

# 水稻子粒硒含量的遗传及 QTL 检测

张现伟<sup>2,3</sup>, 杨 莉<sup>1</sup>, 张 涛<sup>1</sup>, 郑家奎<sup>1,2</sup>, 金 良<sup>2</sup>, 郑建敏<sup>2</sup>, 文春阳<sup>2</sup>, 杨乾华<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> 四川省农业科学院水稻高粱研究所, 德阳 618000; <sup>2</sup> 重庆大学生物工程学院, 重庆 400044;

<sup>3</sup> 重庆市农业科学院水稻研究所, 重庆 402160)

**摘要:** 富硒功能水稻具有富硒、优质、保健、防病、安全等特点, 已成为当前研究的热点。子粒硒含量的 QTL 定位对研究富硒功能水稻的遗传育种具有重要的意义。以籼稻亲本奉新红米和明恢 100 杂交的 F<sub>2</sub> 群体构建遗传连锁图谱, 图谱拟合 92 个 SSR 标记位点, 覆盖水稻基因组 2187.5cM, 标记间平均遗传距离为 23.7cM, 占水稻全基因组的 49.2%。采用复合区间作图法, 对水稻子粒硒含量进行 QTL 分析, 在第 5 染色体上共检测到 2 个新的水稻子粒硒的 QTL, 对表型变异的贡献率分别为 6.39%、8.01%。

**关键词:** 水稻; 硒含量; QTL; SSR 标记

## Inheritance of Selenium Contents and QTL Detection in Rice Grains

ZHANG Xian-wei<sup>2,3</sup>, YANG Li<sup>1</sup>, ZHANG Tao<sup>1</sup>, ZHENG Jia-kui<sup>1,2</sup>,  
JIN Liang<sup>2</sup>, ZHENG Jian-min<sup>2</sup>, WEN Chun-yang<sup>2</sup>, YANG Qian-hua<sup>1</sup>

(<sup>1</sup> Rice and Sorghum Research Institute, Sichuan Academy of Agricultural Sciences, Deyang 618000;

<sup>2</sup> College of Bioengineering, Chongqing University, Chongqing 400044; <sup>3</sup> Rice Research  
Institute, Chongqing Academy of Agricultural Sciences, Chongqing 402160)

**Abstract:** Enriched-selenium rice that is characterized with high content of selenium, high quality, health care, disease prevention, security and so on, has become one hot issue in scientific research. QTL location for selenium contents in rice grains is of great significance to the study of selenium-rich rice genetics and breeding in selenium breeding program. The genetic linkage map including 92 SSR markers was constructed with a F<sub>2</sub> population consists of 145 lines from a cross of *Oryza sativa indica* Fengxinhongmi and Minghui 100, and the quantitative traits loci (QTL) analysis on selenium content in rice grains was done by using composite interval graphic method. By composite interval mapping method of software windows QTL Cartographer 2.5, it was determined that two selenium content QTLs *qSe-1* and *qSe-2* located in the fifth chromosome, the contribution rate was 6.39% and 8.01% respectively.

**Key words:** Rice; Selenium content; QTL; SSR marker

硒是人类必需的微量营养元素, 是体内各种活性酶的重要组成成分, 参与机体正常的免疫功能<sup>[1]</sup>, 被科学家称之为人体微量元素中的“抗癌之王”, 对防治疾病、增进健康和防止衰老具有重要意义, 被誉为“生命的奇效元素”。目前世界范围内普遍存在着饮食中硒等微量元素摄入量不足的问题。

硒摄入量的不足, 对人体健康将造成潜在威胁。水稻是世界最主要的粮食作物之一, 其含硒量高低与人体硒营养状况密切相关。前人研究表明, 稻米中富集有生理效应的功能性因子硒, 而广大的水稻产区多属于缺硒或低硒地区, 因而开展富硒水稻的应用研究对人体健康具有重要的现实意义。富硒稻米

收稿日期: 2009-02-26

修回日期: 2009-05-03

基金项目: 四川省“十一五”攻关项目 (YZGC2006-1); 四川省财政专项育种工程 (2007YZGC11-31); 四川省农科院青年基金项目 (2007QNJJ/018); 重庆市科技厅水稻玉米重大项目 (17373/17404/17452)

作者简介: 张现伟, 硕士, 研究方向为水稻遗传育种, E-mail: yety2006@126.com; 杨莉, 硕士, E-mail: yangli732@126.com

