

席同,李传旭,李永洪,等. 基于籼稻 RIL 群体的剑叶形态 QTL 定位[J]. 华中农业大学学报, 2020, 39(4): 1-6.

DOI: 10.13300/j.cnki.hnlkxb.2020.04.001

基于籼稻 RIL 群体的剑叶形态 QTL 定位

席同,李传旭,李永洪,谢戎,林拥军

华中农业大学生命科学技术学院/作物遗传改良国家重点实验室,武汉 430070

摘要 从 1 个高世代的 RIL 群体(用籼稻冈46B 和 A232 构建)中选取 178 个重组家系(F12)和亲本间有多态性的 142 对 SSR 分子标记构建遗传连锁图谱,RIL 群体分别种植于湖北武汉和海南陵水,统计两地水稻抽穗期剑叶长度、剑叶宽度和剑叶长宽比,并用 QTL IciMapping4.0 软件对其进行 QTL 定位分析。结果表明:在第 1、第 2、第 4、第 6、第 7、第 10 和第 12 号染色体上共检测到 14 个 QTL 位点,包括 5 个叶宽 QTL、6 个叶长 QTL 位点和 3 个长宽比 QTL 位点,LOD 值为 2.52~5.62,解释表型变异率最小为 5.56%,最大为 21.27%,并且这些 QTL 表现为加性效应。

关键词 水稻; 重组自交系; 株型; 剑叶形态; QTL; 产量; 光合作用

中图分类号 S 511.2⁺1 **文献标识码** A **文章编号** 1000-2421(2020)04-0001-06

农业人口的不断流失、耕地面积的持续减少、人口总量的快速增加使得世界水稻总产量严重不足,因此,水稻高产相关性状研究仍是目前的热点。有研究表明,水稻产量与其株型密切相关^[1]。而作为光合作用的最主要部位,水稻叶片直接参与了机体的光合作用,为水稻的生长发育积累了大量物质与能量,而水稻的剑叶长、剑叶宽性状不但直接决定了水稻叶片的大小,还影响了水稻的株型,进而影响机体的光合效率并在一定程度上决定了水稻的总产量。

水稻剑叶长和剑叶宽的研究始于 1983 年^[2]。1997 年,袁隆平提出高产水稻上三叶应具有“长、直、窄、厚”的观点^[3]。水稻剑叶形态不仅对光合效率有影响,而且会影响水稻叶片的蒸腾作用、水稻的抗逆性和水稻的生长发育过程^[4]。

随着分子生物学和遗传学相关研究的深入,科学家们成功定位到了许多水稻剑叶形态相关的 QTL 位点^[5]。有研究报道,控制水稻的剑叶长、剑叶宽和剑叶长宽比的位点是由多个基因控制的数量性状座位^[6-8],但是基因定位研究结果存在较大的差异,迄今剑叶相关的基因克隆研究很少。本研究以冈 46B 和 A232 为亲本构建高代重组自交系群体,选取 178 个重组家系(F12)和亲本间有多态性的

142 对 SSR 分子标记构建遗传连锁图谱,RIL 群体分别种植于湖北武汉和海南陵水,统计两地水稻抽穗期剑叶长度、剑叶宽度和剑叶长宽比,并用 QTL IciMapping 4.0 软件对其进行 QTL 定位分析,旨在为后续克隆控制水稻剑叶形态的基因奠定基础。

1 材料与方法

1.1 试验材料

籼稻品种冈 46B 和 A232 在剑叶形态特征上存在明显的差异,将两者进行杂交得到 F₁ 代,然后不断自交,采用单粒传法构建含有 265 个家系的 RIL 群体^[9],并在其中选出 178 个稳定的家系进行研究。

1.2 遗传连锁图构建和表型鉴定

从 265 个家系的重组自交系群体中筛选 178 个表型较为稳定的家系,利用在两亲本中存在多态性的 142 对 SSR(simple sequence repeats)引物对 178 个家系的基因型进行鉴定与分析,构建遗传连锁图谱^[10]。引物较均匀地分布在 12 条染色体中。

