

# 玉米子粒中锌及铁铜锰含量的遗传及 QTL 分析

周金凤<sup>1</sup>, 黄亚群<sup>1</sup>, 刘志增<sup>1</sup>, 陈景堂<sup>1</sup>, 祝丽英<sup>1</sup>, 宋占权<sup>2</sup>, 赵永锋<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>国家玉米改良中心河北分中心 河北农业大学农学院, 保定 071001; <sup>2</sup>河北保定学院, 保定 071001)

**摘要:** 分别利用三交组合 DH8×登海 40 和 DH86×沈 137 创建 F<sub>1</sub>代 DH 群体 A 和群体 B, 比较 2 个不同遗传背景下 DH 群体子粒中锌及铁铜锰含量的变化, 并对 2 个供试群体 2 年间的试验结果进行了 QTL 分析。发现玉米子粒中锌及铁铜锰的含量在不同个体间、不同年份间受环境影响比较大, 且表现不稳定; 群体内呈现连续性数量性状变化, 服从于正态分布。对群体 A 2 年子粒中锌及铁铜锰含量进行 QTL 定位, 结果 2007 年检测到了 5 个与这些性状有关的 QTL, 可解释的遗传变异范围为 9.41%~43.67%; 2008 年检测到 9 个 QTL, 可解释的遗传变异范围为 11.21%~42.96%。2 年间未检测到相同的 QTL 位点。对群体 B 进行 QTL 定位, 2 年间检测到 18 个 QTL 位点, 分布于除第 5 染色体以外的其余 9 条染色体上。其中, 2007 年检测到 12 个 QTL, 2008 年获得 6 个 QTL, 相同的 QTL 为 2 个控制锌含量的 1 个位点位于第 3 染色体的 p-umc1399-p-bnlg1605 区段, 控制铜含量的 1 个位点位于第 2 染色体的 bnlg1746 区段。

**关键词:** 玉米; 子粒; 营养元素; 遗传; QTL 定位

## Genetic Analysis and QTL Mapping of Zinc, Iron, Copper and Manganese Contents in Maize Seed

ZHOU Jin-feng<sup>1</sup>, HUANG Ya-qun<sup>1</sup>, LIU Zhi-zeng<sup>1</sup>, CHEN Jing-tang<sup>1</sup>,  
ZHU Li-ying<sup>1</sup>, SONG Zhan-quan<sup>2</sup>, ZHAO Yong-feng<sup>1</sup>

(<sup>1</sup>Maize Improve Center of Country of Hebei Center/College of Agronomy, Agricultural University of Hebei  
Baoding 071001; <sup>2</sup>College of Hebei Baoding, Baoding 071001)

**Abstract** Two Maize double haploid (DH) populations DH8×DH40 and DH86×s137 were used in this study to detect the variation of zinc, iron, copper and manganese contents and to conduct the analysis of quantitative trait loci (QTLs) for these traits. The results showed that the variation of the Zn, Fe, Cu and Mn contents were very large in these populations and unstable in 2007 and 2008. The variations of these traits in two populations were continuous and the distributions were normal. Through the QTL Mapping, 5 QTLs of these traits were detected for A population in 2007, explaining 9.41% - 43.67% variation respectively. There are 9 QTLs were detected for A population in 2008, explaining 11.21% - 42.96% variation respectively, and didn't find the same QTL in two years. Through QTLs analyses of these traits in B population, a total of 18 QTLs distributed on 10 chromosomes were detected except 5 chromosomes, including 12 QTLs in 2007 and 6 QTLs in 2008, and 2 QTLs in both 2007 and 2008. The QTL on chromosome 3 (between markers p-umc1399-p-bnlg1605) were found to be the Zn content and on chromosome 1 (markers bnlg1746) to be the Cu content in two years.

**Key words** Maize (*Zea mays* L.); Seed; Nutrients; Genetic; Quantitative trait locus (QTL)

收稿日期: 2009-10-13 修回日期: 2010-01-31

基金项目: 河北省自然科学基金项目 (C2008000319); 河北省科学技术与发展计划资助项目 (04820125D); 河北省“十一五”科技攻关项目 (20061148001)

作者简介: 周金凤, 在读硕士, 从事玉米营养遗传学研究。E-mail: doudou198418@sina.com

通讯作者: 黄亚群, 教授, 从事玉米育种和营养遗传学研究。E-mail: hyqun@hebau.edu.cn

锌、铁、铜、锰是动植物代谢所必需的营养元素。玉米作为我国重要的粮饲兼用作物,其子粒中锌及铁铜锰含量多少对玉米自身生长以及人类和动物的生长发育有直接影响<sup>[1-2]</sup>。目前越来越多的研究证明,由于过去的育种目标和栽培技术过分集中于提高产量,忽视了营养元素,致使水稻、小麦、玉米等粮食作物中营养元素种类和丰度都很低<sup>[3]</sup>。因此,利用传统育种和现代分子生物学技术培育富含营养元素的作物品种,提高子粒营养元素的含量及在贫瘠土地种植时的产量已成为国内外研究的热点<sup>[3-11]</sup>。本文以玉米不同遗传背景下构建的 DH 系群体为试验材料,分析这些群体不同个体子粒中锌、铁、铜和锰含量上的差异,并对这些性状进行 QTL 定位,旨在揭示玉米子粒锌、铁、铜、锰含量性状的遗传规律,为进一步开展子粒富集锌铁以及锌铁铜锰等营养高效品种的选育和分子标记辅助选择育种提供依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 供试材料