通讯作者: 郑家奎, 研究员。E-mail: Zhen6102@126.com

因其具有富硒、优质、保健、防病、安全等特点,已成为当前研究的热点<sup>[2-3]</sup>。

在水稻硒的研究上,目前多数学者的研究主要集中在硒对水稻的营养,如喷施硒肥对水稻生长发育、产量和品质等影响,土壤含硒量与水稻含硒量的关系以及硒在水稻各个部位的分布多少等<sup>[4-8]</sup>,对其遗传机制和 QTL 定位却报道较少。前人研究表明,不同水稻品种间水稻子粒中的硒含量差异呈极显著<sup>[9-11]</sup>,这为构建作图群体进行 QTL 定位分析及进行高硒含量种质资源的筛选提供了可行性。在 QTL 检测上,孙明茂等<sup>[12]</sup>利用  $F_2$  作图群体已检测到 7 个与水稻子粒盛极一时硒含量相关的 QTL,分布于第 1、2、7、10 染色体上,共同解释的硒含量变异为 43.27%。在高硒种质的筛选上,韩龙植等<sup>[13]</sup>将系谱选择和花药培养相结合,创造出一系列富硒水稻新种质,如香软米 1578、红米 1201、红糯米 1572 和小粒米 1251 等。测验结果表明,其硒含量范围为 59.7 ~ 85.4  $\mu\text{g}/\text{kg}$ ,明显高于普通水稻硒含量,可作为富硒种质在水稻育种中加以利用。

水稻子粒硒元素对改善稻米品质,提高蛋白质相对含量具有一定的作用。本研究通过杂交后代的  $F_2$  群体进行子粒硒含量的遗传及 QTL 定位分析,旨在为水稻硒含量的分子标记辅助选择育种提供依据。

## 1 材料与方法

### 1.1 试验材料

试验以综合性状优良、蛋白质含量高、口感好、硒含量较低的红米型优质籼稻品种奉新红米和高产、抗病、恢复力强、配合力好、硒含量较高的明恢 100 作为杂交亲本,于 2006 年配制杂交组合奉新红米  $\times$  明恢 100,2006–2007 年经加代繁殖,以 2007 年  $F_2$  随机选取的 145 个单株作为作图群体,在分蘖期每个单株取 2~3 片叶,暂放在  $-80^\circ\text{C}$  超低温冰箱。

田间试验在四川省农科院水稻高粱研究所德阳试验基地进行。插秧规格 26.6cm  $\times$  20.8cm,单本插秧,每行移栽 20 穴。N、 $\text{P}_2\text{O}_5$ 、 $\text{K}_2\text{O}$  分别施用 180、120 和 120  $\text{kg}/\text{hm}^2$ 。田间管理等遵循德阳试验基地基本栽培管理方法。

### 1.2 水稻子粒硒含量的检测

将从  $F_2$  单株上收获的种子自然风干,放在常温下保存 3 个月后,委托四川省农业科学院分析测试中心(成都)测定糙米中硒元素的含量。采用火焰原子吸收光谱法测定米粉中的硒微量元素,火焰原

子吸收光谱法是基于气态原子外层的电子对共振线的吸收,利用火焰的热能使样品转化为气态基态原子,气态的基态原子数与物质的含量成正比,故可用于进行定量分析。

### 1.3 水稻基因组 DNA 的提取及 SSR 分析

利用 SDS 法<sup>[14-15]</sup>提取并纯化基因组 DNA,用紫外分光光度计检测浓度。扩增体系 25  $\mu\text{l}$ ,包括 2.0  $\mu\text{l}$  模板 DNA (20  $\text{ng}/\mu\text{l}$ ), 0.125  $\mu\text{l}$  *Taq* 酶 (2U/ $\mu\text{l}$ ), 2.0  $\mu\text{l}$  primer (2  $\mu\text{mol}/\text{L}$ ), 0.5  $\mu\text{l}$  dNTPs (10  $\mu\text{mol}/\text{L}$ ), 2.5  $\mu\text{l}$  10  $\times$  buffer (含  $\text{Mg}^{2+}$ ), 17.875  $\mu\text{l}$  ddH<sub>2</sub>O。本研究所选用的引物是分布于水稻 12 条染色体上编号为 RM#系列的 SSR 引物,共 577 对,引物序列由上海英俊生物技术有限公司合成。扩增程序为 94 $^\circ\text{C}$  预变性 4min; 94 $^\circ\text{C}$  45s, 55 $^\circ\text{C}$  45s, 72 $^\circ\text{C}$  45s, 34 个循环;最后 72 $^\circ\text{C}$  延伸 10min。对 PCR 产物进行 3% 琼脂糖凝胶电泳,溴化乙锭 (EB) 染色。

