sup>[2]</sup>。水稻的倒二节和倒三节茎粗对于水稻抗弯曲型倒伏具有重大影响, 尤其是大穗、长穗的水稻品种。比如Kashiwagi等<sup>[3]</sup>指出Koshihikari品种, 由于其稻穗大而重, 上部茎秆较细, 植株较高, 在种子成熟后受到雨水和风力的影响, 容易导致弯曲型倒伏<sup>[3]</sup>。因此, 挖掘水稻倒二节、倒三节茎粗QTL, 对于增加水稻上部节间的茎粗从而抵抗环境应力与稻穗的压力具有重要意义。

已有研究发现, 水稻的茎粗性状为多基因控制的数量性状, 不同节间的茎粗性状可能由相同的QTL控制, 具有一因多效性<sup>[4-6]</sup>。聚合不同的茎粗QTL, 相比于单个QTL位点具有更大的效应, 并能够对水稻的多个性状进行改良<sup>[7-9]</sup>。目前已经报道了多个水稻茎粗相关QTL, 在12条染色体上均有分布。并对部分QTL进行了精细定位, 比如常思源<sup>[10]</sup>利用回交导入系鉴定得到1个茎粗主效位点*qSc8-1*

并将其精细定位到50 kb范围内。目前通过图位克隆的方法已克隆到部分控制茎粗的基因, 其中控制壮秆位点*SCM2*<sup>[11]</sup>、*SCM3*<sup>[12]</sup>和穗颈节直径位点*PND1*<sup>[13]</sup>的基因分别为已报道的穗发育相关基因*APO1*、分蘖调控基因*FC1*、每穗实粒数基因*Gn1a*, 表明水稻的茎粗相关QTL也影响水稻的产量。由于前人大多采用较低密度的分子标记构建遗传图谱, 已报道的部分茎粗QTL定位的区间较大, 后续进行QTL的效应验证和精细定位耗时长<sup>[7-9]</sup>。因此, 利用高密度的遗传图谱对茎粗性状进行QTL作图, 相比于传统的分子标记具有更高的精度, QTL区间较小, 有利于缩短QTL精细定位的时间。

本研究利用已构建完成的岗46B/A232的高世代重组自交系和高密度的遗传连锁图谱, 考察2019年和2020年海南与武汉两地群体的茎粗表型, 采用R/qtl软件分析水稻的倒二节茎粗(diameter of reciprocal second internode, RSID)和倒三节茎粗(diameter of reciprocal third internode, RTID)性状, 以期获得在不同环境下重复检测到的茎粗QTL, 为水稻茎粗相关基因的精细定位、克隆以及利用提供遗传资源与材料。

收稿日期: 2022-05-12

基金项目: 国家转基因重大专项(2016ZX08001-001)

朱小平, E-mail: zhuxiaoping@webmail.hzau.edu.cn

通信作者: 林拥军, E-mail: yongjunlin@mail.hzau.edu.cn

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

三系保持系岗46B为粗秆籼稻品种, A232为细秆籼稻品种。本研究所使用的岗46B/A232重组自交系群体共包括265个株系, 是以G46B为母本、A232为父本, 杂交得到F<sub>1</sub>代, 再通过连续自交, 并采用单粒传法构建形成的。本研究以双亲和F<sub>13</sub>代的RIL群体作为试验材料, F<sub>9</sub>代之前由四川省农业科学院李永洪老师团队构建<sup>[13]</sup>。

### 1.2 田间种植与性状考察

RIL群体夏季种植于武汉华中农业大学试验田, 冬季种植于海南陵水华中农业大学南繁基地试验田。田间按每个株系种4行, 每行5株, 行株距28 cm×18 cm进行种植, 田间管理同当地大田管理。水稻成熟期剥去茎秆外的叶鞘, 用游标卡尺测量茎秆倒二节和倒三节节间的上、中、下3个部位的直径, 以其平均值作为该节的茎粗表型值; 取中间6个单株的主分蘖作为6个重复, 以6个重复的平均值作为茎粗的表型值。

### 1.3 数据分析与QTL定位

利用Excel对表型数据进行统计、整理; 利用GraphPad Prism 9.0进行数据的分析与图形的绘制; 利用MapGene2Chrom web v2.1 ([http://mg2c.iask.in/mg2c\\_v2.1/](http://mg2c.iask.in/mg2c_v2.1/)) 绘制QTL的染色体物理位置示意图。