河北农业大学玉米育种组以 DH8 × DH40 杂交种为母本,以高诱 1 号为父本诱导获得单倍体,单倍体染色体加倍得 81 个双单倍体组成群体 A。以 DH86 × 沈 137 杂交种为母本,再以高诱 1 号为父本诱导产生单倍体,单倍体染色体加倍获得 85 个双单倍体构成群体 B。构建供试群体亲本的选择原则是基于子粒锌含量相对性状差异显著,而铁铜锰含量的差异未做要求。表 1 中显示构建群体的亲本子粒中锌及铁铜锰含量的差异显著性。

表 1 构建 DH 系群体亲本子粒中锌及铁铜锰含量

Table 1 Zn, Fe, Cu and Mn content of double haploid populations parents (mg/kg)

供试群体 Population	三交种亲本 Parents of three way cross hybrid	锌	铁	铜	锰
		Zn	Fe	Cu	Mn
群体 A	DH8	17.88	19.75	4.00	10.25
	登海 40	26.63	18.75	4.00	13.00
	概率值	0.0429	0.7327	1.0000	0.0389
群体 B	DH86	22.88	25.50	4.00	11.25
	沈 137	24.63	18.75	3.25	11.50
	概率值	0.0198	0.2163	0.0955	0.8075

### 1.2 田间试验设计

2007年、2008年连续 2 年将供试的群体 A、B 及亲本播种于河北农业大学第一教学实验场。一年

只种一季玉米,2 年供试土壤锌分别为 0.62mg/kg、0.60mg/kg。全生育时期不施用微量元素肥料。试验采用完全随机设计,每个 DH 系种植一行,行长 4m,行距 0.6m,密度 6 万株/hm<sup>2</sup>。每一系随机套袋 3~5 个果穗自交,收获自交果穗。

### 1.3 玉米子粒中锌铁铜锰含量的测定

从亲本、群体 A 和 B 的每一份供试材料的自交果穗中随机选取 30~40 粒种子用超纯水洗净,放于白色纸袋中烘干,并用不锈钢粉碎机粉碎。每份供试材料称取 2 份,在 300℃ 的电热板上炭化,待无烟产生后转至马福炉中,500℃ 高温下灰化。用 1:1 盐酸 15mL 溶解,超纯水定容至 50mL 的容量瓶,用定量滤纸过滤至黑色聚乙烯小瓶中待测,同时用同样的方法配置空白溶液。采用日立公司 Z-5300 型火焰原子吸收分光光度计,在波长为 213.8nm、锌空心阴极灯电流 6mA 下测定锌、铁、铜、锰的含量,每一材料重复测定 2 次。

### 1.4 图谱构建和 QTL 定位

参照李永明等<sup>[12]</sup>中 Saghai 和 M. A. Roach 等提出的方法提取亲本和群体单株苗期叶片的总 DNA 并纯化,采用 Senior 等的方法进行 SSR 分析;利用 MAPMAKER /EXP3.0 软件构建遗传连锁图;运用 QTL MAPPING 6 分析软件,对子粒中锌铁铜锰含量进行 QTL 定位检测和分析;以 LOD > 2.0 为阈值来判断 QTL 的存在与否,并计算出每个 QTL 的加性效应和表型贡献率;按照 McCouch 等的命名原则进行 QTL 命名。

## 2 结果与分析

### 2.1 供试群体玉米子粒锌及铁铜锰含量的变化

#### 2.1.1 群体 A 玉米子粒中锌及铁铜锰含量的变化

表 2 中显示 2007 年和 2008 年 2 年群体 A 子粒中锌、铁、铜、锰含量变化的峰度系数、偏度系数均接近于 0 说明该群体这些性状变化均服从于正态分布。其中,锌含量最大值 31.38mg/kg (2007 年)、26.38mg/kg (2008 年)接近或超过了高亲登海 40 (26.63mg/kg),最小值 16.13mg/kg (2007 年)、17.38mg/kg (2008 年),接近于小值亲本 DH8 的 17.88mg/kg。2 年锌含量的变异值分别为 15.25mg/kg、9mg/kg。这一结果说明锌含量这个性状,不同的个体间在年际间变化不稳定,受环境影响比较大。铁、铜、锰含量在年际间的变化也表现出相同的规律性。由表 1、表 2 可以看出,虽然供试三交种 2 个亲本子粒中铁、铜、锰差异不大,但由其构成的群体 A 子粒中铁、铜、锰变化却很大,

并表现连续分布, 个体间表现型受环境影响大, 表现出受微效多基因控制的特征。2年间铁变化的范围为 18.00~25.5mg/kg 铜为 2.50~6.25mg/kg 锰为 10.48~11.00mg/kg 群体内变异最大值及最小值均表现出超双亲分离。