### 1.4 连锁图谱构建和 QTL 定位

根据 SSR 扩增结果,将与奉新红米相同的带型记为 A,与明恢 100 相同的带型记为 B,杂合带型记为 H,缺失或模糊带型记为 -。采用 Mapmaker/EXP (Version 3.0) 数据分析软件构建连锁群。利用 WinQTLCart (Version 2.0) 分析软件,采用复合区间作图法进行 QTL 分析,以 2cM 为步进区间,以 LOD 值 2.0 为阈值,并进行 1000 次置换检测,显著水平 0.01。计算各 QTL 的加性效应和贡献率。QTL 作用方式按 Stuber 等<sup>[16]</sup>的标准判定, D/A 绝对值小于 0.20 时为加性效应, 0.21 ~ 0.80 为部分显性效应, 0.81 ~ 1.20 为显性效应,大于 1.20 为超显性效应。

## 2 结果与分析

### 2.1 亲本及 $F_2$ 群体硒含量的表现

两亲本在硒含量上存在差异性。检测结果显示,亲本奉新红米、明恢 100 的硒含量分别为 25  $\mu\text{g}/\text{kg}$ 、39  $\mu\text{g}/\text{kg}$ ,差异达到显著水平。对  $F_2$  群体硒含量进行正态分布检测,并对其进行峰度、偏度、标准差等基本统计量的计算(表 1, 图 1)。子粒硒含量在  $F_2$  群体中基本上呈现向高含量的偏态分布,并出现 2 峰,多数株系的硒含量并不在两个亲本之间,而在高亲之外,有明显的超高亲的分离现象。表明水稻子粒硒含量为多基因控制的数量性状,适合进行 QTL 定位分析<sup>[17-19]</sup>。

表 1 F<sub>2</sub>群体硒含量性状表现及正态性检验

Table 1 Selenium content traits of F<sub>2</sub> population and test of normality

| 性状<br>Trait | 亲本 (μg/kg) Parent |                 | F <sub>2</sub> 群体 F <sub>2</sub> population |                |                |                |                     |
|-------------|-------------------|-----------------|---|----------------|----------------|----------------|---------------------|
|             | 奉新红米<br>FXHM      | 明恢 100<br>MH100 | 平均值 ± 标准差<br>$\bar{x} \pm s$                | 偏度<br>Skewness | 峰度<br>Kurtosis | 变异系数 (%)<br>CV | 范围 (μg/kg)<br>Range |
| 硒含量         | 25.0              | 39.0            | 61.021 ± 1.453                              | -0.064         | -1.248         | 0.287          | 26.0 ~ 93.0         |

FXHM;Fengxinhongmi;MH100;Minghui 100. The same as below

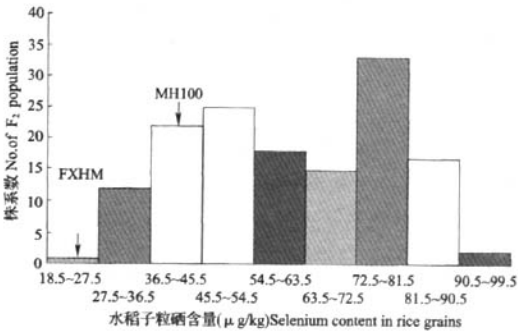


图 1 F<sub>2</sub>群体籽粒硒含量的分布

Fig. 1 Distribution of Selenium content in the F<sub>2</sub> population

2.2 引物多态性分析

本研究从 577 对 SSR 引物中选用了 92 对在两亲本间具有多态性且扩增效果较好的引物进行组合奉新红米 × 明恢 100 F<sub>2</sub>分离群体遗传连锁图谱的构建。所选用的 92 个 SSR 标记,全部为共显性标记。对这 92 个标记进行琼脂糖凝胶电泳分析,采用“1、

2 和 3”统计方法对位点进行统计,然后对所统计的位点进行卡方测验。结果表明,在所选用的 92 个标记中,有 10 个 SSR 标记在 0.05 水平表现为基因频率的偏分离,有 10 个 SSR 标记在 0.01 水平表现为基因频率的偏分离,其余的 72 个 SSR 标记的卡方值未达到显著水平,其等位基因频率的分离符合 1:2:1 比例,占所用标记数的 78.26%;在基因型分离中,有 10 个 SSR 标记在 0.05 水平表现为基因型偏分离,占标记总数的 10.87%;0.01 水平表现基因型偏分离的标记有 19 个,占标记总数的 20.65%;符合 1:2:1 分离比例的标记有 63 个,占所用标记总数的 68.48%。

2.3 遗传连锁图谱的构建

利用筛选出的 118 个多态性分子标记进行图谱构建,其中 92 个标记可组成 21 个连锁群 (LG),剩下的 26 个标记间无连锁关系,从而构建了由 21 个连锁群组成的水稻硒分子标记遗传连锁图 (图 2)。参照这些连锁群上的标记在水稻物理图谱上的染色体位置进行整合,根据连锁群所在的染色体