1.3 田间种植

2017 年 3 月,将 RIL 群体种植于海南陵水英州镇四川省农业科学院南繁基地;2018 年 5 月,将 RIL 群体种植于湖北武汉华中农业大学试验田。完

收稿日期: 2019-07-02

基金项目: 国家转基因专项“抗虫转基因水稻新品种培育”(2016ZX08001-001)

席同,硕士研究生. 研究方向: 水稻基因组学. E-mail: 871048845@qq.com

通信作者: 林拥军,博士,教授. 研究方向: 水稻基因组学. E-mail: yongjunlin@mail.hzau.edu.cn

全随机区组设计,4 个重复,每个重复中每个家系种 4 行,每行 5 株水稻苗,每相隔 18 个家系插入 2 个亲本作为对照。行株距 18 cm×25 cm,田间管理同一般大田,专人管理。

1.4 剑叶表型的统计

于抽穗期进行数据的测量和统计,测量 178 个家系在相同生育期的剑叶表型数据。具体方法为:测量同一片剑叶的叶长和叶宽,并将结果划为一组数据,在各个家系中间的 6 株水稻上随机均匀取样,每个家系测量 12 组数据,在距离剑叶根部约 8 cm 处测量叶片最宽部位作为剑叶宽;测量从叶尖到叶根部的距离作为剑叶长。

1.5 数量性状的鉴定与可行性分析

研究证明剑叶形态相关性状大多符合数量性状特征^[11-13],QTL 定位需要研究的目标性状为数量性状,故本研究对剑叶长、剑叶宽和剑叶长宽比进行数量性状分析;根据测量的剑叶表型数据算出均值,并通过 Excel 做出频数分布图,如果该图呈正态分布,

则认为目的性状为数量性状,可以用于后续 QTL 定位分析。

1.6 QTL 定位

利用 IciMapping 4.0 软件中复合区间作图法对剑叶相关性状进行 QTL 定位分析^[14],以 LOD 值 2.5 为阈值。QTL 命名采用 McCouch 等^[15]的方法。根据所得的 QTL 结果制作表格。

2 结果与分析

2.1 剑叶性状的表型差异性分析

从表 1 可以看出,亲本品种冈 46B 的剑叶表型为长宽比较小、宽叶,A232 的剑叶表型为长宽比较大、窄叶。RIL 群体剑叶长存在超亲现象,海南陵水与湖北武汉 3 个性状的偏度与峰度基本上小于 1。再根据图 1 结果可知,剑叶长、剑叶宽、剑叶长宽比在两地都符合正态分布特征,且都有一定数量的双向超亲现象,符合数量性状特征;由此证明该群体符合 QTL 定位分析的基本要求。

表 1 海南陵水和湖北武汉亲本及 RIL 群体剑叶相关性状的鉴定

Table 1 Identification of flag leaf related traits for parents and RIL population in Lingshui, Hainan and Wuhan, Hubei

性状 Traits	亲本 Parents						RIL 群 RIL population									
	冈 46B Gang 46B		A232		差值 Difference		平均值 Mean		范围 Range		变异系数 Variation coefficient		偏度 Skewness		峰度 Kurtosis	
	I	II	I	II	I	II	I	II	I	II	I	II	I	II	I	II
剑叶长/cm FLL	51.80	45.50	48.30	36.40	3.50	9.10	52.95	40.68	34.40~ 75.90	23.00~ 61.80	0.118	0.179	0.286	0.187	1.022	0.213
剑叶宽/cm FLW	1.79	2.20	1.25	1.60	0.54	0.62	1.63	1.81	1.18~ 2.12	1.15~ 2.53	0.113	0.135	0.286	-0.138	0.194	0.459
剑叶长宽比 FLWR	28.94	18.86	38.64	23.80	-9.70	-4.93	32.75	22.74	22.18~ 44.79	14.41~ 36.15	0.130	0.183	0.218	0.702	0.060	0.481