本研究利用的遗传图谱为笔者所在课题组已构建完成的Bin map图谱, 该图谱是以籼稻R498作为

参考基因组序列(<http://www.mbkbase.org/rice>), 基于群体重测序得到的232 600个SNP位点开发得到3 327个Bin标记, 利用高密度的Bin标记构建遗传连锁图谱, 总图距为2 136.78 cM, 每个Bin标记的平均图距为0.64 cM。采用复合区间作图法(CIM), 基于Bin-map的遗传图谱, 利用R/qt1包对群体的茎粗性状进行QTL分析, 以LOD峰值处的Bin标记来评估QTL的效应, 以2.5-LOD作为QTL的置信区间。

## 2 结果与分析

### 2.1 亲本及RIL群体的茎粗表型

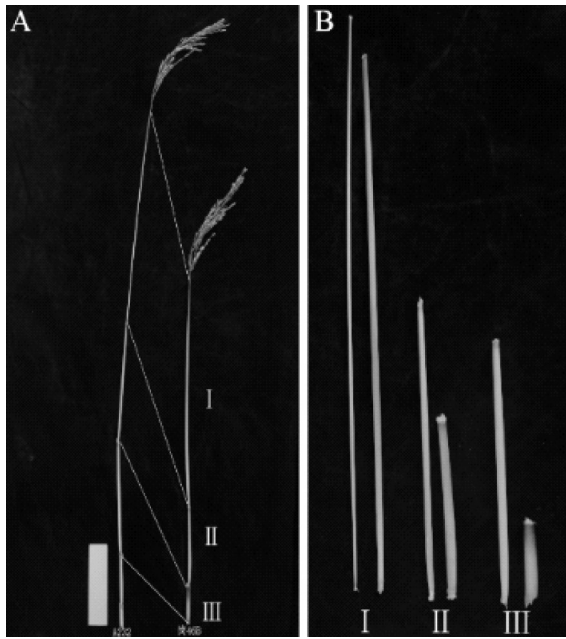
A232的茎秆相较于岗46B更细、更长(图1), 两亲本的倒二节与倒三节茎粗的表型值在海南和武汉两地均存在极显著的差异(表1)。2019年海南RIL群体的倒二节茎粗范围为3.01~6.06 mm, 平均值为(4.33±0.55) mm; 倒三节茎粗范围为3.07~6.09 mm, 平均值为(4.37±0.55) mm。2019年武汉RIL群体的倒二节茎粗范围为3.36~7.22 mm, 平均值为(4.82±0.71) mm; 倒三节茎粗范围为4.08~8.07 mm, 平均值为(5.94±0.78) mm。2020年武汉RIL群体的倒二节茎粗范围为3.32~7.78 mm, 平均值为(5.47±0.69) mm; 倒三节茎粗范围为4.68~8.60 mm, 平均值为(6.72±0.69) mm。表型统计结果(表1)显示倒二节、倒三节的茎粗性状均呈现出双向超亲分离现象, 偏度和峰度的绝对值均小于1, 基本符合正态分布的特征。且分离群体在海南的茎粗平均值小于在武汉的茎粗平均值, 表现为偏度值更大, 说明水稻的茎粗性状受到环境的影响。

表1 双亲及RIL群体的茎粗性状表型统计

Table 1 Statistics of phenotypic variations for internode diameter in parents and RIL populations

性状 Trait	年份-地点 Year- Location	亲本 Parents			P值 P-value	变幅/mm Range	群体 RIL population			
		茎粗/mm Internode diameter		茎粗/mm Internode diameter			偏度 Skewness	峰度 Kurtosis	变异系数/% CV	
		A232	G46B							
倒二节茎粗 RSID	2019海南 2019 Hainan	3.50±0.13	4.74±0.14	<0.001***	3.01~6.06	4.33±0.55	0.37	0.01	12.76	
	2019武汉 2019 Wuhan	3.58±0.08	5.51±0.10	<0.001***	3.36~7.22	4.82±0.71	0.29	-0.35	14.68	
	2020武汉 2020 Wuhan	4.24±0.14	5.71±0.67	0.007**	3.32~7.78	5.47±0.69	0.11	0.38	12.59	
倒三节茎粗 RTID	2019海南 2019 Hainan	3.69±0.07	4.71±0.15	0.001**	3.07~6.09	4.37±0.55	0.47	-0.03	12.53	
	2019武汉 2019 Wuhan	4.28±0.25	6.88±0.10	<0.001***	4.08~8.07	5.94±0.78	0.07	-0.55	13.24	
	2020武汉 2020 Wuhan	5.06±0.29	7.01±0.43	<0.001***	4.68~8.60	6.72±0.69	-0.16	0.33	10.29	