表 2 2007-2008年群体 A 子粒锌及铁铜锰含量的特征值  
Table 2 Characteristics of Zn, Fe, Cu and Mn content among the A populations in 2007 and 2008

年份	性状	最小值	最大值	极差	峰度	偏度
Year	Trait	Min	Max	Range	Kurtosis	Skewness
2007	Zn	16.13	31.38	15.25	-0.33	0.40
	Fe	15.25	40.75	25.50	0.64	0.90
	Cu	3.00	5.50	2.50	0.28	0.43
	Mn	8.00	18.48	10.48	-0.91	0.36
2008	Zn	17.38	26.38	9.00	0.18	-0.58
	Fe	18.00	36.00	18.00	0.87	0.93
	Cu	0.50	6.75	6.25	0.42	0.84
	Mn	8.00	19.00	11.00	0.98	0.90

2.1.2 群体 B 玉米子粒锌及铁铜锰含量的变化 从表 3 可见, 由 DH86 和沈 137 构建的群体 B 在 2007 年、2008 年锌、铁、铜、锰同群体 A, 也均表现出连续性数量性状变化, 分布形状服从于正态分布 (其峰度、偏度系数值均接近于 0)。与群体 A 相同, 子粒中锌、铁、铜、锰含量的最大值大于高值亲本; 最小值低于低值亲本, 表现出超亲分离。锌及铁铜锰含量在 2 年间变异大、稳定性差, 受环境影响大。这些结果再次表明子粒中锌及铁铜锰含量是由多个数量性状控制。

表 3 2007 年、2008 年群体 B 锌及铁铜锰含量的特征值  
Table 3 Characteristics of Zn, Fe, Cu and Mn content among the B populations in 2007 and 2008

年份	性状	最小值	最大值	极差	峰度	偏度
Year	Trait	Min	Max	Range	Kurtosis	Skewness
2007	Zn	14.38	37.63	23.25	0.80	0.00
	Fe	11.75	35.00	23.25	-0.79	0.14
	Cu	2.50	6.25	3.75	-0.24	0.52
	Mn	6.25	21.25	15.00	0.79	0.44
2008	Zn	18.38	34.38	16.00	0.32	0.48
	Fe	16.00	34.50	18.50	-0.41	0.62
	Cu	1.75	6.50	4.75	0.39	0.94
	Mn	6.50	23.50	17.00	0.47	0.80

## 2.2 供试群体分子标记遗传连锁图谱的构建

### 2.2.1 群体 A 分子标记遗传连锁图谱的构建

群体 A 亲本间具有明显差异的引物 88 对, 多态性比例为 37%, 所构建的遗传连锁图谱总长度为

1434.7cM, 两个标记间的平均距离为 17.7cM。每条染色体上的标记数从 4 至 13 个不等, 且标记均匀地分布于 10 条染色体上 (图 1), 符合 QTL 区间作图的要求<sup>[13]</sup>。卡平方 ( $\chi^2$ ) 测验表明: 多态性引物中有 5 个标记表现显著的偏分离, 占多态性标记总数的 5.6%。

2.2.2 群体 B 分子标记遗传连锁图谱的构建 群体 B 亲本间具有明显差异的引物 106 对, 多态性比例为 44%, 所构建的遗传连锁图谱总长度为 1165.4cM, 两个标记间的平均距离为 11.9cM。每条染色体上的标记数从 4 至 16 个不等, 且标记均匀地分布于 10 条染色体上 (图 2)。卡平方 ( $\chi^2$ ) 测验表明: 多态性引物中有 5 个标记在 0.05 水平表现显著的偏分离, 占多态性标记总数的 4.7%, 符合 QTL 区间作图的要求。

### 2.3 供试群体子粒锌及铁铜锰含量的 QTL 定位

利用 QTLMapper 6 分析软件对玉米子粒锌及铁铜锰含量进行 QTL 定位, 结果群体 A 2 年间共检测到 14 个 QTL, 分布于 1、2、4、5、6、7 和 10 号染色体上, 贡献率范围为 9.41%~43.67%。群体 B 2 年间共检测到 18 个 QTL, 分布在 1、2、3、4、6、7、8、9 和 10 号染色体上, 贡献率范围为 10.09%~68.63%, 2 年间共检测到相同的 QTL 2 个, 其中 1 个控制锌含量、1 个控制铜含量。