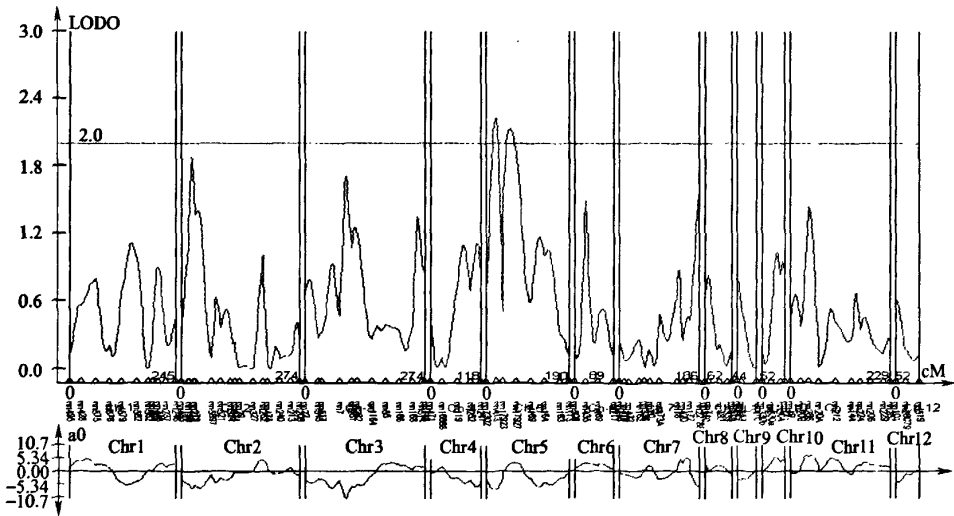


图 2 F<sub>2</sub>群体籽粒硒含量的分子标记在 12 条染色体上 LOD 曲线图

Fig. 2 LOD plots on 12 chromosomes for molecular markers of selenium contents in F<sub>2</sub> populations grains

Chr1 ~ Chr12 为 12 条染色体编号

表 2 水稻子粒硒含量的 QTL 及其遗传效应

Table 2 Summary of QTLs detection and genetic effects on selenium contents in rice seed

| 染色体<br>Chromosome | 数量性<br>状位点<br>QTL | 区间<br>Interval    | 位置(cM)<br>Site | 阈值<br>LOD | 贡献率(%)<br>Variation | 遗传效应<br>Gene effects |         | 等位基因来源<br>Resource of allele | 基因作用方式<br>Gene action |
|-------------------|-------------------|-------------------|----------------|-----------|---------------------|----------------------|---------|------------------------------|-----------------------|
|                   |                   |                   |                |           |                     | 加性<br>A              | 显性<br>D |                              |                       |
| 5                 | <i>qSe5-1</i>     | RM7302 ~ RM413    | 22.0           | 2.23      | 6.39                | -0.40                | 0.63    | MH100                        | OD                    |
| 5                 | <i>qSe5-2</i>     | RM17923 ~ RM17927 | 54.8           | 2.14      | 8.01                | 0.65                 | 0.69    | FXHM                         | D                     |

A;加性效应 Additive;D;显性效应 Dominance;PD;部分显性 Partional dominance;OD 超显性 Over dominance;D/A <0.20

顺序进行命名。构建的遗传连锁图谱包括 92 个标记、21 个连锁群。连锁群最长的 364.3cM,最短的 44.2cM,总长 2187.5cM,标记间平均距离 23.7cM,覆盖水稻基因组的 49.2%。基本满足 QTL 定位的要求,并且本研究中所作出的遗传图谱与已发表的图谱<sup>[12]</sup>具有较好的一致性。由于本研究中所用的作图群体为籼稻杂交组合,筛选出的多态性标记少,加之微卫星标记本身的特点,在本试验中还有 26 个 SSR 标记未能定位到相应的连锁群上。连锁图谱中的偏分离位点主要集中于第 2、3 和 5 染色体。

2.4 水稻硒含量的 QTLs 区间作图分析

以本研究构建的分子遗传图谱为基础(图 2),利用全 QTL 分析模型<sup>[20]</sup>及 Windows QTL Cartographer(2.5)软件采用复合区间作图法,对水稻子粒硒含量进行 QTL 分析。共检测到 2 个与水稻硒含量相关的 QTL。参照 McCouch<sup>[14]</sup>水稻 QTL 命名方法,命名为 *qSe5-1*、*qSe5-2*(图 3、4),位于第 5 染色体上。*qSe5-1* 位于标记 Rm7302 与 Rm413 之间,邻近连锁标记为 Rm413;*qSe5-2* 位于标记 Rm17923 与 Rm17927 之间,邻近连锁标记为 Rm17927。2 个 QTL 与邻近连锁标记的距离分别为 0.7cM、13.4cM。其中,*qSe5-2* 的效应较大,贡献率为 8.01%,其 LOD 值为 2.14,加性效应为 0.65,显性效应为 0.69,基因作用方式主要为显性,其增效基因来自母本奉新红米的等位基因解释的变异;*qSe5-1* 效应相对较小,贡献率为 6.39%,其 LOD 值为 2.23,加性效应为 -0.40,显性效应为 0.63,基因作用方式主要为超显性,其增效等位基因来自父本明恢 100 的等位基因解释的变异(表 2)。