注: RSID: Diameter of reciprocal second internode; RTID: Diameter of reciprocal third internode; 采用t测验计算P值。\*\*表示在1%水平显著; \*\*\*表示在0.1%水平显著。Note: Generation of the P values by t-test. \*\* indicates significant difference at 1% level; \*\*\* indicates significant difference at 0.1% level.



A: A232(左)与岗46B(右)倒数三节的节间; B: A232(左)与岗46B(右)倒数三节的茎粗差异。A: Reciprocal of the 1st to 3rd internodes between A232 (left) and G46B (right); B: Difference of each internode diameter between A232 (left) and G46B (right).

图1 亲本的茎秆特征

Fig.1 Stem characteristics of two parental lines

RIL群体的茎粗性状频数分布呈连续的正态分布趋势,表明这2个性状是由多基因控制的数量性状,群体适用于QTL作图(图2)。对倒二节和倒三节茎粗进行相关性分析,发现两者间呈极显著正相

关,在2019年海南、武汉和2020年武汉的相关系数分别为0.708、0.926和0.844,表明水稻不同节间的茎粗可能受到相同的途径调控。

## 2.2 茎粗QTL定位分析

利用R/qtl包对2019年、2020年海南和武汉两地RIL群体的茎粗性状进行QTL定位分析,共检测到10个茎粗相关QTLs,分布在第2、3、4、11号染色体上,包括3个倒二节茎粗QTL、7个倒三节茎粗QTL(表2)。除了 $qRTID11-1$ 以外,其余的QTL位点加性效应均为正,说明群体茎粗的增效等位QTL位点主要来源于粗秆亲本岗46B。2019年海南检测到1个倒二节茎粗QTL( $qRSID2-1$ ),LOD值为6.08,表型贡献率为8.26%;检测到2个倒三节茎粗QTL( $qRTID2-1$ ,  $qRTID7-1$ ),LOD值为9.70和2.96,表型贡献率为12.36%和1.27%。2019年武汉检测到1个倒二节茎粗QTL( $qRSID2-2$ ),LOD值为4.60,表型贡献率为7.89%;检测到2个倒三节茎粗QTL( $qRTID2-2$ ,  $qRTID4-1$ ),LOD值为5.66和3.52,表型贡献率为8.00%和4.09%。2020年武汉检测到2个倒二节茎粗QTL( $qRSID2-1$ ,  $qRSID3-1$ ),LOD值分别为3.95和3.01,表型贡献率为9.09%和4.71%;检测到3个倒三节茎粗QTL( $qRTID2-3$ ,  $qRTID4-2$ ,  $qRTID11-1$ ),LOD值分别为4.52、3.34和3.02,表型贡献率为8.11%、5.03%和1.67%。