#### 2.3.1 群体 A 子粒锌及铁铜锰含量的 QTL 定位

对 2007 年种植的群体 A 子粒锌及铁铜锰含量 QTL 定位 (表 4) 获得 5 个 QTL, 分布于 2、4、6 和 7 号染色体上, 贡献率范围为 9.41%~43.67%; 其中检测到 3 个控制锌含量的位点, 可解释的遗传变异范围是 9.41%~43.33%; qZn4、qZn6-1 其遗传正效应等位基因来自 DH8、qZn6-2 其遗传正效应等位基因来自登海 40 检测到 2 个控制铁含量的位点, 位于第 2、7 染色体上, 贡献率为 43.49%、43.67%; 没有检测到控制铜、锰的位点。对 2008 年种植的群体 A 子粒锌及铁铜锰含量 QTL 定位 (表 4), 获得 9 个 QTL, 分布于 1、4、5、6、7 和 10 号染色体上, 检测到 1 个锌含量 QTL, qZn7 其遗传正效应等位基因均来自登海 40 可解释的遗传变异为 38.77%; 控制铁位点的 QTL 检测到 1 个; 控制铜位点的 QTL 检测到 4 个, 贡献率为 13.15%~23.03%; 控制锰位点的 QTL 检测到 3 个, 其中 qMn1 其遗传正效应等位基因均来自登海 40 而 qMn4、qMn7 其遗传正效应等位基因来自 DH8 2 年间没有检测到相同的 QTL 位点。

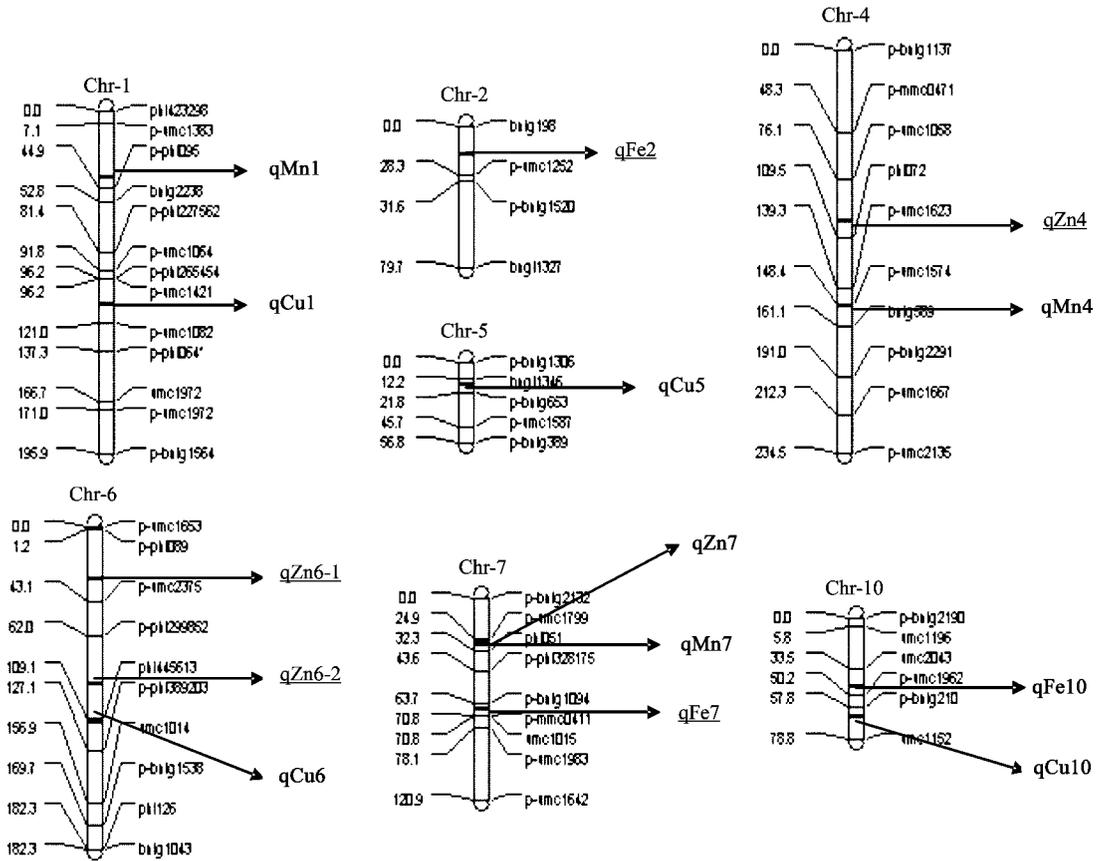


图 1 群体 A 2007和 2008年 Zn Fe Cu Mn含量 QTL定位连锁图

Fig 1 QTL linkage map to nutrition elements Zn Fe Cu Mn in 2007 and 2008 for A population