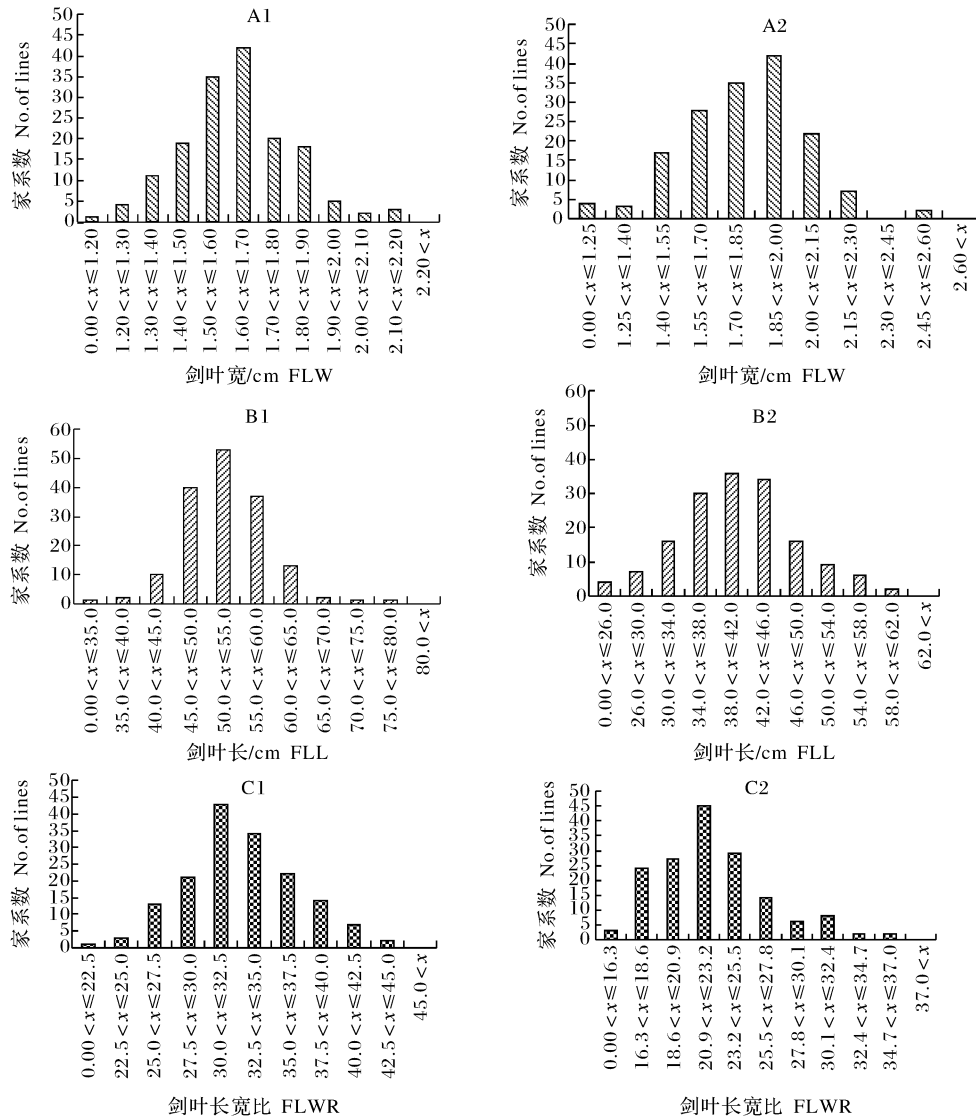
注 Note: I:海南陵水 Lingshui, Hainan; II:湖北武汉 Wuhan, Hubei; FLL:Flag leaf length; FLW:Flag leaf width; FLWR:Flag leaf length/Flag leaf width ratio.下同 The same as follows.