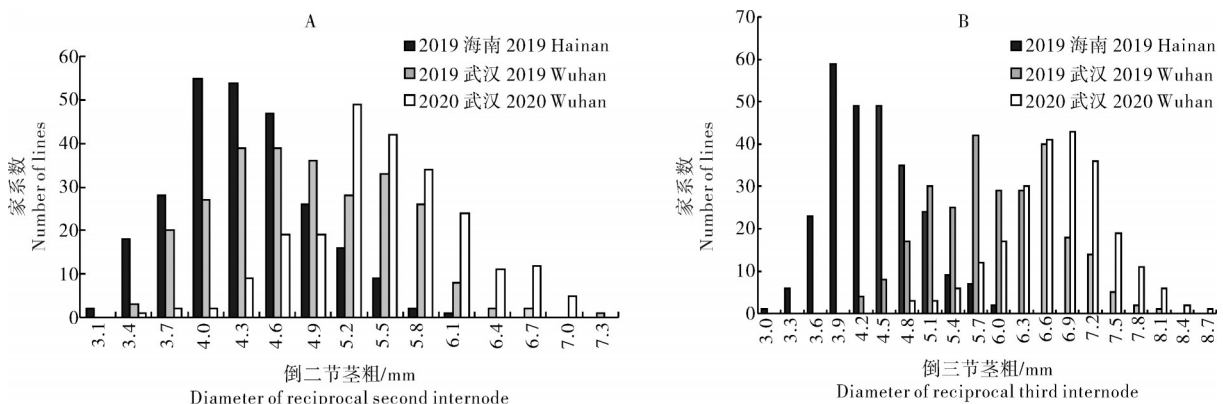


图2 RIL群体的倒二节茎粗(A)和倒三节茎粗(B)频数分布

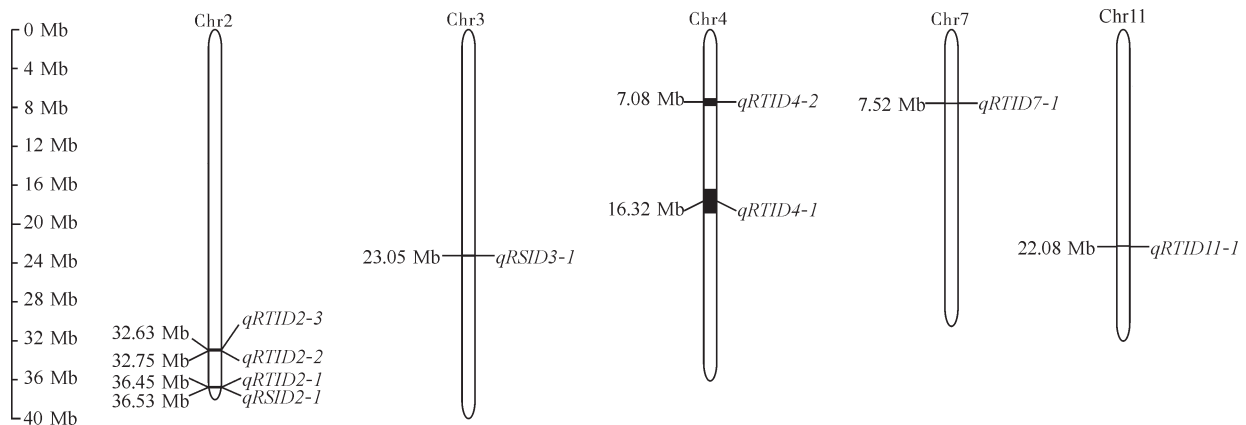
Fig.2 Frequent distribution of diameter of reciprocal second internode(A) and diameter of reciprocal third internode(B) in RIL populations

将3次的QTL数据进行汇总,并绘制QTL在染色体上的物理位置示意图(图3)。发现2号染色体上的茎粗QTL最多,部分QTL的物理距离相近,并在3次试验中被重复检测到,表型贡献率为7.89%~12.36%。其中 $qRTID2-1$ 为一个主效的茎粗QTL;

$qRSID2-1$ 在2019年海南和2020年武汉均被检测到,且表型贡献率均超过8%;2019年武汉检测到的 $qRSID2-2$ 与 $qRTID2-1$ 为同一个QTL; $qRSID2-1$ 和 $qRTID2-1$ 的物理位置相距80 kb,  $qRSID2-2/qRTID2-2$ 和 $qRTID2-3$ 的物理距离为120 kb。