带下划线表示表示 2007年定位的位点; 粗体字表示 2008年定位的位点, 下同

Underline stand for QTL of 2007; Bold stand for QTL of 2008. The same as below

表 4 群体 A 子粒锌及铁铜锰含量的 QTL定位

Table 4 The QTL detected of Zn Fe Cu and Mn content for A population

年份 Year	性状 Trait	数量性状位点 QTL	标记区间 Marker interval	阈值 LOD	加性效应 Additive effect	贡献率 (%) R <sup>2</sup>
2007	Zn	qZn4	p-um c1058 ~ ph i072	4.70	3.35	43.33
		qZn6-1	pr phi089 ~ p-um c2375	5.23	3.2718	41.33
		qZn6-2	pr phi299852 ~ ph i445613	2.15	-1.5611	9.41
	Fe	qFe2	bn lg198 ~ pr um g1252	4.53	-5.2167	43.67
		qFe7	br bn lg1094 ~ p-mn g0411	4.62	-5.2061	43.49
		qCu6	um c1014			
2008	Zn	qZn7	p-um c1799 ~ ph i051	2.52	-1.5976	38.77
	Fe	qFe10	um c2043 ~ p-um c1962	2.25	2.8056	33.87
	Cu	qCu1	pr um c1421 ~ pr um c1082	3.61	0.7961	13.15
		qCu5	bn lg1346 ~ p-bn lg653	3.07	-0.824	14.08
		qCu6	ph i445613 ~ p-ph i389203	4.06	-0.8143	13.76
		qCu10	pr bn lg210 ~ um c1152	3.79	1.0536	23.03
	Mn	qMn1	pr um c1383 ~ p-ph i095	2.37	-1.1883	17.79
		qMn4	pr um c1574 ~ bn lg589	2.71	0.9434	11.21
		qMn7	p-um c1799 ~ ph i051	3.25	1.8466	42.96

2.3.2 群体 B子粒锌及铁铜锰含量的 QTL定位

2007年对群体 B的子粒中锌及铁铜锰含量进行 QTL定位(表 5), 获得 12个 QTL, 分别位于 1, 2, 3, 4, 6和 8号染色体上, 可解释的遗传变异范围为

10.09%~ 48.80%。其中检测到控制锌含量的位点 3个, 位于第 2, 3, 4染色体, 变异范围为 10.09%~ 48.80%, 其中 qZn2的遗传正效应等位基因来自沈 137, 贡献率为 20.99%; qZn3和 qZn4的遗传正效应

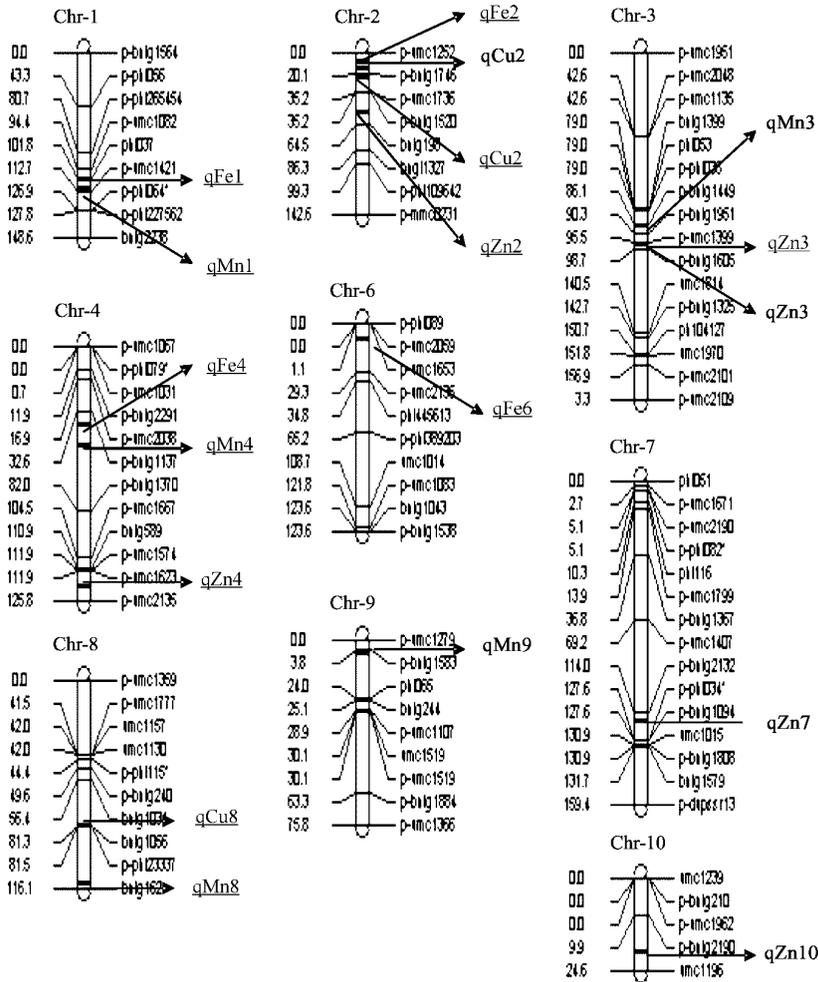


图 2 群体 B 2007 和 2008 年 Zn、Fe、Cu、Mn 含量 QTL 定位连锁图

Fig 2 QTL linkage map to nutrition elements Zn, Fe, Cu, Mn in 2007 and 2008 for B population