2.2 QTL 定位分析

利用 IciMapping4.0 软件对湖北武汉剑叶长、剑叶宽和剑叶长宽比等性状进行 QTL 定位分析,QTL 鉴定(表 2)一共获得了 7 个 QTL 位点,其中 2 个控制剑叶宽度的 QTL 位点 qLW1-1 和 qLW2,其贡献率分别为 11.08%和 14.46%;2 个位点的加性效应均为负值,都是来自于窄叶亲本 A232;控制剑叶长度的 3 个 QTL 位点分别为 qFLL1-1、qFLL7 和 qFLL10,其贡献率分别为 11.89%、7.28%和 21.27%,前 2 个位点的加性效应均为正值,增效等位基因来自于长叶亲本冈 46B,qFLL10 的加性效应则为负值,增效等位基因是来自于短叶亲本 A232;控制剑叶长宽比的 2 个 QTL 位点分别为

qFLWR1-1、qFLWR6,其贡献率分别为 11.24%和 8.14%,qFLWR1-1 的加性效应都为负值,增效等位基因来自于 A232,qFLWR6 的加性效应为正值,增效等位基因则来自于冈 46B。

根据海南陵水的 QTL 结果得到表 3,共得到 3 个剑叶表型性状的 7 个 QTL 位点,qFLW1-2、qFLW4 和 qFLW12 为控制剑叶宽的 QTL 位点,表型贡献率分别为 19.60%、11.40%和 10.60%,三者的加性效应均为负值,增效等位基因均来源于剑叶表现为窄叶的亲本 A232;qFLL1-2、qFLL4 和 qFLL12 为控制剑叶长的 QTL 位点,贡献率分别为 5.56%、7.50%和 8.91%,qFLL1-2 的加性效应为正值,增效等位基因来源于长剑叶表型的亲本冈 46B,



A1、A2 分别为海南陵水和湖北武汉的剑叶宽频数分布；B1、B2 分别为海南陵水和湖北武汉的剑叶长频数分布；C1、C2 分别为海南陵水和湖北武汉的剑叶长宽比频数分布。A1、A2 are frequency distribution of FLW in Lingshui, Hainan and Wuhan, Hubei, respectively; B1、B2 are frequency distribution of FLL in Lingshui, Hainan and Wuhan, Hubei, respectively; C1、C2 are frequency distribution of FLWR in Lingshui, Hainan and Wuhan, Hubei, respectively.

图 1 剑叶相关性状在海南陵水和湖北武汉的频数分布图

Fig.1 Frequency distribution of related traits of flag leaves in Lingshui, Hainan and Wuhan, Hubei

表 2 湖北武汉剑叶相关性状的 QTL 位点以及遗传效应

Table 2 QTLs and genetic effects of flag leaf related traits in Wuhan, Hubei

性状 Traits	QTL	染色体 Chromosome	遗传位置 Genetic position	标记区间 Marked interval	LOD	贡献率/% Contribution rate	加性效应 Additive effect
剑叶宽 FLW	qFLW1-1	1	97	RM140~RM493	4.42	11.08	-0.81
剑叶宽 FLW	qFLW2	2	247	RM6~RM6295	5.57	14.46	-0.95
剑叶长 FLL	qFLL1-1	1	151	RM3362~RM6141	4.10	11.89	2.51
剑叶长 FLL	qFLL7	7	0	RM248~RM22143	2.98	7.28	2.16
剑叶长 FLL	qFLL10	10	57	RM5348~RM148	3.33	21.27	-3.73
剑叶长宽比 FLWR	qFLWR1-1	1	151	RM3362~RM6141	3.74	11.24	1.39
剑叶长宽比 FLWR	qFLWR6	6	37	RM439~RM20352	3.20	8.14	-1.19

而 qFLL4 和 qFLL12 的加性效应则为负值, 增效等位基因来源于短剑叶亲本 A232; qFLWR1-2 为控制剑叶长宽比的 QTL 位点, 贡献率为 10.42%, qFLWR1-2 的加性效应为负值, 增效等位基因来自于 A232。QTL 定位结果显示, 在 1 号染色体上 3 个剑叶表型性状都检测到了 QTL 位点, 而在其他染色体上未能检测到重复出现于两地的 QTL 位点, 两地在 1 号染色体上的定位结果重复性较好。