表 2 RIL 群体中茎粗 QTLs 的定位  
Table 2 QTLs for internode diameter in RIL populations

性状 Trait	位点 QTL	染色体 Chr	物理位置/bp Physical Location	2019 海南 2019 Hainan			2019 武汉 2019 Wuhan			2020 武汉 2020 Wuhan		
				LOD	加性效应 Add	贡献率/% PVE	LOD	加性效应 Add	贡献率/% PVE	LOD	加性效应 Add	贡献率/% PVE
倒二节茎粗 RSID	qRSID2-1	2	36 533 445~ 36 546 307	6.08	0.17	8.26				3.95	0.22	9.09
	qRSID2-2	2	32 749 965~ 32 792 853				4.60	0.20	7.89			
	qRSID3-1	3	23 051 558~ 23 082 483							3.01	0.16	4.72
倒三节茎粗 RTID	qRTID2-1	2	36 451 869~ 36 482 917	9.70	0.20	12.36						
	qRTID2-2	2	32 749 965~ 32 792 853				5.66	0.23	7.99			
	qRTID2-3	2	32 631 468~ 32 645 953							4.53	0.20	8.12
	qRTID4-1	4	16 319 598~ 18 670 942				3.52	0.17	4.09			
	qRTID4-2	4	7 082 678~ 7 707 643							3.34	0.17	5.30
	qRTID7-1	7	7 523 667~ 7 532 515	2.96	0.06	1.27						
	qRTID11-1	11	22 075 937~ 22 086 893							3.02	-0.09	1.68



物理位置基于 R498 的参考基因组序列；左边的标注为 QTL 起止位置的中间。The physical location is based on the reference genome sequence of R498. The label on the left is the middle of the QTL start and end position.

图 3 茎粗 QTL 在染色体上的物理位置示意图

Fig.3 Schematic diagram of the physical location of QTL to internode diameter on chromosomes

### 3 讨论

本研究利用茎粗性状具有极显著差异的 A232 和岗 46B 作为亲本构建的 F<sub>13</sub> 代 RIL 群体,以及基于重测序构建的高密度遗传连锁图谱,对海南和武汉两地 RIL 群体的茎粗性状进行 QTL 定位分析,得到

了多个茎粗性状的 QTL。其中在 2 号染色体上的 QTL 距离较近,并被重复检测到,表型贡献率在 8.26%~12.36%,说明 2 号染色体上的茎粗 QTL 重复性较好,可靠性高。多个相距较近的 QTL 位点可能是同一个 QTL,并控制水稻不同节间的茎粗性状,这与前人的研究<sup>[15]</sup>相符。其中多个 QTL 位点在前



人的研究中已被报道,如 $qRSID2-2/qRTID2-2$ 和 $qRTID2-3$ 位于薄娜娜等<sup>[16]</sup>定位到的穗颈围位点 $qRC-2-2$ 的区间内,并且与鞠晓晨等<sup>[15]</sup>定位到的基部第二伸长节间茎粗位点 $qSCM2$ 和基部节间茎粗位点 $qBCM2$ 距离相近。 $qRSID2-1$ 和 $qRTID2-1$ 位于穆平等<sup>[9]</sup>在水田和旱田环境下联合分析检测到的基部节间茎粗位点 $bct2c$ 的区间内,并与杨窑龙等<sup>[7]</sup>检测到的节间长和株高位点 $qLS-2$ 、 $qPH-2$ 相近。在除2号染色体以外的其他染色体上也检测到了一些茎粗QTL,但未被重复检测到,且表型贡献率较低。部分QTL的区间较大,可能是因为这些QTL是微效的茎粗QTL,导致QTL的效应容易受到环境和表型鉴定的影响,因此难以被重复检测到。但这些位点大部分也与前人的茎粗相关性状的位点重合,包括 $qSDM3.1$ <sup>[17]</sup>、 $bct4$ <sup>[9]</sup>、 $qCS-4$ <sup>[16]</sup>、 $bct7$ <sup>[9]</sup>、 $qSC-7-1$ <sup>[16]</sup>、 $qRC-7-1$ <sup>[16]</sup>、 $bct11c$ <sup>[9]</sup>等,需要进一步重复验证。

RIL群体的茎粗性状受到环境的影响,表现为在武汉相比于海南具有更粗的茎秆,这可能与两地不同的日照条件相关。但在两地检测到的茎粗QTL重复性较好,均检测到了倒二节茎粗位点 $qRTID2-1$ ,说明该位点受环境的影响较小,可利用该位点在不同环境下改良水稻的茎粗性状。