表 5 群体 B 子粒锌及铁铜锰含量的 QTL 定位

Table 5 The QTL detected of Zn, Fe, Cu and Mn content for B population

年份	性状	数量性状位点	标记区间	阈值	加性效应	贡献率 (%)
Year	Trait	QTL	Marker interval	LOD	Additive effect	R <sup>2</sup>
2007	Zn	qZn2	p-bnlg1520~ bnlg198	2.74	-2.7515	20.99
		qZn3	p-umc1399~ p-bnlg1605	2.03	1.9024	10.09
		qZn4	p-umc1623~ p-umc2135	6.56	4.1957	48.80
	Fe	qFe1	ph037~ p-umc1421	2.78	-2.6745	10.23
		qFe2	p-umc1252~ p-bnlg1746	2.76	-3.5046	17.57
		qFe4	p-bnlg1137~ p-bnlg1370	6.78	3.4800	17.33
	Cu	qCu2	p-umc1653~ p-umc2135	8.20	5.7123	46.69
		qCu8	bnlg1056~ p-ph233376	6.89	0.5246	46.01
	Mn	qMn1	ph037~ p-umc1421	2.21	1.2999	11.28
qMn4		p-bnlg1137~ p-bnlg1370	6.21	2.1094	29.70	
qMn8		p-ph233376~ bnlg162	5.25	-2.4806	41.07	
2008	Zn	qZn3	p-umc1399~ p-bnlg1605	2.70	1.4392	12.32
		qZn7	p-bnlg2132~ p-ph034	2.46	1.5905	15.05
		qZn10	p-bnlg2190~ umc1196	5.64	-2.4420	35.47
	Cu	qCu2	p-umc1252~ p-bnlg1746	7.89	0.8257	68.65
		qMn3	p-bnlg1449~ p-bnlg1951	4.68	1.1612	20.12
	Mn	qMn9	p-bnlg1583~ ph065	12.27	-2.0376	61.96

等位基因均来自 DH 86 检测到 4 个铁、2 个铜和 3 个锰 QTL 位点, 贡献率变化范围分别为 10.23%~46.69%、16.50%~46.01%、11.28%~41.07%; 对 2008 年子粒中锌及铁铜锰含量 QTL 定位, 共检测到 6 个 QTL 位点。检测到 3 个控制锌含量的位点, 可解释的遗传变异范围是 12.30%~35.47%。其中  $qZn10$  的遗传正效应等位基因来自沈 137,  $qZn3$  和  $qZn7$  的遗传正效应等位基因来自 DH 86。检测到控制铜位点 1 个位于第 2 染色体的  $p\text{-umc1252} \sim p\text{-bnlg1746}$  区段间。同时检测到 2 个锰含量位点, 可解释的遗传变异范围是 20.12%~61.96%。

2 年试验结果共定位到 18 个 QTL 位点, 分布于除第 5 染色体以外的其余 9 条染色体上, 贡献率范围为 10.09%~68.65%, 以  $qCu2$  的效应最大, 可解释性状变异的 68.65%。2 年间检测到相同的 QTL 2 个, 其中检测到控制锌含量的位点 1 个, 位于第 3 染色体的  $p\text{-umc1399} \sim p\text{-bnlg1605}$  区段间, 2007 年和 2008 年的贡献率分别为 10.09% 和 12.30%, 其遗传正效应等位基因均来自 DH 86 同时检测到相同的铜 QTL 位点位于第 2 染色体的  $bnlg1746$  区段, 2 年的贡献率分别为 16.50% 和 68.65%, 且这一位点 2 年的增效基因均来自 DH 86。

### 3 讨论

#### 3.1 玉米子粒锌铁铜锰含量 QTL 定位的可行性

近年来微量元素越来越得到研究人员的关注, 并开始对其进行基因定位, Avendano<sup>[14]</sup> 利用 M adhukar × R26 组合的 RILs 93 个家系, 构建了一张包含 31 个 SSR 标记的水稻遗传图谱, 将水稻高锌基因定位在第 5 染色体的 OSR35 与 RM 267 之间, 沈希宏等<sup>[15]</sup> 检验到种植在杭州和富阳两地超级杂交稻协优 9308 重组自交系 (RIL) 177 个株系子粒中 Cd、Cu、Fe、Mn 和 Zn 12 个 QTL, 分布在水稻第 1、3、4、5、7、8 和 11 染色体上, 单个 QTL 对群体性状表型变异的贡献率为 4.23%~14.84%, 控制微量元素含量 QTL 的一个可能聚集区间在第 7 染色体着丝粒附近 RM 2~RM 320 之间。本文利用 A、B 两个玉米 DH 群体 2 年试验数据均检测到控制子粒锌铁铜锰含量的 QTL 位点。说明对玉米子粒锌铁铜锰含量进行 QTL 定位是可行的。群体 A 将控制锌含量的位点定位于 4 和 7 号染色体, 将控制铁含量的位点定位于 2 和 10 号染色体; 群体 B 将控制锌含量的位点定位于 2、3、4 和 7 号染色体, 控制铁含量的位点定位于 1、2、4 和 6 号染色体。