3 讨论

在水稻子粒硒含量基因型差异上,蒋彬<sup>[21]</sup>、江川等<sup>[10]</sup>的研究表明水稻中子粒的硒含量因品种类型而异,差异很大,精米硒含量一般为 1.15 ~

43.84μg/kg 之间。本研究构建的 F<sub>2</sub> 群体,经检测群体糙米硒含量主要在 26.0 ~ 93.0μg/kg 范围内,群体硒含量数据变异幅度差异显著。在稻米硒含量的基因型差异上与蒋彬、江川等的研究结果是一致的。本研究所选用亲本奉新红米和明恢 100 在子粒硒含量上差异显著,但与前人研究相比,所选用两个亲本的硒含量都不高,尤其是高硒亲本子粒硒含量不够高,可能与环境条件有关。在 F<sub>2</sub> 群体子粒硒含量分布上,呈现向高含量的偏态分布,多数株系硒含量并不在两个亲本之间,而是高于硒含量较高的亲本,有明显的超高亲的分离现象。这可能与两亲本子粒硒含量的差异性,尤其是高硒亲本硒含量不够高有关。此外,本研究所选用的亲本材料为籼稻,作图群体为籼稻杂交组合,筛选出的多态性标记少,加之微卫星标记本身的特点,在本试验中还有 26 个 SSR 标记未能定位到相应的连锁群上,因而所构建的遗传连锁图谱饱和度较低。

在 QTL 检测上,本研究的试验结果与前人的研究结果存在的一定差异性。孙明茂<sup>[12]</sup>共检测到 7 个与硒含量相关的 QTL(*qSe1-1*、*qSe1-2*、*qSe2*、*qSe7-1*、*qSe7-2*、*qSe7-3*、*qSe10*),分布于第 1、2、7、10 染色体上,与本研究结果差异较大。这可能与研究所选用的两亲本间硒含量的差异大小、所选用作图群体类型及构建作图群体大小、所构建的分子标记遗传连锁图饱和度等有关。此外,所选取的 LOD 值大小对检测出的 QTL 数目也有较大影响。与孙明茂研究相比,本研究所选用同为 F<sub>2</sub> 作图群体及 SSR 标记分析,且两研究都存在群体不够大、标记不够多的特点。所构建的遗传连锁图谱尽管能基本满足 QTL 定位要求,但都存在着图谱饱和度不够高的缺点。在 LOD 值选取上,孙明茂所用 LOD 为 1.5,较小;本研究选用 LOD 值为 2.0,所检测出的 QTL 可靠性较强。