武汉的 QTL 定位结果中, 控制剑叶宽的 QTL 位点 qFLW1-1 在 RM140 与 RM493 之间, 而海南的 QTL 定位结果中, 控制剑叶宽的 QTL 位点 qFLW1-2 在 RM243 与 RM3412 之间, 2 个位点相距较近, 推测为同一位点, 而前人的研究并未在这个区间得到控制叶宽的 QTL 位点, qFLW2、qFLW4 均为首次检测到的控制叶宽的 QTL 位点, 表明 qFLW1、qFLW2、qFLW4 为本研究新发现的控制剑叶宽度 QTL 位点。12 号染色体上的位点 qFLW12

与张斌^[16]的结果较为接近, 推测为同一位点。

武汉关于剑叶长的 QTL 定位结果显示: qFLL1-1 在 1 号染色体上的位置介于标记 RM3362 与 RM6141 之间, 而海南的结果 qFLL1-2 在 1 号染色体上的位置介于 RM6141 与 RM5310 之间, 二者相距较近, 可以推测为同一位点, 此位点与张斌^[16]利用超级杂交稻两优培九(培矮 64S×93-11)衍生的 RIL 群体定位到的 qFLL1.3 和 Yan 等^[17]1999 年所定位到的 FLL1 结果较为一致, 可以推测它们是同一位点。其中 10 号染色体上的 qFLL10 位点可能和张斌^[16]定位的结果为同一个位点。

剑叶长宽比性状的 QTL 定位结果显示: 两地在 1 号染色体上检测到的 2 个位点相距较远, 推测二者是不同的位点, 剑叶长宽比的 3 个 QTL 位点与已报道的文献不存在相似的位点, 是本研究首次检测的位点。图 2 为本研究所检测到的 QTL 位点在各条染色体上的位置分布。

表 3 海南陵水剑叶相关性状的 QTL 位点以及遗传效应

Table 3 QTLs and genetic effects of flag leaf related traits in Lingshui, Hainan

性状 Traits	QTL	染色体 Chromosome	遗传位置 Genetic position	标记区间 Marked interval	LOD	贡献率/% Contribution rate	加性效应 Additive effect
剑叶宽 FLW	qFLW1-2	1	76	RM243~R3412	5.62	19.60	-0.81
剑叶宽 FLW	qFLW4	4	63	RM3839~RM3337	4.08	11.40	-0.62
剑叶宽 FLW	qFLW12	12	76	RM28195~RM247	2.53	10.60	-0.59
剑叶长 FLL	qFLL1-2	1	155	RM6141~RM5310	2.52	5.56	1.45
剑叶长 FLL	qFLL4	4	25	RM3687~RM5473	3.38	7.50	-1.69
剑叶长 FLL	qFLL12	12	21	RM5479~RM3726	3.61	8.91	-1.84
剑叶长宽比 FLWR	qFLWR1-2	1	48	RM1~RM243	2.94	10.42	0.13