从前人研究结果中发现, 构建的定位群体两亲本相对性状应尽可能是极端的, 这样该性状的分离世代就能提供最丰富的标记和性状连锁, 提高检测效率<sup>[13]</sup>。本文由于未发现子粒锌铁铜锰同时表现差异极端的材料, 所以在选择构建供试群体亲本时主要是基于子粒在锌含量上有显著差异, 对铁铜锰含量未加考虑, 致使群体 A 双亲子粒在铁和铜含量, 群体 B 双亲在铁、铜和锰含量均表现差异不显著。但对其所构建的群体不同个体子粒中铁铜锰含量分析发现, 群体内这些相对性状间均表现出双向超亲分离, 且变异范围均超过  $\pm 3s$ 。这一结果说明构建群体的双亲值接近并不等于后代个体该性状值变异的范围狭窄。孙勇等<sup>[16]</sup> 认为与营养元素有关的数量位点来自不同的亲本, 但由于各种原因, 可能导致亲本本身在营养元素含量上并没有表现出高含量值, 这些基因可能以“隐蔽”的形式存在, 没有表达。因此, 对于这些受环境影响较大的性状, 虽然亲本性差异较小, 若所构建的群体个体间差异较大 (在  $\bar{x} \pm 3\sigma$  范围之外) 的话, 定位结果应该具有一定参考价值。

#### 3.2 玉米子粒锌铁铜锰含量 QTL 定位的稳定性

数量性状由于受多基因作用, 易受环境影响, 表现为连续变异, 同一性状除了在不同的定位群体中表现不一致外, 同一群体在不同的种植环境、不同的年份间检测结果也会有所不同<sup>[15, 17]</sup>。本文发现不仅仅是遗传背景不同的群体其子粒中锌、铁等的含量差异很大, 即使是同一群体在不同年份间这些性状也相差很大。这就是说, 若要对锌及铁铜锰含量这些性状进行 QTL 定位, 其定位结果除了受不同的定位群体中表现不一致影响外, 也要受到不同的种植环境、不同年份的影响。致使同一性状在不同群体间、不同年份间定位结果不一致。但是, 本文也发现同一群体 2 年中这些养分含量的 QTL 可以定位到同一位点, 这一结果与沈希宏等<sup>[15]</sup> 在杭州和富阳同时检测到控制水稻子粒 Cu 和 Mn 含量各一个位点的结果类似, 说明 QTL 定位结果具有一定的稳定性。

#### 3.3 玉米子粒锌铁铜锰含量 QTL 定位的重现性

由于存在基因型 × 环境互作, 相同性状在不同环境条件下表型值不同, 因此 QTL 定位结果可能不尽相同。王贤智等<sup>[18]</sup> 在定位大豆荚粒性状时 2 年仅找到 2 个重复出现、稳定的四粒荚 QTL 和 2 个每荚粒数 QTL。许凌等<sup>[19]</sup> 在对不同年份水稻产量性状进行 QTL 定位时 2 年检测到 5 个相同的 QTL。本文虽然用两年数据定位了很多 QTL 位点, 但稳定

重复出现的只有 2 个 QTL 位点, 其中群体 A 2007 年在第 2 7 染色体检测到 2 个控制铁含量的 QTL 位点 (qFe2 qFe7) 贡献率分别为 43.67% 和 43.49%。但这一位点在 2008 年没有检测到。群体 B 在 2007 年检测到第 4 染色体上有 1 个控制锌含量的 QTL 位点, 其贡献率达到 48.80%; 同样在 2008 年没有检测到相同位点。位点重现性低可能是由于本试验 2 年均均在田间进行, 试验结果受各种因素的影响大, 增加了试验误差, 导致效应小的 QTL 难以得到检测, 并使检测到的 QTL 效应估算值偏低。这也从另一个方面说明, 对子粒锌铁铜锰含量等数量性状进行 QTL 定位, 有必要选用多年多点有重复的田间试验结果, 以便提高这些性状 QTL 定位的准确性。

### 3.4 玉米子粒锌铁铜锰含量 QTL 定位的准确性

对于一个数量性状通过定位能检测出几个 QTL, 与所设定的 LOD 值、检验群体容量、标记间平均的遗传距离和贡献率值有关。LOD 值大, 一些效应小的 QTL 检测不到。通常将临界 LOD 值设定在 2~3 之间<sup>[13]</sup>。QTL 检测是逐个分辨的, 任何两个或几个 QTL 之间的交互作用, 都可以检验其显著性。一些分析结果显示, QTL 的高级互作是不显著, 即使是一级互作 (即两个 QTL 间) 大多也不显著, 所以在多数数量性状中一个主效 QTL 能单独说明表型总变异的 10%~50%, 其余 QTL 效应则较小<sup>[20]</sup>。但也有例外, Illinois 玉米蛋白含量选择试验, 6 个显著的标记座位说明了蛋白质含量变异的 63%, 加入 5 个显著的一级互作后, 被说明的蛋白质含量变异增值 84%, 表明 QTL 间互作有重要的作用<sup>[20]</sup>。这些研究结果不难解释为什么本文对锌铁铜锰含量 QTL 位点贡献率变化在 9.41%~68.69% 之间。因此, 对玉米子粒锌铁铜锰含量 QTL 更精细的检测, 需要有高分辨率遗传图谱 (标记平均距离 < 5cM)、更大的分离群体 (n > 1000) 和更加灵敏的统计分析方法。