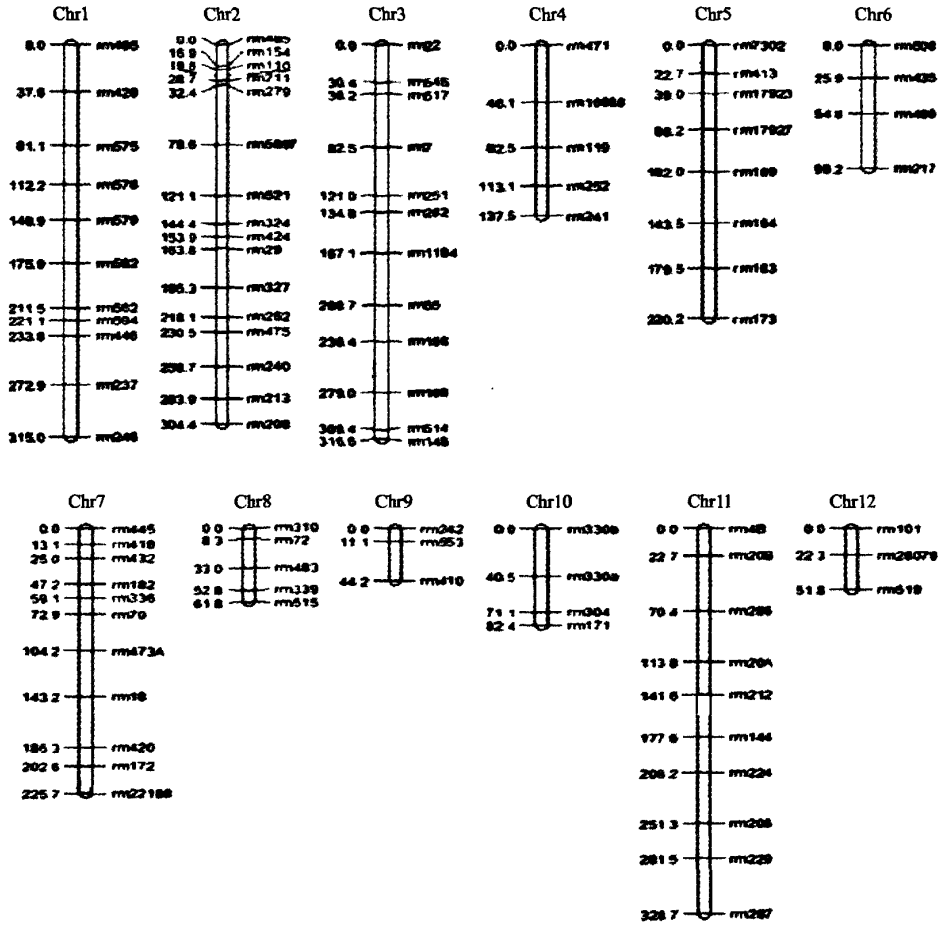


图 3 遗传连锁图谱

Fig. 3 The genetic linkage map of SSR

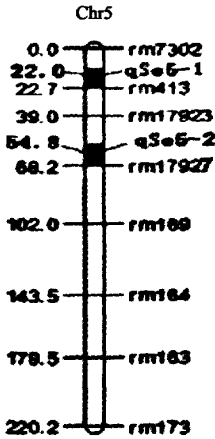
稻米硒含量作图群体的大小,主要受子粒硒含量检测方法的制约。目前水稻子粒中硒等微量元素含量的测定上存在检测设备昂贵、技术要求高、工作量大和成本高等问题,研究中所选用作图群体一般也较小,因而检测出的子粒硒含量的 QTL 也较少,在分子标记辅助育种中的应用也受到了制约。能否找到一些更简便高效的硒含量测定方法,既降低测量成本和劳动量又能更进一步提高测量的精确值,或找到与水稻子粒硒含量高度相关的标记性状,通过简便测量连锁的标记性状进而计算出硒含量,还有待进一步研究。

参考文献

[1] Rahul S, Geeta J. Selenium and its role in health and disease[J]. Kuwait Medical Journal, 2007, 39 (1): 10-18  
[2] 张现伟, 郑家奎, 张涛, 等. 富硒水稻的研究意义及其进展[J]. 杂交水稻, 2009, 24 (2): 5-9

图 4 F<sub>2</sub> 群体子粒硒含量 QTL 的区间分布

Fig. 4 QTL mapping of selenium content in rice grains



- [3] 胡培松. 功能性稻米研究与开发[J]. 中国稻米, 2003(5): 3-5
- [4] 石贵玉, 陈明媚, 铭. 硒对水稻幼苗生长和生理的影响[J]. 广西植物, 2005, 25(3): 281-284
- [5] 周鑫斌, 施卫明, 杨林章. 叶面喷硒对水稻籽粒硒富集及分布的影响[J]. 土壤学报, 2007, 44(1): 73-78
- [6] 纪国成, 李秀琪, 黄洪明. 富硒增产剂在水稻上应用效果研究初报[J]. 中国稻米, 2003(6): 31-31
- [7] Zhao C Y, Ren J H, Xue C Z, et al. Study on the relationship between soil selenium and plant selenium uptake[J]. Plant and Soil, 2005, 277: 197-206
- [8] Liu Q, Wang D J, Jiang X J, et al. Effects of the interactions between selenium and phosphorus on the growth and selenium accumulation in rice (*Oryza sativa*) [J]. Environmental Geochemistry and Health, 2004, 26: 325-330
- [9] Zhang L H, Shi W M, Wang X C. Difference in selenite absorption between high-and low-selenium rice cultivars and its mechanism [J]. Plant and Soil, 2006, 282: 183-193
- [10] 江川, 王金英, 李清华, 等. 早晚季水稻精米和米皮硒含量的基因型差异研究[J]. 植物遗传资源学报, 2005, 6(4): 448-452
- [11] 孙明茂, 杨昌仁, 李点浩, 等. 梗稻“龙锦1号/香软米1578”F3家系群糙米矿质元素含量变异及相关性分析[J]. 中国水稻科学, 2008, 22(3): 290-296
- [12] 孙明茂. 水稻籽粒铁、硒、锌、铜等矿质元素和花色苷含量的遗传及 QTL 分析[D]. 泰安: 山东农业大学, 2006
- [13] 韩龙植, 南钟浩, 全东兴, 等. 特种稻种质创新与营养特性评价[J]. 植物遗传资源学报, 2003, 4(3): 207-213
- [14] McCouch S R, Teytelman L, Xu Y B. Development and mapping of 2240 new SSR markers for rice (*Oryza sativa* L.) [J]. DNA Research, 2002, 9: 199-207
- [15] 张涛. 水稻糙米蛋白质含量的 QTL 定位及香稻的资源研究[D]. 成都: 四川农业大学, 2007
- [16] Strber C W, Lincoln S E, Wolff D W, et al. Identification of genetic factors contributing to heterosis in a hybrid from two elite maize inbred lines using molecular markers[J]. Genetics, 1992, 132: 823-839
- [17] Cao G, Zhu J, He C, et al. Impact of epistasis and QTL  $\times$  environment interaction on the developmental behavior of plant height in rice (*Oryza sativa* L.) [J]. Theor Appl Genet, 2001, 103: 153-160
- [18] 肖炳光, 卢秀萍, 焦芳婵, 等. 烤烟几种化学成分 QTL 初步分析[J]. 作物学报, 2008, 34(10): 1762-1769
- [19] 张坤普, 赵亮, 海燕, 等. 小麦白粉病成株抗性和抗倒伏性及穗下节长度的 QTL 定位[J]. 作物学报, 2008, 34(8): 1350-1357
- [20] Yang J, Zhu J, Williams R W. Mapping the genetic architecture of complex traits in experimental populations [J]. Bioinformatics, 2007, 23: 1527-1536
- [21] 蒋彬. 水稻富硒基因型品种选选[J]. 陕西师范大学学报(自然科学版), 2002, 30(增刊): 152-156