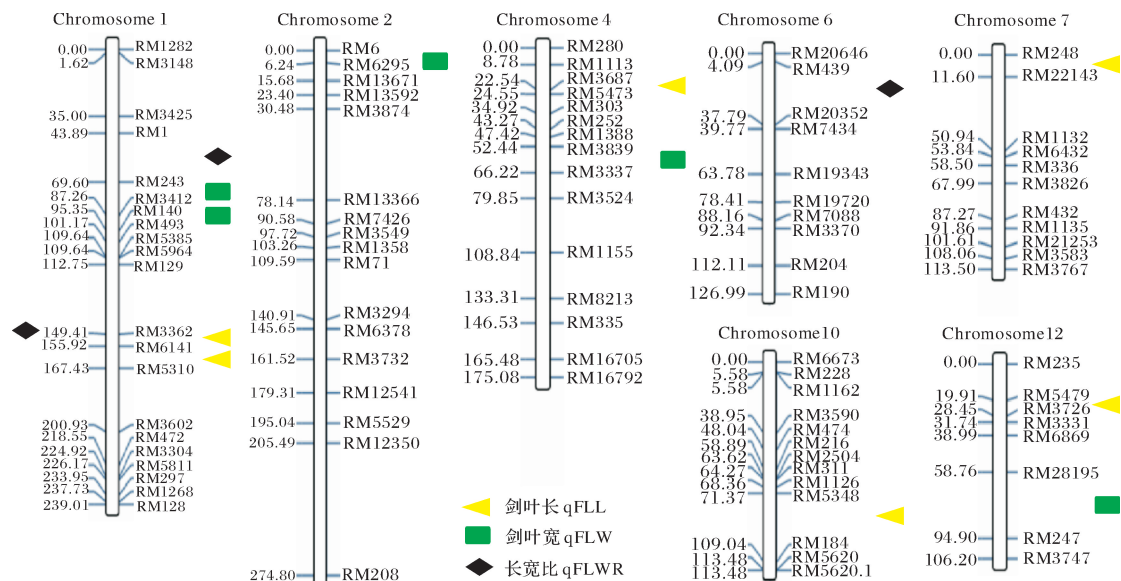


图 2 剑叶大小相关性状的 QTLs 在染色体上的位置

Fig.2 The position of QTLs on chromosome for size-related traits in flag leaves

3 讨论

本研究利用窄叶品种 A232 与宽叶品种冈 46B 的亲本组合杂交构建的 RIL 群体 F₁₁ 材料, 于 2017—2018 年在海南陵水和湖北武汉的不同环境条件下对重组自交系群体中的 178 个家系开展了剑叶形态相关性状的研究, 采用 142 对在双亲之间表现出多态性的 SSR 标记引物, 运用 ICIMapping4.0 软件中的复合区间作图法进行 QTL 分析, 结果表明, RIL 群体中剑叶形态相关的 3 个性状在两地均符合连续分布的特性, 并且在群体中存在一定的双向超亲遗传现象, 说明剑叶长、剑叶宽和剑叶长宽比均符合数量性状的特征, 和前人的研究结果一致^[18-19]。14 个控制剑叶形态相关性状的 QTL 位点被检测到, 这些 QTL 位点中, 解释表型贡献率最高的为 21.27%。剑叶长、剑叶宽位点的贡献率在两地均为 25%~40%, 这是因为多基因间存在相互累加效应。

环境因素极易影响 QTL 定位的准确性, 在本研究中湖北武汉和海南陵水的环境因素差异较大, 所得到的 QTL 定位结果存在着一定的差异。但也有重复性较好的 QTL 位点, 湖北武汉和海南陵水两地均在 1 号染色体上检测到了剑叶长与剑叶宽的 QTL 位点, 且位点间距离较近, 表明 1 号染色体上控制剑叶长和宽的等位基因基本不受环境因素影响。有研究表明, 环境因素在某种程度上会影响同一材料 QTL 分析结果, 而控制不同性状的基因的紧密连锁和基因的多效性会使部分位点在环境因素差异较大的情况下, 依然能表现出相同或相似的结果^[16], 本研究 QTL 定位所得到的结果与此类似。同样有报道指出, 采用不同亲本组合构建的作图群体所得到的定位结果也会存在差异, 推测原因可能为用于作图群体之间的复杂背景遗传差异, 如果亲本在某个位点上不存在差异, 那么这类 QTL 位点的定位结果通常会发生在能在一个群体被定位到、但在另一个群体中却定位不到的情况^[20]。这说明利用不同群体对相同性状进行 QTL 定位的结果会存在部分相似, 但主要还是会存在较大差异^[21]。因此, 不同群体在遗传背景上的复杂性对 QTL 定位的结果有很大的影响。