目前在2号染色体上未有水稻茎粗相关基因被克隆。在 $qRSID2-2/qRTID2-2$ 下游100 kb存在1个脆秆基因 $BC3$ , $bc3$ 突变体表现为矮秆、脆秆,该基因编码1个动力相关蛋白OsDRP2B,通过参与胞吞作用和高尔基体的跨膜运输,参与纤维素的合成,介导细胞次生细胞壁的形成,从而影响茎秆的机械强度<sup>[18]</sup>。在 $qRTID2-1$ 区间内存在1个基因 $AFD1$ ,其 $afd1$ 突变体表现为矮秆<sup>[19]</sup>,该基因调控水稻穗和内外稃的发育。推测这2个基因可能与水稻的茎粗性状相关,可作为茎粗的候选基因,后续需要分析两亲本的候选基因变异情况并通过转基因技术进行功能验证和遗传效应分析。

## 参考文献 References

[1] 吴比,胡伟,邢永忠.中国水稻遗传育种历程与展望[J].遗传,2018,40(10):841-857.WU B, HU W, XING Y Z. The history and prospect of rice genetic breeding in China [J]. Hereditas, 2018, 40(10):841-857 (in Chinese with English abstract).

[2] 李红娇,张喜娟,李伟娟,等.不同穗型粳稻品种抗倒伏性的比较[J].中国水稻科学,2009,23(2):191-196.LI H J, ZHANG X J, LI W J, et al. Lodging resistance in japonica rice varieties with different panicle types [J]. Chinese journal rice science, 2009, 23

(2):191-196 (in Chinese with English abstract).

[3] KASHIWAGI T, HIROTSU N, MADOKA Y, et al. Improvement of resistance to bending-type lodging in rice [J]. Japanese journal of crop science, 2007, 76(1):1-9.

[4] 陈志彬,陈小荣.水稻茎秆粗度主基因+多基因混合遗传分析[J].杂交水稻,2010,25(S1):108-111.CHEN Z B, CHEN X R. Analysis on major genes plus polygenes mixed inheritance of culm thickness trait in rice [J]. Hybrid rice, 2010, 25(S1):108-111 (in Chinese).

[5] KASHIWAGI T. Identification of quantitative trait loci for resistance to bending-type lodging in rice (*Oryza sativa* L.) [J]. Euphytica, 2014, 198(3):353-367.

[6] JIANG M, YAMAMOTO E, YAMAMOTO T, et al. Mapping of QTLs associated with lodging resistance in rice (*Oryza sativa* L.) using the recombinant inbred lines derived from two high yielding cultivars, Tachisugata and Hokuriku 193 [J]. Plant growth regulation, 2019, 87(2):267-276.

[7] 杨窑龙,饶玉春,李广冕,等.水稻茎秆相关性状遗传分析[J].分子植物育种,2011,9(2):160-168.YANG Y L, RAO Y C, LI G M, et al. Genetic analysis of culms traits in rice [J]. Molecular plant breeding, 2011, 9(2):160-168 (in Chinese with English abstract).

[8] KASHIWAGI T, ISHIMARU K. Identification and functional analysis of a locus for improvement of lodging resistance in rice [J]. Plant physiology, 2004, 134(2):676-683.

[9] 穆平,李自超,李春平,等.水、旱条件下水稻茎秆主要抗倒伏性状的QTL分析[J].遗传学报,2004,31(7):717-723.MU P, LI Z C, LI C P, et al. QTL Analysis for lodging resistance in rice using a DH population under lowland and upland ecosystems [J]. Journal of genetics and genomics, 2004, 31(7):717-723 (in Chinese with English abstract).

[10] 常思源.一个水稻壮秆QTL  $qSc8-1$ 的精细定位[D].扬州:扬州大学,2012:20-30.CHANG S Y. Fine mapping of a major QTL  $qSc8-1$  for strong culm in rice [D]. Yangzhou: Yangzhou University, 2012:20-30 (in Chinese with English abstract).

[11] OOKAWA T, HOBO T, YANO M, et al. New approach for rice improvement using a pleiotropic QTL gene for lodging resistance and yield [J/OL]. Nature communications, 2010, 1: e132 (2010-11-30) [2022-05-12]. <https://doi.org/10.1038/ncomms1132>.

[12] YANO K, OOKAWA T, AYA K, et al. Isolation of a novel lodging resistance QTL gene involved in strigolactone signaling and its pyramiding with a QTL gene involved in another mechanism [J]. Molecular plant, 2015, 8(2):303-314.