(上接第 444 页)

- [12] Payne P I, Lawrence G J. Catalogue of alleles for the complex gene loci, *Glu-A1*, *Glu-B1* and *Glu-D1* which code for high-molecular weight subunits of gluten in hexaploid wheat [J]. Cereal Res Commun, 1983, 11: 29-35
- [13] 宋建民, 吴祥云, 刘广田, 等. 小麦品质的麦谷蛋白亚基评定标准研究[J]. 作物学报, 2003, 29(6): 829-834
- [14] Payne P I, Holt L M, Johnson R, et al. Linkage mapping of four gene loci, *Glu-B1*, *Gli-B1*, *Rgl* and *Yr10* on chromosome 1B of bread wheat[J]. Genet Agraria, 1986, 40: 231-242
- [15] Uauy C, Brevis J C, Chen X M, et al. High-temperature adult-plant (HTAP) stripe rust resistance gene *Yr36* from *Triticum turgidum* ssp. *dicoccoides* is closely linked to the grain protein content locus *Gpc-B1* [J]. Theor Appl Genet, 2005, 112: 97-105
- [16] 李硕碧, 裴阿卫, 董宝云, 等. 1BL/1RS 易位系对陕西小麦品质育种的影响[J]. 麦类作物学报, 2005, 25(6): 40-43
- [17] William M, Singh R P, Huerta-Espino J, et al. Molecular marker mapping of leaf rust resistance gene *Lr46* and its association with stripe rust resistance gene *Yr29* in wheat [J]. Phytopathology, 2003, 93: 153-159
- [18] Lin F, Chen X M. Genetics and molecular mapping of genes for race-specific and all-stage resistance and non-specific high-temperature adult-plant resistance to stripe rust in spring wheat cultivar Alpowa [J]. Theor Appl Genet, 2007, 114: 1277-1287
- [19] Huang X Q, Röder M S. High-density genetic and physical mapping of the powdery mildew resistance gene *Pm24* on chromosome 1D of wheat [C] // Proceedings 10th International Wheat Genetics Symposium, Instituto Sperimentale per la Cerealicoltura, Rome, Italy (Pogna N E, Romano N, Pogna E A, Galterio G eds.). 2003: 961-964
- [20] 张小村, 李斯深, 赵新华, 等. 小麦纹枯病抗性的 QTL 分析和抗病基因的分子标记[J]. 植物遗传资源学报, 2005, 6(3): 276-279
- [21] McCartney C A, Somers D J, Humphreys D G, et al. Mapping quantitative trait loci controlling agronomic traits in the spring wheat cross RL4452  $\times$  'AC Domain' [J]. Genome, 2003, 48: 870-883
- [21] Börner A, Schumann E, Fürste A, et al. Mapping of quantitative trait loci determining agronomic important characters in hexaploid wheat (*Triticum aestivum* L.) [J]. Theor Appl Genet, 2001, 105: 921-936
- [22] Bultrich L, Appendino M L, Tranquilli G, et al. Mapping of a thermo-sensitive earliness per se gene on *Triticum monococcum* chromosome 1Am [J]. Theor Appl Genet, 2002, 105: 585-593

