

作物遗传育种·种质资源

氮胁迫和正常条件下玉米穗部性状的QTL分析

刘宗华, 汤继华, 卫晓轶, 王春丽, 田国伟, 胡彦民, 陈伟程

河南农业大学郑州国家玉米改良分中心

收稿日期 2006-9-5 修回日期 网络版发布日期 2007-11-10 接受日期

摘要 【目的】分析氮胁迫和正常条件下玉米穗部性状的QTL。【方法】以优良玉米杂交种“农大108”的一套203个F₂: 3家系为材料, 构建了包含189个SSR标记的遗传连锁图谱, 在施氮(N⁺)和不施氮(N⁻)条件下, 通过一年两点的田间试验, 利用复合区间作图法对玉米穗长、穗粗、穗行数、行粒数、穗粒重和百粒重等6个穗部性状进行了QTL分析。【结果】亲本许178对N胁迫的敏感程度远小于黄C; F₂: 3群体的穗长、穗粗、穗行数和行粒数与单株产量大多呈显著或极显著正相关。在郑州和新郑两地, 2种氮处理水平下定了玉米穗部性状的53个QTL, 其中郑州点检测到28个QTL, 主要集中在第2、8和9染色体上(占57.14%); 新郑点检测到25个QTL, 主要分布在第1、2、6、7和8染色体上(占60%); 在所检测到的53个QTL中, 表现加性、部分显性、显性和超显性效应的QTL依次为13(24.5%)、20(37.7%)、6(11.3%)和14(26.4%)个, 单个QTL解释表型变异介于7.1%~23.3%之间。N⁺条件下6个性状在两个地点检测到的QTL数量明显高于N⁻条件下检测到的QTL数量, 同时在郑州点2种氮处理水平下检测到3个相同的QTL(qED2a, qKW8a, qKW10a), 新郑点检测到1个相同的QTL(qEL1a), 推断在缺氮条件下检测到的各性状特异表达的QTL可能与玉米的氮高效利用有关。【结论】在两地、2种供氮水平下所定位的53个穗部性状QTL, 主要集中在第1、2、8和9染色体上, 部分显性和超显性效应的QTL占60%以上。

关键词 [玉米](#) [穗部性状](#) [氮利用效率](#) [QTL分析](#)

分类号

DOI:

通讯作者:

刘宗华 zhliu4000@sohu.com

作者个人主页: 刘宗华; 汤继华; 卫晓轶; 王春丽; 田国伟; 胡彦民; 陈伟程

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(522KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(OKB\)](#)

▶ [参考文献\[PDF\]](#)

▶ [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](#)

▶ [引用本文](#)

▶ [Email Alert](#)

▶ [文章反馈](#)

▶ [浏览反馈信息](#)

相关信息

▶ [本刊中 包含“玉米”的 相关文章](#)

▶ 本文作者相关文章

· [刘宗华](#)

· [汤继华](#)

· [卫晓轶](#)

· [王春丽](#)

· [田国伟](#)

· [胡彦民](#)

· [陈伟程](#)