本研究中水稻剑叶性状相关 QTL 位点的加性效应大多数表现为负值, 少数表现为正值, 这表明剑叶表型为窄叶的亲本 A232 所携带的等位基因对剑

叶宽度的遗传起到主导作用, 表现为显性效应。

Qi 等^[22]利用窄叶水稻突变体材料成功克隆了控制水稻剑叶宽的基因 *Nal1*, 位于第 4 号染色体上, 其研究结果表明植物激素的合成、传输与剑叶宽的生长发育有关。本研究所检测到的 QTL 位点多为未报道过的位点, 这一结果能够在一定程度上指导后续的基因克隆研究, 有一定的应用前景。后续可以在 RIL 群体中挑选发生超亲现象的窄叶家系与宽叶亲本冈 46B 连续回交构建回交群体, 并在定位区间进一步加密 SSR 分子标记, 理论上可以得到更为精细的位点甚至克隆出相关的等位基因, 为培育理想株型的水稻育种工作提供理论依据。

参考文献 References

- [1] DONALD C M, HAMBLIN J. The biological yield and harvest index of cereals as agronomic and plant breeding criteria[J]. *Advances in agronomics*, 1976, 28: 361-405.
- [2] 沈福成. 水稻剑叶长、宽、角度及比叶重的遗传[J]. *贵州农业科学*, 1983(6): 18-25. SHEN F C. Heredity of length, width, angle and specific leaf weight of rice flag leaves[J]. *Guizhou agricultural science*, 1983(6): 18-25 (in Chinese).
- [3] YUAN L P. Hybrid rice breeding for super high yield[J]. *Hybrid rice*, 1997, 12(6): 1-6.
- [4] 蔡晶. 水稻剑叶性状的遗传分析和 QTL 定位[D]. 北京: 中国农业科学院, 2009. CAI J. Genetic analysis and QTL mapping of flag leaf traits in rice [D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences, 2009 (in Chinese with English abstract).
- [5] 刘欣, 王君, 曾伟. 水稻 4 种农艺性状 QTL 的初步定位分析[J]. *基因组学与应用生物学*, 2014, 33(3): 604-609. LIU X, WANG J, ZENG W. Preliminary analysis of 4 QTLs for agronomic traits in rice[J]. *Genomics and applied biology*, 2014, 33 (3): 604-609 (in Chinese with English abstract).
- [6] 李睿, 赵姝丽, 毛艇, 等. 水稻剑叶形态性状 QTL 分析[J]. *作物杂志*, 2010(3): 26-29. LI R, ZHAO S L, MAO T, et al. QTL analysis on flag leaf trait in rice[J]. *Crops*, 2010 (3): 26-29 (in Chinese with English abstract).
- [7] 邵高能, 唐绍清. 水稻剑叶形态与稻米粒形 QTL 分析及相应剩余杂合体衍生群体的构建[J]. *分子植物育种*, 2009, 7(1): 16-22. SHAO G N, TANG S Q. QTL analysis for flag leaf and grain shape and populations construction derived from related residual heterozygous lines in rice[J]. *Molecular plant breeding*, 2009, 7(1): 16-22 (in Chinese with English abstract).
- [8] 周丽慧, 谢永楚, 陈涛, 等. 水稻剑叶形态与产量的关系及相关性状的 QTL 分析[J]. *江苏农业学报*, 2012, 28(6): 1207-1211. ZHOU L H, XIE Y C, CHEN T, et al. Relations between flag leaf morphology and yield and QTL analysis of related traits [J]. *Jiangsu journal of agriculture*, 2012, 28 (6): 1207-1211 (in Chinese with English abstract).