作者: 张现伟, 杨莉, 张涛, 郑家奎, 金良, 郑建敏, 文春阳, 杨乾华, [ZHANG Xian-wei](#),  
[YANG Li](#), [ZHANG Tao](#), [ZHENG Jia-kui](#), [JIN Liang](#), [ZHENG Jian-min](#), [WEN Chun-  
yang](#), [YANG Qian-hua](#)

作者单位: 张现伟, [ZHANG Xian-wei](#) (重庆大学生物工程学院, 重庆, 400044; 重庆市农业科学院水稻研究  
所, 重庆, 402160), 杨莉, 张涛, 杨乾华, [YANG Li](#), [ZHANG Tao](#), [YANG Qian-hua](#) (四川省农业科  
学院水稻高粱研究所, 德阳, 618000), 郑家奎, [ZHENG Jia-kui](#) (四川省农业科学院水稻高粱  
研究所, 德阳, 618000; 重庆大学生物工程学院, 重庆, 400044), 金良, 郑建敏, 文春阳, [JIN  
Liang](#), [ZHENG Jian-min](#), [WEN Chun-yang](#) (重庆大学生物工程学院, 重庆, 400044)

刊名: [植物遗传资源学报](#) [ISTIC](#) [PKU](#)

英文刊名: [JOURNAL OF PLANT GENETIC RESOURCES](#)

年, 卷(期): 2010, 11(4)

## 参考文献 (21条)

1. [Yang J;Zhu J;Williams R W Mapping the genetic architecture of complex traits in experimental populations](#) [外文期刊] 2007(12)
2. 张坤普;赵亮;海燕 小麦白粉病成株抗性和抗倒伏性及穗下节长度的QTL定位 [期刊论文] - [作物学报](#) 2008(08)
3. 肖炳光;卢秀萍;焦芳蟬 烤烟几种化学成分的QTL初步分析 [期刊论文] - [作物学报](#) 2008(10)
4. [Zhang L H;Shi W M;Wang X C Difference in selenite absorption between high-and low-selenium rice cultivars and its mechanism](#) 2006
5. [Liu Q;Wang D J;Jiang X J Effects of the interactions between selenium and phosphorus on the growth and selenium accumulation in rice\(Oryza sativa\)](#) [外文期刊] 2004
6. [Zhao C Y;Ren J H;Xue C Z Study on the relationship between soil selenium and plant selenium uptake](#) [外文期刊] 2005(1/2)
7. 纪国成;李秀琪;黄洪明 富硒增产剂在水稻上应用效果研究初报 [期刊论文] - [中国稻米](#) 2003(06)
8. 周鑫斌;施卫明;杨林章 叶面喷硒对水稻籽粒硒富集及分布的影响 [期刊论文] - [土壤学报](#) 2007(01)
9. 石贵玉;陈明媚 铬、硒对水稻幼苗生长和生理的影响 [期刊论文] - [广西植物](#) 2005(03)
10. 胡培松 功能性稻米研究与开发 [期刊论文] - [中国稻米](#) 2003(05)
11. 张现伟;郑家奎;张涛 富硒水稻的研究意义及其进展 [期刊论文] - [杂交水稻](#) 2009(02)
12. 蒋彬 水稻富硒基因型品种遴选 2002(增刊)
13. [Cao G;Zhu J;He C Impact of epistasis and QTL×environment interaction on the developmental behavior of plant height in rice\(Oryza sativa L.\)](#) 2001
14. [Strber C W;Lincoln S E;Wolff D W Identification of genetic factors contributing to beterosis in a hybrid from two elite maize inbred lines using molecular nmarkers](#) 1992
15. 张涛 水稻糙米蛋白质含量的QTL定位及香稻的资源研究 2007
16. [McCouch S R;Teytelman L;xu Y B Development and mapping of 2240 new SSR markers for rice\(Orayza sativa L.\)](#) [外文期刊] 2002(6)
17. 韩龙植;南钟浩;全东兴 特种稻种质创新与营养特性评价 [期刊论文] - [植物遗传资源学报](#) 2003(03)
18. 孙明茂 水稻籽粒铁、硒、锌、铜等矿质元素和花色苷含量的遗传及QTL分析 2006
19. 孙明茂;杨昌仁;李点浩 粳稻“龙锦1号/香软米1578”F3家系群糙米矿质元素含量变异及相关性分析 [期刊论文] - [中国水稻科学](#) 2008(03)
20. 江川;王会英;李清华 早晚季水稻精米和米皮硒含量的基因型差异研究 [期刊论文] - [植物遗传资源学报](#) 2005(04)

21. [Rahul S;Geeta J Selenium and its role in health and disease](#) 2007(01)

本文链接: [http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical\\_zwyczyxb201004011.aspx](http://d.g.wanfangdata.com.cn/Periodical_zwyczyxb201004011.aspx)