### 参考文献

- [1] Yang X, E Chen W R, Feng Y. Improving human micronutrient nutrition through biofortification in the soil plant system: China as a case study [J]. *Environ Health*, 2007, 29: 413-428
- [2] 岳向峰, 张健, 黄承钰. 生物强化谷物铁营养状况评价及品种筛选 [J]. *现代预防医学*, 2008, 35(5): 862-865
- [3] Domagoj Šinica, Rezica Sudara. Genetic variation of bioavailable iron and zinc in grain of a maize population [J]. *Journal of Cereal Science*, 2009, 50(3): 392-397
- [4] R. D. Graham. Biofortification: A Global Challenge Program [R/LD] 2003 <http://www.irrigator.org/publications/im/pdfs/vol28no1/RRN28-Imnil.pdf>
- [5] Cakmak I. Enrichment of cereal grains with zinc: Agronomic or genetic biofortification? [J]. *Plant Soil*, 2008, 302: 1-17
- [6] Wolfgang H. Pfeiffer, Bonnie McClafferty. HarvestPlus: breeding crops for better nutrition [Z]. Washington, Published in Crop Sci, 2007
- [7] Vasconcelos M, Datta K, Oliva N, et al. Enhanced iron and zinc accumulation in transgenic rice with the ferritin gene [J]. *Plant Science*, 2003, 164: 371-378
- [8] Deniau A X, Pieper B, Ten Bookum W M, et al. QTL analysis of cadmium and zinc accumulation in the heavy metal hyperaccumulator *Thlaspi caerulescens* [J]. *Theor Appl Genet*, 2006, 113: 907-920
- [9] 赵永亮. 小麦微营养素相关基因的 QTLs 作图和克隆 [D]. 北京: 中国农业科学院, 2005
- [10] 孙明茂, 洪夏铁, 李圭星, 等. 水稻籽粒微量元素含量的遗传研究进展 [J]. *中国农业科学*, 2006, 39(10): 1947-1955
- [11] 高小宽, 黄亚群, 陈景堂. 玉米自交系子粒中锌和铁含量的配合力分析 [J]. *植物遗传资源学报*, 2008, 9(1): 36-40
- [12] 李永明, 赵玉琪. 实用分子生物学方法手册 [M]. 北京: 科学出版社, 1999
- [13] 孔繁玲. 植物数量遗传学 [M]. 北京: 中国农业大学出版社, 2006
- [14] Avendano B S. Tagging high zinc content in the grain, and zinc deficiency tolerance genes in rice (*Oryza sativa L.*) using simple sequence repeats (SSR) [J]. M.S. thesis College Laguna (Philippines), 2000: 1-77
- [15] 沈希宏, 曹立勇, 邵国胜, 等. 水稻籽粒中 5 种微量元素含量的 QTL 定位 [J]. *分子植物育种*, 2008, 6(6): 1061-1067
- [16] 孙勇, 藏金萍, 王韵, 等. 利用回交导入系群体发掘水稻种质资源中的有利耐盐 QTL [J]. *作物学报*, 2007, 33(10): 1611-1617
- [17] 郭龙彪, 罗利军, 邢永忠, 等. 水稻重要农艺性状的两年 QTL 剖析 [J]. *中国水稻科学*, 2003, 17(3): 211-218
- [18] 王贤智, 张晓娟, 周蓉, 等. 大豆重组自交系群体荚粒性状的 QTL 分析 [J]. *作物学报*, 2007, 33(3): 441-448
- [19] 许凌, 张亚东, 朱镇, 等. 不同年份水稻产量性状的 QTL 分析 [J]. *中国水稻科学*, 2008, 22(4): 370-376
- [20] 莫惠栋. 数量遗传学的新发展—数量性状基因图谱的构建和应用 [J]. *中国农业科学*, 1996, 29(2): 8-16

(上接第 592 页)

- [11] Doyle J J, Doyle J L. Isolation of plant DNA from fresh tissue [J]. *Focus*, 1990, 12: 13-15
- [12] Jiang J M, Gill B S, Wang G L, et al. Metaphase and interphase fluorescence *in situ* hybridization mapping of the rice genome with bacterial artificial chromosome [J]. *The Proceedings of the National Academy of Science of USA*, 1995, 92: 4487-4491
- [13] Wei W H, Qin R, Song Y C, et al. Comparative analyses to diseases resistant and nonresistant lines from maize  $\times$  Zea diploperum by GISH [J]. *Botanical Bulletin of Academia Sinica*, 2001, 42: 109-114
- [14] 蓝伟侦, 覃瑞, 李刚, 等. 利用 C 基因组  $C_0t1$  DNA 对稻属 A、B、C 和 D 基因组的比较分析 [J]. *科学通报*, 2006, 51(12): 1422-1431
- [15] 董正伟, 柳哲胜, 王德彬, 等. 利用栽培稻  $C_0t1$  DNA 和基因组 DNA 比较分析斑点野水稻和短药野水稻基因组 [J]. *植物遗传资源学报*, 2007, 8(3): 343-346
- [16] 庄南生, 郑成木. 植物特异性 DNA 探针的制备与应用研究进展 [J]. *遗传*, 2002, 24(4): 507-514
- [17] 王太霞, 吴春红, 魏文辉, 等. 甘蓝 rDNA 及  $C_0t1$  DNA 荧光原位杂交及其核型分析 [J]. *武汉大学学报*, 2006, 52: 230-234