[13] TU B, TAO Z, WANG S G, et al. Loss of *Gn1a/OsCKX2* confers heavy-panicle rice with excellent lodging resistance [J]. Journal of integrative plant biology, 2022, 64(1):23-38.

[14] 李永洪,高方远,张长伟,等.利用重组自交系群体分析籼稻A232抗三化螟相关QTL[J].分子植物育种,2015,13(2):254-260.LI Y H, GAO F Y, ZHANG C W, et al. QTL Analysis for resistance to *Scirpophaga incertulas* using *Indica* rice A232 recombinant inbred lines [J]. Molecular plant breeding, 2015, 13

- (2):254-260(in Chinese with English abstract).
- [15] 鞠晓晨,胡杰,高冠军,等.水稻茎秆抗倒伏相关QTL定位与分析[J].分子植物育种,2016,14(2):475-481.JU X C, HU J, GAO G J, et al.Relevant QTL mapping and analysis of lodging resistance in rice[J].Molecular plant breeding, 2016, 14(2): 475-481(in Chinese with English abstract).
- [16] 薄娜娜,王昊云,马玉庆,等.长雄蕊野生稻茎围和穗颈围的遗传分析[J].基因组学与应用生物学,2021,40(Z1):2290-2297. BO N N, WANG H Y, MA Y Q, et al.Inheritance analysis on stem circumference and panicle neck circumference of *Oryza longistaminata* [J].Genomics and applied biology, 2021, 40 (Z1) : 2290-2297(in Chinese with English abstract).
- [17] 代建秀,唐子清,吴春文,等.水稻特异粗茎相关性状QTL的初步定位分析[J].分子植物育种,2017,15(4):1395-1402.DAI J X, TANG Z Q, WU C W, et al.Preliminary mapping analysis of QTLs for the related traits of rice extreme culm thickness [J].Molecular plant breeding, 2017, 15 (4) : 1395-1402 (in Chinese with English abstract).
- [18] XIONG G, LI R, QIAN Q, et al.The rice dynamin-related protein DRP2B mediates membrane trafficking, and thereby plays a critical role in secondary cell wall cellulose biosynthesis [J].The plant journal, 2010, 64(1): 56-70.
- [19] REN D, RAO Y, WU L, et al.The pleiotropic *ABNORMAL FLOWER AND DWARF1* affects plant height, floral development and grain yield in rice [J].Journal of integrative plant biology, 2016, 58(6): 529-539.

## Mapping QTLs for internode diameter using a population of recombinant inbred lines

ZHU Xiaoping<sup>1</sup>, LI Chuanxu<sup>1</sup>, NING Weidong<sup>1</sup>, ZHANG Jianguo<sup>1</sup>,  
ZENG Jing<sup>1</sup>, MAO Cui<sup>1</sup>, LI Yonghong<sup>2</sup>, LIN Yongjun<sup>1</sup>

1.National Key Laboratory of Crop Genetic Improvement/  
College of Biology Science and Technology, Huazhong Agricultural University,  
Wuhan 430070, China;

2.Ministry of Agriculture and Rural Affairs Key Laboratory of Southwest  
Rice Life and Genetic Breeding, Deyang 618000, China

**Abstract** The population of G46B/A232 RILs and the high-density genetic linkage map created by resequencing the population were used to map QTLs for internode diameter of reciprocal second internode and reciprocal third internode with the R/qtl software package and CIM method. A total of 3 QTLs for the diameter of reciprocal second internode and 7 QTLs for the diameter of reciprocal third internodes were detected, which were distributed on chromosomes 2, 3, 4, 7, and 11. On chromosome 2, *qRSID2-1* and *qRTID2-1* are relatively close. *qRSID2-2/qRTID2-2* and *qRTID2-3* repeatedly detected in multiple trials may be the same QTL, with phenotypic contribution rates of 7.89%-12.36% and the physical interval within 100 kb on chromosome 2. The genetic study of the internode diameter of reciprocal second internode and reciprocal third internode in rice will lay a foundation for fine mapping QTLs for the internode diameter, which is beneficial to the molecular breeding and germplasm innovation of rice varieties with lodging resistance and ideal plant type.

**Keywords** rice (*Oryza sativa* L.); lodging resistance; internode diameter; QTL; recombinant inbred lines

(责任编辑:张志钰)