

无栏目

异地比较定位控制稻米蒸煮食用品质的数量性状基因

包劲松 浙江大学原子核农业科学研

包劲松 浙江大学原子核农业科学研究所 杭州310029中国科学院遗传所

何平 中国科学院遗传所

李仕贵 四川农业大学水稻研究所

夏英武 浙江大学原子核农业科学研究所 杭州310029

陈英 中国科学院遗传所

朱立煌 中国科学院遗传所¹

水稻²

蒸煮食用品质³

数量性状基因⁴

环境效应⁵

利用一个以窄叶青 8号 (ZYQ8)和京系 17(JX17)为亲本构建的加倍单倍体 (doubledhaploid,DH)群体及其分子连锁图谱,在 3个环境中 (成都、海南和杭州)对稻米蒸煮食用品质 3个性状进行了数量性状基因位点 (quantitative trait loci,QTL)的比较定位。结果表明,直链淀粉含量 (amylose content,AC)在 3个环境中

都检测到 wx主基因,在一个环境 (成都)检测到第5染色体上的一个微效 QTL q AC- 5。糊化温度 (2000⁶

33⁷

5⁸

14⁹

11¹⁰

24¹¹

2000-33-5-14-24¹²

小麦及其近亲基因组中的DNA重复序列研究进展¹³

张学勇 中国农业科学院作物品种资源研究所 北京100081

李大勇 北京大学生命科学学院¹⁴

收稿日期 修回日期 网络版发布日期 接受日期

摘要 以小麦为重点,对小麦族植物中 DNA重复序列的划分、特点及其功能进行了概括,着重介绍了重复序列在基因组分化、DNA转座及在染色体联会和配对中的作用,并用一些实例就重复序列在起源和进化、染色体分子指纹图谱绘制、分子标记辅助选择及染色体操作中的应用作了比较全面的介绍。

关键词 [小麦,基因组,DNA重复序列,进化,指纹图谱,标记辅助育种](#)

分类号 [13](#)

DOI:

通讯作者:

作者个人主页:

包劲松 浙江大学原子核农业科学研

扩展功能

本文信息

▶ [Supporting info](#)

▶ [PDF\(212KB\)](#)

▶ [\[HTML全文\]\(0KB\)](#)

▶ [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“小麦,基因组,DNA重复序列,进化,指纹图谱,标记辅助育种”的相关文章](#)

▶ [本文作者相关文章](#)

[包劲松 浙江大学原子核农业科学研](#)