

## 水稻产量库相关穗部性状的遗传分析

崔克辉<sup>1, 2</sup>, 彭少兵<sup>2</sup>, 邢永忠<sup>1</sup>, 余四斌<sup>1</sup>, 徐才国<sup>1</sup>

1.华中农业大学作物遗传改良国家重点实验室;武汉 430070; 2.国际水稻研究所;MCPO BOX3127;1271Makati;Philippines

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 收集了源于珍汕97/明恢63的重组自交系群体中与产量库容有关的10个穗部性状的表现型数据。总体上,每穗颖花数与每穗二次枝梗数、每个二次枝梗上的颖花数、颖花密度有更大的相关性。对所研究的10个性状,两年间共检测到53个QTLs。约43.4%的QTLs能在两年同时检测到。5个染色体区域(第1染色体上G359-RG532和C567-C86-RG236,第2染色体上R712-RM29,第6染色体上P-RG424,第10染色体上C148-RM258)分别对多个穗部性状表现出效应。结果显示相关性状的QTLs大致定位在相似的染色体区域,这表明基因的多效性或紧密连锁是穗部性状间相关的遗传基础。在检测到的大量2位点互作对中,约18.2%在两年都能被检测到。不同性状的共同互作对的比例为8.7%-32.6%。在两年都能检测到的2位点组合中,约26.7%的组合同时影响着多个性状,表现出多效效应。结果表明每个性状都由数个QTL、基因型与环境互作、大量的上位性互作所控制。

**关键词** [水稻](#) [穗部性状](#) [产量库](#) [QTL定位](#) [上位性互作](#)

分类号

### Abstract

### Key words

DOI:

通讯作者

### 扩展功能

#### 本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(244KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [参考文献](#)

#### 服务与反馈

- ▶ [把本文推荐给朋友](#)
- ▶ [加入我的书架](#)
- ▶ [加入引用管理器](#)
- ▶ [复制索引](#)
- ▶ [Email Alert](#)
- ▶ [文章反馈](#)
- ▶ [浏览反馈信息](#)

#### 相关信息

- ▶ [本刊中 包含“水稻”的 相关文章](#)
- ▶ 本文作者相关文章

- [崔克辉](#)
- 
- [彭少兵](#)
- [邢永忠](#)
- [余四斌](#)
- [徐才国](#)