

# 云南元江普通野生稻株高和抽穗期QTL定位研究

谭禄宾<sup>1</sup>，张培江<sup>2</sup>，付永彩<sup>1</sup>，刘凤霞<sup>1</sup>，王象坤<sup>1</sup>，孙传清<sup>1</sup>，<sup>①</sup>

1. 中国农业大学植物遗传育种系; 农业生物技术国家重点实验室; 农业部农作物基因组学与遗传改良重点开放实验室; 北京市作物遗传改良重点实验室; 北京 100094; 2. 安徽省农业科学院水稻所; 合肥 230031

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

**摘要** 以云南元江普通野生稻为供体亲本，在特青的遗传背景下构建了一套BC3高代回交群体。利用117个SSR标记分析383个BC3F2株系的基因型，采用单标记分析法对控制元江普野株高和抽穗期的QTL进行分析。在北京和合肥两个地点试验结果表明，控制株高的QTL分布在第1染色体上，在RM104附近有一个QTL，与sd-1位置相当，其对表现型变异的贡献率在两个地点分别为27%和28%，其加性效应值分别为26.24 cm和26.28 cm，来自野生稻的等位基因显著提高回交群体的株高；在第1、3、7、8、11染色体共检测到6个控制抽穗期QTL，其中第8染色体RM25附近控制抽穗期的QTL在两个地点的贡献率分别为13%和15%，加性效应值为4.60 d和3.65 d，来自野生稻的等位基因使高回交群体抽穗期延迟。

**关键词** [普通野生稻](#) [亚洲栽培稻](#) [株高](#) [抽穗期](#) [QTL](#) [高代回交群体](#)

分类号

1. Department of Plant Genetics and Breeding; China Agricultural University; State Key Laboratory for AgroBiotechnology; Key Laboratory of Crop Genetic Improvement and Genome of Ministry of Agriculture; Beijing 100094; China; 2. Institute of Rice Research; Anhui Academy of Agricultural Sciences; Hefei 230031; China

## Abstract

**Key words** [common wild rice](#) [asia cultivated rice](#) [QTL](#) [plant height](#) [days to heading](#) [advanced backcross analysis](#)

DOI:

通讯作者

## 扩展功能

### 本文信息

- ▶ [Supporting info](#)
- ▶ [PDF\(204KB\)](#)
- ▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)
- ▶ [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“普通野生稻” 的相关文章](#)
- ▶ [本文作者相关文章](#)

- [谭禄宾](#)
- [张培江](#)
- [付永彩](#)
- [刘凤霞](#)
- [王象坤](#)
- [孙传清](#)
-