- [9] 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).
- [10] 李永洪,李传旭,刘成元,等.利用冈 46B/A232 RILs 群体定位籼稻粒形和粒重的 QTL[J].分子植物育种,2018,16(12):3956-3966. LI Y H,LI C X,LIU C Y,et al. Location of the QTL of grain shape and grain weight of indica rice by Gang 46B/A232RILs[J]. Molecular plant breeding,2018,16(12):3956-3966(in Chinese with English abstract).
- [11] SONG X J,HUANG W,SHI M,et al.QTL for rice grain width and weight encodes a previously unknown RING-type E3 ubiquitin ligase[J]. Nat Genet,2007,39:623-630.
- [12] AYAHIKO S,TAKESHI I,KAWORU E. Deletion in a gene associated with grain size increased yields during rice domestication[J]. Nat Genet,2008,40:1023-1028.
- [13] KOBAYASH S,FUKUTA Y,MORITA S,et al. Quantitative trait loci affecting flag leaf development in rice (*Oryza sativa* L.)[J].Breeding science,2003,53:255-262.
- [14] WANG J,WAN X,LI H ,et al.Application of identified QTL-marker associations in rice quality improvement through a design-breeding approach [J]. Theoretical & applied genetics, 2007,115(1):87-100.
- [15] MCCOUCH S R,CHO Y G,YANO M,et al. Suggestion for QTL nomenclature[J].Rice genetics newsletter,1997,14:11-13.
- [16] 张斌.不同环境下水稻剑叶形态与产量相关性状的 QTL 分析[D].北京:中国农业科学院,2014. ZHANG B. QTL analysis of flag leaf and rice yield in different environments[D]. Beijing: Chinese Academy of Agricultural Sciences,2014 (in Chinese with English abstract).
- [17] YAN J Q,ZHU J,HE C X,et al. Molecular marker-assisted dissection of genotype×environment interaction for plant type traits in rice (*Oryza sativa* L.) [J]. Crop science,1999,39:538-544.
- [18] 马达鹏,陶大云.贵州高原梗稻剑叶长度、宽度、面积及比叶重的遗传研究[J].贵州农业科学,1989(5):1-7. MA D P,TAO D Y. Genetic studies on length, width, area and specific leaf weight of flag leaf of Guizhou Plateau local Keng Rice [J]. Guizhou agricultural science,1989(5):1-7 (in Chinese with English abstract).
- [19] 夏仲炎,梗稻叶型的遗传与选择的研究[J].作物学报,1983,9(4):275-280. XIA Z Y. Study on the inheritance and selection of leaf shape in Keng Rice [J]. Journal of crops,1983,9(4):275-280(in Chinese with English abstract).
- [20] 姜敬伟,余显权,齐明.水稻剑叶叶宽遗传分析及基因定位[J].分子植物育种,2013,11(3):307-310. JIANG J W,YU X Q,QI M. Genetic analysis and gene mapping of rice flag leaf width trait [J]. Molecular plant breeding,2013,11(3):307-310 (in Chinese with English abstract).
- [21] 邢永忠,徐才国,华金平,等.水稻穗部性状的 QTL 与环境互作分析[J].遗传学报,2001,28(5):439-446. XING Y Z,XU C G,HUA J P,et al. Analysis of QTL×environmental interaction for rice panicle characteristics [J]. Journal of genetics,2001,28(5):439-446(in Chinese with English abstract).
- [22] QI J,QIAN Q,BU Q Y,et al.Mutation of the rice narrow leaf 1 gene,which encodes a novel protein,affects vein patterning and polar auxin transport[J].Plant physiology,2008,147(4):1947-1959.

QTL mapping of flag leaf shape with rice RILs

XI Tong,LI Chuanxu,LI Yonghong,XIE Rong,LIN Yongjun

National Key Laboratory of Crop Genetic Improvement/College of Life Science and Technology,
Huazhong Agricultural University,Wuhan 430070,China

Abstract 178 recombinant inbred lines (F12) of crossing rice varieties Gang 46B with A232 were used to investigate the length,width and aspect ratio of flag leaves in Lingshui,Hainan province and Wuhan,Hubei Province. 14 QTLs in total including 5 flag leaf width QTLs,6 flag leaf length QTLs,and 3 flag leaf length-to-width ratio QTLs were detected,which were distributed on rice chromosomes 1,2,4,6,7,10 and 12. LOD values were ranged from 2.52 to 5.62. The contribution rate of a single QTL to phenotypic variation varied from 5.56% to 21.27%.

Keywords rice; recombinant inbred lines (RILs); plant type; flag leaf traits; QTL; yield; photosynthesis

(责任编辑:张志钰)